



1821 Universidad de Buenos Aires

Resolución Consejo Directivo

Número:

Referencia: EX-2022-04784794- -UBA-DMESA#FCEN - POSTGRADO - SESIÓN
05/09/2022

VISTO:

La nota presentada por la Dirección del Departamento de Química Biológica, mediante la cual eleva la información del curso de posgrado Análisis Bioinformático de Resistencia Antimicrobiana y Desarrollo de Drogas a partir de Genomas Bacterianos (DOC8800693) para el año 2022,

CONSIDERANDO:

lo actuado por la Comisión de Doctorado,
lo actuado por la Comisión de Posgrado
lo actuado por este Cuerpo en la sesión realizada en el día 5 de septiembre de 2022
en uso de las atribuciones que le confiere el Artículo 113° del Estatuto Universitario,

EL CONSEJO DIRECTIVO DE LA FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS Y NATURALES R E S U E L V E:

ARTÍCULO 1°: Aprobar el dictado del curso de posgrado Análisis Bioinformático de Resistencia Antimicrobiana y Desarrollo de Drogas a partir de Genomas

Bacterianos (DOC8800693) de 80 horas de duración, que será dictado por los Dres. Darío Fernandez Do Porto y María Mercedes Palomino con la colaboración del Dr. Adrian Turjanski.

ARTÍCULO 2°: Aprobar el programa del curso de posgrado Análisis Bioinformático de Resistencia Antimicrobiana y Desarrollo de Drogas a partir de Genomas Bacterianos (DOC8800693) que como anexo forma parte de la presente Resolución, para su dictado en el segundo cuatrimestre de 2022.

ARTÍCULO 3°: Aprobar un puntaje máximo de tres (3) puntos para la Carrera del Doctorado.

ARTÍCULO 4°: Establecer un arancel de CATEGORÍA 3 estableciendo que dicho arancel estará sujeto a los descuentos y exenciones estipulados mediante la Resolución CD N° 1072/19. Disponer que los fondos recaudados ingresen en la cuenta presupuestaria habilitada para tal fin, y sean utilizados de acuerdo a la Resolución 072/03.

ARTÍCULO 5°: Disponer que de no mediar modificaciones en el programa, la carga horaria y el arancel, el presente Curso de Posgrado tendrá una vigencia de cinco (5) años a partir de la fecha de la presente Resolución.

ARTÍCULO 6°: Comuníquese a todos los Departamentos Docentes, a la Dirección de Estudiantes y Graduados, a la Dirección de Movimiento de Fondos, a la Dirección de Presupuesto y Contabilidad, a la Biblioteca de la FCEyN y a la Secretaría de Posgrado con copia del programa incluida. Cumplido, pase QBIOLOGICA#FCEN y resérvese.

ANEXO

Programa

Análisis Bioinformático de Resistencia Antimicrobiana y Desarrollo de Drogas a partir de Genomas Bacterianos

1) Introducción a la genética de procariontes. Estructura de los genes procariontes. Modelo de operón. Mecanismos bacterianos de resistencia a antibióticos. Resistencia a antibióticos desde una perspectiva genómica y molecular.

2) Introducción a la genómica de procariontes. Ensamblado y Anotación de Genomas Bacterianos. Algoritmos de ensamblado. Predicción de genes; métodos intrínsecos y extrínsecos. Genoma de referencia. Anotación funcional y base de datos (TIGRFAM, PFAM, GO, UNIREF, PRIAM).

3) Transcriptómica de genomas procariotas. Mapeo, alineamiento y construcción del transcriptoma. Construcción del transcriptoma sin genoma de referencia. Estudios de expresión diferencial. Predicción de interacciones regulatorias transcripcionales bacterianas usando redes neuronales artificiales y datos de expresión de RNA-Seq.

4) Inferencia de Redes metabólicas. Construcción automática de redes metabólicas de patógenos a partir de datos de secuenciación masiva. Curación manual de las redes. Concepto de “choke- point”. Obtención y análisis de parámetros topológicos.

Coexpression

network analysis: Teoría y aplicaciones.

6) Herramientas bioinformáticas aplicadas al estudio estructural de proteínas en patógenos. Drogabilidad a escala genómica. Exploración y priorización de blancos moleculares para el diseño de nuevos fármacos antibacterianos.

7) Análisis genómicos de resistencia. Mapeo, alineamiento y llamado de variantes. Perfiles de resistencia.

8) Aplicaciones de NGS en vigilancia epidemiológica. Herramientas bioinformáticas para estudios filogenéticos. Dinámica y evolución de brotes epidemiológicos.

Bibliografía: “A whole genome bioinformatic approach to determine potential latent phase specific targets in Mycobacterium tuberculosis.” Defelipe LA, Do Porto DF, Pereira Ramos PI, Nicolás MF, Sosa E, Radusky L, Lanzarotti E, Turjanski AG, Marti MA. *Tuberculosis (Edinb)*. 2016 Mar;97:181-92. “Single nucleotide polymorphisms may explain the contrasting phenotypes of two variants of a multidrug-resistant Mycobacterium tuberculosis strain” Bigi MM, Lopez, Blanco FC, Sasiain MD, De la Barrera S, Marti MA, Sosa EJ, Fernández Do Porto DA, Ritacco V, Bigi F, Soria MA. *Tuberculosis (Edinb)*. 2017 Mar;103:28-36. “Target-PathoGEN: A Structural bioinformatic approach to prioritize drug targets in pathogens”. Ezequiel J. Sosa, Germán Burguener, Esteban Lanzarotti, Lucas Defelipe, Leandro Radusky, Agustín M. Pardo, Marcelo Marti, Adrián G. Turjanski & Dario Fernández Do Porto. *Nucleic Acid Research*, 2018 Nov 1, doi:10.1093/nar/gkx1015. “An integrative, multi-omics approach towards the prioritization of Klebsiella pneumoniae drug targets.” Pablo Ivan Pereira Ramos*, Darío Fernando Do Porto* (* equal contributors), Esteban Lanzarotti, Ezequiel J. Sosa, Germán Burguener, Agustín M. Pardo, Cecilia C. Klein, Marie-France Sagot, Ana Tereza R. de Vasconcelos, Ana Cristina Gales, Marcelo Marti, Adrián G. Turjanski & Marisa F. Nicolás, *Scientific Reports*, 2018. “MRSA dynamic circulation between the community and the hospital setting: new insights from a cohort study in Argentina.” Danilo Barcudi, Ezequiel J.Sosa, Ricardo Lamberghini, Analía Garnero, Dario Tosoroni, Laura Decca, Liliana Gonzalez. María A. Kuyuki, Teresa Lopez, Ivana Herrero, Paulo Cortes, Myrian Figueroa, Ana L. Egea, Paula Gagetti, Darío A. Fernandez Do Porto, Study Group of S. aureus in Córdoba, Argentina, Alejandra Corso, Adrián G. Turjanski, José L Bocco, Claudia Sola Transcriptomics technologies Rohan Lowe, Neil Shirley, Mark Bleackley, Stephen Dolan, Thomas Shafee Published: May 18, 2017 <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1005457> Meat science: From proteomics to integrated omics towards system biology A D'Alessandro, L Zolla - *Journal of proteomics*, 2013 doi: 10.1016/j.jprot.2012.10.023

Molecular Docking: Shifting Paradigms in Drug Discovery Luca Pinzi and Giulio Rastelli

Int. J. Mol. Sci. 2019, 20(18), 4331; <https://doi.org/10.3390/ijms20184331>

Status and potential of bacterial genomics for public health practice: a scoping review

Nina Van Goethem, Tine Descamps, Brecht Devleesschauwer, Nancy H. C. Roosens,

Nele A. M. Boon, Herman Van Oyen & Annie Robert Implement Sci. 2019 Aug

13;14(1):79. doi: 10.1186/s13012-019-0930-2. Next-generation sequencing

technologies: An overview. Hu T, Chitnis N, Monos D, Dinh A. Hum Immunol. 2021

Nov;82(11):801-811. doi: 10.1016/j.humimm.2021.02.012. Bioinformatics (3rd edition)

Andreas D. Baxevanis, Gary D. Bader, David S. Wishart John Wiley & Sons, 2020.

Introduction to Bioinformatics (3rd edition) Arthur Lesk. Editorial Oxford