



1821 Universidad de Buenos Aires

Resolución Consejo Directivo

Número: RESCD-2023-254-E-UBA-DCT#FCEN

CIUDAD DE BUENOS AIRES

Viernes 3 de Marzo de 2023

Referencia: EX-2023-00822226- -UBA-DMESA#FCEN - POSTGRADO - SESIÓN
27/02/2023

VISTO:

La nota presentada por la Dirección del Departamento de Fisiología, Biología Molecular y Celular, mediante la cual eleva la información del curso de posgrado Genómica Funcional (DOC8800597) para el año 2023,

CONSIDERANDO:

lo actuado por la Comisión de Doctorado,

lo actuado por este Cuerpo en la sesión realizada en el día de la fecha 27 de febrero de 2023

en uso de las atribuciones que le confiere el Artículo 113º del Estatuto Universitario,

EL CONSEJO DIRECTIVO DE LA FACULTAD

DE CIENCIAS EXACTAS Y NATURALES

R E S U E L V E:

ARTÍCULO 1º: Aprobar el dictado del curso de posgrado Genómica Funcional (DOC8800597) de 64 horas de duración, que será dictado por los Dres. Esteban Hopp y Laura Kamenetzky con la colaboración de la Dra. Eva Figueroa.

ARTÍCULO 2º: Aprobar el programa del curso de posgrado Genómica Funcional (DOC8800597) que como anexo forma parte de la presente Resolución, para su dictado en el verano de 2023.

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

ARTÍCULO 4º: Dejar establecido que, si el presente curso de posgrado forma parte del plan de estudios de un doctorando juntamente con el curso Genómica Estructural, se le podrán otorgar por ambos cursos un puntaje máximo de hasta cinco (5) puntos para la carrera del Doctorado.

ARTÍCULO 5º: Aprobar 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 6º: 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 7º: 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 a FISIOLOGIA#FCEN y resérvese.

ANEXO

PROGRAMA

1. INTRODUCCIÓN A LOS MÉTODOS DE SECUENCIACIÓN Y BIOINFORMÁTICA GENÓMICA

Aspectos metodológicos de la secuenciación a gran escala, principios de funcionamiento de los secuenciadores automáticos, lectura e interpretación de los resultados, creación de bases de datos y análisis informático de los mismos, principales programas informáticos. Secuenciación de primera, segunda (Secuenciación de Alto Rendimiento o NGS) y tercera generación (Oxford-Nanopore y PacBio). Estadística y programas informáticos involucrados. GeneBank y utilización de recursos via INTERNET (Blast, Phred, Phrap) para validación, curado de secuencias y búsqueda de homologías y solapamientos con otras secuencias nucleotídicas ya ingresadas al banco.

Introducción teórico-práctica a Linux y R. Utilización práctica de herramientas informáticas disponibles para el análisis de problemas clásicos, análisis de datos de secuenciación.

2. ESTRATEGIAS PARA GENERAR Y ANALIZAR DATOS X-ÓMICOS

Ensamblaje y anotación del genoma: herramientas disponibles y limitaciones actuales. Características estructurales y funcionales de los genomas de diferentes grupos taxonómicos. Integración de datos y extracción de información de aplicación biotecnológica. Desarrollo y uso de herramientas para el descubrimiento de pequeños RNAs a partir de datos genómicos. Búsqueda y análisis de pequeños RNAs como biomarcadores en enfermedades. Identificación de objetivos de enfermedades a partir de datos x-ómicos.

3. TRANSCRIPTÓMICA

Construcción de bibliotecas para su secuenciación y curado bioinformático. RNAseq: alineación, manipulación y visualización de datos, evaluación de la calidad de los datos, la expresión diferencial y el análisis estadístico, utilizando los programas Bowtie, Tophat y R/Bioconductor. ¿Cómo se trabaja con datos crudos? Mapeo de lecturas (“reads”) usando un genoma de referencia. Manejo de los datos alineados: Uso de archivos SAM/BAM. Manejo de los datos alineados: Normalización de datos, expresión diferencial, uso de codones. Almacenamiento y visualización de datos con la herramienta: ATGC.

4. miRómica

Estrategias de anotación y descubrimiento de miRNAs a partir de datos de genomas completos sin datos de RNA-seq (machine-learning). Expresión a lo largo del desarrollo y posibles aplicaciones biotecnológicas. Descubrimiento de nuevas dianas terapéuticas en enfermedades infecciosas. Pre-procesamiento de lecturas de controles y experimentos. Mapeo a genomas de referencia. Anotación de microARNs mediante MirDeep2 y herramientas de inteligencia artificial. Uso de bases de datos especializadas (RNACentral). Cuantificación de la expresión mediante DESeq2. Contextualización de los resultados en función de aplicaciones en agroindustria, salud humana y animal.

5. METABOLÓMICA Y OTRAS X-OMICAS

Estudio y caracterización de metabolitos en muestras biológicas. Principios de cromatografía gaseosa, líquida aplicada y espectrometría de masa a la generación de perfiles metabólicos. Tipos de metabolitos detectados. Su informatización para la creación y uso de una base de datos. Aplicaciones prácticas. Proteómica + Traductómica: Estudio de estructura de proteínas y su predicción bioinformática. Búsqueda de los genes correspondientes en el genoma e integración de datos. Epigenómica y otras x-ómicas.

6. FENÓMICA

Caracterización fenotípica a escala x-ómica. Genética cuantitativa y bioinformática asociada a la interacción del genoma y el ambiente. Carácteres de distribución continua (“cuantitativos”) y su variación genética heredable. Aproximaciones experimentales genotipo-fenotipo como “common garden experiments” y otras. Informatización para la creación y uso de una base de datos. Aplicaciones en el mejoramiento.

7. GENÓMICA SISTÉMICA

¿Qué es la genética/biología de sistemas? El enfoque sistémico. Propiedades emergentes de los sistemas. Integración con aproximaciones genómicas. Informática relacionada: construcción de modelos y constatación práctica. Aproximaciones informáticas basadas en Python o en R. Integración con las aproximaciones genómicas y moleculares.

BIBLIOGRAFIA

Textos (la cátedra dispone de copias electrónicas en pdf para la libre consulta por parte de los cursantes)

- Clustermatch: discovering hidden relations in highly diverse kinds of qualitative and quantitative data without standardization M. Pividori, A. Cernadas, L. A. Haro, G. Stegmayer, D. H. Milone BIOINFORMATICS (2018) bty899
<https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bty899>
- miRNAfe: a comprehensive tool for feature extraction in microRNA prediction C. Yones, G. Stegmayer, L. Kamenetzky, D. H. Milone BIOSYSTEMS (2015), vol. 138, pp 1-5, <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0303264715001616>
- MicroRNA discovery in the human parasite *Echinococcus multilocularis* from genome-wide data L. Kamenetzky, G. Stegmayer, L. Maldonado, N. Macchiaroli, C. Yones, D.H. Milone GENOMICS (2016), vol. 107, pp. 274 – 280
<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0888754316300234>
- High class-imbalance in pre-miRNA prediction: a novel approach based on deepSOM G. Stegmayer, C. Yones, L. Kamenetzky, D.H. Milone IEEE-ACM TRANSACTIONS ON COMPUTATIONAL BIOLOGY AND BIOINFORMATICS (2017), vol. 14, pp. 1316 – 1326 <https://ieeexplore.ieee.org/document/7484734>
- Genome-wide pre-miRNA discovery from few labeled examples C. YONES, G. STEGMAYER, D.H. MILONE BIOINFORMATICS (2017), vol. 34, pp. 541 – 549
<https://academic.oup.com/bioinformatics/article-abstract/34/4/541/4222633?redirectedFrom=fulltext>
- Inferring unknown biological function by integration of GO annotations and gene expression data. G. LEALE, A. BAYA, D.H. MILONE, P. GRANITTO, G. STEGMAYER. IEEE-ACM TRANSACTIONS ON COMPUTATIONAL BIOLOGY AND BIOINFORMATICS (2017), vol. 15, pp. 168 - 180<https://ieeexplore.ieee.org/document/7586096>
- Identification and characterization of the major pseudocoelomic proteins of the giant

kidney worm, Dioctophyme renale. A. Nahili Giorello, Malcolm W. Kennedy, Marcos J. Butti, Nilda E. Radman, Betina Córscico and Gisela R. Franchini. Parasites & Vectors 2017 10:446

• Kamenetzky L, Maldonado LL, Cucher MA. Cestodes in the genomic era. *Parasitol Res.* 2021 Oct 19. doi: 10.1007/s00436-021-07346-x. Epub ahead of print. PMID: 34665308.

• KinFin: Software for Taxon-Aware Analysis of Clustered Protein Sequences. Laetsch DR, Blaxter ML. *G3 (Bethesda)*. 2017 Oct 5;7(10):3349-3357. doi: 10.1534/g3.117.300233.

Analysing Gene Expression: A Handbook of Methods: Possibilities and Pitfalls 2003 S. Lorkowski y P. Cullen, Wiley-VCH Verlag GmbH & Co. KGaA, Weinheim.

Basic Applied Bioinformatics. Chandra Sekhar Mukhopadhyay, Ratan Kumar Choudhary, Mir Asif Iquebal. ISBN: 978-1-119-24441-7 September 2017 Wiley-Blackwell 472 Pages

Bioinformatics and Functional Genomics. Jonathan Pevsner. 3rd Edition. ISBN: 978-1-118-58176-6 August 2015 Wiley-Blackwell 1168 Pages

Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins, Third Edition, Andreas D. Baxevanis, B. F. Francis Ouellette, 2015. ISBN: 0-471-47878-4.

Bioinformatique. Génomique et post-génomique 2006 Frédéric Dardel y François Képès Translated into English by Noah Hardy John Wiley & Sons Ltd. The Atrium, Southern Gate, Chichester, England.

Computational and Statistical Approaches To Genomics, 2 Ed 2006 Wei Zhang e Ilya Shmulevich, Springer Science+Business Media, Inc. New York.

DNA Microarrays 2007 Ulrike A Nuber, Taylor & Francis Group, LLC, New York.

Functional Genomics: Methods and Protocols en Methods in Molecular Biology vol. 224 M. J. Brownstein y A. Khodursky , Humana Press Inc., Totowa, NJ.

Genomics, Proteomics and Vaccines 2004 Guido Grandi, John Wiley & Sons, Ltd. Hoboken, New Jersey.

Handbook of Statistical Genomics, 4th Edition. David J. Balding, Ida Moltke, John Marioni ISBN: 978-1-119-42914-2 August 2019 1224 Pages

Metabolomics 2007 W. Weckwerth, en Methods and Protocols Methods in Molecular Biology vol. 358, Humana Press Inc., Totowa, NJ.

Microarray Data Analysis: Methods and Applications 2007 M. J. Korenberg , en
Methods in Molecular Biology, vol. 377, Humana Press Inc., Totowa, NJ.

Digitally signed by MARTI Marcelo Adrian
Date: 2023.03.02 15:44:57 ART
Location: Ciudad Autónoma de Buenos Aires

Marcelo Marti
Secretario
Secretaría de Posgrado
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

Digitally signed by DURAN Guillermo Alfredo
Date: 2023.03.03 12:18:25 ART
Location: Ciudad Autónoma de Buenos Aires

Guillermo Alfredo Duran
Decano
Decanato
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales