

QBA 2018
11



Universidad de Buenos Aires
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

Referencia Expte. N° 485.454/06

Buenos Aires, **23 ABR 2018**

VISTO

la nota a foja 113 presentada por el Secretario Académico 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** para el año 2018.

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 la sesión realizada en el día de la fecha,
- en uso de las atribuciones que le confiere el Artículo 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 48 hs. de duración, que será dictado por la Dra. María Julia Pettinari con la colaboración de los Dres. Beatriz Méndez, Nancy López, Sandra Ruzal, Laura Raiger y Darío Fernández Do Porto.

ARTÍCULO 2°.- Aprobar el programa del curso de posgrado **Herramientas Informáticas para el Análisis de Ácidos Nucleicos y Proteínas**, obrante a fojas 115/116, para su dictado del 18 al 29 de junio de 2018.


ARTÍCULO 3°.- Aprobar un puntaje máximo de tres (3) puntos para la Carrera del Doctorado.

ARTÍCULO 4°.- Aprobar un aranceles 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, 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. Comuníquese a la Biblioteca de la FCEyN con fotocopia del programa incluida. Cumplido archívese.

0867

Resolución CD N°
SP / ga / 06/04/2018


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


Dr. JUAN CARLOS REBOREDA
DECANO



Universidad de Buenos Aires
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

Referencia Expte. N° 6175/2019

Ciudad Autónoma de Buenos Aires, 29 JUL 2019

VISTO

La nota a foja 122 presentada por el Director del Departamento de Química Biológica,

CONSIDERANDO

Que en la Resolución CD N° 867/18 (fs 119) se cometió un error al transcribir la carga horaria del mencionado curso de posgrado,

Lo actuado por la Comisión de Posgrado,

Lo actuado por la Comisión de Presupuesto y Administración,

Lo actuado por este cuerpo en la sesión realizada en el día de la fecha,


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


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

ARTÍCULO 1°: Rectificar en el Artículo 1° de la Resolución CD N° 867/18 donde dice "48 hs" debe decir "64 hs".

ARTÍCULO 2°: Comuníquese a todos los Departamentos Docentes, a la Dirección de Estudiantes y Graduados, a la Biblioteca de la FCEyN y a la Secretaría de Posgrado. Cumplido archívese.

Resolución CD N° 1874
SP/ga/18/07/2019


Dr. BERNARDO GABRIEL LINDLIN
SECRETARIO DE POSGRADO
FCEyN - UBA


Dr. JUAN CARLOS REBORES
DECANO



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



Genómica y proteómica: bases de datos relacionados, interconexión y manejo.
Flujo genómico: evolución del genoma a través de la pérdida y la adquisición de genes.
Análisis de la expresión génica (DNA arrays y proteomics).
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., & Suess, B. (2016). (Meta-) genome mining for new ribo-regulators. *Science*, 352(6282), 144-145.

Firma del Responsable

M. J. Pettinari
Sueque

V°B° de la Subcomisión de Doctorado

V°B° Del Departamento

Dr. MARTÍN SUQUE
SECRETARÍA ACADÉMICA
Dpto. QUÍMICA BIOLÓGICA
F.C.E.yN. U.B.A.