



*1821 Universidad de Buenos Aires*

## **Resolución Consejo Directivo**

**Número:**

**Referencia:** EX-2022-02371331- -UBA-DMESA#FCEN posgrado Genómica y Bioinformática Aplicada al Estudio de Parásitos para el año 2022 sesión 11/07/2022

---

**VISTO:**

La nota presentada por la Dirección del Departamento de Computación, mediante la cual eleva la información del curso de posgrado **Genómica y Bioinformática Aplicada al Estudio de Parásitos** para el año 2022,

**CONSIDERANDO:**

lo actuado por la Comisión de Doctorado,

lo actuado por la Comisión de Posgrado,

lo actuado por este Cuerpo en la sesión realizada en el día 11 de julio de 2022,

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**

## **R E S U E L V E:**

**ARTÍCULO 1º:** Aprobar el nuevo curso de posgrado **Genómica y Bioinformática Aplicada al Estudio de Parásitos** de 80 horas de duración, que será dictado por la Dra. Laura Kamenetzky, con la colaboración de los Dres. Guillermo Alonso y Francisco Velázquez Duarte.

**ARTÍCULO 2º:** Aprobar el programa del curso de posgrado **Genómica y Bioinformática Aplicada al Estudio de Parásitos**, que como anexo forma parte de la presente Resolución, para su dictado en febrero de 2023.

**ARTÍCULO 3º:** Aprobar un puntaje máximo de tres (3) puntos para la Carrera del Doctorado.

**ARTÍCULO 4º:** Establecer un arancel de **CATEGORÍA 3** disponiendo que dicho arancel estará sujeto a los descuentos y exenciones estipulados mediante la Resolución CD N° 1072/19. 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 5º:** Disponer que de no mediar modificaciones en el programa y la carga horaria, el presente Curso de Posgrado tendrá una vigencia de cinco (5) años a partir de la fecha de la presente Resolución.

**ARTÍCULO 6º:** Comuníquese a todos los Departamentos Docentes, a la Dirección de Estudiantes y Graduados, a la Dirección de Movimiento de Fondos, a la Dirección de Presupuesto y Contabilidad, a la Biblioteca de la FCEyN y a la Secretaría de Posgrado con copia del programa incluida. Cumplido, archívese.

## **ANEXO**

### **PROGRAMA**

### **GENÓMICA Y BIOINFORMÁTICA APLICADA AL ESTUDIO DE PARÁSITOS**

#### **Fundamentación:**

A medida que entramos en la "era post-genómica", los métodos de generación de perfiles de expresión "a nivel de genoma" a nivel del transcriptoma y el proteoma han pasado a primer plano. Si bien en los últimos años ha habido un tremendo impulso para desarrollar tecnología analítica y bases de datos para la 'transcriptómica' y la 'proteómica', aún no ha surgido una estrategia de análisis integrador para estos datos ómicos. El objetivo principal del curso es proporcionar herramientas para superar este obstáculo y permitir a los estudiantes enfocarse verdaderamente en los aspectos integradores del "fenotipo" del organismo

#### **Objetivos:**

Se capacitará a los alumnos en manejo y análisis de datos genómicos transcriptómicos y proteómicos de manera integrada. Se capacitará a los alumnos en la obtención e interpretación de resultados producto de análisis x-ómicos. Al finalizar el curso el alumno va a estar capacitado para manejar distintos programas de análisis de BigData y va a poder interpretar los resultados producidos, como los publicados, para responder objetivos específicos de su investigación.

#### **Contenidos:**

Teóricos:

Teórico:

## 1. Estrategias para generar y analizar datos x-ómicos

1.1. Generación de datos de genoma y transcriptoma: estrategias actualmente disponibles.

1.2. Ensamblaje y anotación del genoma: herramientas disponibles y limitaciones actuales.

1.3. Características estructurales y funcionales de los genomas de diferentes grupos taxonómicos, haciendo especial énfasis en las particularidades de los genomas de parásitos tales como *Giardia lamblia*, *Trichomona vaginales*, *Entamoeba histolytica*, *Trypanosoma cruzi*, *Trypanosoma brucei*, *Leishmania sp*, *Plasmodium flaciparum*, y *Toxoplasma gondii*, *Echinococcus sp.*, *Taenia spp.*, *Trichinella spp.*, *Trichuris spp.* y *Dioctophyme renale*.

1.4. Integración de datos y extracción de información de aplicación biotecnológica.

1.5. Desarrollo y uso de herramientas para el descubrimiento de pequeños RNAs a partir de datos genómicos.

1.6. Búsqueda y análisis de pequeños RNAs como biomarcadores en enfermedades.

## 2. Identificación de objetivos de enfermedades a partir de datos x-ómicos

2.1. Enfermedades infecciosas producidas por protozoos, y helmintos.

2.1.1. Diagnóstico y seguimiento de enfermedades infecciosas: dificultades y desafíos.

2.1.2. MiRNoma de platelmintos parásitos: expresión a lo largo del desarrollo y posibles aplicaciones biotecnológicas.

2.1.3. Identificación y caracterización de antígenos para su uso en el desarrollo de métodos diagnósticos de helmintiasis huérfana.

2.1.5. Inmunoinformática aplicada a la identificación de candidatos diagnósticos.

2.1.6. Descubrimiento de nuevas dianas terapéuticas en enfermedades infecciosas.

## Prácticos:

1. Uso de técnicas de biología molecular para la determinación y cuantificación de

- microRNAs de protozoos y helmintos.
2. Extracción de pequeños ARNs de alta calidad, análisis por electroforesis y espectrofotometría.
  3. Síntesis de ADNc (RT) y realización de amplificación en tiempo real (qPCR).
  4. Los resultados se analizarán en el contexto de análisis de datos de small RNA-seq mediante herramientas de bioinformáticas en un entorno Linux.
  5. Análisis de datos transcriptómicos de ARN codificantes, así como herramientas específicas para el análisis y descubrimiento de pequeños ARN no codificantes.
  6. Uso de algoritmos y bases de datos especializadas para el análisis e identificación de la función génica.

### **Modalidad de Evaluación:**

La evaluación se hará mediante un trabajo práctico que será evaluado de forma individual. En este trabajo se aplicarán los conceptos aprendidos durante el curso. Constará de un subset de datos de secuenciación para que los alumnos analicen y anoten con las herramientas dadas en el curso. El alumno deberá presentar su trabajo por escrito detallando la metodología empleada y los resultados obtenidos dentro de los 7 días hábiles de terminado el curso. Se calificará de una escala de 1 a 10.

### **Bibliografía**

- Clustermatch: discovering hidden relations in highly diverse kinds of qualitative and quantitative data without standardization M. Pividori, A. Cernadas, L. A. Haro, G. Stegmayer, D. H. Milone *BIOINFORMATICS* (2018) bty899  
<https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bty899>
- miRNAfe: a comprehensive tool for feature extraction in microRNA prediction C. Yones, G. Stegmayer, L. Kamenetzky, D. H. Milone *BIOSYSTEMS* (2015), vol. 138, pp 1-5,  
<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0303264715001616>
- MicroRNA discovery in the human parasite *Echinococcus multilocularis* from genome-wide data L. Kamenetzky, G. Stegmayer, L. Maldonado, N. Macchiaroli, C. Yones, D.H. Milone *GENOMICS* (2016), vol. 107, pp. 274 – 280  
<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0888754316300234>
- High class-imbalance in pre-miRNA prediction: a novel approach based on deepSOM G. Stegmayer, C. Yones, L. Kamenetzky, D.H. Milone *IEEE-ACM TRANSACTIONS ON COMPUTATIONAL BIOLOGY AND BIOINFORMATICS* (2017), vol. 14, pp. 1316 – 1326

<https://ieeexplore.ieee.org/document/7484734>

- Genome-wide pre-miRNA discovery from few labeled examples C. YONES, G. STEGMAYER, D.H. MILONE *BIOINFORMATICS* (2017), vol. 34, pp. 541 – 549 <https://academic.oup.com/bioinformatics/article-abstract/34/4/541/4222633?redirectedFrom=fulltext>
- Inferring unknown biological function by integration of GO annotations and gene expression data. G. LEALE, A. BAYA, D.H. MILONE, P. GRANITTO, G. STEGMAYER. *IEEE-ACM TRANSACTIONS ON COMPUTATIONAL BIOLOGY AND BIOINFORMATICS* (2017), vol. 15, pp. 168 - 180 <https://ieeexplore.ieee.org/document/7586096>
- Identification and characterization of the major pseudocoelomic proteins of the giant kidney worm, *Diocotophyme renale*. A. Nahili Giorello, Malcolm W. Kennedy, Marcos J. Butti, Nilda E. Radman, Betina Córscico and Gisela R. Franchini. *Parasites & Vectors* 2017;10:446
- Kamenetzky L, Maldonado LL, Cucher MA. Cestodes in the genomic era. *Parasitol Res.* 2021 Oct 19. doi: 10.1007/s00436-021-07346-x. Epub ahead of print. PMID: 34665308.
- KinFin: Software for Taxon-Aware Analysis of Clustered Protein Sequences. Laetsch DR, Blaxter ML. *G3 (Bethesda)*. 2017 Oct 5;7(10):3349-3357. doi: 10.1534/g3.117.300233.
- GenomeHubs: simple containerized setup of a custom Ensembl database and web server for any species. Challis RJ, Kumar S, Stevens L, Blaxter M. *Database (Oxford)*. 2017 Jan 1;2017. doi: 10.1093/database/bax039.
- The other eukaryotes in light of evolutionary protistology. *Biology & Philosophy*. 2013, 28, 299–330 Maureen A. O'Malley, Alastair G. B. Simpson, Andrew J. Roger
- Eukaryotic evolution, changes and challenges. *Nature* 440, pages 623–630 (2006) T. Martin Embley & William Martin
- The Origins of Genome Architecture. Michael Lynch, Book 389 pages (2007), Publisher Oxford University Press Inc, Publication City/Country New York, United States. ISBN10 0878934847 ISBN13 9780878934843