



Universidad Nacional de Moreno
Departamento de Ciencias Aplicadas y Tecnología

44

MORENO, 11 JUN 2018

VISTO el Expediente N° UNM:0000189/2018 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 BIOINFORMÁTICA (2254), del ÁREA: BIOLOGÍA CELULAR Y MOLECULAR, 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 2do. Cuatrimestre del Ciclo Lectivo 2020.

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

19

el artículo 3° de la Parte I del citado REGLAMENTO GENERAL, por cuanto dicho Programa se ajusta a las definiciones enunciadas en el artículo 4° 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 2° de la Parte I del REGLAMENTO GENERAL ACADÉMICO.

Por ello,

EL CONSEJO DEL DEPARTAMENTO DE CIENCIAS APLICADAS Y TECNOLOGÍA
DISPONE:

ARTÍCULO 1°.- Aprobar el Programa de la asignatura: BIOINFORMÁTICA (2254), del ÁREA: BIOLOGÍA CELULAR Y MOLECULAR, correspondiente al CICLO DE FORMACIÓN SUPERIOR de la LICENCIATURA EN BIOTECNOLOGÍA del DEPARTAMENTO DE CIENCIAS APLICADAS Y TECNOLOGÍA, de esta UNIVERSIDAD, con vigencia a partir del 2do. Cuatrimestre del Ciclo Lectivo 2020, el que

f 9



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° **44-18**

9


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



44

Universidad Nacional de Moreno
Departamento de Ciencias Aplicadas y Tecnología

ANEXO I

PROGRAMA ASIGNATURA: BIOINFORMÁTICA (2254)

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

Área: Biología Celular y Molecular

Trayecto curricular: Ciclo Superior

Periodo: 2^{do} Cuatrimestre - Año 5

Carga horaria: 64 hs

Vigencia: A partir del 2^{do} Cuatrimestre de 2020

Clases: 16 (Dieciséis), 2 horas semanales de clases teóricas, 2 horas semanales de clases prácticas (computacionales)

Régimen: regularidad o libre

Responsable de la Asignatura: Dr. Máximo RIVAROLA

Programa elaborado por: Dr. Máximo RIVAROLA

FUNDAMENTACIÓN:

La asignatura "Bioinformática" (código 2254) pertenece al Ciclo Superior de la Carrera LICENCIATURA EN BIOTECNOLOGÍA. La Bioinformática hace referencia a muchos métodos computacionales que se implementan en el análisis de datos provenientes de diversas fuentes. Se exige como requisito previo la regularización de la asignatura Ingeniería Genética (2246) y tener aprobado el Curso universitario de Introducción a la Bioinformática (2253). La Bioinformática es una disciplina de gran expansión y desarrollo en los últimos años como complemento necesario a la aplicación de abordajes genómicos a gran escala aplicados al estudio de organismos. Debido a la producción de una gran cantidad de datos (con sus errores y sesgos), principalmente por NGS, la principal misión de la bioinformática es poder almacenar, procesar, analizar y utilizar de forma "inteligente" los datos provenientes de este tipo de aproximaciones. En síntesis, ir de DATOS → INFORMACIÓN. El campo de la bioinformática es multidisciplinario desde su origen, abarcando desde el análisis, estadística y la anotación de secuencias biológicas. Es importante destacar que estas tecnologías generan grandes volúmenes de datos cuya interpretación y manejo es un desafío tanto científico como tecnológico. En la actualidad, resulta a veces muy difícil interpretar correctamente algunos resultados de análisis bioinformáticos, ya que el usuario no conoce

¹ Reconocimiento oficial y validez nacional en trámite.

f 9

conceptualmente la estrategia empleada por ese programa. En este curso se propone dar una introducción a los distintos algoritmos y estrategias empleadas en análisis de secuencias y de datos, con el fin, qué el/la estudiante pueda interpretar mejor los resultados de cualquier análisis bioinformático que realice en el futuro.

OBJETIVOS DE APRENDIZAJE:

- Aplicar conocimientos de informática en el análisis genómico y proteómico, y en el procesamiento de datos.
- Adquirir conocimientos en el uso de datos de secuenciación de nueva generación (NGS) y sus aplicaciones en la genómica funcional.
- Conocer las herramientas bioinformáticas para la predicción *in silico* de estructuras biomoleculares.

CONTENIDOS MÍNIMOS:

Análisis de secuencias biológicas. Identidades y similitudes secuenciales y estructurales. Minería de datos (data mining): búsqueda de patrones y motivos. Perfiles. Teoría de la información y su aplicación al estudio de las secuencias biológicas. Aspectos composicionales en ácidos nucleicos y proteínas. Evolución molecular: filogenia y mecanismos de transferencia de material genético. Micro y Macroevolución. Introducción a estudios en Big Data y nuevas técnicas de secuenciación y su correcto análisis. Estrategias de Ensamblados de secuencias nucleotídicas y estudios de genómica funcional. Predicción de la estructura secundaria en proteínas. Aproximaciones a la predicción de estructura terciaria en proteínas: modelado por homología (homology modelling). Metodologías relacionadas con proteómica.

PROGRAMA:

UNIDAD 1: Por qué y cómo Alinear: Algoritmos para alineamiento de secuencias apareado (Global y Local). Introducción al "Dot plot" y Programación dinámica. Introducción a los conceptos de homología, ortólogos, parálogos. BLAST. Alineamientos Globales vs Locales: cuándo y por qué usa uno? Matrices de puntaje: Matrices de amino ácidos PAM y Blossum. Parámetros de



Universidad Nacional de Moreno **44**
Departamento de Ciencias Aplicadas y Tecnología

evaluación (E value, Score). Análisis y clasificación de proteínas.

UNIDAD 2: Introducción a los conceptos de homología, ortólogos, parálogos. Super-familias y sub-familias. Alineamiento Múltiple (emma-ClustalW). Detección de Patrones en secuencias de nucleótidos y secuencias de proteínas. Perfiles simples y más sofisticados (HMMs).

UNIDAD 3: Técnicas NGS: Control de Calidad de los datos. Introducción al Ensamblado de Genomas, Métodos: "Chromosome walking" y "shot-gun method". Identificación de Genes Bacterianos y Eucariotas (Anotación Estructural). Anotación Funcional con Blast 2GO y Interproscan. Introducción a las bases de datos "Pfam y Tigrfam". Búsqueda de variantes alélicas (SNPs / INDeles), Genómica Comparativa. Ensayos comparativos de transcriptomas (RNA-seq).

UNIDAD 4: Métodos no paramétricos. Redes Neuronales. Fundamentos de análisis de clusters y clasificación con secuencias nucleotídicas (K-clustering).

UNIDAD 5: Predicción de la estructura secundaria en proteínas. Aproximaciones a la predicción de estructura terciaria en proteínas: modelado por homología (homology modelling).

BIBLIOGRAFÍA OBLIGATORIA

- 1) Baxevanis, A. D., & Ouellette, B. F. F. (2004). Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins: Wiley.
- 2) Gu, J., & Bourne, P. E. (2011). Structural Bioinformatics: Wiley.
- 3) Mount, D. W. (2001). Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis: Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- 4) Pevsner, J. (2015). Bioinformatics and Functional Genomics: Wiley.

BIBLIOGRAFIA COMPLEMENTARIA

- 1) Branden, C., & Tooze, J. (1999). Introduction to protein structure: Garland Pub.

49

- 2) Ewens, W. J., & Grant, G. R. (2013). Statistical Methods in Bioinformatics: An Introduction: Springer New York.
- 3) Gibas, C., & Jambeck, P. (2001). Developing Bioinformatics Computer Skills: O'Reilly & Associates Incorporated.
- 4) Sternberg, M. J. E. (1996). Protein Structure Prediction: A Practical Approach: A Practical Approach: Oxford University Press, USA.

OBJETIVOS PEDAGÓGICOS:

- Interpretar nociones esenciales de bioinformática, genómica, datos biológicos y bases de datos.
- Desarrollar en el alumno la capacidad de identificar y aplicar las herramientas bioinformáticas que más se adecuan a los objetivos de su trabajo y/o investigación.
- Entrenar al alumno en el manejo de herramientas bioinformáticas
- Desarrollar en el alumno una actitud crítica y reflexiva en el análisis e interpretación de los resultados obtenidos de la aplicación de la bioinformática.

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:

La asignatura cuenta con 4 horas semanales y se desarrollará como clase teórico práctica (2 hs de seminarios teóricos y 2 hs de taller de computación). En las clases teóricas se abordará la presentación de los ejes conceptuales de los contenidos de la materia. Estas serán principalmente

19



Universidad Nacional de Moreno
Departamento de Ciencias Aplicadas y Tecnología

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 bioinformática. Las actividades prácticas computacionales mantendrán un correlato con las clases teóricas, y estarán destinadas a la exanimación y utilización de bases de datos biológicas disponibles en la web (entre ellas bases de datos genómicas y de secuencias como GenBank y Ensembl, BLAST, Blast 2GO, Interproscan, Pfam, Tigrfam, bases de datos de proteínas como PDB y UniProt, bases de datos relacionadas con ARN, variación de secuencia, vías e interacciones), así como la interoperabilidad e integración de estas herramientas.

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 (siete) puntos o más de promedio.

f 9