



# Facultad de Agronomía - Universidad de Buenos Aires

Av. San Martín 4453 - C1417DSE - Argentina - Tel. +54-11-4-524-8000 - www.agro.uba.ar



**Asunto:** Ampliar el artículo 1º de la resolución C.D. 53/14.

**D. A. 518**

**CUDAP: EXP-UBA: 17.268/14**

**Cdad. Autónoma de Buenos Aires, 8 de septiembre de 2014. -**

**VISTO** que por resolución C. D. 51/14 se aprobó el programa para el dictado del curso optativo *"Introducción a la Bioinformática. Aplicaciones en Agricultura"* de la carrera de Agronomía de esta Facultad y,

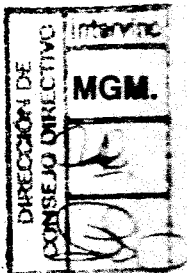
### **CONSIDERANDO:**

Que el Dr. Marcelo A. SORIA, profesor adjunto interino de la cátedra de Microbiología Agrícola del Departamento de Biología Aplicada y Alimentos, comunicó verbalmente que el citado curso se dicta para las carreras de Agronomía y de la Licenciatura en Ciencias Ambientales.

### **EL DECANO DE LA FACULTAD DE AGRONOMÍA "ad-referéndum" del Consejo Directivo R E S U E L V E:**

**ARTÍCULO 1º.-** Ampliar el artículo 1º de la resolución C. D. 53/14, que quedará redactado según el siguiente detalle: "ARTÍCULO 1º.- Aprobar el programa para el dictado del curso optativo *"Introducción a la Bioinformática. Aplicaciones en Agricultura"* para las carreras de Agronomía y de la Licenciatura en Ciencias Ambientales de esta Facultad, según el Anexo que forma parte de la presente resolución."

**ARTÍCULO 2º.-** Regístrese, comuníquese, pase a las Direcciones de Ingreso, Alumnos y Graduados y de Biblioteca a sus efectos. Cumplido, siga a consideración del Consejo Directivo.



**Ing. Agr. Adriana M. RODRÍGUEZ  
SECRETARIA ACADÉMICA**

**Ing. Agr. Rodolfo A. GOLLUSCIO  
DECANO**

**RESOLUCIÓN D. A. 518**

Mabel S. Vitali



**Asunto:** Continuación de la resolución C.D. 53/14.

**C.D. 53**

**CUDAP: EXP-UBA 17.268/14**

**//..2**

### **ANEXO**

## **Introducción a la Bioinformática. Aplicaciones en Agricultura.**

### **Justificación**

Estamos asistiendo a una explosión en la cantidad y diversidad de información biológica, especialmente en las áreas de genómica, estudios de expresión génica y proteómica. La bioinformática es una disciplina relativamente nueva que se especializa en el desarrollo de técnicas y procedimientos para sacar el máximo provecho de aquella vasta cantidad de información. Los usos de la bioinformática se extienden desde la investigación básica hasta campos aplicados como el mejoramiento genético vegetal. Existen un considerable número de herramientas para análisis bioinformático destinadas a usuarios cuyo campo de trabajo no es la bioinformática, pero que pueden hacer uso de ella en su trabajo de rutina. El correcto uso de estas herramientas y el análisis de los resultados requieren, por lo menos, un entrenamiento inicial orientado, seguido por la exploración que realiza el propio usuario.

### **Objetivo**

El objetivo del curso es brindar a los alumnos un entrenamiento básico en el uso de varias herramientas bioinformáticas con énfasis en aquellas dedicadas a especies de interés agrícola, o utilizando ejemplos con estas especies.

### **Modalidad y carga horaria**

La modalidad del curso es teórico-práctica. Las explicaciones teóricas serán presentaciones de programas y aplicaciones web, y una descripción del tipo de problemas que se puede resolver con ellos. La parte práctica consistirá en el utilización de las aplicaciones por parte de los alumnos en las computadoras. La carga horaria propuesta es de 42 horas, distribuidos en catorce clases de tres horas, a razón de dos clases por semana.

### **Recursos necesarios**

Disponibilidad de uno de los laboratorios de la UTI (Unidad de Tecnología de la Información). Acceso a Internet y proyector.

### **Cupo**

Doce alumnos, a razón de uno por computadora. El número de vacantes se puede ampliar dependiendo de la disponibilidad de computadoras en el centro de cómputos.

### **Programa**

#### **Parte teórica**

1. Introducción. Conceptos de biología y genética molecular. Computadoras y biología. Bases de datos, herramientas web
2. Análisis de secuencias de ADN. Búsqueda de similitudes y comparación de secuencias con Blast. Comparaciones múltiples con T-Coffee, ClustalW.
3. Contrucción de filogenias moleculares. Modelos de sustitución de nucleótidos. Cálculo de distancias génicas.
4. Análisis de cromatogramas de secuenciación.
5. Diseño de primers para PCR.



**Asunto:** Continuación de la resolución C.D. 53/14.

**C.D. 53**

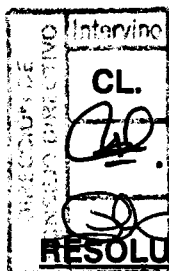
**CUDAP: EXP-UBA 17.268/14**

**//..3**

6. Estudios de expresión génica y transcriptómica. Uso de ESTs. Microarrays para estudios de expresión génica. PCR cuantitativa.
7. Genómica y transcriptómica con técnicas de secuenciación de ADN de última generación.

**Parte práctica**

1. Herramientas para búsqueda y comparación de secuencias en el NCBI. Uso de Blast.
2. Construcción de alineamientos múltiples de secuencias. Búsqueda de patrones en secuencias.
3. Construcción de filogenias moleculares
4. Diseño de primers para PCR.
5. Análisis de datos de expresión.



*[Signature]*  
**Ing. Agr. Adriana M. RODRÍGUEZ**  
Secretaria Académica

*[Signature]*  
**Ing. Agr. Rodolfo A. GOLLUSCIO**  
Decano

