



Universidad de Buenos Aires  
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales  
Departamento de Química Biológica



**Análisis de la expresión génica (DNA arrays y proteómicos).**  
**Análisis filogenético molecular: enfoques y herramientas**  
**Comparación de genomas bacterianos: la información genética determina el estilo de vida.**  
**Herramientas de análisis utilizadas en Ingeniería Metabólica**

### **Programa práctico**

Análisis de secuencias de ácidos nucleicos y proteínas utilizando herramientas disponibles en Internet.

- Data mining: comparación con secuencias de bancos de datos, mapas metabólicos, bibliografía, etc
- Traducción
- Localización de ORFs
- Análisis de genomas
- Búsqueda de motivos conservados en proteínas: secuencias transmembrana, HTH, etc
- Localización de secuencias consenso en ADN: promotores, sitios de unión a ribosomas, etc.
- Construcción de cladogramas, búsqueda de grupos de homología
- Diseño de oligonucleótidos
- Análisis transcriptómico

### **Bibliografía**

#### Libros

**Organization of the Prokaryotic Genome.** Robert L. Charlebois. 1999. ASM press, Washington DC.

**Molecular evolution a phylogenetic approach** • By: Roderic D M Page ; Edward C Holmes. Publisher: Oxford ; Malden, Mass. : Blackwell Science, 1998.

#### **Artículos**

Fabian Dey, Qiangfeng Cliff Zhang, Donald Petrey, Barry Honig  
Toward a "Structural BLAST": Using structural relationships to infer function  
Protein Science Volume 22, Issue 4, pages 359–366, April 2013

Nucl. Acids Res. Database issue  
Volume 41 Issue D1 January 2013



Universidad de Buenos Aires  
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales  
Departamento de Química Biológica



Land, M., Hauser, L., Jun, S. R., Nookaew, I., Leuze, M. R., Ahn, T. H., ... & Poudel, S. (2015). Insights from 20 years of bacterial genome sequencing. *Functional & integrative genomics*, 15(2), 141-161.

Andrews, K. R., & Luikart, G. (2014). Recent novel approaches for population genomics data analysis. *Molecular ecology*, 23(7), 1661-1667.

Deng, X., Naccache, S. N., Ng, T., Federman, S., Li, L., Chiu, C. Y., & Delwart, E. L. (2015). An ensemble strategy that significantly improves de novo assembly of microbial genomes from metagenomic next-generation sequencing data. *Nucleic acids research*, 43(7), e46-e46.

Wright, A. V., Nuñez, J. K., & Doudna, J. A. (2016). Biology and Applications of CRISPR Systems: Harnessing Nature's Toolbox for Genome Engineering. *Cell*, 164(1), 29-44.

Kristensen, D. M., Wolf, Y. I., & Koonin, E. V. (2016). ATGC database and ATGC-COGs: an updated resource for micro-and macro-evolutionary studies of prokaryotic genomes and protein family annotation. *Nucleic Acids Research*, gkw934.

Weber, T., Blin, K., Duddela, S., Krug, D., Kim, H. U., Brucoleri, R., ... & Breitling, R. (2015). antiSMASH 3.0—a comprehensive resource for the genome mining of biosynthetic gene clusters. *Nucleic acids research*, 43(W1), W237-W243.

Sommer, M. O., & Spess, B. (2016). (Meta-) genome mining for new ribo-regulators. *Science*, 352(6282), 144-145.

Dr. Marcelo Marti  
DIRECTOR  
Dpto. QUÍMICA BIOLÓGICA

.....  
Firma del Responsable

*M. J. Letina*

*[Signature]*  
.....  
V°B° de la Subcomisión de Doctorado

.....  
V°B° Del Departamento



Universidad de Buenos Aires  
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

Referencia Expte. N° 485.454/06

Buenos Aires, **08 MAY 2017**

**VISTO:**

la nota a foja 104 presentada por el Dr. Marcelo Marí, Director del Departamento de Química Biológica, mediante la cual eleva la información del curso de posgrado **HERRAMIENTAS INFORMÁTICAS PARA EL ANÁLISIS DE ÁCIDOS NUCLEICOS Y PROTEÍNAS**, que será dictado desde el 19 al 30 de junio de 2017 por la Dra. María Julia Pettinari con la colaboración de la Dra. Beatriz Méndez, la Dra. Nancy López, la Dra. Sandra Ruzal y la Dra. Paula Tribelli,

**CONSIDERANDO:**

lo actuado por la Comisión de Doctorado,

lo actuado por la Comisión de Posgrado,

lo actuado por la Comisión de Presupuesto y Administración,

lo actuado por este cuerpo en Sesión Ordinaria realizada en el día de la fecha,

en uso de las atribuciones que le confiere el Artículo N° 113° del Estatuto Universitario,

**EL CONSEJO DIRECTIVO DE LA FACULTAD  
DE CIENCIAS EXACTAS Y NATURALES  
RESUELVE:**

**Artículo 1°:** Aprobar el dictado del curso de posgrado **HERRAMIENTAS INFORMÁTICAS PARA EL ANÁLISIS DE ÁCIDOS NUCLEICOS Y PROTEÍNAS** de 64 hs. de duración.

**Artículo 2°:** Aprobar el programa del curso de posgrado **HERRAMIENTAS INFORMÁTICAS PARA EL ANÁLISIS DE ÁCIDOS NUCLEICOS Y PROTEÍNAS**, obrante a fs 106 y 107 del expediente de la referencia.

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

**Artículo 4°:** Aprobar un arancel de 750 módulos. 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°:** Comuníquese a la Dirección del Departamento de Química Biológica y a la Biblioteca de la FCEyN (con fotocopia del programa incluida).

**Artículo 6°:** Comuníquese a la Dirección de Alumnos, a la Dirección de Presupuesto y Contabilidad, a la Dirección de Movimiento de Fondos y a la Secretaría de Posgrado. Cumplido archívese.

Resolución CD N°

SP / ga / 20.04/2017

**0926**

  
Dr. JOSÉ CLABE IBARRA  
SECRETARIO DE POSGRADO  
FCEyN - UBA

  
Dr. JUAN CARLOS REBOREDA  
DECANO