

FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS

Presentación curso de postgrado

Año	2018	Semestre	Primero
Nombre del Curso			
Taller de análisis comparativo de genomas microbianos - Pangenómica y filoinformática.			
Profesor Responsable (indicando las horas que participa en el dictado de clases)			
Dr. Antonio Lagares (1 h.)			
<i>Organizadores:</i>			
- Dr. Draghi, Walter – CONICET - IBBM - La Plata			
- Dr. Lagares, Antonio Jr.– CONICET – LBMIBS – UNQ – JTP UNAJ			
- Dr. López, José Luis – CONICET – IBBM – La Plata – AD FCE UNLP			
- Dr. Lozano, Mauricio –CONICET – IBBM – La Plata – JTP FCE UNLP			
- Dr. Gonzalo A. Torres Tejerizo - JTP FCE UNLP			
Docentes Participantes (indicando las horas que participa en el dictado de clases)			
- Dr. Pablo Vinuesa - (Centro de Ciencias Genómicas - UNAM Cuernavaca, México) (39 hs)			
<i>Auxiliares</i>			
- Dr. Draghi, Walter – CONICET - IBBM - La Plata (20 hs)			
- Dr. Lagares, Antonio Jr.– CONICET – LBMIBS – UNQ – JTP UNAJ (20 hs)			
- Dr. López, José Luis – CONICET – IBBM – La Plata – AD FCE UNLP (20 hs)			
- Dr. Lozano, Mauricio –CONICET – IBBM – La Plata – JTP FCE UNLP (20 hs)			
- Dr. Gonzalo A. Torres Tejerizo - JTP FCE UNLP (20 hs)			
Duración Total (en horas)	40 hs		
Modalidad (Teórico, teórico-práctico, seminario, etc)	Teórico-práctico		
Tipo de evaluación prevista	Escrita / oral por definir		
Especificación clara si se lo considera válido para cubrir exigencias del Doctorado.			
Fecha de dictado	2 – 6 de Julio de 2018	Cupo de alumnos	20/30
Inscripción desde	1/06/2018	Hasta el día	20/06/2018
Exigencias y requisitos de inscripción			
Estudiantes de posgrado egresados de las carreras de Lic. En Biotecnología, Lic. en Bioquímica, Biología, Agronomía y afines. Al existir un cupo en caso de que el número de inscriptos supere el cupo se evaluará la vinculación del tema y la nota de motivación del estudiante para participar en el curso.			

Arancelamiento				
NO	<input checked="" type="checkbox"/>	SÍ	<input type="checkbox"/>	Montos
Destino de los fondos				
Mecanismo de pago				
Breve resumen de los objetivos y contenidos				
<p>El objetivo es proporcionarles una sólida base de conocimientos teóricos y prácticos sobre inferencia filogenética molecular y diversos aspectos bioinformáticos estrechamente relacionados.</p> <p>El curso cubrirá de manera equilibrada los principios teóricos subyacentes a diversos métodos y criterios de inferencia filogenética (distancia, parsimonia y máxima verosimilitud), así como el aprendizaje de programas clave (para diversas plataformas, centrándonos en aquellos de libre distribución) para hacer estas inferencias, usando datos tomados de las bases de datos. Adicionalmente, se sentarán las bases teóricas y prácticas para el análisis de pangenomas microbianos, y para la obtención de marcadores genéticos óptimos para estudios filogenómicos, de genética poblacional y de taxonomía.</p>				
Contacto con el responsable				
Dirección	Instituto de Biotecnología y Biología Molecular - CCT La Plata - UNLP			
Teléfono		Fax		
Correo electrónico	lagares@biol.unlp.edu.ar			

Programa preliminar del curso

Introducción a la filoinformática en sistemas Linux. Conceptos básicos de evolución, filogenética y sistemática molecular microbiana. Inferencia filogenética bajo criterios de máxima verosimilitud y bayesiano. Pan-genómica microbiana. Análisis filogenómico y evolución microbiana.

Contenidos

Lunes 2. 9:00 a 18:00

- Introducción a Linux (teoría y práctica)
- Conceptos básicos de biología evolutiva y filogenética

Martes 3. 9:00 a 18:00

- Búsqueda de homólogos usando BLAST desde la línea de comandos (prácticas)
- Alineamientos múltiples (prácticas)
- Introducción a los métodos filogenéticos, árboles de genes y de árboles de especies

Miércoles 4. 9:00 a 18:00

- Modelos de sustitución y máxima verosimilitud (teoría)
- Ajuste de modelos e inferencia de filogenias de máxima verosimilitud (prácticas)
- Delimitación de especies bacterianas usando métodos evolutivos y datos multilocus

Jueves 5. 9:00 a 18:00

- Inferencia bayesiana de filogenias (teoría y práctica)
- Pangenómica y evolución microbiana (Seminario de investigación)

Viernes 6. 9:00 a 17:00

- Cómputo de familias de genes homólogos con datos genómicos (teoría)
- Análisis pangenómico usando GET_HOMOLOGUES (prácticas)
- Estrategias para la estima de filogenias genómicas (teoría)
- Estima de filogenias genómicas con GET_PHYLOMARKERS (prácticas)
- Evaluación escrita (17 a 18hs)

Software:

GET_HOMOLOGUES: <http://eead-csic-compbio>.

GET_PHYLOMARKERS: <https://github.com/vinuesa/>

Seaview (visor-editor de alineamientos y más) <http://pbil.univ-lyon1.fr/>

jModelTest2 <https://github.com/ddarriba/>

FigTree (para visualizar árboles): <http://tree.bio.ed.ac.uk/>

MrBayes: <http://mrbayes.sourceforge>.

Bibliografía

Contreras-Moreira, B., & Vinuesa, P. (2013). GET_HOMOLOGUES, a versatile software package for scalable and robust microbial pangenome analysis. *Applied and Environmental Microbiology*, 79(24), 7696–7701.

Felsenstein, J., 2004. *Inferring phylogenies*. Sinauer Associates, INC., Sunderland, MA.

Futuyma, D.J., 2005. *Evolution*. Sinauer Associates, INC., Sunderland, MA.

Graur, D., Li, W.H., 2000. *Fundamentals of Molecular Evolution*. Sinauer Associates, Inc., Sunderland.

Nei, M., Kumar, S., 2000. *Molecular Evolution and Phylogenetics*. Oxford University Press, Inc., NY.

Page, R.D.M., Holmes, E.C., 1998. *Molecular Evolution - A Phylogenetic Approach*. Blackwell Science Ltd, Oxford.

Swofford, D.L., Olsen, G.J., Waddel, P.J., Hillis, D.M., 1996. Phylogenetic inference. In: Hillis, D.M., Moritz, C., Mable, B.K. (Eds.), *Molecular Systematics*. Sinauer Associates, Sunderland, MA, pp. 407-514.

Vinuesa, P. (2018). GET _ PHYLOMARKERS , a Software Package to Select Optimal Orthologous Clusters for Phylogenomics and Inferring Pan-Genome Phylogenies , Used for a Critical Geno-Taxonomic Revision of the Genus *Stenotrophomonas*, 9(May), 1–22. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.00771>