



Universidad de Buenos Aires
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales
Departamento de Química Biológica

DEPARTAMENTO DE QUÍMICA BIOLÓGICA

CURSO DE POSTGRADO O SEMINARIO

AÑO: 2016

1) NOMBRE DEL CURSO/SEMINARIO:

De la clínica a la genómica de agentes infecciosos bacterianos: Un enfoque interdisciplinario

2) NOMBRE Y APELLIDO DEL RESPONSABLE:

Darío A Fernández Do Porto, Sandra Ruzal

3) DOCENTES QUE COLABORAN EN EL DICTADO DEL CURSO:

Marcelo Martí, Adrián Turjanski y Mariana Piuri

4) FECHA DE INICIACIÓN: 31 Octubre FECHA DE FINALIZACIÓN: 11 Noviembre

5) CANTIDAD DE HORAS TOTALES DE DICTADO:

- a) TEORICAS: 40
- b) SEMINARIOS: 8
- c) LABORATORIO: 28
- d) CLASES TEORICAS-PRACTICAS: 0

6) FORMA DE EVALUACIÓN: Informes de laboratorio, presentación final

7) LUGAR DE DICTADO: FCEN-UBA

8) PUNTAJE QUE OTORGA PARA EL DOCTORADO: 3 puntos

9) Nº DE ALUMNOS: Mínimo: 10 Máximo: 40

10) ARANCEL PROPUESTO: 800 Módulos

11) PROGRAMA ANALÍTICO Y BIBLIOGRAFÍA DEL CURSO:

Clases Teóricas (Mañana y Tarde y Mañanas 1 a 8)

- 1) Introducción a la genética de procariotas. Estructura de los genes procariotas. Modelo de operón. Mecanismos bacterianos de resistencia a antibióticos. Resistencia a antibióticos desde una perspectiva genómica y molecular.
- 2) Introducción a la genómica de procariotas. 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 procarotias. 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. Estudio de casos de transcriptomas de bacterias patógenas a través de RNA-seq: *K pneumoniae* y *Bacteroides fragilis*.



Universidad de Buenos Aires
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales
Departamento de Química Biológica

- 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. Co-expression network analysis: Teoría y aplicaciones.
- 5) Aplicación de Bacteriófagos en el diagnóstico de la tuberculosis.
- 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) Aplicaciones de NGS a la genómica de los virus. Estudio y caracterización de genomas virales. Mapeo, alineamiento y llamado de variantes. Inferencia de haplotipos virales y estimación de frecuencias. Dinámica de poblaciones. Evolución viral.
- 8) Tuberculosis. Aspectos microbiológicos. Experiencia en un laboratorio de referencia. Cuatro décadas de transmisión de la cepa M multirresistente de *M. tuberculosis*.
Mesa redonda 1: Aplicaciones y desafíos de NGS en tratamientos antibacterianos.
Mesa redonda 2: Global Microbial Identifier.

Trabajos Practicos (Tardes 1-7)

- 1) Ensamblado de genomas bacterianos. Análisis de calidad de las lecturas. Algoritmos de ensamblado. Visualización.
- 2) Anotación de genomas bacterianos. Predicción de genes y anotación funcional. Llamado y anotación de variantes.
- 3) Estudio de la expresión diferencial en bacterias. Mapeo y alineación de las lecturas. Construcción del transcriptoma. Niveles de expresión y expresión diferencial. Expresión gráfica de la expresión diferencial.
- 4) Inferencia de redes metabólicas con Pathway tools. Importación del genoma a Pathway-tools y creación de la Pathway/Genome Database (PGDB). Exportación de la PGDB y construcción gráfica de la red metabólica con cytoscape. Análisis de la red. Obtención de parámetros topológicos.
- 5) Estructuroma. Obtención del estructuroma y análisis de drogabilidad. Modelado por homología de proteínas. VMD. Predicción de "pockets" y estudio de su drogabilidad.
- 6) Target-Pathogen como herramienta para la obtención de blancos moleculares terapéuticos. Filtros y función de scoring. Obtención de blancos proteicos. Análisis de vías metabólicas con foco en la obtención de blancos.
- 7) Análisis de secuencias virales. Ensamblado de-novo. Reconstrucción de haplotipos virales y anotación de variantes.

Seminario final conjunto de trabajo (días 9 y 10).

El seminario de trabajo consistirá en la discusión y análisis de los datos y resultados obtenidos durante las clases prácticas por los alumnos a partir de los genomas de *M. tuberculosis* particularmente secuenciados para el curso. Este seminario servirá de evaluación final por parte de los docentes del curso.

Bibliografía:

1. Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis, by David Mount (Author), Cold Spring Harbor Laboratory Press. 2013
2. Busby, S. and R.H. Ebright, Promoter structure, promoter recognition, and transcription activation in prokaryotes. Cell, 1994. 79(5): p. 743-6.
3. Wyrsh, E.R., et al., Genomic Microbial Epidemiology Is Needed to Comprehend the Global Problem of Antibiotic Resistance and to Improve Pathogen Diagnosis. Front Microbiol, 2016. 7: p. 843.
4. Nagarajan, N. and M. Pop, Sequence assembly demystified. Nat Rev Genet, 2013. 14(3): p. 157-67.
5. Ekblom, R. and J.B. Wolf, A field guide to whole-genome sequencing, assembly and annotation. Evol Appl, 2014. 7(9): p. 1026-42

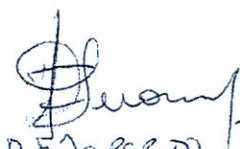


Universidad de Buenos Aires
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales
Departamento de Química Biológica


6. Pinto, A.C., et al., Application of RNA-seq to reveal the transcript profile in bacteria. Genet Mol Res, 2011. 10(3): p. 1707-18.
7. Veiga, D.F., et al., Predicting transcriptional regulatory interactions with artificial neural networks applied to E. coli multidrug resistance efflux pumps. BMC Microbiol, 2008. 8: p. 101.
8. Karp, P.D., et al., Pathway Tools version 19.0 update: software for pathway/genome informatics and systems biology. Brief Bioinform, 2015.
9. Defelipe, L.A., et al., A whole genome bioinformatic approach to determine potential latent phase specific targets in Mycobacterium tuberculosis. Tuberculosis (Edinb), 2016. 97: p. 181-92.
10. Beerenwinkel, N. and O. Zagordi, Ultra-deep sequencing for the analysis of viral populations. Curr Opin Virol, 2011. 1(5): p. 413-8.
11. Eldholm, V., et al., Four decades of transmission of a multidrug-resistant Mycobacterium tuberculosis outbreak strain. Nat Commun, 2015. 6: p. 7119.
12. Melo, F., R. Sanchez, and A. Sali, Statistical potentials for fold assessment. Protein Sci, 2002. 11(2): p. 430-48.


Dr. Marcelo Marti
DIRECTOR
Dpto. QUÍMICA BIOLÓGICA
U.B.A.

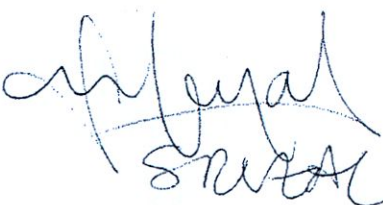
VºBº Del Departamento


D.F. Lopez

Firma del Responsable


VºBº de la Subcomisión de Doctorado

Silvia Rossi


Silvia Rossi



Universidad de Buenos Aires
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

Referencia Expte. N° 506.503/16

Buenos Aires, 19 SEP 2016

VISTO:

la nota presentada por el Dr. Marcelo Marti, Director del Departamento de Química Biológica, mediante la cual eleva la información del curso de posgrado **De la clínica a la genómica de agentes infecciosos bacterianos: un enfoque interdisciplinario**, que será dictado desde el 31/10/2016 al 11/11/2016, por la el Dr. Dario Fernández Do Porto, la Dra. Sandra Ruzal con la colaboración del Dr. Marcelo Martí, el Dr. Adrián Turjanski y la Dra. Mariana Piuri,

CONSIDERANDO:

que en nuestra facultad funciona la unidad Celfi-Datos del Centro Latinoamericano de Formación Interdisciplinaria, dependiente del Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación Productiva de la Nación,

que el curso de referencia es parte de una actividad coorganizada por la unidad Celfi-Datos y financiado Centro Latinoamericano de Formación Interdisciplinaria,

lo actuado por la Comisión de Doctorado,

lo actuado por la Comisión de Postgrado,

lo actuado por la Comisión de Presupuesto y Administración

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 N° 113° del Estatuto Universitario,

**EL CONSEJO DIRECTIVO DE LA FACULTAD
DE CIENCIAS EXACTAS Y NATURALES
RESUELVE:**

Artículo 1°: Autorizar el dictado del curso de posgrado **De la clínica a la genómica de agentes infecciosos bacterianos: un enfoque interdisciplinario**, de 76 hs. de duración.

Artículo 2°: Aprobar el programa del curso de posgrado **De la clínica a la genómica de agentes infecciosos bacterianos: un enfoque interdisciplinario** obrante a fs 2 a 4 del expediente de la referencia.

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

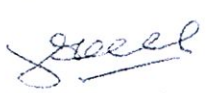
Artículo 4°: Aprobar un arancel de 800 módulos eximiendo del mismo a los participantes becados por el Centro Latinoamericano de Formación Interdisciplinaria. Disponer que los fondos recaudados ingresen en la cuenta presupuestaria habilitada para tal fin, y sean utilizados de acuerdo a la Resolución 072/03.


Artículo 5°: Comuníquese a la Biblioteca de la FCEyN con fotocopia del programa incluida.

Artículo 6°: Comuníquese a la Dirección del Departamento de Química Biológica, a la Dirección de Alumnos, a la Dirección de Presupuesto y Contabilidad, a la Dirección de Movimiento de Fondos y a la Secretaría de Posgrado. Cumplido archívese.

Resolución CD N°
SP/9a/05/09/2016

2246


Dr. JOSÉ OLABE IPARRAGUIRRE
SECRETARIO DE POSGRADO
FCEN-UBA


Dr. JUAN CARLOS REBORADA
DECANO