

GENÓMICA ESTRUCTURAL

Curso de post-grado, con validez para el doctorado en Ciencias Biológicas FCEyN-UBA.

Duración: "Cuatrimestral" (curso de verano). Desde el 2 de febrero hasta el 27 de febrero 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: 104 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.

1. Contenidos mínimos

1. Mapeo físico de genomas
2. Secuenciación genómica
3. Proyectos de secuenciación genómica (microorganismos)
4. Proyectos de secuenciación genómica (organismos superiores)
5. Bioinformática
6. Mapeo comparativo y sintenia evolutiva
7. Evaluación de recursos genéticos y diversidad funcional
8. Metagenómica
9. Genotipificación por secuenciación

2.- DURACION: cuatrimestral (curso de verano)

10.- 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

11.- CARGA HORARIA TOTAL: 104 hs

13.- 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.

14.- PROGRAMA ANALITICO:

1. MAPEO FISICO DE GENOMAS

Clonado molecular de genomas en cósmidos, cromosomas artificiales de bacterias (BACs) o de levaduras (YACs). Búsqueda de clones solapados o contigs. Programas bioinformáticos involucrados. Caracterización de clones genómicos: fingerprinting, sequence-tagged sites (STS), zoo-blotting, hibridación con EST (secuencias indicadoras expresadas, expressed-tagged sequences). Hibridación *in situ*: GISH y FISH, Electroforesis en Gel de agarosa bajo Campo Pulsado (PFGE), fusión de células somáticas humanas y de roedores, utilización de aneuploides y líneas con deleciones cromosómicas, selección de cromosomas activados por fluorescencia (*fluorescence-activated chromosome sorting*, FACS), caminado cromosómico y clonado posicional (*chromosome walking* y *landing*).

2. SECUENCIACION GENOMICA

Aspectos metodológicos de la secuenciación a gran escala, principios de funcionamiento de los secuenciadores automáticos, lectura e interpretación de los resultados, creación de bases de datos y análisis informático de los mismos, principales programas informáticos. Secuenciación de primera, segunda y tercera generación. Envío de información a bancos de secuencias: obtención de número de entrada (*accession number*) y registro de la secuencia. Estadística y programas informáticos involucrados. GeneBank y utilización de recursos *vía* INTERNET (Blast, Phred, Phrap) para validación, curado de secuencias y búsqueda de homologías y solapamientos con otras secuencias nucleotídicas ya ingresadas al banco.

3. PROYECTOS DE SECUENCIACION GENOMICA (MICROORGANISMOS)

Genomas virales: organización genómica de virus animales y vegetales. Metodologías de clonado, secuenciación y concepto de clon heterogéneo, variabilidad genética y teoría de las cuasiespecies. Proyectos de secuenciación de genomas bacterianos. *Mycobacterium tuberculosis*, *Brucella abortus*, etc. Proyectos de secuenciación de genomas eucarióticos: protozoos (*Babesia bovis*).

4. PROYECTOS DE SECUENCIACION GENOMICA (ORGANISMOS SUPERIORES)

El proyecto del genoma humano. Proyectos de secuenciación y mapeo de genomas vegetales y animales: *Arabidopsis thaliana*, arroz, tomate, girasol, el genoma de ratón y el genoma bovino.

5. BIOINFORMÁTICA

Utilización práctica de herramientas informáticas disponibles para el análisis de problemas clásicos y aplicados al análisis de datos de expresión génica (micromatrices), secuenciación (Sequencing Analysis v5.2), genotipificación y mapeo con marcadores moleculares SSR, SNP y AFLP (GeneMapper) y filogenia.

6. MAPEO COMPARATIVO Y SENTENCIA EVOLUTIVA

Evolución de la organización genómica en taxones relacionados y conservación de los mapas genómicos: macro- y micro-sentencia. Utilización para caminado cromosómico saltando especies y aprovechamiento de genes ortólogos. Disección molecular de genomas: evolución poliploide genómica, origen tetraploide del maíz, hexaploide de las *Brassica*, etc.

7. EVALUACION DE RECURSOS GENETICOS Y DIVERSIDAD FUNCIONAL

Bancos de germoplasma y genotecas: conservación *in vivo*, *in vitro* e *in silico*, muestreo, evaluación de la diversidad genética y funcional. Búsqueda orientada de secuencias genómicas. Uso de mapas genéticos para la explotación y selección de genes. Estrategias para el enriquecimiento de marcadores en áreas específicas del genoma. Obtención de marcadores a partir de datos de sentencia.

8. METAGENÓMICA

Secuenciación directa de ADN en muestras complejas. El ejemplo de la caracterización de microorganismos del suelo. Taxonomía molecular. Confección de catálogos de diversidad genética. Descubrimiento de nuevos genes. Bioinformática relacionada.

9. GENOTIPIFICACIÓN POR SECUENCIACIÓN

Genómica de poblaciones incluidos el mapeo genético y de QTL, asociación y selección genómica y estudios filogeográficos. Aspectos metodológicos básicos. Análisis de datos.

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)

- Utilización de SSR y SNP en genotipificación (fingerprinting) en humanos y plantas.
- Funcionamiento de un **secuenciador automático**, lectura e interpretación de los resultados.
- Elaboración de **bases de datos** y análisis informático de los mismos.
- Dos ejemplos prácticos de **proyectos genómicos** en marcha (tomate y girasol). Envío de información al GeneBank: obtención de número de entrada (*accession number*) y registro de la secuencia. Utilización de recursos *vía* INTERNET. Búsqueda de homologías y solapamientos con otras secuencias nucleotídicas ya ingresadas al banco.
- Hibridación *in situ*: GISH y FISH
- Detección de secuencias por **PCR en tiempo real**
- Utilización de secuenciación nucleotídica para estudios de **evolución molecular**
- Análisis bioinformático de datos GBS (genotipificación por secuenciación)

BIBLIOGRAFIA:

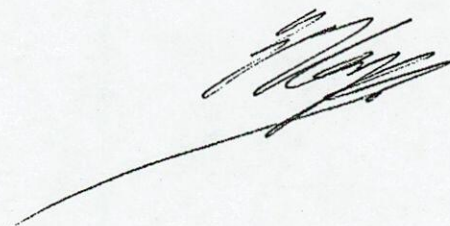
Textos básicos

- *Comparative Genomics: Basic and Applied Research* 2007 James R. Brown, CRC, London
- *From Genes to Genomes: Concepts and Applications of DNA Technology* 2002 Jeremy W Dale and Malcolm von Schantz John Wiley & Sons, Ltd. Chichester, Inglaterra. básico
- *Genomes 3* (3rd edition) 2006 Terry Brown, John Wiley & Sons. BIOS Scientific Publishers, Ltd. Hoboken, New Jersey.
- *Human Genetics and Genomics (Human Genetics: A Problem-Based Approach)* 3 edition 2006 Bruce R. Korf, Wiley-Blackwell, NY.
- *Introduction to Genomics* 2007 Arthur Lesk, Oxford University Press, USA.
- *Plant Genomics and Proteomics* 2004 Christopher A. Cullis, John Wiley & Sons, Inc. Hoboken, New Jersey.
- *Recombinant DNA: Genes and Genomics: A Short Course* 3 edition 2006 James D. Watson, Richard M. Myers, Amy A. Caudy, Jan A. Witkowski, W. H. Freeman.
- *Short Guide to the Human Genome* 2008 Stewart Scherer, Cold Spring Harbor Laboratory Press.

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

- *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.
- *Cereal Genomics* 2005 P.K. Gupta y R.K. Varshney, Kluwer Academic Publishers, New York.
- *Computational And Statistical Approaches To Genomics*, 2 Ed 2006 Wei Zhang e Ilya Shmulevich, Springer Science+Business Media, Inc. New York.

- *DNA Sequencing Protocols*, 2nd ed. en *Methods in Molecular Biology*, vol. 167 C. A. Graham y A. J. M. Hill, Humana Press Inc., Totowa, NJ.
- *Gene Mapping, Discovery, and Expression: Methods and Protocols* 2006 M. Bina en *Methods in Molecular Biology*, vol. 338 Humana Press Inc., Totowa, NJ.
- *Genetics and Genomics of Soybean* 2008 G. Stacey, Springer Science+Business Media, LLC. New York.
- *Genomic Disorders: The Genomic Basis of Disease* 2006 J. R. Lupski and P. Stankiewicz, Humana Press, Totowa, NJ.
- *Large-Scale Genome Sequence Processing* 2006 Masahiro Kasahara y Shinichi Morishita, Imperial College Press, London.
- *The Handbook of Plant Genome Mapping: Genetic and Physical Mapping* 2005 Khalid Meksem y Gunter Kahl, Wiley-VCH Verlag GmbH & Co. KGaA, Weinheim.





Universidad de Buenos Aires
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

Referencia Expte. N° 505.758/16

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 posgrado **Genómica estructural**, que será dictado del 2 al 27 de febrero 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 estructural** de 104 horas de duración.

Artículo 2°: Aprobar el programa del curso de posgrado **Genómica estructural** obrante a fs 5 a 8 del expediente de la referencia.

Artículo 3°: Aprobar un puntaje máximo de cuatro (4) 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°
SP/ga/2202/2016

0472

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

Dr. JUAN CARLOS REBOREDA
DECAN