



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:

Course on Phylodynamics and Bioinformatics: "Evolution, origin and spread of viral pathogens". Curso Financiado por el CELFI.

2) NOMBRE Y APELLIDO DEL RESPONSABLE:

Marcelo A. Martí, Paula Aulicino, Andrea Mangano

3) DOCENTES QUE COLABORAN EN EL DICTADO DEL CURSO:

Marco Salemi, Carla Mevian (Profesor)

4) FECHA DE INICIACIÓN: 23 de Octubre **FECHA DE FINALIZACIÓN:** 3 de Noviembre

5) CANTIDAD DE HORAS TOTALES DE DICTADO:

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

6) FORMA DE EVALUACIÓN: Examen Final

7) LUGAR DE DICTADO: FCEN-UBA

8) PUNTAJE QUE OTORGA PARA EL DOCTORADO: 0 puntos

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

10) ARANCEL PROUESTO: 0



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

11) PROGRAMA ANALÍTICO Y BIBLIOGRAFÍA DEL CURSO:

Cronograma Propuesto

Clases Teóricas y Prácticas - Semana 1:

- 1) Introducción al análisis de genomas virales. Bases de datos de secuencias genómicas. Alineamiento de secuencias, manejo de regiones ambiguas y de INDELS (inserciones/ delecciones). Uso de programas de alineamiento como Bioedit, CLUSTAL, etc...
- 2) Introducción a los análisis filogenéticos. Fundamentos. Conceptos básicos de evolución molecular. Características de los métodos filogenéticos (Neighbor-Joining, Maximum Likelihood, métodos Bayesanos) utilizados en el análisis de poblaciones virales. Elección del modelo de evolución. Ejemplos prácticos, uso de programas específicos como MEGA, MrBAYES, y jMODELTEST, etc....
- 3) Conceptos de epidemiología molecular. Interpretación de los árboles filogenéticos en el contexto biológico de los virus. Ejemplos y discusión de casos.
- 4) Evolución bajo presiones de selección (selección positiva/ negativa). Ejemplos prácticos, e interpretación de resultados.
- 5) Ejemplos de evolución de genes asociados a resistencia a antivirales. Impacto de la recombinación en la inferencia filogenética. Cómo detectarla? Su utilidad en la clínica. Impacto de la diversidad en la dispersión, el diagnóstico y el tratamiento de las infecciones. Discusión de casos y uso de programas para identificar recombinantes (Simplot, RIP)

Semana 2:

- 6) Introducción al análisis de coalescencia basado en métodos bayesianos. Fundamentos. Inferencia bayesiana y teoría de coalescencia. Conceptos de filodinamia y filogeografía. Estimación de parámetros evolutivos. Manejo del programa BEAST.
- 7) Reconstrucción de la historia demográfica de poblaciones virales. Cómo estimar el origen de una población viral a partir de datos de secuencias genómicas? Ejemplos de evolución intra e inter-paciente. Es posible monitorear la propagación de los virus a partir de muestras clínicas o del ambiente? Conceptos de diversidad y divergencia. Manejo del programa BEAST.
- 8) Introducción a las tecnologías de secuenciación masiva (NGS). Cómo analizar grandes volúmenes de datos? Ventajas y desventajas con respecto a la secuenciación convencional (Sanger). Consideraciones necesarias para el estudio de genomas virales. Análisis de set de datos obtenidos a partir de muestras clínicas.
- 9) Herramientas y procesos bioinformáticos para el ensamblado, anotación y análisis evolutivo de sets de grandes datos obtenidos por NGS. Uso de Galaxy.
- 10) Repaso y evaluación.

Durante las tardes, se requerirá que cada uno de los asistentes realice una presentación individual de 5 minutos destinada a la difusión de proyectos. Esta actividad favorece la integración y el mejor conocimiento entre los participantes.

Examen Final: el examen final será realizado en modalidad on-line utilizando el campus virtual destinado al curso.

Bibliografía

1. Altekar et al. (2004). Parallel Metropolis coupled Markov chain Monte Carlo for Bayesian phylogenetic inference. Bioinformatics 20,407-415.
2. Drummond AJ, Rambaut A. (2007). BEAST: Bayesian evolutionary analysis by smpling trees. BMC Evol Biol 7: 214.



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

3. Gillet al. (2012) Improving Bayesian Population Dynamics Inference: A Coalescent-Based Model for Multiple Loci. *Mol Biol Evol* 32(10). Baele et al. (2012) Improving the Accuracy of Demographic and Molecular Clock Model Comparison While Accounting for Phylogenetic Uncertainty. *Mol Biol Evol* 29, 2157–67.
4. Huelsenbeck et al. (2004). Bayesian phylogenetic model selection using reversible jump Markov chain Monte Carlo. *Mol Biol Evol* 21, 1123–33.
5. Posada et al. (1998) MODELTEST: testing the model of DNA substitution. *Bioinformatics* 14, 817–8.
6. Salemi M (2013). The intra-host evolutionary and population dynamics of human immunodeficiency virus type 1: a phylogenetic perspective. *5(Suppl 1):e3.*

VºBº Del Departamento

N/C

VºBº de la Subcomisión de Doctorado

Firma del Responsable

Dr. Marcelo Martí
DIRECTOR
Dpto. QUÍMICA BIOLÓGICA
FCEyN - U.B.A.

Dr. MARTIN MONTE
SECRETARIO TÉCNICO
Dpto. QUÍMICA BIOLÓGICA
FCEyN - U.B.A.



Universidad de Buenos Aires
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

Referencia Expte. N° 507.586/17

Buenos Aires, 14 AGO 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 COURSE ON PHYLOGENETICS AND BIOINFORMATICS: EVOLUTION, ORIGIN AND SPREAD OF VIRAL PATHOGENS, que será dictado del 23 de octubre al 3 de noviembre de 2017 por el Dr. Marcelo Martí, la Dra. Paula Cristina Aulicino y la Dra. Andrea Mangano con la colaboración del Dr. Marco Salemi y la Dra. Carla Mevian,

CONSIDERANDO:

lo actuado por la Comisión de Posgrado,

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° 113º del Estatuto Universitario,

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

Artículo 1º: Aprobar el nuevo curso de posgrado COURSE ON PHYLOGENETICS AND BIOINFORMATICS: EVOLUTION, ORIGIN AND SPREAD OF VIRAL PATHOGENS de 80 hs. de duración.

Artículo 2º: Aprobar el programa del curso de posgrado COURSE ON PHYLOGENETICS AND BIOINFORMATICS: EVOLUTION, ORIGIN AND SPREAD OF VIRAL PATHOGENS, obrante a fs 3 y 4 del expediente de la referencia.

Artículo 3º: 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 y a la Secretaría de Posgrado. Cumplido archívese.

Resolución CD N° 1900
SP / ga / 08/08/2017

1900

Dr. LUIS M. BARALDO VICTORICA
VICEDECANO

Dr. JOSÉ OLABE IPARRAGUIRRE
SECRETARIO DE POSGRADO
FCEyN - UBA