



*1821 Universidad de Buenos Aires*

## **Resolución Consejo Directivo**

**Número:**

**Referencia:** EX-2023-00822264- -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 Estructural (DOC8800598) 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 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 Genómica Estructural (DOC8800598) de 64 horas de duración, que será dictado por los Dres. Esteban Hopp y Laura Kamenetzky con la colaboración de la Dra. Eva Figuerola.

**ARTÍCULO 2°:** Aprobar el programa del curso de posgrado Genómica Estructural (DOC8800598) que como anexo forma parte de la presente Resolución, para su dictado en verano de 2023.

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

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

**ARTÍCULO 5°:** 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 6°:** 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 7°:** 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 FISILOGIA#FCEN y resérvese.

## **ANEXO**

### **PROGRAMA**

#### **1. SECUENCIACION GENOMICA**

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). Whole-Genome Shotgun (WGS). Envío de información a bancos de secuencias: obtención de número de entrada (accession number) y registro de la secuencia. 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.

#### **2. BIOINFORMÁTICA GENÓMICA**

Introducción teórico-práctica a Linux y R. Utilización práctica de herramientas informáticas disponibles para el análisis de problemas clásicos, análisis de datos de secuenciación por NGS (secuenciación de alto rendimiento) y Nanoporos; con y sin genoma de referencia, genotipificación y mapeo con marcadores moleculares SSR, SNP y GBS (genotyping by sequencing).

#### **3. SECUENCIACIÓN Y ANÁLISIS DE DATOS CON SISTEMAS DE NANOPOROS**

Teórica y práctica de secuenciación con los sistemas de tercera generación (tipo

Nanopore), demostrativo de uso del MinION para secuenciación y práctica de ensamblaje de un borrador de genoma bacteriano.

#### 4. GENOTIPIFICACIÓN POR SECUENCIACIÓN

Marcadores moleculares clásicos. SNPs y microsatélites ¿Qué son? Usos y aplicaciones más frecuentes. Uso de NGS para identificación de SNPs y microsatélites. Uso de GBS/ddRADseq para análisis de datos (Stack). La cuestión de disponibilidad (o no) de un genoma de referencia. ¿Cómo se trabaja en cada caso? Genotipificación de un cruzamiento genético. Genómica de poblaciones incluidos el mapeo genético y de QTL, asociación y selección genómica y estudios filogeográficos. Aspectos metodológicos básicos. Análisis de datos.

#### 5. METAGENÓMICA (DIVERSIDAD)

Ecología de comunidades microbianas (abundancia, riqueza, equitatividad, diversidad, composición, estructura). Métodos moleculares dependientes e independientes de cultivo y ciencias ómicas. Análisis de un único gen, genes marcadores, fingerprinting, análisis de genes totales. Métodos basados en genes ribosomales: 16S. ITS. Biblioteca de amplicones vs. secuenciación a gran escala. Diseño experimental. Asignación de OTUs. Parámetros y estimadores ecológicos. Bases de datos de referencia (Greengenes, Silva, etc.). Plataformas de análisis (Mothur, QIIME2). El ejemplo de la caracterización de microorganismos del suelo. Taxonomía molecular. Confección de catálogos de diversidad genética.

#### 6. METAGENÓMICA II (ENSAMBLADO, BINNING Y ANOTACIÓN DE METAGENOMAS)

Secuenciación directa de ADN en muestras complejas. Whole-Genome Shotgun (WGS). Next-Generation Sequencing (NGS). Ensamblado de secuencias. Estadísticas (cobertura, N50). Anotación. Ensamblado de un genoma a partir de un metagenoma. Cobertura diferencial. Binning independiente de la composición. Programas y software (GroopM, MaxBin, MetaBat). Análisis de calidad de bins (BUSCO, CheckM).

#### 7. METAGENÓMICA III (BIOPROSPECCIÓN DE ENZIMAS)

Búsqueda de recursos genéticos y bioquímicos de valor comercial. Enzimas microbianas. Asociación de función enzimática y ambiente microbiano. Usos en la industria. Características deseadas. Estrategias de bioprospección. Cultivos bacterianos. Microorganismos no cultivables (ADN total), metagenómica. Secuencia vs. función. Desafíos del descubrimiento a la aplicación. Ejemplos: usos de metilhaluros, biomasa lignocelulósica como sustrato para biocombustibles. Análisis de resultados de secuenciación metagenómica.

## 8. EPIDEMIOLOGÍA/ECOLOGÍA MOLECULAR (FILOGEOGRAFÍA)

Análisis filogenético de datos poblacionales y sus conclusiones epidemiológicas. El caso de los virus. Definición de cuasiespecie y forma de evolución de virus. Ejemplo de SARS-CoV2 y la evolución de variantes durante la pandemia de COVID19. Otras virosis.

## BIBLIOGRAFÍA

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

- • 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: 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.
- • Computational Methods for Next Generation Sequencing Data Analysis Ion Mandoiu, Alexander Zelikovsky. ISBN: 978-1-119-27217-5 September 2016 464 Pages
- • DNA Microarrays 2007 Ulrike A Nuber, Taylor & Francis Group, LLC, New York.
- • Essentials of Genomics and Bioinformatics. Christoph W. Sensen ISBN: 978-3-527-61265-9 September 2008 Wiley-Blackwell 442 Pages

- • 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

- 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 Trans. Computational Biology & Bioinformatics 2017 vol 15, pp 168 - 180 <https://ieeexplore.ieee.org/document/7586096>