

Curso o Seminario de Postgrado y/o Doctorado**Departamento:** CIENCIAS BIOLÓGICAS - F. C. E. y N. - U.B.A.**Nombre del curso o Seminario:**

Perspectivas Bioinformáticas de la Genómica Comparativa, Funcional y Estructural

Responsable: Esteban Hasson

En caso de que el responsable del Curso no sea Docente de esta Facultad, deberá adjuntarse su currículum vitae y una nota solicitando la autorización.

Docentes que colaboran en el dictado del curso.

Adjuntar listado con nombre, apellido y cargo docente (currículum sino son docentes de la Facultad).

Dr. Hernán Dopazo

Dr. Joaquín Dopazo

Dirigido a:

Graduados en Biología, Química Biológica y disciplinas afines

Fecha de iniciación: 25/2/2008

En ambos casos consignar día y mes, aún cuando sea tentativo.

Fecha de finalización: 29/2/2008**Modalidad horaria:**

Informar días y horario aún cuando sea tentativo.

Horario 9 - 17**Cantidad de horas totales:** 48**Cantidad de horas semanales:** 48

- a) **Horas semanales de clases teóricas:** 24
- b) **Horas semanales de clases de problemas:**
- c) **Horas semanales de laboratorios, trabajo de campo, etc.:** 24

Nº de alumnos mínimo: 15**Nº de alumnos máximo:** 30

En caso de número máximo, indicar prioridades de ingreso o método de selección.

Forma de evaluación:**Examen Final****Puntaje para doctorado:**

Justificar si difiere de las pautas aconsejadas por la Comisión de Investigación, Publicaciones y Postgrado.

Arancel (Justificar):

En caso de aceptar excepciones al arancel total, indicarlos con claridad.

100 créditos por el uso intensivo de programas de computación, máquinas y bibliografía



Universidad de Buenos Aires
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales
Departamento de Ciencias Biológicas

Int. Güiraldes 2620
 Ciudad Universitaria - Pab. II, 4º Piso
 CP:1428 Nuñez, Ciudad Autónoma de Buenos Aires
 Argentina
 : <http://www.bg.fcen.uba.ar>

Carrera: Licenciatura en Ciencias Biológicas	Código de la carrera: 05
Carrera: Doctorado en Ciencias Biológicas	Código de la carrera: 55
	Código de la materia: 7-

¡ Perspectivas Bioinformáticas de la Genómica Comparativa, Funcional y Estructural

CARÁCTER:	[SI / NO]	PUNTAJE:
Curso obligatorio de licenciatura (plan 1984)	NO	--
Curso optativo de licenciatura (plan 1984)	NO	--
Curso de postgrado	SI	

Duración de la materia:	Semanas	Cuatrimestre en que dicta:	°	Cuatrimestre
Frecuencia en que se dicta: <i>Anualmente</i>				

Horas de clases semanales:	Discriminado por:	Hs.
	Teóricas	24
	Problemas	
	Laboratorios	24
	Seminarios	
Carga horaria semanal:		48
Carga horaria total cuatrimestral:		<u>48</u>

Asignaturas correlativas:	
Curso PG. Dirigido a:	Graduados en Biología, Química Biológica y disciplinas afines
Forma de Evaluación:	Examen Final

Profesor/a a cargo:	Esteban Hasson
Firma:	
Aclaración:	Fecha: 4 /02/2008

Er

M

MARTA D. MUDRY
 DIRECTORA
 DEPARTAMENTO EGE

Programa del Curso

Día 1. Introducción ¿Por qué usar microarrays? Verificando hipótesis pre- y post-genómicas: una nota de precaución. Diseño de experimentos. Normalización y otros tipos de pre-procesamiento de datos. Análisis supervisado (selección de genes y construcción de predictores). Análisis no supervisado (clustering). Array-CGH. Interpretación funcional del experimento. Normalización: Eliminación de la variabilidad proveniente de fuentes experimentales y no relacionada con el diseño experimental. Métodos para microarrays de Affymetrix, de dos colores y de un color. Otros métodos de pre-procesamiento: Diferentes transformaciones de datos como estandarización, imputación de missing values, etc.

Día 2. Clustering (teoría y práctica). Teoría sobre análisis no supervisado de microarrays. Clustering de genes y de experimentos. Ejercicios prácticos con los métodos de clustering más usados en microarrays: clustering jerárquico, k-medias, SOM y SOTA. Selección de genes. Teoría sobre métodos de selección de genes diferencialmente expresados entre dos o más condiciones experimentales. Selección de genes correlacionados a una variable continua o a datos de supervivencia. Como tratar el problema del test múltiple. Ejercicios prácticos con diferentes métodos de selección de genes (test de la t, adaptive test, tests bayesianos, SAM, correlación regresión, modelos de Cox para supervivencia). Construcción de predictores. Teoría sobre la construcción de predictores de clase. Preselección de genes y el problema del sesgo de selección. Prácticas con diferentes clasificadores (KNN, DLDA, SVM y PAM). El paquete GEPAS.

Día 3. Interpretación funcional de experimentos. Teoría sobre la interpretación funcional de los roles moleculares jugados por los genes detectados en un experimento de microarrays. Uso de diferentes tipos de información (gene ontology, InterPro motifs, transcription factor binding sites, etc). Como tratar con el problema del test múltiple. Anotación Funcional. Diferentes métodos para la anotación de experimentos FatiGO, FatiWise, TransFat. Prácticas con la suite Babelomics. CGH-Arrays. Estimación del número de copias en aberraciones cromosómicas. Estudios conjuntos de número de copias y expresión de genes.

Día 4. Blast2GO: Anotación Funcional e interpretación. Una introducción práctica a la anotación funcional de un grupo de genes utilizando Bast2GO. Una suite de programas de investigación para el análisis funcional de términos de GO, su visualización y anotación. Ejercicios.

Día 5. Selección Natural a nivel Molecular. Sobre secuencias codificantes de un gen y de un genoma completo. Test de adaptación y de relajación o selección débil. Modelos de Evolución de Codones. Métodos directos y de máxima verosimilitud sobre sitios, ramas y ramas por sitios. Detección de selección positiva utilizando CODEML de PAML y SLR en Phylemon.



Dña. MARTA D. MUDRY
DIRECTORA
DEPTO. EGE

11

**PERSPECTIVAS BIOINFORMÁTICAS DE LA
GENOMICA COMPARATIVA, FUNCIONAL Y ESTRUCTURAL**

Referencias

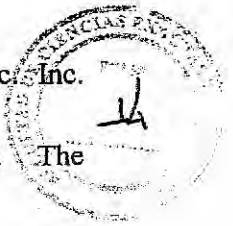
1. Albertson, D.G. and Pinkel, D. (2003) Genomic microarrays in human genetic disease and cancer. *Hum Mol Genet* 12 Spec No 2, R145-52
2. Al-Shahrour F, Minguez P, Vaquerizas JM, Conde L, Dopazo J (2005) BABELOMICS: a suite of web tools for functional annotation and analysis of groups of genes in high-throughput experiments. *Nucleic Acids Res*, 33:W460-464.
3. Al-Shahrour F, Arbiza L, Dopazo H, Huerta J, Minguez P, Montaner D, Dopazo J (2007) From genes to functional classes in the study of biological systems. *BMC Bioinformatics* 8:114.
4. Conesa A, Götz S, García-Gómez JM, Terol J, Talón M, Robles M. (2005) Blast2GO: a universal tool for annotation, visualization and analysis in functional genomics research. *Bioinformatics*, 21(18), 3674-3676.
5. Herrero J, Al-Shahrour F, Diaz-Uriarte R, Mateos A, Vaquerizas JM, Santoyo J, Dopazo J (2003) GEPAS: A web-based resource for microarray gene expression data analysis. *Nucleic Acids Res*, 31:3461-3467.
6. Herrero J, Vaquerizas JM, Al-Shahrour F, Conde L, Mateos A, Diaz-Uriarte JS, Dopazo J (2004) New challenges in gene expression data analysis and the extended GEPAS. *Nucleic Acids Res*, 32:W485-491
7. Montaner D, Tárraga J, Huerta-Cepas J, Burguet J, Vaquerizas JM, Conde L, Minguez P, Vera J, Mukherjee S, Valls J, Pujana M, Alloza E, Herrero J, Al-Shahrour F, Dopazo J (2006) Next station in microarray data analysis: GEPAS. *Nucleic Acids Res*, 34: W486-W491.
8. Dopazo H. and J. Dopazo. 2005. Genome-scale evidence of the nematode-arthropod clade. *Genome Biology* 6(5): R41
9. Arbiza L., Dopazo J. and H. Dopazo. 2006. Differentiating positive selection from acceleration and relaxation in human and chimp. *PLoS Comp. Biol.* 2(4):e38
10. Arbiza L., Duchi S., Montaner D., Burguet J., Pantoja-Uceda D., Pineda-Lucena A., Dopazo J. and H. Dopazo. 2006. Selective pressures at a codon-level predict deleterious mutations in human disease genes. *J. Mol. Biol.* 358, 1390-1404.
11. Tárraga J., Medina I., Arbiza L., Huerta-Cepas J., Gabaldon T., Dopazo J. & H. Dopazo. Phylemon: a suite of web-tools for molecular evolution, phylogenetics and phylogenomics. *Nucleic Acids Research* 2007. 35:W38-42
12. Al-Shahrour F., Arbiza L., Dopazo H., Huerta-Cepas J. & J. Dopazo. From genes to functional blocks in the study of biological systems. *BMC Bioinformatics* 2007, 8:114.
13. Capriotti, E., Arbiza, L., Casadio R., Dopazo J., Dopazo H. & Marc A. Marti-Renom. 2007. Use of estimated evolutionary strength at the codon level improves the prediction of disease-related protein mutations in human. *Human Mutation* 0:1-7
14. Dopazo, H. Selective Constraints on Human Disease Mutations and Polymorphisms. In: *Handbook of Human Molecular Evolution*. Ed.: David N. Cooper. John Wiley & Sons, Ltd. UK. In Press.

DR. MARTA D. MUDRY
DIRECTORA
CIC

Dr. Esteban Hassor
Profesor FCEyN UBA
Investigador CONICET

Wilson, E.O. y W.H. Bossert. 1971. A primer of Population Biology. Sinauer Associates, Inc. Publishers. 192 pp.

Wilson, O.S. 1980. The natural selection of populations and communities. The Benjamin/Cummings Publ. Co. Inc.



Wilson

Muster



Universidad de Buenos Aires
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

Ref. Expte. N° 489.372/2007

Buenos Aires, 31 MAR 2008

VISTO:

La nota de fecha 04/02/2008, presentada por la Dra. Marta Mudry Directora del Departamento de Ecología Genética y Evolución, mediante la cual eleva la Información del Curso de Posgrado **PERSPECTIVAS BIOINFORMÁTICAS DE LA GENOMICA COMPARATIVA, FUNCIONAL Y ESTRUCTURAL** que será dictado entre el 25/02/2008 y el 29/02/2008 por el Dr. Esteban Hasson y los Dres. Joaquín Dopazo y Hernán Dopazo

CONSIDERANDO:

lo actuado por la Comisión de Doctorado de esta Facultad,
lo actuado por la Comisión de Enseñanza, Programas, Planes de Estudio y Postgrado;
lo actuado por este cuerpo en Sesión Ordinaria realizada en el día de la fecha,
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
RESUELVE:**

Artículo 1º: Autorizar el dictado del Curso de Posgrado **PERSPECTIVAS BIOINFORMÁTICAS DE LA GENOMICA COMPARATIVA, FUNCIONAL Y ESTRUCTURAL**, de 48 horas de duración.

Artículo 2º: Aprobar el Programa del Curso de Posgrado **PERSPECTIVAS BIOINFORMÁTICAS DE LA GENOMICA COMPARATIVA, FUNCIONAL Y ESTRUCTURAL**.

Artículo 3º: Aprobar un Puntaje de dos (2) puntos para la Carrera del Doctorado.

Artículo 4º: Aprobar un Arancel de 100 Módulos. Disponer que los montos recaudados serán utilizados conforme a los dispuesto por Resolución CD N° 072/03.

Artículo 5º: Comuníquese a la Dirección del Departamento de Ecología, Genética y Evolución y a la Subsecretaría de Postgrado (con fotocopia del Programa incluida). Cumplido Archívese.

RESOLUCION CD N°

482

DEL NORA CEBALLOS
SECRETARÍA ACADÉMICA

DR. JORGE ALIAGA
DECANO