
Curso: Phylodynamics and Bioinformatics: “Evolution, origin and spread of viral pathogens”

Cronograma tentativo

Día 1: 23/10/17

13.30 a 13.45hs

Acto de Apertura: Marcelo Martí, Paula Aulicino, Andrea Mangano, Marcelo Golemba (organizadores del curso). Autoridades de CELFI- datos, FCEN y Hospital Garrahan.

13.45 a 15.45hs

Clase teórica "Introducción al análisis de genomas virales" a cargo de Prof. Marco Salemi

16:00 a 17 hs

Clase práctica “Bases de datos de secuencias genómicas. Alineamiento de secuencias” a cargo de Prof. Marco Salemi y Prof. Carla Mavian

Día 2: 24/10/17

9.00 a 11.15hs

Clase teórica “Introducción a los análisis filogenéticos. Fundamentos. Conceptos básicos de evolución molecular. Características de los métodos filogenéticos” a cargo de Prof. Marco Salemi

11.30 a 12.30hs

Clase teórica “Elección del modelo de evolución” a cargo de Prof. Carla Mavian

14.15 a 15.30hs

- 5 minutos de exposición por alumno



15.45 a 17.00hs

Clase práctica “Uso práctico de programas bioinformáticos específicos como MEGA, MrBAYES, y jMODELTEST, etc” a cargo de Prof. Marco Salemi y Prof. Carla Mavian

Día 3: 25/10/17

9.00 a 11.15hs

Clase teórica “Conceptos de epidemiología molecular. Interpretación de los árboles filogenéticos en el contexto biológico de los virus” a cargo de Prof. Marco Salemi

11.30 a 12.30hs

Clase teórica a cargo de profesor invitado

14.15 a 15.30hs

- 5 minutos de exposición por alumno

15.45 a 17.00

Clase práctica “Análisis filogenético: Ejemplos y discusión de casos” a cargo de Prof. Marco Salemi y Prof. Carla Mavian

Día 4: 26/10/17

9.00 a 10.15hs

Clase teórica “Evolución bajo presiones de selección (selección positiva/ negativa)” a cargo de Prof. Marco Salemi

10.30 a 11.30hs

Clase teórica “Ejemplo, discusión e interpretación de resultados” a cargo de Prof. Carla Mavian

11.30 a 12.30hs

Clase teórica a cargo de un Profesor invitado

14.15 a 15.30hs

- 5 minutos de exposición por alumno

15.45 a 17.00hs



Clase práctica “Ejemplos prácticos y usos de programas bioinformáticos para estimar la evolución bajo presiones de selección e interpretación de resultados” a cargo de Prof. Marco Salemi y Prof. Carla Mavian

Día 5: 27/10/17

9.00 a 11.15hs

Clase teórica “Ejemplos de evolución de genes asociados a resistencia a antivirales. Impacto de la recombinación en la inferencia filogenética. Su utilidad en la clínica. Impacto de la diversidad en la dispersión, el diagnóstico y el tratamiento de las infecciones. Discusión de casos” a cargo de Prof. Marco Salemi

11.30 a 12.30hs

Clase teórica a cargo de Profesor invitado

14.15 a 15.30hs

- 5 minutos de exposición por alumno

15.45 a 17.00hs

Clase práctica “Uso de programas para identificar recombinantes” a cargo de Prof. Marco Salemi y Prof. Carla Mavian

Día 6: 30/10/17

9.00 a 11.15hs

Clase teórica “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” a cargo de Prof. Marco Salemi

11.30 a 12.30hs

Clase teórica a cargo de Profesor invitado

14.15 a 17.00hs



Clase práctica “Manejo del programa BEAST: Módulo 1” a cargo de Prof. Marco Salemi y Prof. Carla Mavian

Día 7: 31/10/17

9.00 a 11.15hs

Clase teórica “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” a cargo de Prof. Marco Salemi

11.30 a 12.30hs

Clase teórica a cargo de Profesor invitado

14.15 a 17.00hs

Clase práctica “Manejo del programa BEAST: Módulo 2” a cargo de Prof. Marco Salemi y Prof. Carla Mavian

Día 8: 1/11/17

9.00 a 11.15hs

Clase teórica “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” a cargo de Prof. Marco Salemi

11.30 a 12.30hs

Clase teórica a cargo de Profesor invitado

14.15 a 17.00hs

Clase práctica “NGS: Análisis de set de datos obtenidos a partir de muestras clínicas” a cargo de Prof. Marco Salemi y Prof. Carla Mavian

Día 9: 2/11/17



9.00 a 11.15hs

Clase teórica “Herramientas y procesos bioinformáticos para el ensamblado, anotación y análisis evolutivo de sets de grandes datos obtenidos por NGS. Uso teórico del programa Galaxy” a cargo de Prof. Marco Salemi

11.30 a 12.30hs

Clase teórica a cargo de Profesor invitado

14.15 a 17.00hs

Clase práctica “Uso práctico del programa Galaxy” a cargo de Prof. Marco Salemi y Prof. Carla Mavian

Día 10: 3/11/17

9.00 a 12.30hs

Clase de Repaso a cargo de Prof. Marco Salemi y Prof. Carla Mavian

14.15 a 16.30hs

Clase práctica de repaso “Uso práctico del programa Galaxy” a cargo de Prof. Marco Salemi y Prof. Carla Mavian

16.30 a 17.30hs

Acto de Cierre del Seminario

Modalidad prevista para las actividades

Se dedicarán clases teóricas y prácticas que abarquen los distintos tópicos relacionados con el programa del curso. Además, se invitarán a expertos para que expongan sus experiencias relacionadas con los temas teóricos. En la primera semana, se destinarán 5 minutos de exposición por alumno para que realicen un breve resumen de su experiencia laboral.

