

INGEBI

1995

(1)

FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS Y NATURALES

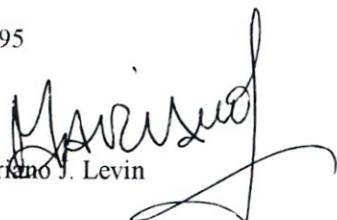
U.B.A.

- 1.- INSTITUTO: de Investigaciones en Ingeniería Genética y Biología Molecular
- 2.- CARRERA de: Posgrado
- 3.- 2do. CUATRIMESTRE 1995
- 4.- N° DE CODIGO DE CARRERA 01 - 05
- 5.- MATERIA **Proyecto Genoma de Parásito: Estrategias y Métodos**
- 6.- PUNTAJE PROPUESTO: 5 puntos
- 7.- PLAN DE ESTUDIO Doctorado
- 8.- CARACTER DE LA MATERIA Optativa:
- 9.- DURACION: 10 días
- 10.- HORAS DE CLASE SEMANAL:
a) Teóricas y Prácticas: 50 horas
b) Seminarios: 5 horas
- 11.- CARGA HORARIA TOTAL: 110 horas
- 12.- ASIGNATURAS CORRELATIVAS:
- 13.- FORMA DE EVALUACIÓN: Examen
- 14.- PROGRAMA ANALITICO: (Adjunto)
- 15.- BIBLIOGRAFIA: (Adjunto)

Fecha: 28 de agosto de 1995

FIRMA PROFESOR:

Aclaración firma: Dr. Mariano J. Levin




FIRMA DIRECTOR
Sello aclaratorio



Dra. Mirtha M. Flawiá
Director
INGEBI - CONICET

APROBADO POR RESOLUCION CD N° 1554/95


DRA. SILVIA M. MORENO
DIRECTORA
Departamento de Química Biológica
FCE v N - UBA

PROGRAMA ANALITICO

1- Objetivo del curso: Proporcionar una formación teórico y práctica en los recientes desarrollos en análisis de genoma, métodos y técnicas, abarcando desde construcción de Yacs hasta base de datos e informática.

2- La primera parte del curso consistirá en lecturas y trabajo experimental relacionado con el análisis del genoma completo y de largos fragmentos genómicos clonados. Recientes desarrollos en tecnología de PCR.

3- Actividades Prácticas

- Generacion y análisis de isocoros, motivos y fenotipos composicionales (distribución de genes y presencia de bandas cromosomales, comparaciones entre genoma de vertebrados y parásito)

- Análisis molecular de criotipos, electroforesis en geles por campos pulsátiles.

- Construcciones en YAC y BAC (teorías y demostraciones). Análisis de largos fragmentos genómicos clonados, análisis de YACs humanos y de parásitos.

- Técnica de PCR aplicada a los proyectos del genoma: Alu PCR, PCR larga, DGGE y SSCP y detección puntual de mutaciones, ejemplos de su uso en proyectos de genoma de parásitos.

- Secuenciación automática de ADN. Secuencia EST y generación de STSs.

4- Informática del Proyecto genoma.

- Análisis de datos e informática.

- Asuntos éticos concernientes al Proyecto Genoma, acceso a datos, propiedad intelectual, transferencia de tecnología, el Proyecto Genoma Humano y sus consecuencias.

- Análisis de secuencia y base de datos: posibilidades y problemas. Revisión de diferentes sistemas de computadoras y redes . Esquemas para análisis de datos de secuencias e interpretación de resultados.

- Acceso a Internet, dato de bases público y servicios.

- Estructura y modelo de genoma.

- Uso de software especial para Proyecto de Genoma : Base de datos para YACs, BACs and STSs.



BIBLIOGRAFIA

- Denan Wang, Yiwen Zhu, Casandra L. Smith. A Set of Inter-Alu PCR Markers for Chromosome 21 Generated from Pulsed-Field Gel-Fractionated NotI Restriction Fragments. *Genomics* 26, 318-326, 1995.
- Katheleen Gardiner, Richard J. Mural. Getting the message: identifying transcribed sequences. *TIG* 11, 77-78, 1995.
- The Wellcome Trust Malaria Genome Collaboration. The Plasmodium falciparum Genome Project: A Resource for Reserchers. *Parasitol. Today*, 11, 1-3, 1995.
- Robert Harper. World Wide Web resources for the biologist. *TIG* 11, 223-228, 1995.
- Selleri L., Smith M. W., Holmsen A.L., Romo A. J., Thomas S.D., Paternotte C., Romberg L.C., Wei Y.H., Evans G.A. High-Resolution Physical Mapping of a 250-kb Region of Human Chromosome 11q24 by Genomic Sequence Sampling (GSS). *Genomics* 26, 489-501, 1995.
- Shaw S.H., Farr J.E.W., Thiel B.A., Marise T.C., Weissenbach J., Chakaravarti A., Richard III, Ch. A Radiation Hybrid Map of 95 STSs Spanning Human Chromosome 13q. *Genomics* 27, 502-510, 1995.
- Geraghty M., Brody L.C., Martin L. S., Marble M., Kearns W., Pearson P., Monaco A. P., Lehrach H., Valle D. The Isolation of cDNAs from OATL1 at Xp11.2 Using a 480-kb YAC. *Genomics* 16, 440-446, 1995.
- Barnes Wayne M. PCR amplification of up to 35-kb DNA with high fidelity and high yield from λ bacteriophage templates. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 91, 2216-2220, 1994.
- Smith M.W., Holmsen A.L., Wei Y.H., Peterson M., Evans Glen. Genomic sequence sampling: a strategy for high resolution sequence-based physical mapping of complex genomes. *Nature Genetics* 7,40-47, 1994.
- Sidman Ch.L., Shaffer D. Large-Scale Genomic Comparison Using Two-Dimensional DNA Gels. *Genomics* 23, 15-22, 1994.