



Universidad Nacional de Moreno  
Departamento de Ciencias Aplicadas y Tecnología

35

MORENO, 11 JUN 2018

VISTO el Expediente Nº UNM:0000188/2018 del Registro de la UNIVERSIDAD NACIONAL DE MORENO; y

CONSIDERANDO:

Que el REGLAMENTO GENERAL ACADÉMICO, aprobado por Resolución UNM-R Nº 37/10 y sus modificatorias, el que fuera ratificado por el Acta de la Sesión Ordinaria Nº 01/13 del CONSEJO SUPERIOR de fecha 25 de Junio de 2013, establece el procedimiento para la aprobación de las obligaciones curriculares que integran los Planes de Estudios de las carreras que dicta esta UNIVERSIDAD NACIONAL.

Que conforme lo dispuesto en el citado REGLAMENTO GENERAL, se ha elevado una propuesta de Programa de la asignatura CURSO UNIVERSITARIO DE INTRODUCCIÓN A LA BIOINFORMÁTICA (2253), del ÁREA: COMPLEMENTARIA, correspondiente al CICLO DE FORMACIÓN SUPERIOR de la LICENCIATURA EN BIOTECNOLOGÍA del DEPARTAMENTO DE CIENCIAS APLICADAS Y TECNOLOGÍA, de esta UNIVERSIDAD, aconsejando su aprobación con vigencia a partir del 1er. Cuatrimestre del Ciclo Lectivo 2020.

Que la SECRETARÍA ACADÉMICA de la UNIVERSIDAD ha

19

emitido opinión favorable, de conformidad con lo previsto en el artículo 3º de la Parte I del citado REGLAMENTO GENERAL, por cuanto dicho Programa se ajusta a las definiciones enunciadas en el artículo 4º de la Parte I del REGLAMENTO en cuestión, así como también, respecto de las demás disposiciones reglamentarias previstas en el mismo.

Que la SECRETARÍA LEGAL Y TÉCNICA ha tomado la intervención de su competencia.

Que el CONSEJO del DEPARTAMENTO DE CIENCIAS APLICADAS Y TECNOLOGÍA, en sesión de fecha 7 de junio de 2018, trató y aprobó el Programa propuesto, conforme lo establecido en el artículo 2º de la Parte I del REGLAMENTO GENERAL ACADÉMICO.

Por ello,

EL CONSEJO DEL DEPARTAMENTO DE CIENCIAS APLICADAS Y TECNOLOGÍA

DISPONE:

ARTÍCULO 1º.- Aprobar el Programa de la asignatura: CURSO UNIVERSITARIO DE INTRODUCCIÓN A LA BIOINFORMÁTICA (2253), del ÁREA: COMPLEMENTARIA, correspondiente al CICLO DE FORMACIÓN SUPERIOR de la LICENCIATURA EN BIOTECNOLOGÍA del DEPARTAMENTO DE CIENCIAS APLICADAS Y TECNOLOGÍA, de esta UNIVERSIDAD, con

9



**Universidad Nacional de Moreno**  
**Departamento de Ciencias Aplicadas y Tecnología**

vigencia a partir del 1er. Cuatrimestre del Ciclo Lectivo 2020, el que como Anexo I forma parte integrante de la presente Disposición.

ARTÍCULO 2º.- Regístrese, comuníquese, dese a la SECRETARÍA ACADÉMICA a sus efectos y archívese.-

DISPOSICIÓN UNM-DCAyT Nº **35-18**

9

  
MG. JORGE L. ETCHARRÁN  
Director - Decano  
Departamento de Ciencias Aplicadas y Tecnología  
UNIVERSIDAD NACIONAL DE MORENO



Universidad Nacional de Moreno  
Departamento de Ciencias Aplicadas y Tecnología

35

ANEXO I

**PROGRAMA ASIGNATURA: CURSO UNIVERSITARIO DE INTRODUCCIÓN A LA BIOINFORMÁTICA (2253)**

**Carrera:** LICENCIATURA EN BIOTECNOLOGÍA (Plan de estudios aprobado por Resolución UNM-CS N° 435/18)<sup>1</sup>  
**Área:** Complementaria  
**Trayecto curricular:** Ciclo Superior  
**Periodo:** 2<sup>do</sup> Cuatrimestre - Año 5  
**Carga horaria:** 32 (treinta y dos) horas  
**Vigencia:** A partir del 1º Cuatrimestre 2020  
**Clases:** 8 (ocho) Clases de 4 horas Teóricas-Prácticas  
**Régimen:** regularidad  
**Responsable de la Asignatura:** Ing. Sergio Alberto GONZÁLEZ - Dr. Máximo RIVAROLA  
**Programa elaborado por:** Dr. Máximo RIVAROLA

**FUNDAMENTACIÓN:**

El "Curso Universitario de Introducción a la Biotecnología" (2253) pertenece al área complementaria de la Carrera LICENCIATURA EN BIOTECNOLOGÍA. Se exige como requisito previo la regularización de la asignatura Biotecnología I (2237). La bioinformática está en plena expansión en todas las áreas de la biología, especialmente, la molecular. Si bien la mayoría de los investigadores en la biología molecular utilizan herramientas de la bioinformática, pocos conocen o tienen los conceptos de las herramientas o el sistema operativo más utilizado en esta área. Este curso se propone dar una introducción al universo del sistema operativo Linux y los conceptos de bases de datos (no SQL) en la biología molecular, como así también, el conocimiento para analizar grandes volúmenes de datos desde su computadora.

**OBJETIVOS DE APRENDIZAJE:**

- Adquirir el marco teórico y práctico del sistema operativo Linux y sus ventajas.
- Lograr que el alumno conozca los fundamentos básicos de las metodologías más comunes utilizadas en el área de bioinformática.

<sup>1</sup> Reconocimiento oficial y validez nacional en trámite.

- Adquirir destrezas imprescindibles para manejar datos.

#### CONTENIDOS MÍNIMOS:

Aprendizaje de sistema operativo Linux (teórico y práctico), Conceptos en programación, BASH, Python, Perl., Scripting. Conocer Grupos / Consorcios de bioinformática que desarrollan proyectos Bio\*, como BioPerl, BioPython, Bases de datos clásicas y no estructuradas, Introducción a manejo de Big Data Introducción a base de datos de grafo, Bio4J, Introducción a la comparación entre secuencias, alineamientos. Niveles de información. Algoritmos de búsqueda.

#### PROGRAMA:

**UNIDAD 1:** Introducción a Linux para su utilización en la Bioinformática. Adquirir los conceptos básicos de los comandos en Linux desde la línea de comandos. Introducción a la salida estándar y salida de error y los conceptos de redirección de salidas y entradas. Introducción a BioPerl y BioPython y su uso en análisis bioinformáticos

**UNIDAD 2:** Introducción a esquemas en bases de datos: Base de datos de genomas particulares (SQL) y al esquema *Chado* muy utilizado en distintas bases de datos genómicas. Bases de datos No estructuradas, (grafos). En particular, introducir Bio4J. Big Data en datos de biología molecular. Algoritmos para alineamiento de secuencias, apareado.

#### BIBLIOGRAFÍA OBLIGATORIA

- 1) Have, C. T., & Jensen, L. J. (2013). Are graph databases ready for bioinformatics? *Bioinformatics*, 29(24), 3107-3108.
- 2) Pevsner, J. (2015). *Bioinformatics and Functional Genomics*: Wiley.
- 3) Stothard, Paul. (2016). An introduction to Linux for bioinformatics  
[https://sites.ualberta.ca/~stothard/downloads/linux\\_for\\_bioinformatics.pdf](https://sites.ualberta.ca/~stothard/downloads/linux_for_bioinformatics.pdf)

4



Universidad Nacional de Moreno  
Departamento de Ciencias Aplicadas y Tecnología

35

#### BIBLIOGRAFIA COMPLEMENTARIA

- 1) Altschul SF, Madden TL, Schäffer AA, Zhang J, Zhang Z, Miller W, Lipman DJ, (1997) Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. *Nucleic Acids Res* 25:3389-3402.
- 2) Aprenda LINUX como si estuviera en primero, Javier García de Jalón, Iker Aguinaga, Alberto Mora, Universidad de Navarra, 2000.
- 3) Chenna R, Sugawara H, Koike T, Lopez R, Gibson TJ, Higgins DG, Thompson JD (2003) Multiple sequence alignment with the Clustal series of programs. *Nucleic Acids Res* 31:3497-500.
- 4) Cibas, C., & Jambeck, P. (2001). *Developing Bioinformatics Computer Skills*: O'Reilly & Associates Incorporated.
- 5) Kent WJ (2002) BLAT-the BLAST-like alignment tool. *Genome Res* 12:656-664.
- 6) Rice P, Longden I, Bleasby A (2000) EMBOSS: The European Molecular Biology Open Software Suite (2000) *Trends Genet* 16:276-277.

#### OBJETIVOS PEDAGÓGICOS:

- Introducir la "línea de comandos en Linux" y adquirir conocimientos para poder lograr realizar pequeños flujos de trabajo automatizados.
- Comprender conceptualmente una base de datos en biología molecular estructurada y las no estructuradas. Con énfasis en bases de datos de grafos que pertenecen a la categoría NO-SQL que se están desarrollando en la bioinformática.
- Lograr que el alumno adquiriera la capacidad de usar eficiente y adecuadamente las herramientas computacionales disponibles públicamente en la red, así como algunas desde instalaciones locales del software.

#### OBJETIVOS ACTITUDINALES:

- Fomentar la participación activa en el proceso de enseñanza-aprendizaje.

- Promover la actitud crítica y reflexiva a la hora de fundamentar los puntos de vista.
- Enfatizar la adquisición de precisión y eficacia comunicativa en la expresión oral y escrita.
- Promover el respeto, la tolerancia y la predisposición hacia el trabajo en equipo.
- Desarrollar el espíritu de investigación.

#### **METODOLOGÍA DE TRABAJO:**

El curso cuenta con una carga horaria de treinta dos horas, distribuidas en ocho encuentros de cuatro horas cada uno. En las clases teóricas se abordará la presentación de los ejes conceptuales de los contenidos del curso. Estas serán principalmente expositivas y presentarán los contenidos teóricos de modo claro y conciso. Las actividades prácticas mantendrán un correlato con las clases teóricas, y estarán destinadas a las clases de práctica computacional de introducción al universo del sistema operativo Linux y los conceptos de bases de datos (no SQL) en la biología molecular, como así también, el conocimiento para analizar grandes volúmenes de datos desde la computadora.

#### **EVALUACIÓN Y APROBACIÓN:**

La evaluación consta de una serie de trabajos prácticos para realizar en el hogar, y dos exámenes parciales presenciales (1 Teórico y 1 Práctico). La condición de "alumno regular" (que tendrá que aprobar la materia en examen final) se mantendrá en los casos que, habiendo cumplido con la asistencia requerida, hayan obtenido un mínimo de 4 (cuatro) puntos en cada examen parcial (o en el recuperatorio del que hayan desaprobado) y hayan aprobado los trabajos prácticos. Cada parcial podrá ser recuperado una vez. La condición de "alumno regular", se perderá cuando el alumno no reúna el 80 % de asistencia al curso, o cuando no lograra alcanzar la calificación de 4 (cuatro) o más en cada una de las instancias evaluatorias (incluido el recuperatorio).

Alcanzarán la "promoción" de la materia los alumnos que, además de cumplir con la asistencia pautada aprueben los 2 parciales y los trabajos prácticos (sin recuperar ninguno de ellos) y obtengan 7 (ocho) puntos o más de promedio.

9