

## GENÓMICA FUNCIONAL

Curso de post-grado, con validez para la Licenciatura en Ciencias Biológicas FCEyN-UBA.

**Duración:** "Cuatrimestral" (curso de verano). Desde el 20 de febrero hasta el 15 de marzo 2016. Tres clases semanales regulares distribuidas de la siguiente manera: martes y jueves de 8.00 a 17.00 hs con clases teóricas y de laboratorio. Sábados de 9 a 17 hs con clases teóricas y de Seminarios.

Cantidad de horas de clases semanales: 26 horas  
CARGA HORARIA TOTAL: 62 hs.

La materia consta de clases de:

- 1) recapitulación de temas teóricos,
- 2) teórico-prácticas de discusión de publicaciones
- 3) trabajos prácticos de laboratorio

Las clases de laboratorio y teórico-prácticas de discusión son obligatorias y lo que se evalúa es que el estudiante llegue a manejar los conceptos básicos detrás de las herramientas necesarias para la interpretación, análisis crítico y resolución de los problemas que reflejan experimentos científicos históricos y críticos del campo de la Genómica Funcional.

### 1. Contenidos mínimos

1. Bioinformática
2. Genética reversa, mutómica y caracterización funcional de genes
3. Transcriptómica
4. Proteómica
5. Metabolómica
6. Interactómica, miRNAómica y otras X-ómicas
7. Biología de sistemas

### 2.- HORAS DE CLASE SEMANAL:

a) Teóricas .....	hs 10	d) Seminarios .....	hs 6
b) Problemas .....	hs 0	e) Teórico-problemas ..	hs 0
c) Laboratorio .....	hs 10	f) Teórico-prácticas .....	hs 0

Totales: Horas 26

### 3.- CARGA HORARIA TOTAL: 62 hs

**4.- FORMA DE EVALUACION:** Un final teórico integrativo, Parcialitos semanales sobre el contenido de los TP de laboratorio, Exposición de Seminarios (trabajo científico reciente asignado al comienzo del curso), Resolución de un problema bioinformático basado en datos propios o provistos por los docentes.

### 5.- PROGRAMA ANALITICO:

#### 1. GENÉTICA REVERSA, MUTÓMICA Y CARACTERIZACIÓN FUNCIONAL DE GENES

Métodos de complementación funcional por transgénesis: expresión permanente o transitoria de construcciones genéticas por sobreexpresión, por reemplazo alélico involucrando *knock out* estructural o silenciamiento (*knock out* funcional) por ARN interferente o antisentido. Técnica de VIGS (*virus induced gene silencing*). Generación y análisis de mutantes de inserción o de punto. El caso de la mutoteca de cebada. Técnicas de TILLinG (*targeted induced lesions in genomes*) y EcoTILLinG



## 2. TRANSCRIPTÓMICA

Construcción de clonotecas de EST (expressed sequence-tags), su secuenciación y curado bioinformático. El caso del girasol. Construcción de macro y micro matrices (chips) de ADNc y oligonucleótidos. Sus usos en estudios de genómica funcional. Métodos alternativos: SAGE. Bioinformática relacionada.

## 3. PROTEÓMICA

Generación de patrones de electroforesis bidimensional. Análisis de datos. Microsecuenciación de aminoácidos. Uso del MALDI-tof. Estudio de estructura de proteínas y su predicción bioinformática. El caso de los epitopes funcionales en inmunógenos.

## 4. METABOLÓMICA

Estudio y caracterización de metabolitos en muestras biológicas. Principios de cromatografía gaseosa, líquida aplicada y espectrometría de masa a la generación de perfiles metabólicos. Tipos de metabolitos detectados. Su informatización para la creación y uso de una base de datos. Aplicaciones prácticas.

## 5. INTERACTÓMICA, miRNA-ÓMICA y otras X-ÓMICAS

Interacciones de proteínas entre sí, proteínas con ácidos nucleicos y receptor-ligando. Técnicas inmunológicas (inmunoprecipitación), de doble híbrido en levaduras, bacterias y plantas. Exposición en fagos (*phage display*) y otras técnicas alternativas. Micromatrices de miRNAs y estudio de homeostasis de expresión de los mismos. Variaciones en la interacción hospedante-patógeno. Lipidómica, resistómica y otras X-ómicas.

## 6. BIOLOGÍA DE SISTEMAS

¿Qué es la biología de sistemas? El enfoque sistémico. Propiedades emergentes de los sistemas. Su integración con las aproximaciones genómicas y moleculares. Informática relacionada: construcción de modelos y constatación práctica de dichos modelos. El ejemplo de la apoptosis.

### Seminarios

Lectura, exposición y discusión por parte de alumnos y docentes de publicaciones originales recientes de revistas periódicas internacionales. Los trabajos serán seleccionados para ofrecer una visión actualizada de los últimos avances en la temática teórica del curso. Cada participante realiza una completa actualización de un tema específico sintetizada mediante al menos una exposición durante el desarrollo del curso y redactado como informe. Más específicamente, los cursantes se agruparán de a dos o de a tres para realizar una completa actualización de temas claves y específicos (*reviews* y las principales publicaciones que les sirven de base) del estado del arte en temas de genómica aplicada. Las revisiones serán seleccionadas por los docentes responsables y los cursantes podrán elegir, dentro de cierto margen, los temas de su interés para ponerse en contacto con el docente y preparar las exposiciones en forma acorde.

### Trabajos prácticos (laboratorio)

- Técnicas de *knock out* funcional por RNA interferente en transgénicas silenciadas de *Nicotiana benthamiana* y VIGS
- Interpretación de resultados de la aplicación de micromatrices (chips de ADN) a experimentos de infección de células con *Mycobacterium tuberculosis* (agente causante de la tuberculosis humana).
- Interpretación de resultados de electroforesis bidimensional (proteómica)
- Uso e interpretación de datos de metabolómica de tomate en un GC-MS-tof
- Técnica de doble híbrido en bacterias

### BIBLIOGRAFIA:

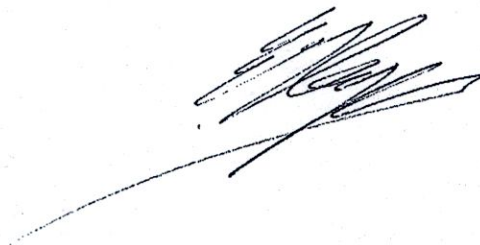
#### Textos básicos

- *Genomics, gene expression and DNA arrays* 2000 David J. Lockhart & Elizabeth A. Winzeler Nature 405: 827-836 Se puede bajar de: <http://rcmi.rcm.upr.edu/research/lockhart.pdf>
- *Plant Genomics and Proteomics* 2004 Christopher A. Cullis, John Wiley & Sons, Inc. Hoboken, New Jersey.



Textos especializados (la cátedra dispone de copias electrónicas en pdf para la libre consulta por parte de los cursantes)

- *Analysing Gene Expression: A Handbook of Methods: Possibilities and Pitfalls* 2003 S. Lorkowski y P. Cullen, Wiley-VCH Verlag GmbH & Co. KGaA, Weinheim.
- *Bioinformatique. Génomique et post-génomique* 2006 Frédéric Dardel y François Képès Translated into English by Noah Hardy John Wiley & Sons Ltd. The Atrium, Southern Gate, Chichester, England.
- *Computational And Statistical Approaches To Genomics*, 2 Ed 2006 Wei Zhang e Ilya Shmulevich, Springer Science+Business Media, Inc. New York.
- *DNA Microarrays* 2007 Ulrike A Nuber, Taylor & Francis Group, LLC, New York.
- *Functional Genomics: Methods and Protocols* en *Methods in Molecular Biology* vol. 224 M. J. Brownstein y A. Khodursky , Humana Press Inc., Totowa, NJ.
- *Genomics, Proteomics and Vaccines* 2004 Guido Grandi, John Wiley & Sons, Ltd. Hoboken, New Jersey.
- *Metabolomics* 2007 W. Weckwerth, en *Methods and Protocols Methods in Molecular Biology* vol. 358, Humana Press Inc., Totowa, NJ.
- *Microarray Data Analysis: Methods and Applications* 2007 M. J. Korenberg , en *Methods in Molecular Biology*, vol. 377, Humana Press Inc., Totowa, NJ.

A handwritten signature in black ink, consisting of several overlapping, stylized loops and lines, positioned in the right-center of the page.





Universidad de Buenos Aires  
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

Referencia Expte. N° 505.757/16

Buenos Aires, 14 MAR 2016

VISTO:

la nota presentada por la Dra. Lidia Szczupak, Directora del Departamento de Fisiología, Biología Molecular y Celular, mediante la cual eleva la información del curso de postgrado **Genómica funcional**, que será dictado del 20 de febrero al 15 de marzo de 2016, por el Dr. Esteban Hopp y el Dr. Pablo Cerdán, con la colaboración de la Dra. Ana Julia Distéfano, la Dra. Mariana López, el Dr. Martín Vazquez, la Dra. Daniela Tosto, la Dra. Verónica Lía y la Lic. Soledad Lucero,

CONSIDERANDO:

- lo actuado en 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°:** Autorizar el dictado del curso de posgrado **Genómica funcional** de 62 horas de duración.

**Artículo 2°:** Aprobar el programa del curso de posgrado **Genómica funcional** obrante a fs 5 a 7 del expediente de la referencia.

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

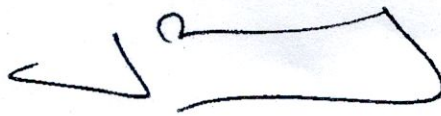
**Artículo 4°:** Aprobar un arancel de 100 módulos para estudiantes de Doctorado de universidades nacionales o pertenecientes a instituciones nacionales públicas de investigación, 800 módulos para estudiantes de Doctorado de universidades extranjeras y 1500 módulos para particulares. Eximir de abonar el arancel a los todos los docentes de la FCEyN. Disponer que los montos recaudados sean utilizados conforme a lo dispuesto por Resolución CD N° 072/03.

**Artículo 5°:** Comuníquese 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, a la Dirección del Departamento de Fisiología, Biología Molecular y Celular y a la Secretaría de Posgrado. Cumplido archívese.

RESOLUCION CD N° 0471  
SP/ga/22/02/2016

  
Dr. PABLO J. PAZOS  
Secretario Adjunto de Posgrado  
FCEyN - UBA

  
Dr. JUAN CARLOS REBORADA  
DECANO