



*1821 Universidad de Buenos Aires*

## **Resolución Consejo Directivo**

**Número:**

**Referencia:** EX-2024-03914547- -UBA-DMESA#FCEN - POSTGRADO - Sesión  
26/08/2024

---

**VISTO:**

La nota presentada por la Dirección del Departamento de Computación, mediante la cual eleva la información del curso de posgrado Abordaje Computacional de la Biología Estructural de Proteínas - VISIT2024 para el año 2024,

**CONSIDERANDO:**

lo actuado por la Comisión de Doctorado,

lo actuado por este Cuerpo en la sesión realizada el día 26 de agosto de 2024,

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

### RESUELVE:

**ARTÍCULO 1°:** Aprobar el nuevo curso de posgrado **Abordaje Computacional de la Biología Estructural de Proteínas - VISIT2024** de 24 horas de duración, que será dictado por el Dr. Carlos Alberto Brizuela Rodríguez, con la colaboración del Dr. Ricardo Rodríguez.

**ARTÍCULO 2°:** Aprobar el programa del curso de posgrado **Abordaje Computacional de la Biología Estructural de Proteínas - VISIT2024** que como anexo forma parte de la presente Resolución, para su dictado en el tercer bimestre de 2024.

**ARTÍCULO 3°:** Aprobar un puntaje máximo de un (1) punto para la Carrera del Doctorado.

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

**ARTÍCULO 6°:** Comuníquese a todos los Departamentos Docentes, a la Dirección de Estudiantes y Graduados, a la Biblioteca de la FCEyN y a la Secretaría de Posgrado con copia del programa incluida. Cumplido, pase COMPUTACION#FCEN y resérvese.

## **ANEXO**

### **PROGRAMA**

Familiarizar al participante con distintos problemas computacionales que tienen su origen en biología estructural de proteínas, así como proporcionarle las herramientas fundamentales para el análisis y diseño de algoritmos para resolverlos.

Desarrollar habilidades para la re-ingeniería de algoritmos de acceso libre para manejar y procesar datos provenientes de experimentos relacionados a la estructura de proteínas.

#### Temario:

##### 1. Introducción (3hs)

- Genotipo y fenotipo, ADN, ARN y proteínas
- Algoritmos para la búsqueda de secuencias en bases de datos
- Eventos relevantes en biología estructural
- Análisis de proteínas y proteómica (3hs)
  
- Base de datos de proteínas
- Estructura de los aminoácidos y las proteínas
- Patrones en proteínas
- Propiedades físicas de las proteínas
- Técnicas experimentales para identificar proteínas
- Predicción de estructura de proteínas (9hs)
  
- Plegamiento y predicción de estructura en proteínas
- Empaquetamiento de la cadena lateral
- Modelado por homología
- Modelado por enhebrado
- Modelado de primeros principios
- Modelado basado en aprendizaje de máquina
- AlphaFold2, ESMfold, Rosetta Fold, HelixFold
- Diseño Computacional de Proteínas (9hs)
  
- Definiciones del problema
- Diseño con columna vertebral fija
- Diseño basado en aprendizaje automático

- Algoritmos y métodos para la identificación y diseño de péptidos bioactivos

## **BIBLIOGRAFÍA**

- Donald, B. R. (2023). Algorithms in structural molecular biology. MIT Press.
- Pevsner, J. Bioinformatics and Functional Genomics, Willey-Blackwell. ISBN: 978-1-118-58178-0, 3rd edition, 2015.
- Neil C. Jones and Pavel A. Pevzner. An Introduction to Bioinformatics Algorithms. The MIT Press; 1 edition (August 1, 2004).
- R. Deonier, S. Tavaré and M. Waterman. Computational Genome Analysis: An Introduction. Springer, 2005.
- D. Mount. Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis. Cold Spring Harbor Laboratory Press; 2nd edition, 2004.
- I. Eidhammer, I. Jonassen, and W. R. Taylor. Protein Bioinformatics: An algorithmic approach to sequence and structure analysis. John Wiley & Sons, 2004.
- Revistas como PLOS Computational Biology, Briefings Bioinformatics, Bioinformatics, Journal of Chemical Information and Modeling, Nucleid Acids Research, entre otras.
- Cursos en línea como los del MITOPENCOURSEWARE: HST.506J Foundations of Computational and Systems Biology, Spring 2014