



POSADAS, 15 MAY 2018

VISTO el Expediente FCEQYN_EXP-S01:0000491/2018 cuya carátula dice: Causante: Departamento de Genética. Texto: Programa de la asignatura BIOINFORMATICA de la carrera Licenciatura en Genética; y

CONSIDERANDO:

Que el Consejo Departamental del Departamento de Genética eleva el Programa de la asignatura Bioinformática de la carrera Licenciatura en Genética.

Que la Secretaría Académica toma conocimiento del trámite y eleva al Presidente del Consejo Directivo para su tratamiento.

Que la comisión de Asuntos Académicos emite el despacho N° 053/18 en el que expresa lo siguiente: "Se sugiere APROBAR el Programa de la asignatura BIOINFORMATICA de la carrera de Licenciatura en Genética".

Que el trámite se pone a consideración en la IIª Sesión Ordinaria de Consejo Directivo realizada el 02 de mayo de 2018, aprobándose sin objeciones el despacho N° 053/18 de la comisión de Asuntos Académicos.

Por ello,

**EL CONSEJO DIRECTIVO DE LA
FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS, QUÍMICAS Y NATURALES
RESUELVE:**

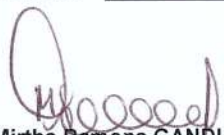
ARTÍCULO 1º- APROBAR por el período 2019-2022, el Programa de la asignatura **BIOINFORMATICA** de la carrera Licenciatura en Genética, el que se incorpora como Anexo de la presente Resolución.

ARTÍCULO 2º - REGISTRAR. Notificar al Señor Decano. Comunicar. Cumplido. **ARCHIVAR.**

RESOLUCION CD N°

126-18

mle/SCD


Lic. Mirtha Ramona GANDUGLIA
Secretaría Consejo Directivo
Facultad de Ciencias Exactas,
Químicas y Naturales


Dr. José Luis HERRERA
Presidente Consejo Directivo
Facultad de Ciencias Exactas,
Químicas y Naturales

VISTO: se deja expresa constancia que en la fecha se tomó conocimiento de la Resolución N°..... del Honorable Consejo Directivo de la FCEQYN de conformidad al Art. 1º inciso "c" de la Ordenanza N° 001/97.

15 MAY 2018


Dr. Dardo Andrea MARTÍ
Decano
Facultad de Ciencias Exactas,
Químicas y Naturales



ANEXO RESOLUCION CD Nº **126-10**

PROGRAMA DE: <u>Bioinformática</u>	Período 2019
CARRERA: <u>Lic.en Genética</u> AÑO EN QUE SE DICTA <u>2019</u>	
PLAN DE ESTUDIO (año de aprobación) <u>2017</u> CARGA HORARIA (1) <u>60</u>	
PORCENTAJE FORMACION TEÓRICA <u>50</u> PORCENTAJE FORMACIÓN PRACTICA <u>50</u>	
DEPARTAMENTO: <u>Genética</u>	
PROFESOR TITULAR/Responsable de la Asignatura: <u>Dr. Dardo A. Martí</u>	
CARGO Y DEDICACIÓN: <u>Profesor Adjunto / Semi Exclusiva</u>	
EQUIPO DE CÁTEDRA	CARGO Y DEDICACIÓN
1) Dr. Dardo A. Martí	Profesor Adjunto. Dedicación semiexclusiva
2) Dr. Adrián Turjanski	Profesor Adjunto. Dedicación exclusiva. UBA
3)	
4)	
5)	

RÉGIMEN DE DICTADO		RÉGIMEN DE EVALUACIÓN	
Anual	☒	Cuatrimestre 1º	☒
Cuatrimestral	☒	Cuatrimestre 2º	☒
		SI	NO

Atención: Marcar según corresponda con una "x"

OTRAS CARRERAS EN LAS QUE SE DICTA LA MISMA ASIGNATURA

Denominación Curricular	Carreras en que se dicta	Año del Plan de Estudios
1º		
2º		
3º		

Lic. MIRTHA RAMONA GANDUGLIA
Secretaría del Consejo Directivo
FCEQyN - UNaM

Dr. JOSÉ LUIS HERREÑO
PRESIDENTE CONSEJO DIRECTIVO
FCEQyN - UNaM



ANEXO RESOLUCION CD Nº **126-18**

CRONOGRAMA(3)	Semana 1.	Bases de datos: Sitios populares de Bioinformática, Búsquedas en bases de datos: el NCBI y Entrez, Análisis de registros.
	Semana 2.	Uso de Bases de datos Primarias y Secundarias. Creación de una base de datos en SQL.
	Semana 3.	Alineamiento I: Alineamiento de Secuencias: Dot-plot. Alineamiento, Búsqueda en base de datos por BLAST. Alineamiento Múltiple. Construcción de Árboles Filogenéticos (Caso real Kinasas).
	Semana 4.	Búsqueda y uso de bases de datos secundarias: PFAM.
	Semana 5.	Alineamiento II: Comprensión de un algoritmo de alineamiento, análisis y generación de las matrices de <i>scoring</i> .
	Semana 6.	Estructura de proteínas: Manejo de programas de visualización. Visualización de estructuras de proteínas.
	Semana 7 y 8.	Análisis de motivos. Análisis de interacciones entre biomoléculas. Uso del PDB, Entrez y PDBsum.
	Semana 9 a 11.	Predicción de estructura de proteínas: Modelado Comparativo. Uso de Modeller. Ejemplos puntuales. Análisis por <i>What-Check</i> .
	Semana 12 a 14.	Interacción proteína-ligando: Docking proteína ligando: (Caso real inhibición Kinasas). Comparación de algoritmos.
	Semana 15.	Examen integratorio.

Lic. MIRTHA RAMONA CANDUGLIA
Secretaría del Consejo Directivo
FCEQYN - UNaM

Dr. JOSÉ LUIS HERRERA
PRESIDENTE CONSEJO DIRECTIVO
FCEQYN - UNaM



ANEXO RESOLUCION CD Nº **126-18**

FUNDAMENTACION(4)	En la asignatura Bioinformática, abordaremos conceptos básicos sobre bases de datos primarias y secundarias, sobre los algoritmos utilizados para el análisis y comparación de secuencias y estructuras de proteínas y Ácidos Nucleicos. Así como de los algoritmos utilizados para el análisis de genomas y de técnicas <i>high-throughput</i> como <i>Next Generation Genomics</i> y <i>Microarrays</i> . El curso se divide en dos partes, una primera sección dedicada a secuencias y bases de datos, y una segunda sección abocada a los algoritmos desarrollados para la predicción y estudio de estructuras de proteínas, así como de las interacciones entre biomoléculas.
OBJETIVOS (5)	Se espera que el alumno se familiarice con los algoritmos bioinformáticos que se usan para el estudio de las moléculas de interés biológico. Se espera capacitar a los estudiantes en los conceptos básicos de la bioinformática y en el manejo de las herramientas más usadas en el campo. Los estudiantes se familiarizarán con la utilización de las bases de datos y herramientas bioinformáticas tales como: Dot-Plot, Blast, Clustal-W, Pfam, PDB, Prosite, Autodock, VMD, Modeller, entre otras.
CONTENIDOS MINIMOS (6)	Fundamentos de informática. Manejo de softwares específicos. Consideraciones generales de la bioinformática. Teoría de la Información. Archivos y bases de datos. Estrategias para el análisis de datos genéticos. Bioinformática estructural. Bases de datos Primarias y Secundarias. Análisis de secuencias. Alineamiento de secuencias. Análisis Bioinformático de Genomios. Metagenómica y Metabolómica. Predicción de modelos estructurales de proteínas y ADN. Análisis y predicción de interacciones moleculares.
MODULOS	No se contemplan.

Lic. MIRTHA RAMONA GANDUCI
Secretaría del Consejo Directivo
FCEQyN - UNaM

Dr. JOSE LUIS HERRERA
PRESIDENTE CONSEJO DIRECTIVO
FCEQyN - UNaM



ANEXO RESOLUCION CD Nº **126-18**

**CONTENIDOS POR
UNIDAD**

- Unidad 1. Fundamentos de informática.**
Manejo de softwares específicos. Consideraciones generales de la bioinformática.
- Unidad 2. Teoría de la Información.** Archivos y bases de datos. Introducción. Principios de la explotación de las herramientas informáticas de interés en análisis moleculares.
- Unidad 3. Estrategias para el análisis de datos genéticos.** Principios de análisis de datos genéticos. Organización de los datos, origen de los datos. Dificultades en la transferencia y almacenamiento. Interacción entre secuenciación y análisis de los datos.
- Unidad 4. Bioinformática estructural.**
Análisis Bioinformático de Genomas. Ensamblado y anotación de genomas, predicción de genes, Bidireccional best Hits y Iterative predictive Blast. Base de datos de Genomas. Mapeo físico de genes. Uso de Genome Browsers (NCBI), Ensembl y Galaxy. Comparación de Genomas. Análisis Bioinformático de datos high-throughput de microarreglos (MicroArrays)
Introducción a los MicroArrays, Análisis estadístico de significancia de los datos, Análisis de expresión por MicroArrays, definición de estado metabólico (expresoma, proteoma y metaboloma), MicroArrays específicos sobre splicing alternativo (exon arrays, splicing sensitive arrays), MicroArrays de Glicómica.
- Unidad 5. Bases de datos Primarias y Secundarias.**
Definición de bases de datos primarias. Visión histórica de la creación de las mismas. Funcionamiento de las Bases de datos: índices, campos, métodos de búsqueda. Bases de datos de proteínas. Bases de datos de ADN. Ejemplos de bases de datos primarias: Genbank, EMBL, Swiss-Prot, TrEMBL, PDB.
Definición de bases de datos secundarias. Construcción de bases de secundarias. El problema de los falsos positivos/negativos. Modelos ocultos de Markov. Ejemplos de bases de Datos secundarias: Pfam, Gene-Ontology, UniProt, PRINTS, ProSite. Algoritmos, complejidad y heurísticas. Diseño y mantenimiento de bases de Datos secundarias.
- Unidad 6. Análisis de secuencias.** Alineamiento de secuencias. Análisis Bioinformático de Genomas.
Introducción de probabilidad y estadística. Alineamiento global por pares. Alineamiento Múltiple. Generación de Matrices de score (BLOSUM, PAM). Dot-Plot. Programación dinámica. Programas de alineamiento: BLAST. FASTA. Búsquedas en bases de datos por similitud de secuencia. Patrones de secuencias y perfiles. Filogenia molecular. PSI-BLAST, PHI-BLAST, Mega-Blast.


Lic. MIRTA RAMONA GANDUGLIA
Secretaría del Consejo Directivo
FCEQYN - UNAM


DR. JOSÉ LUIS HERRERA
PRESIDENTE CONSEJO DIRECTIVO
FCEQYN - UNAM



ANEXO RESOLUCION CD Nº **126-18**

	Unidad 7. Metagenómica y Metabolómica. Introducción a la metagenómica, secuenciación de próxima generación. Anotación y análisis de metagenomas. Introducción a la Metabolómica, análisis de vías y estados metabólicos. Uso de Base de datos KEGG. Unidad 8. Predicción de modelos estructurales de proteínas y ADN. Análisis y predicción de interacciones moleculares. Repaso de 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. Bases moleculares de reconocimiento específico. Interacción proteína-proteína. Interacción proteína-ADN. Interacción droga-proteína. Predicción de interacciones. Predicción de estructuras. Monte Carlo. Algoritmos genéticos. Docking. Clustering. Métodos evolutivos. Bases de datos de interacciones. BIND. DIP.CAPRI.
--	---

ESTRATEGIAS DE APRENDIZAJE

Se utilizarán:

- Clases teóricas explicativas.
- Clases de trabajos prácticos con experiencias de laboratorio de informática.
- Coloquios para la resolución de situaciones problemáticas y ejercicios con software específico.
- Guías complementarias de lecturas adicionales preparadas por la cátedra.
- Seminarios sobre temas especiales.
- Clases de consulta.
- Conferencias de profesores invitados sobre temas especiales.

Lic. MIRTHA RAMONA GANDUZA
Secretaría del Consejo Directivo
FCEQyN - UNaM

Dr. JOSÉ LUIS HERRE
PRESIDENTE CONSEJO DIRECTIVO
FCEQyN - UNaM



ANEXO RESOLUCION CD Nº **126-18**.-

**SISTEMA DE EVALUACION
(7)**

A.- EXAMENES PARCIALES

- Los 3 (tres) exámenes parciales que son de carácter temático y estarán compuestos por preguntas de las clases teóricas y de seminarios correspondientes a los temas previstos a evaluar en cada uno de ellos.

B. EXAMEN INTEGRATORIO

- El examen integratorio es de carácter integrador de los núcleos temáticos de la asignatura y estará compuesto por un 70% de preguntas teóricas y un 30% de preguntas de los talleres y seminarios.

2- Promoción de la materia a través de parciales:

Aquel alumno que apruebe los parciales previstos y el examen integratorio con calificación con un mínimo del 70% accederá a promocionar la materia. Es condición del plan de correlatividades previsto según el plan de materias de la Licenciatura en Genética que para promocionar la materia deberán tener al finalizar el cursado, aprobado los exámenes finales de las asignaturas: Biología General, Biología Celular y Molecular, Evolución, Genética General II y Biología Humana.

Lic. MIRTHA RAMONA GANDUCIA
Secretaría del Consejo Directivo
FCEQyN - UNaM

Dr. JOSÉ LUIS HERRERO
PRESIDENTE CONSEJO DIRECTIVO
FCEQyN - UNaM



ANEXO RESOLUCION CD Nº 126-18.-

REGLAMENTO DE CÁTEDRA

(8)

I - DEL CURSADO DE LA MATERIA:

- La asignatura Bioinformática está estructurada en tres partes: una teórica, otra de Trabajos prácticos y otra de presentación de seminarios en clase.
- Podrán cursar Bioinformática los alumnos que tengan aprobados los Trabajos Prácticos de las siguientes materias Biología General, Biología Celular y Molecular, Evolución, Genética General II y Biología Humana.

II -DE LA CATEGORIA DE ALUMNOS REGULARES Y LIBRES:

Alumno promocionado: Aquel alumno que cumpla el 80 % de asistencia a las clases obligatorias y aprobación de los dos (2) exámenes Parciales y de un (1) examen integratorio con calificación mayor al 70% de la evaluación en cada una de ellas.

Alumno Regular: Aquel alumno que cumpla el 80 % de asistencia a las clases obligatorias y aprobación de los tres (3) exámenes Parciales y de un (1) examen Integratorio con una calificación mayor al 50% en cada uno de ellos.

Cada una de las instancias evaluativas parciales comprenderá la temática previamente establecida en el cronograma de la cátedra tanto en sus aspectos teóricos como de talleres. Cada alumno podrá recuperar los exámenes parciales a través de exámenes recuperatorios que se tomarán en una sola oportunidad, luego de haberse tomado los tres exámenes parciales y con antelación al examen integratorio. Para tener derecho a rendir el examen integratorio cada alumno deberá tener aprobados los dos exámenes parciales.

Las calificaciones que se utilizarán para promediar y obtener la nota de promoción serán las de los exámenes aprobados y la calificación final se registrará de acuerdo a la escala numérica de notas vigente.

Alumno Libre:

Aquel alumno que no cumpla con el 80% de asistencia a las clases obligatorias previamente establecidas, o no reúna las condiciones de cursado en tiempo y forma será considerado Libre.

Lic. MIRTHA RAMONA GANDUGLIA
Secretaría del Consejo Directivo
FCEQYN - UNaM

Dr. JOSÉ LUIS HERRERO
PRESIDENTE CONSEJO DIRECTIVO
FCEQYN - UNaM



ANEXO RESOLUCION CD N° **126-18**

**BIBLIOGRAFIA
OBLIGATORIA (9)**

Baxevanis, A. D., & Ouellette, B. F. (2004). Bioinformatics: a practical guide to the analysis of genes and proteins (Vol. 43). John Wiley & Sons.

Branden, C. I. (1999). Introduction to protein structure. Garland Science.

Dunbrack, R. L. (2003). Structural Bioinformatics edited by Philip E Bourne & Helge Weissig. Nature Structural Biology, 10 (8), 590-590.

Ewens, W. J., & Grant, G. R. (2006). Statistical methods in bioinformatics: an introduction. Springer Science & Business Media.

Gibas, C., & Jambeck, P. (2001). Developing bioinformatics computer skills. "O'Reilly Media, Inc."

Gollery, M. (2005). Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis, David W. Mount. Cold Spring Harbor, NY: Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2004, 692 pp., ISBN 0-87969-712-1. Clinical Chemistry, 51(11), 2219-2219.

Sternberg, M. J. (Ed.). (1996). Protein Structure Prediction: A Practical Approach: A Practical Approach. Oxford University Press, USA.

**BIBLIOGRAFIA
COMPLEMENTARIA**

Seminarios con publicaciones científicas de interés y actualidad, así como normativa vigente nacional e internacional, como material de lectura y análisis.

///...

Lic. MIRTHA RAMONA GANDUGLIA
Secretaria del Consejo Directivo
FCEQyN - UNaM

Dr. JOSÉ LUIS HERRERA
PRESIDENTE CONSEJO DIRECTIVO
FCEQyN - UNaM



ANEXO RESOLUCION CD Nº 126-18

----- VISTO, el programa presentado por el/la Profesor/a

Dr. Dardo Martí

.....
...

de la Asignatura:

BIOINFORMATICA

correspondiente a la Carrera:

LICENCIATURA EN GENETICA

y habiendo evaluado los siguientes ítems:

Ítem considerado	observaciones
Plan de estudio, año que se dicta, porcentaje de práctica y teoría	EN CONFORMIDAD
Equipo de cátedra	COMPLETO
Fundamentación	ACORDE
Objetivos	ACORDES
Contenidos mínimos y por unidad	CORRECTAMENTE DETALLADOS
Estrategias de aprendizaje	ACORDE
Sistema de evaluación	ACORDE
Reglamento de cátedra	ACORDE
Bibliografía	COMPLETA.

Reglamentación de consulta, para evaluación de cada ítem: Reglamento de Enseñanza, Resolución de aprobación del plan de estudios vigente, Criterios de acreditación de la CONEAU

Lic. MIRTHA RAMONA GANDUGLIA
Secretaria del Consejo Directivo
FCEQYN - UNAM

Este Consejo Departamental APRUEBA el presente Programa, que consta de

.....

Fojas, a los 14 días del mes de marzo de 2018

JOSÉ LUIS HERRE
PRESIDENTE CONSEJO DIRECTIVO
FCEQYN - UNAM

Por el CONSEJO DEPARTAMENTAL(*)

Firma y Aclaración

(*) tres firmas del Consejo Departamental.

ANA HOWFI

R. DAVINA