

DENOMINACIÓN DE LA ACTIVIDAD: 11949 - Taller de Bioinformática

TIPO DE ACTIVIDAD ACADÉMICA: Asignatura

CARRERA: Licenciatura en SISTEMAS DE INFORMACIÓN

PLAN DE ESTUDIOS: 17.13

DOCENTE RESPONSABLE: Walter Panessi

EQUIPO DOCENTE:

Alberto Penas Steinhardt

ACTIVIDADES CORRELATIVAS PRECEDENTES:

PARA CURSAR: Para cursar las asignaturas optativas I, II y III el estudiante deberá haber aprobado todas las asignaturas correspondientes al ciclo Analista Programador/a Universitario/a

PARA APROBAR: Para aprobar las asignaturas optativas I, II y III el estudiante deberá haber aprobado todas las asignaturas correspondientes al ciclo Analista Programador/a Universitario/a

CARGA HORARIA TOTAL: HORAS SEMANALES: 4 - HORAS TOTALES 64

DISTRIBUCIÓN INTERNA DE LA CARGA HORARIA:

Clases Teóricas: 25% y 16 horas.

Clases Prácticas: 75% 48 horas

PERÍODO DE VIGENCIA DEL PRESENTE PROGRAMA: 2019


Lic. ANA CLARA TORELLI
SECRETARÍA ACADÉMICA
DEPARTAMENTO DE CIENCIAS BÁSICAS
UNIVERSIDAD NACIONAL DE LUJÁN


Lic. Emma L. FERRERO
DIRECTORA DECANA
DEPARTAMENTO DE CIENCIAS BÁSICAS

CONTENIDOS MÍNIMOS O DESCRIPTORES

No posee, es un espacio curricular optativo

FUNDAMENTACIÓN, OBJETIVOS, COMPETENCIAS

La reciente explosión en la generación de datos de secuencias genómicas, la genómica funcional junto a información proveniente de la secuencia, estructura y función de proteínas ha dado lugar a una nueva disciplina, la **bioinformática**, que combina elementos de la biología y la informática. Desde este enfoque es mucho más que la aplicación de recursos computacionales para la gestión y análisis de datos biológicos.

En este sentido, nos encontramos frente a un campo de estudio eminentemente interdisciplinar que requiere el uso y desarrollo de diferentes herramientas provenientes de muy diversos campos, tales como la matemática aplicada, estadística, ciencias de la computación, inteligencia artificial, química, bioquímica, biología evolutiva y genómica entre otras.

La bioinformática emplea una amplia gama de técnicas computacionales que incluyen alineamiento secuencial y estructural, ensamblado de genomas, diseño de bases de datos y extracción de datos, geometría macromolecular, construcción de árboles filogenéticos, predicción de estructura y función de proteínas, hallazgo de genes y agrupación de datos de expresión.

Conocer estos enfoques para la solución a problemas de índole biológica le permitirá al estudiante de la Licenciatura en Sistemas de Información tener nuevas herramientas para analizar datos, o simular sistemas o mecanismos de diversos orígenes (biológicos y no biológicos). Finalmente esta interacción da origen a la Computación Basada en Modelos Naturales donde podemos destacar la Optimización mediante Colonias de Hormigas, Algoritmos Genéticos, Programación Evolutiva, Heurísticas Bioinspiradas Basadas en la Adaptación de Probabilidades y la Metabiología.

OBJETIVOS GENERALES:

Objetivo principal:

Adquirir habilidades en la solución a problemas de índole biológica y aplicarlos para analizar datos, o simular sistemas o mecanismos de diversos orígenes.

Objetivos secundarios:

- Ofrecer una introducción amplia a la bioinformática y, en particular, a la estructura y utilización de información del ámbito de la genómica y la proteómica.
- Introducir los conceptos principales sobre aspectos computacionales de los problemas de procesamiento de información genética.
- Estimular la utilización y el desarrollo de nuevas herramientas informáticas para la resolución de problemas biológicos.
- Proporcionar criterios de selección de algoritmos, validación metodológica, utilización y creación de bases de datos.
- Ofrecer a los participantes un ámbito de discusión acerca de los últimos avances en bioinformática.
- Generar un ámbito de discusión interdisciplinario.



Lic. ANA CLARA TORELLI
SECRETARÍA DE ASESORIA
DEPARTAMENTO DE CIENCIAS BÁSICAS
UNIVERSIDAD NACIONAL DE LUJÁN


Lic. EMMA L. FERRERO
DIRECTORA DE CARRERA
DEPARTAMENTO DE CIENCIAS BÁSICAS

CONTENIDOS

Unidad 1: Introducción a los sistemas biológicos 1.

Introducción a la biología. Fundamentos químicos de la biología. De las moléculas a la célula. Procariotas y Eucariotas. Niveles de organización (Moléculas/Células/Órganos/Poblaciones). Conceptos de Evolución, variabilidad y Selección Natural. Principios de genética y herencia, ensayos de Mendel.

Unidad 2: Introducción a los sistemas biológicos 2.

De la Genética a la Genómica. Código Genético. Traducción y Transcripción Genética. Fundamentos de Biología Molecular. El ADN como programa. Estudio de Genomas.

Bases de datos biológicas: primarias, secundarias, especializadas. Ejemplos en cada caso. Información cruda y curada. Conversiones de formato. Estrategias de procesamiento

Unidad 3: Secuencias de ADN

Concepto de secuencias. Análisis de secuencias. Formatos de archivos: Fasta, GenBank. Secuencias reguladoras. BLAST y NCBI Entrez. Algoritmos genéticos. Algoritmos de clustering. Simulaciones. Base de datos de genomas. Ensamblado y anotación de genomas, predicción de genes. Comparación de Genomas. Introducción a la metagenómica. Anotación y análisis de metagenomas. Uso de Base de datos de ARN ribosomal (RDB, Silva, Greengenes) y de rutas enzimáticas, y químicos biológicos (KEGG).

Unidad 4: Del ADN a las Proteínas.

Características del código genético. Splicing. Marco abierto de lectura. Modelos estocásticos. Modelo oculto de Markov. Predicción de genes. Introducción al problema de la búsqueda (exacta y aproximada). Algoritmos. Nociones de costo. Algoritmos de alineamiento global y local. Alineamiento Múltiple. Matrices de scoring (BLOSUM, PAM). BLAST: Concepto, funcionamientos y variantes para diferentes tipos de secuencias.

Unidad 5: Análisis Bioinformático de expresión y predicción de estructura.

Análisis de expresión. Definición de las ómicas (transcriptómica, proteómica, metabolómica y Glicómica) y sus diversos abordajes. Estructura de Proteínas. Predicción de estructura secundaria, DSSP. Análisis bioinformático de estructuras, alineamiento estructural. Predicción de estructura terciaria. Threading. Modelado comparativo. Métodos ab-initio. Búsqueda de motivos estructurales.

Unidad 6: Algoritmos evolutivos

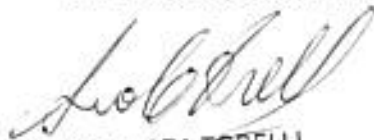
Búsqueda heurística imitando el proceso de evolución natural, algoritmos evolutivos (AE) / algoritmos genéticos (GA). Metabiología: la Vida como Software en Evolución.

METODOLOGÍA DE LA ENSEÑANZA:

El desarrollo de la asignatura comprende clases teóricas y prácticas a desarrollarse en una clase semanal de cuatro horas cada una.

Clases Teóricas

Las clases teóricas tienen como objetivo abordar cada uno de los temas del programa utilizando bases de datos y bibliografía actualizada que constantemente modifica las hipótesis/abordajes propuestos en los libros de texto. En todo momento se harán sinopsis e integraciones resaltando los tópicos centrales con la finalidad de que los alumnos no se sientan abrumados por el crecimiento de la información. En estas


Lic. ANA CLARA TORELLI
SECRETARÍA ACADÉMICA
DEPARTAMENTO DE CIENCIAS BÁSICAS
UNIVERSIDAD NACIONAL DE LUJÁN


Lic. EMILIA L. FERRERO
DIRECTORA DECANA
DEPARTAMENTO DE CIENCIAS BÁSICAS

clases se procurará la participación de los estudiantes a través de la enunciación de interrogantes y el planteo de problemas básicos.

Clases Prácticas

Se realizarán prácticas en laboratorios de computación y domiciliaria de acuerdo a los requerimientos de cada una, de manera de ejercitar e integrar los contenidos abordados durante las clases teóricas.

REQUISITOS DE APROBACIÓN Y CRITERIOS DE CALIFICACIÓN:

CONDICIONES PARA PROMOVER (SIN EL REQUISITO DE EXAMEN FINAL) DE ACUERDO AL ART.27 DEL RÉGIMEN GENERAL DE ESTUDIOS RESHCS-LUJ.0000996-15

- A. Tener aprobadas las actividades correlativas al finalizar el turno de examen extraordinario de ese cuatrimestre o del segundo cuatrimestre en caso de actividad anual
- B. Cumplir con un mínimo del 80 % de asistencia para las actividades.
- C. Aprobar todos los trabajos previstos en este programa, pudiendo recuperarse hasta un 25% del total por ausencias o aplazos, y aprobar el examen parcial.
- D. Aprobar un trabajo final, de acuerdo a las siguientes pautas: Aprobar una evaluación integradora de la asignatura con calificación no inferior a siete (7) puntos.

CONDICIONES PARA APROBAR COMO REGULAR (CON REQUISITO DE EXAMEN FINAL) DE ACUERDO AL ART.28 DEL RÉGIMEN GENERAL DE ESTUDIOS RESHCS-LUJ.0000996-15

- A. estar en condición de regular en las actividades correlativas al momento de su inscripción al cursado de la asignatura.
- B. Cumplir con un mínimo del 80 % de asistencia para las actividades prácticas.
- C. Aprobar todos los trabajos prácticos previstos en este programa, pudiendo recuperarse hasta un 25% del total por ausencia o aplazo
- D. Haber avanzado en el trabajo final de manera que se evidencie el conocimiento adquirido.
- E. El final será la defensa del trabajo final

EXÁMENES PARA ESTUDIANTES EN CONDICIÓN DE LIBRES

- A. Para aquellos estudiantes que, habiéndose inscriptos oportunamente en la presente actividad hayan quedado en condición de libres por aplicación de los artículos 22, 25, 27, 29 o 32 del Régimen General de Estudios, No podrán rendir en tal condición la presente actividad.
- B. Para aquellos estudiantes que no cursaron la asignatura y se presenten en condición de alumnos libres en la Carrera, por aplicación de los artículos 10 o 19 del Régimen General de Estudios, No podrán rendir en tal condición la presente actividad.

El alto contenido de actividades prácticas y de competencias de igual índole impiden que sea posible rendir ésta asignatura en concepto de libre.

BIBLIOGRAFÍA

- Jean Michael Claverie & Cedric Notredame. Bioinformatics for Dummies 2nd Edition. 2011.
- Branden C and Tooze J. Introduction to Protein Structur. Garland Publishing, Inc. New York and London, 1999.
- Xin Xion. Essential Bioinformatics. Texas A & M University. Cambridge Press. 2006.

CP

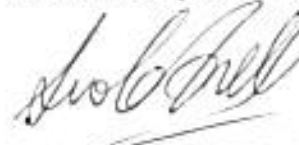
Lic. ANA CLARA TORELLI
SECRETARÍA ACADÉMICA
DEPARTAMENTO DE CIENCIAS BÁSICAS
UNIVERSIDAD NACIONAL DE LUJÁN

Lic. Emilia L. FERRERO
DIRECTORA DECANAL
DEPARTAMENTO DE CIENCIAS BÁSICAS

- Bioinformatics Data Skills: Reproducible and Robust Research with Open Source Tools. Vince Buffalo. O'Reilly Media. 2015.
- Sequence Analysis in a Nutshell: A Guide to Tools: A Guide to Common Tools and Databases. Scott Markel, Darryl Leon. O'Reilly Media. 2003.
- Bioinformatics Computing 1st Edition. Bryan Bergeron. Prentice Hall. 2002.
- Human Microbiome Project: http://hmpdacc.org/resources/tools_protocols.php
- QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data. J Gregory Caporaso et al; Nature Methods, 2010
- Bioinformatics Resource Portal. <https://www.expasy.org/>
- Avise JC. Molecular Markers, Natural History, and Evolution. Sinauer Associates Inc., Sunderland. 2004.
- Hartl D, Clark A. Principles of Population Genetics, Third edition. Sinauer Associates Inc., Sunderland. 1997.
- Epperson BK. Geographical Genetics. Princeton University Press, Princeton and Oxford. 2003.
- Ayeh KO.. Expressed sequence tags (ESTs) and single nucleotide polymorphisms (SNPs): Emerging molecular marker tools for improving agronomic traits in plant biotechnology. African Journal of Biotechnology Vol. 7 (4), pp. 331-341. 2008.
- Thomson, R.C., Wang, I.J. & Johnson, G. Genome - Enabled development of DNA markers for ecology, evolution and conservation. Molecular Ecology. 19: 2184-2195. 2010.
- Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins. Andreas D. Baxevasis, B. F. Francis Ouellette.
- Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis. David W. Mount.
- Structural Bioinformatics (Methods of Biochemical Analysis, V. 44) Philip E. Bourne, Helge Weissig
- Developing Bioinformatics Computer Skills. Cynthia Gibas, Per Jambeck.
- Statistical Methods in Bioinformatics. Warren J. Ewens, Gregory R. Grant
- Protein Structure Prediction - A Practical Approach, M. J. E. Sternberg editor, Oxford University Press, 1996.
- Introduction to Protein Structure, C. Branden and J. Tooze Garland Publishing, Inc. New York and London, 1999.
- Biological sequence analysis. Probabilistic models of proteins and nucleic acids. Durbin, R. Eddy, S. Krogh, A. and Mitchison, G. (2001). Cambridge University press, ISBN 0521620414
- Bioinformatics. Sequence and Genome Analysis. David W. Mount. (2001). Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- Bioinformatics. A practical analysis of genes and genomes. Baxevasis A. and Ouellette F (2001). Wiley Intersciences, ISBN 0-471-38391-0.
- Introduction to bioinformatics algorithms. Neil C. Jones and Pavel A. Pevzner. (2004). MIT Press, ISBN 0-262-10106-8.



DISPOSICIÓN CD[A COMPLETAR POR EL DEPARTAMENTO]



Lic. ANA CLARA TORELLI
SECRETARÍA ACADÉMICA
DEPARTAMENTO DE CIENCIAS BÁSICAS
UNIVERSIDAD NACIONAL DE LUJÁN



Lic. Emma L. FERRERO
DIRECTORA DECANA
DEPARTAMENTO DE CIENCIAS BÁSICAS