



Universidad Nacional de Moreno
Departamento de Ciencias Aplicadas y Tecnología

22

MORENO, 11 JUN 2018

VISTO el Expediente N° UNM:0000183/2018 del Registro de la UNIVERSIDAD NACIONAL DE MORENO; y

CONSIDERANDO:

Que el REGLAMENTO GENERAL ACADÉMICO, aprobado por Resolución UNM-R N° 37/10 y sus modificatorias, el que fuera ratificado por el Acta de la Sesión Ordinaria N° 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 TALLER DE MANEJO DE SOFTWARE Y DE BASE DE DATOS (2228), del ÁREA: COMPLEMENTARIA, correspondiente al CICLO DE FORMACIÓN INICIAL de la LICENCIATURA EN BIOTECNOLOGÍA del DEPARTAMENTO DE CIENCIAS APLICADAS Y TECNOLOGÍA, de esta UNIVERSIDAD, aconsejando su aprobación con vigencia a partir del 2do Cuatrimestre del Ciclo Lectivo 2019.

Que la SECRETARÍA ACADÉMICA de la UNIVERSIDAD ha emitido opinión favorable, de conformidad con lo previsto en

f
g

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: TALLER DE MANEJO DE SOFTWARE Y DE BASE DE DATOS (2228), del ÁREA: COMPLEMENTARIA, correspondiente al CICLO DE FORMACIÓN INICIAL de LICENCIATURA EN BIOTECNOLOGÍA del DEPARTAMENTO DE CIENCIAS APLICADAS Y TECNOLOGÍA, de esta UNIVERSIDAD, con vigencia a partir del 2do Cuatrimestre del Ciclo Lectivo 2019, el que



Universidad Nacional de Moreno
Departamento de Ciencias Aplicadas y Tecnología

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 N° **22-18**

9



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



22

Universidad Nacional de Moreno
Departamento de Ciencias Aplicadas y Tecnología

ANEXO I

PROGRAMA ASIGNATURA: TALLER DE MANEJO DE SOFTWARE Y DE BASES DE DATOS (2228)

Carrera: LICENCIATURA EN BIOTECNOLOGIA (Plan de estudios aprobado por Resolución UNM-CS N° 435/18)¹

Área: Complementaria

Trayecto curricular: Ciclo de Formación Inicial

Periodo: 2º Cuatrimestre - Año 2

Carga horaria: 16 (dieciseis) horas

Vigencia: A partir del 2º Cuatrimestre 2019

Clases: 4 (Cuatro), clases de 4 horas Teóricas-Prácticas

Régimen: regularidad

Responsable de la Asignatura: Dra. Carla Valeria FILIPPI

Programa elaborado por: Dra. Carla Valeria FILIPPI

FUNDAMENTACIÓN:

Con el surgimiento de las metodologías de secuenciación de nueva generación, capaces de generar un gran volumen de datos en poco tiempo y a bajo costo relativo, la cantidad de información biológica disponible, relacionada con la genómica, proteómica, transcriptómica y otras disciplinas derivadas de las "ómicas" ha aumentado notablemente. Es así como en los últimos años se ha observado un gran crecimiento en el número y tipo de bases de datos biológicas disponibles, al tiempo que surge la necesidad de desarrollar nuevas bases de datos que permitan almacenar y manipular la nueva información generada. Este taller, denominado "Taller de Manejo de Software y de Bases de Datos" (2263), y que pertenece al Ciclo Inicial de la Carrera LICENCIATURA EN BIOTECNOLOGIA, proporciona a los estudiantes los principios y las habilidades requeridas para implementar bases de datos biológicas y sus interfaces basadas en la web. Para esto, se planea examinar una amplia gama de bases de datos biológicas y sus herramientas de acceso, permitiendo a los estudiantes desarrollar competencia en su uso. Las bases de datos a introducir incluyen bases de datos genómicas y de secuencias como GenBank y Ensembl, así como bases de datos de proteínas como PDB y UniProt. También se presentan bases de datos relacionadas con ARN, variación de secuencia, vías e interacciones y bibliográficas. Finalmente

¹ Reconocimiento oficial y validez nacional en trámite.

se hará hincapié en el uso de herramientas como BLAST y navegadores de genoma, entre otros.

OBJETIVOS DE APRENDIZAJE:

- Incorporar conocimientos básicos de informática aplicada.
- Utilizar programas aplicativos específicos.

CONTENIDOS MÍNIMOS:

Enseñanza de conocimientos básicos de informática aplicada y bases de datos. Herramientas para la gestión de la información. Introducción al trabajo con bases de datos recuperación de la información. Herramientas para la búsqueda y selección de información bibliográfica en línea. Buscadores y metabuscadores. Comunicación e interacción en la Web. Manejo de software aplicados a las disciplinas biotecnológicas.

PROGRAMA:

UNIDAD 1: Introducción - Bases de Datos. Introducción a la Bioinformática. Tipos de datos biológicos. Concepto y clasificación de bases de datos. Herramientas y repositorios. Nociones básicas de MySQL. Buscadores y metabuscadores. Presentación de bases de datos biológicas y servidores remotos disponibles *online*. EBI y la "familia" NCBI. Búsquedas bibliográficas: uso de filtros, herramientas, clasificación y manejo de los resultados obtenidos.

UNIDAD 2: Bases de datos de secuencias. Conceptos Básicos en Biología celular y Genética. Estructura del ADN, genes, mutaciones, alelos. Formatos de secuencias nucleotídicas. FASTA y FASTQ. Comparación de secuencias de a pares. Algoritmos de búsqueda de similitud entre secuencias. Acceso a la información en GenBank. Búsqueda de secuencias en Bases de Datos usando BLAST. Herramientas *online* para el diseño de *primers*.

UNIDAD 3: Análisis bioinformático de proteínas. Conceptos básicos sobre proteínas. Ventajas de trabajar con secuencias proteicas respecto a las nucleotídicas. Formatos de secuencias proteicas. Bases de datos de proteínas y sus aplicaciones

19



Universidad Nacional de Moreno
Departamento de Ciencias Aplicadas y Tecnología

(comparación de secuencias; alineamiento múltiple de secuencias proteicas, predicción de dominios proteicos, modelización y predicción de estructuras proteicas).

UNIDAD 4: Bases de datos de genomas completos. Introducción a la secuenciación de nueva generación. Ensamblado y anotación de genomas. Acceso a datos de secuenciación públicos: SRA (*Sequence Read Archive*) y/o ENA (*European Nucleotide Archive*). Genomas de referencia. Uso de las herramientas de *Ensembl genomes* (ej: visualización de regiones genómicas, búsqueda y clasificación de variantes, genómica comparativa).

BIBLIOGRAFÍA OBLIGATORIA

- 1) Bergman NH, editor. *Comparative Genomics: Volumes 1 and 2*. Totowa (NJ): Humana Press; 2007. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK1732/>
- 2) The NCBI Handbook [Internet]. 2nd edition. Bethesda (MD): National Center for Biotechnology Information (US); 2013. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK153387/>
- 3) Conrad Bessant, Darren Oakley, Ian Shadforth - *Building Bioinformatics Solutions 2nd edition*. Capítulo 2: Building biological databases with SQL. Oxford University Press, 2014.
- 4) Hubbard, T. et al. "The Ensemble Genome Database Project." *Nucleic Acids Research* 30.1 (2002): 38-41.
- 5) Berman, Helen et al. "The Worldwide Protein Data Bank (wwPDB): Ensuring a Single, Uniform Archive of PDB Data." *Nucleic Acids Research* 35.Database issue (2007): D301-D303.
- 6) The UniProt Consortium. "UniProt: The Universal Protein Knowledgebase." *Nucleic Acids Research* 45.Database issue (2017): D158-D169.

BIBLIOGRAFIA COMPLEMENTARIA

- 1) Ogata, H et al. "KEGG: Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes." *Nucleic Acids Research* 27.1 (1999): 29-34.
- 2) The Gene Ontology Consortium et al. "Gene Ontology: Tool for the Unification of Biology." *Nature genetics* 25.1 (2000): 25-29.
- 3) Conesa, Ana, and Stefan Götz. "Blast2GO: A Comprehensive Suite for Functional Analysis in Plant Genomics." *International Journal of Plant Genomics* 2008 (2008): 619832.
- 4) Sherry, S. T. et al. "dbSNP: The NCBI Database of Genetic Variation." *Nucleic Acids Research* 29.1 (2001): 308-311.
- 5) Toribio, Ana Luisa et al. "European Nucleotide Archive in 2016." *Nucleic Acids Research* 45.Database issue (2017): D32-D36.
- 6) Zerbino, Daniel R et al. "Ensembl 2018." *Nucleic Acids Research* 46.Database issue (2018): D754-D761.

OBJETIVOS PEDAGÓGICOS:

- Introducir nociones esenciales de Bioinformática, genómica, datos biológicos y bases de datos.
 - Desarrollar en el alumno la capacidad de identificar las herramientas Bioinformáticas disponibles a través de Internet que más se adecuan a los objetivos de su trabajo y/o investigación.
 - Entrenar al alumno en el manejo de herramientas Bioinformáticas disponibles a través de Internet para la búsqueda, exploración, clasificación y descarga de información biológica.
 - Desarrollar en el alumno una actitud crítica y reflexiva en el análisis e interpretación de los resultados obtenidos a partir del uso de *software* Bioinformática.
- 



Universidad Nacional de Moreno
Departamento de Ciencias Aplicadas y Tecnología

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 taller cuenta con una carga horaria de dieciséis horas, distribuidas en cuatro encuentros de cuatro horas cada uno, dos de las cuales se destinarán a clases teóricas y las dos restantes a actividades prácticas. En las clases teóricas se abordará la presentación de los ejes conceptuales de los contenidos del taller. Estas serán principalmente expositivas y presentarán los contenidos teóricos de modo claro y conciso. También, se incluirán recursos didácticos destinados a estimular la participación activa del alumno. Se ilustrará la exposición con ejemplos prácticos del ámbito de la biotecnología.

Las actividades prácticas mantendrán un correlato con las clases teóricas, y estarán destinadas a la examinación y utilización de bases de datos biológicas disponibles en la web (entre ellas bases de datos genómicas y de secuencias como GenBank y Ensembl, bases de datos de proteínas como PDB y UniProt, bases de datos relacionadas con ARN, variación de secuencia, vías e interacciones, y bibliográficas), así como la interoperabilidad e integración de estas herramientas.

EVALUACIÓN Y APROBACIÓN:

Dado el carácter de taller de esta materia, la modalidad de evaluación comprenderá la resolución y exposición de trabajos prácticos en clase, y la elaboración y defensa de un corto proyecto relacionado con un tema de investigación que implique poner en práctica los conocimientos en el manejo de las técnicas aprendidas durante el curso.

Los requisitos para alcanzar la condición de regular son: (a) cumplir con una asistencia mínima del 75% a clases; (b)

presentar y aprobar el proyecto de trabajo grupal y (c) aprobar las tareas o seminarios que se pauten oportunamente en las clases prácticas.

Quienes además obtengan 7 (siete) puntos o más en cada una de las instancias de evaluación alcanzarán la promoción directa.

Quienes no asistan al 75% de las clases, u obtengan una calificación inferior a 4 (cuatro) en la instancia evaluativa, perderán la condición de regular.

19