

## **IV Curso de Genómica Funcional. Análisis de expresión de genes.**

**PROBIOL: Doctorado en Ciencias Biológicas de la Universidad Nacional de Cuyo - Mendoza, Argentina**

### **Lugar y Fecha:**

Instituto de Biología Agrícola de Mendoza (IBAM, CONICET-UNCuyo)  
Del 21 al 25 de Noviembre 2016

### **Profesores a cargo:**

Dr. Diego Lijavetzky, IBAM (CONICET-FCA-UNCuyo) (**Coordinador del curso**)  
Dra. Laura Otero (Thermo Fisher Scientific-Invitrogen Argentina S.A.)  
Dr. Sebastian Gomez Talquenca, EE INTA Mendoza  
Dr. Claudio Muñoz, IBAM (CONICET-FCA-UNCuyo)  
Dra. Constanza Chialva, IBAM (CONICET-FCA-UNCuyo)  
Lic. Estefania Echler, IBAM (CONICET-FCA-UNCuyo)

### **Objetivos:**

Introducir a estudiantes de postgrado (o recientemente doctorados) en aspectos teóricos y prácticos de Genómica y Transcriptómica, con especial énfasis en el diseño, ejecución y análisis de experimentos de expresión diferencial de genes mediante PCR cuantitativa en tiempo real.

### **Destinatarios:**

El curso está orientado principalmente a investigadores y estudiantes de postgrado interesados en aplicar estas técnicas en proyectos de investigación, preferentemente egresados de las carreras relacionadas con las Ciencias Biológicas (Biología Molecular, Biotecnología, Bioquímica, Agronomía y afines).

### **Créditos/Duración:**

3 Créditos / 45 horas

### **Cupo:**

18 participantes

### **Arancel:**

1200 pesos

### **Modalidad:**

Curso Teórico-Practico (Laboratorio)

### **Modo de evaluación:**

Asistencia al 100% de las clases teóricas y prácticas. Evaluación a través de la participación en las clases prácticas, presentación de seminarios sobre publicaciones científicas de temas relacionados con la temática del curso , presentación y aprobación de un informe final.

## Contenidos mínimos:

### Teóricos:

Introducción a la PCR en Tiempo Real. Químicas de detección. Cuantificación Absoluta. Cuantificación Relativa – Delta Delta Ct vs Método de la Curva Estándar Relativa. Plataformas de PCR en Tiempo Real. Análisis e interpretación de datos. Diseño de Experimentos. Diseño de Primers para qPCR. Utilización de distintas herramientas informáticas para la representación de datos de expresión. Diferentes usos de qRT-PCR. Utilización de métodos de secuenciación de última generación para el análisis de expresión de genes.

### Prácticos:

- ✓ Extracción y purificación de RNA de distintos tejidos y/o momentos del desarrollo. Cuantificación y control de calidad de RNA por geles de agarosa y espectrofotometría. Síntesis de cDNA.
- ✓ Diseño de experimentos de qRT-PCR para el análisis de la expresión diferencial de genes. Diseño y análisis de primers para qRT-PCR. Curvas estándar. Análisis e interpretación de datos. Utilización de qPCR para distintos tipos de análisis genéticos y moleculares.

### Informes e Inscripción:

Dr. Diego Lijavetzky. Instituto de Biología Agrícola de Mendoza (IBAM)-CONICET, FCA-UNCuyo. Almirante Brown 500. (M5528AHB) Chacras de Coria. Mendoza. Argentina. Email: [dlijavetzky@conicet.gov.ar](mailto:dlijavetzky@conicet.gov.ar). Web: <http://bitly.com/1siPvJG>. **Presentar hasta el 30 de septiembre de 2016, CV y nota explicativa sobre la necesidad del curso en relación a los experimentos y/o estudios de post-grado en marcha.**

**Años de realización previa PROBIOL: 2010 y 2012 y 2014**