



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*  
*Suarez*

.....  
V°B° de la Subcomisión de Doctorado

.....  
Dr. MARTÍN MONTE  
SECRETARÍA ACADEMICA  
Dpto. QUÍMICA BIOLÓGICA  
F.C.E.yN. U.B.A.

.....  
V°B° Del Departamento