



UNIVERSIDAD NACIONAL DE LUJAN
DEPARTAMENTO DE CIENCIAS BÁSICAS

CURSOS DE POSTGRADO

PLANILLA DE PRESENTACIÓN PARA SU APROBACIÓN

1 - DENOMINACIÓN DEL CURSO: Introducción a la Bioinformática
--

2 -DOCENTES	APELLIDO	NOMBRES	Título académico máximo
RESPONSABLE ACADEMICO	Penas-Steinhardt	Alberto	Doctor
	Tolosa	Gabriel	Doctor
DOCENTES	Coluccio Leskow	Federico	Doctor
	Belforte	Fiorella	Doctor
	Costa Tártara	Sabrina	Doctor
	Túnez	Juan Ignacio	Doctor
	Tonín Monzón	Francisco	Analista Prog. Universitario

3 - FUE DICTADO ANTERIORMENTE?: <input checked="" type="checkbox"/> NO <input type="checkbox"/> SI Número de Disposición <input type="text"/>

4 - OBJETIVOS:

Ofrecer una introducción amplia a la bioinformática y, en particular, a la estructura y utilización de información genética.

- Introducir los conceptos principales sobre aspectos computacionales de los problemas de procesamiento de información genética.
- Estimular la utilización y el desarrollo de nuevas herramientas informáticas para la resolución de problemas biológicos.
- Proporcionar criterios de selección de algoritmos, validación metodológica, utilización y creación de bases de datos.
- Ofrecer a los participantes un ámbito de discusión acerca de los últimos avances en bioinformática.
- Generar un ámbito de discusión interdisciplinario

PROGRAMA SINTÉTICO:

Introducción y conceptos básicos sobre biología molecular. Bases de datos y alineamiento de secuencias. Estrategias de NGS: Genomas y Metagenomas. Genotipado. Estructura poblacional. Filogenias. Expresión Génica. Análisis estructural y funcional de proteínas.

PROGRAMA ANALÍTICO:**MÓDULO 1. Bases de datos y alineamiento de secuencias.**

Biología molecular: Historia, hitos, y marco conceptual de la Nueva Biología. ADN, genes, secuencias, código genético, proteínas. La revolución de las ómicas. Conceptos sobre bases de datos. Recuperación de Información sobre Bases de datos biológicas. Alineaciones de secuencia. Búsquedas por similitud en bases de datos.

MÓDULO 2. Estrategias de NGS: Genomas y Metagenomas.

Estrategias de obtención de información a gran escala. Modalidades de Secuenciación de 1er, 2da y 3ra Generación. Modalidades de Detección de Variantes de Secuencias. Algoritmos posibles de trabajo según la pregunta biológica: CGH, Cariomapping, Paneles, SNPs Array, Exomas, Genomas, RNAseq, Microbiomas. Introducción a la metagenómica: Exploración de distintas Bases de datos utilizadas para el estudio de microbiomas; Introducción al programa QIIME (Quantitative Insights Into Microbial Ecology).

MÓDULO 3. Genotipado. Estructura poblacional. Filogenias.

Variabilidad genética. Alelos. Secuencias de ADN como marcadores. Estrategias de genotipado de individuos y flujo de trabajo. Paternidad y parentesco. Estructuración poblacional. Filogenias. Uso de software específico.

MÓDULO 4. Expresión Génica.

Bases de datos de expresión génica: ESTs, RNAseq, microarrays, GEO. Análisis de expresión génica *In Silico* Northern Blot (ISNB). Análisis de co-expresión, correlación con estados normales y patológicos. Tejidos normales vs cancerígenos. Utilidad como herramienta diagnóstica.

MÓDULO 5. Análisis estructural y funcional de proteínas.

Introducción al análisis de secuencias proteicas. Descripción de estructura primaria, secundaria, terciaria y cuaternaria de proteínas. Algoritmos de análisis de datos experimentales. Algoritmos de predicción de estructura y función de proteínas.

BIBLIOGRAFÍA

- Jean Michael Claverie & Cedric Notredame. Bioinformatics for Dummies 2nd Edition. 2011.
- Branden C and Tooze J. Introduction to Protein Structur. Garland Publishing, Inc. New York and London, 1999.
- Shington W. A New Biology for the 21st Century, Ensuring the United States Leads the Coming Biology Revolution, National Research Council (US) Committee on a New Biology for the 21st Century: Ensuring the United States Leads the Coming Biology Revolution. National Academies Press (US), 2009.
- Alberts B, Johnson A, Lewis J, Raff M, Roberts K y Walter P. Molecular Biology of the Cell (5^o edición). Garland Publishing. New York & London, 2007.
- Xin Xion. Essential Bioinformatics. Texas A & M University. Cambridge Press. 2006.
- Bioinformatics Data Skills: Reproducible and Robust Research with Open Source Tools. Vince Buffalo. O'Reilly Media. 2015.
- Sequence Analysis in a Nutshell: A Guide to Tools: A Guide to Common Tools and Databases. Scott Markel, Darryl Leon. O'Reilly Media. 2003.
- Bioinformatics Computing 1st Edition. Bryan Bergeron. Prentice Hall. 2002.
- Human Microbiome Project: http://hmpdacc.org/resources/tools_protocols.php
- QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data. J Gregory Caporaso et al; Nature Methods, 2010
- Bioinformatics Resourse Portal. <https://www.expasy.org/>
- Avise JC. Molecular Markers, Natural History, and Evolution. Sinauer Associates Inc., Sunderland. 2004.
- Hartl D, Clark A. Principles of Population Genetics, Third edition. Sinauer Associates Inc., Sunderland. 1997.
- Epperson BK. Geographical Genetics. Princeton University Press, Princeton and Oxford. 2003.
- Ayeh KO.. Expressed sequence tags (ESTs) and single nucleotide polymorphisms

(SNPs): Emerging molecular marker tools for improving agronomic traits in plant biotechnology. African Journal of Biotechnology Vol. 7 (4), pp. 331-341. 2008.

- Thomson, R.C., Wang, I.J. & Johnson, G. Genome - Enabled development of DNA markers for ecology, evolution and conservation. Molecular Ecology. 19: 2184–2195. 2010.

5 – EVALUACIÓN DEL CURSO:

Para aprobar el curso se requiere una asistencia del 80%. En este curso se considerará la activa participación en todas las instancias y la evaluación del curso se realizará por medio de una actividad integradora propuesta por el equipo docente a entregar en un plazo máximo de 1 mes luego de finalizado el curso.

6 – PERIODO DE DESARROLLO:

Del 18 de Octubre al 22 de Noviembre de 2017, los miércoles de 9:00 a 17:00hs.

7 – DURACIÓN Y MODALIDAD DE DICTADO:

Clases Teóricas: 20

Clases Teórico-prácticas (Talleres):

Clases Prácticas: 20

TOTAL: 40

8 - REQUISITOS DE INSCRIPCIÓN:

TÍTULO REQUERIDO: Lic. en Cs Biológicas, Lic. en Sistemas de Información, Ing. Agrónomo o afines.

OTROS REQUISITOS: Graduado de la Universidad Nacional de Luján o Doctorandos de la casa.

9 - POTENCIALES ÁREAS DE INCUMBENCIA

Docencia e investigación interdisciplinaria en genómica. Aplicación de herramientas computacionales para extraer información sobre problemas biológicos en grandes volúmenes de datos.

10 - LÍMITE DE INSCRIPTOS:

NÚMERO MÁXIMO:

26

NÚMERO MÍNIMO:

10

ORDEN DE PRIORIDAD EN LA SELECCIÓN DE INSCRIPTOS:

- 1) Docentes de la Universidad Nacional de Luján
- 2) Doctorandos de la Universidad Nacional de Luján
- 3) Egresados

11 - ARANCEL DE INSCRIPCIÓN PROPUESTO

Sin arancelar

12 - LUGAR DE DICTADO: Sede Luján

13 – RECURSOS NECESARIOS

Aula de postgrado

14 - ORGANIZADO POR:

DEPARTAMENTO ACADÉMICO : Ciencia Básicas

DIVISIÓN: Biología/Computación

OTROS:

FECHA DE PRESENTACIÓN: 27/9/2017

Firma del Director