



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



DEPARTAMENTO DE QUÍMICA BIOLÓGICA

CURSO DE POSTGRADO O SEMINARIO

AÑO: 2017

- 1) **NOMBRE DEL CURSO/SEMINARIO:**
Análisis bioinformático de resistencia antimicrobiana y desarrollo de drogas a partir de genomas bacterianos
- 2) **NOMBRE Y APELLIDO DEL RESPONSABLE:**
Darío A Fernández Do Porto, Adrián Turjanski
- 3) **DOCENTES QUE COLABORAN EN EL DICTADO DEL CURSO:**
Marcelo Martí, Mariana Piuri y Mercedes Palomino
- 4) **FECHA DE INICIACIÓN:** 17 de Octubre **FECHA DE FINALIZACIÓN:** 27 de Octubre
- 5) **CANTIDAD DE HORAS TOTALES DE DICTADO:**
 - a) **TEORICAS:** 32
 - b) **SEMINARIOS:** 8
 - c) **LABORATORIO:** 32
 - 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 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) Análisis genómicos de resistencia. Mapeo, alineamiento y llamado de variantes. Perfiles de resistencia.
 - 4) 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.



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



- 5) 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.
- 6) Herramientas bioinformáticas aplicadas al estudio estructural de proteínas en patógenos. Drogabilidad a escala genómica.
- 7) Exploración y priorización de blancos moleculares para el diseño de nuevos fármacos antibacterianos.
- 8) Aplicaciones de NGS en vigilancia epidemiológica. Herramientas bioinformáticas para estudios filogenéticos. Dinámica y evolución de brotes epidemiológicos.

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.
- 3) Llamado, anotación de variantes y análisis de resistencia.
- 4) 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.
- 5) Herramientas bioinformáticas para estudios filogenéticos.
- 6) 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.
- 7) Estructuroma. Obtención del estructuroma y análisis de drogabilidad. Modelado por homología de proteínas. VMD. Predicción de "pockets" y estudio de su drogabilidad.
- 8) 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.

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.

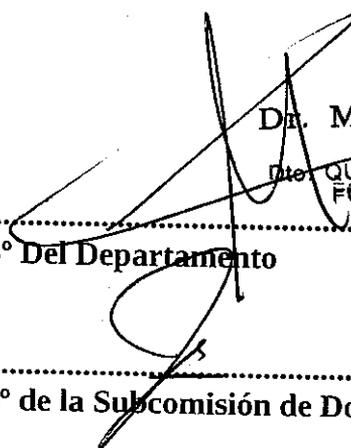
Bibliografía:

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
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.

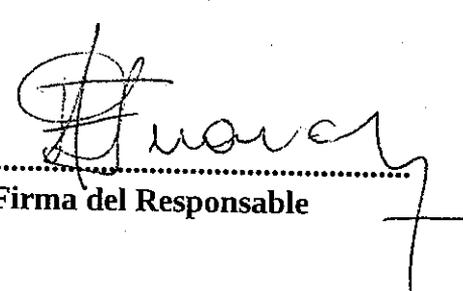


Universidad de Buenos Aires
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales
Departamento de Química Biológica

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
DE QUÍMICA BIOLÓGICA
FCE y N - U.B.A.

.....
V°B° Del Departamento


.....
Firma del Responsable

.....
V°B° de la Subcomisión de Doctorado



Universidad de Buenos Aires
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

Referencia Expte. N° 507.850/17

Buenos Aires, **25 SEP 2017**

VISTO:

la nota presentada por el Dr. Marcelo Martí, Director 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**, que será dictado del 17 al 27 de octubre de 2017 por el Dr. Darío Fernández Do Porto y el Dr. Adrián Turjansky con la colaboración del Dr. Marcelo Martí, la Dra. Mariana Piuri y la Dra. Mercedes Palomino,

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 Posgrado,

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°: Aprobar el nuevo curso de posgrado **ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO DE RESISTENCIA ANTIMICROBIANA Y DESARROLLO DE DROGAS A PARTIR DE GENOMAS BACTERIANOS** de 72 hs. de duración.

Artículo 2°: Aprobar el programa del curso de posgrado **ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO DE RESISTENCIA ANTIMICROBIANA Y DESARROLLO DE DROGAS A PARTIR DE GENOMAS BACTERIANOS**, 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 Dirección del Departamento de Química Biológica y a la Biblioteca de la FCEyN (con fotocopia del programa incluida). Comuníquese 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/ga/28/08/2017

2294

Dr. PABLO J. PAZOS
Secretario Adjunto de Posgrado
FCEyN - UBA

Dr. JUAN CARLOS REBOREDA
DECANO