



Universidad de Buenos Aires
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales
Comisión de Carrera de Ciencias Biológicas
<http://cccbfcen.wixsite.com/cccb>

Int. Güiraldes 2620
 Ciudad Universitaria - Pab. II, 4° Piso
 CPA: C1428EHA, Ciudad Autónoma de Buenos Aires
 ARGENTINA.
 ☎: +54 11 4576-3349 / 5285-8665

1

Asignatura: GENÓMICA FUNCIONAL

Carrera: Licenciatura en Ciencias Biológicas	Código de la carrera: 05
Carrera: Doctorado en Ciencias Biológicas	Código de la asignatura:
CARÁCTER:	Tache lo que no corresponde
Curso obligatorio de licenciatura (plan 2019)	NO/SI
Curso electivo/optativo de licenciatura (plan 2019)	Electivo/ O ptativo

Duración de la asignatura (en semanas)	3
Cuatrimestre(s) en que dicta (indicar cuatrimestre o verano):	verano
Frecuencia en que se dicta (cuatrimestral, anual, bianual, etc.)	anual

ACTIVIDAD	Horas semanales	Número de semanas	Horas totales
Teóricas	12	3	36
Problemas	0	0	0
Laboratorios	12	3	36
Seminarios	4	1	4
Teórico- prácticos o Teórico- problemas			
Si corresponde, especifique las horas de otras actividades (salidas de campo, etc.)			
Carga horaria semanal máxima	32		
Carga horaria semanal mínima	24		

¹ El contenido de este documento se ratificará o rectificará bianualmente

Carga horaria total:	80
-----------------------------	----

Asignaturas correlativas:	Al menos 15 materias aprobadas, incluyendo necesariamente Genética.
Forma de Evaluación:	Examen Domiciliario o Regular/ Resolución de un problema bioinformático basado en datos propios o provistos por los docentes/ Presentación de Seminario

OBJETIVOS ²

Generales:

- Enseñar los métodos y modos de razonamiento propios de la investigación genómica, aplicada tanto a resolver problemas de investigación científica como también tecnológica.
- Establecer la discusión crítica de resultados de las aplicaciones más relevantes en este campo.
- Brindar ejemplos de hechos recientes relacionados con la Genómica que tengan impacto económico-social.
- Estimular el pensamiento reflexivo acerca del estado del conocimiento en los temas de la materia.

Específicos:

Ingresamos en la era postgenómica, con nuevas expresiones lingüísticas como perfiles de expresión "de escala o amplitud genómica" (genome-wide) a niveles de transcriptoma, proteoma, metaboloma y, el más reciente y complejo, fenoma que debería ser el resultado de la acción de los anteriores. Cada una de estas disciplinas postgenómicas tienen sus programas bioinformáticos específicos. Más importante aún, la interpretación de las bases de datos generadas requiere integración para poder arribar a interpretaciones biológicas significativas. La biología o genética de sistemas provee otros programas bioinformáticos que integran datos de diferente origen y característica (cuantitativos, cualitativos, discretos) que

² Objetivos: redactados en función de los aprendizajes buscados (no en función de lo que los docentes hacen para alcanzar esa meta). Por ejemplo, la redacción de cada objetivo debería comenzar con alguna frase como "Que los/as estudiantes sean capaces de... conozcan... comprendan..., etc."

Por favor evitar frases *imprecisas* (ej.; "Se hará énfasis en las distintas estrategias y en las distintas metodologías de estudio") o *incorrectas* (ej.; "El docente fomentará...")

Si un el objetivo es que el/la estudiante priorice el espíritu crítico sobre dogmas, entonces, debería estar redactado de ese modo, en términos de lo que debe lograr el/la estudiante. Si se incluyen estos objetivos cognitivos de largo plazo como el anterior deben ser coherentes con las actividades y evaluaciones que permitan alcanzar los mismos. Para la elaboración y/o redacción de los objetivos puede consultar al CEFIEC a través de los emails: emeinardi@gmail.com o leomgalli@gmail.com

requieren de conocimientos en bioestadística genómica además de informática. El módulo de Genómica Funcional tiene como objetivo familiarizar al alumno con estas aproximaciones experimentales y su interpretación biológica.

CONTENIDOS MÍNIMOS (ya aprobados Anexo IV Plan 2019)

Genómica funcional (del genoma al fenoma): Transcriptómica, RNAseq y micromatrices. Metabolómica, interactómica y otras X-ómicas. Interpretación y relacionamiento de datos. Fenómica y genética cuantitativa relacionada. Biología de Sistemas. Aplicaciones.

PROGRAMA ANALÍTICO

1. TRANSCRIPTÓMICA

Construcción de librerías de cDNA para su secuenciación por NGS y curado bioinformático. RNAseq: alineación, manipulación y visualización de datos, evaluación de la calidad de los datos, la expresión diferencial y el análisis estadístico, utilizando los programas Bowtie, Tophat y R/Bioconductor. ¿Cómo se trabaja con datos crudos? Mapeo de lecturas (“reads”) usando un genoma de referencia. Manejo de los datos alineados: Uso de archivos SAM/BAM. Manejo de los datos alineados: Normalización de datos, expresión diferencial, uso de codones. Almacenamiento y visualización de datos con la herramienta: ATGC

2. PROTEÓMICA

Generación de patrones de electroforesis bidimensional. Análisis de datos. Microsecuenciación de aminoácidos. Estudio de estructura de proteínas y su predicción bioinformática. Búsqueda de los genes correspondientes en el genoma e integración de datos.

3. 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.

4. FENÓMICA

Caracteres de distribución continua (“cuantitativos”) y su variación genética heredable. Aproximaciones experimentales genotipo-fenotipo como “common garden experiments” y otras. Informatización para la creación y uso de una base de datos. Aplicaciones en el mejoramiento.

5. 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. Aproximaciones bioinformáticas.

BIBLIOGRAFIA³

³ Bibliografía obligatoria. De manera optativa bibliografía sugerida para ampliar temas.

Textos (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.
- *Basic Applied Bioinformatics*. Chandra Sekhar Mukhopadhyay, Ratan Kumar Choudhary, Mir Asif Iquebal. ISBN: 978-1-119-24441-7 September 2017 Wiley-Blackwell 472 Pages
- *Bioinformatics and Functional Genomics*. Jonathan Pevsner. 3rd Edition. ISBN: 978-1-118-58176-6 August 2015 Wiley-Blackwell 1168 Pages
- *Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins*, Third Edition, Andreas D. Baxevasis, B. F. Francis Ouellette, 2015. ISBN: 0-471-47878-4.
- *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.
- *Handbook of Statistical Genomics*, 4th Edition. David J. Balding, Ida Moltke, John Marioni ISBN: 978-1-119-42914-2 August 2019 1224 Pages
- *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.

Profesores/as a cargo:		Hopp, Horacio Esteban	
Firmas	y		Fecha: 14/8/2020
Aclaraciones		Hopp, Horacio Esteban	

CONTENIDOS DESGLOSADOS ⁴

a) Clases de Problemas

No contemplados

b) Prácticos de Laboratorio

- RNAseq: alineación, manipulación y visualización de datos, evaluación de la calidad de los datos, la expresión diferencial y el análisis estadístico, utilizando los programas Bowtie, Tophat y R/Bioconductor
- RNAseq: visualización de datos con la herramienta: ATGC. Manejo bioinformático de los datos: normalización, expresión diferencial, uso de codones.
- Fenómica: taller de análisis de imágenes y cuantificación de datos con Image J. Análisis computacional de datos mediante scripts en R. Morfometría.
- Biología de sistemas: Integración de datos ómicos. Utilización del programa MapMan: integración de datos de transcriptómica y metabolómica.

c) 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.

d) Teórico-Práctico o Teórico-Problemas

No contemplados

e) Salidas de campo/viajes ⁵.

No contemplados.

⁴ De acuerdo a lo indicado en los ítems de "Actividad": Títulos y muy breve descripción del tema a desarrollar, de 160 caracteres como máximo.

⁵ Máximo: 320 caracteres.

ANEXO II Adjuntar un ejemplo del cronograma de la Materia, o de los cronogramas en caso de que tenga distintas formas (cuatrimestrales, verano, etc.)⁶

Cronograma

Salvo indicación expresa, las clases son de 8.30 a 17 hs con media hora de almuerzo.

Lunes 5: teórica de introducción a Linux/Shell

(<https://docs.google.com/viewer?a=v&pid=sites&srcid=ZGVmYXVsdGRvbWFpbXJz3Jz3JuYXNlcWlu dGF0Z2FjGd4OjRmYmNiYTUyMTgzY2NmNmNjM>) y de R

(<https://docs.google.com/viewer?a=v&pid=sites&srcid=ZGVmYXVsdGRvbWFpbXJz3Jz3JuYXNlcWlu dGF0Z2FjGd4OjYzNGJjZmViNDZiMzZiY2Q>) y

(<https://docs.google.com/viewer?a=v&pid=sites&srcid=ZGVmYXVsdGRvbWFpbXJz3Jz3JuYXNlcWlu dGF0Z2FjGd4OjFjZDU1NDVhZWY1ZmFhYWQ>). A cargo de Sergio González y ayuda de Carla Filippi y Natalia Aguirre

Viernes 16: Teórica y Práctica de Bioprospección de enzimas (Eva Figuerola)

Lunes 19: Teóricas de Metabolómica (Fernando Carrari), Fenómica (Esteban Hopp) y **Biología de Sistemas** (Luis de Haro).

Martes 20: Metabolómica y Biología de Sistemas. TP de Integración de datos ómicos (Luis de Haro y Soledad Lucero) Utilización del programa MapMan: integración de datos de transcriptómica y metabolómica

Miércoles 21: Teórica de transcriptómica (incluye RNASeq) en la FIL (Pablo Cerdán) Hasta las 14 hs.

Jueves 22: Instalación de programas en las portátiles. Taller de **RNAseq**: alineación, manipulación y visualización de datos, evaluación de la calidad de los datos, la expresión diferencial y el análisis estadístico, utilizando los programas Bowtie, Tophat y R/Bioconductor (Sergio González). Se seguirán los siguientes lineamientos: <https://sites.google.com/site/rnaseqgenomaplicada2017/>

Viernes 23: ¿Cómo se trabaja con datos crudos, mapeo de lecturas ("reads") usando un genoma de referencia? Manejo de los datos alineados: Uso de archivos SAM/BAM. (Máximo Rivarola y Sergio González). Manejo de los datos alineados: Normalización de datos, expresión diferencial, uso de codones. Almacenamiento y visualización de datos con la herramienta: ATGC (Máximo Rivarola y Sergio González).

26, 27 y 28: Seminarios

Sábado 3 de marzo: Examen Final (hasta las 13 hs)

Notas:

⁶ Los cronogramas pueden ser enviado en cualquier formato.