



Expediente N° 7334/2022

Rosario, 31 de Marzo de 2022

VISTO el presente expediente, mediante el cual el Responsable de la Asignatura, Dr. Martín Espariz, eleva el programa de la asignatura electiva “Determinación de secuencia genómica, ensamblado y anotación de fagos (SEA-PHAGES Fase II)”, correspondiente a las Carreras de Bioquímica y Licenciatura en Biotecnología, y

CONSIDERANDO:

El análisis realizado por las Escuelas Universitarias de Bioquímica y Biotecnología.

Que el presente expediente es tratado en Sesión del día de la fecha.

Por ello,

**EL CONSEJO DIRECTIVO DE LA FACULTAD DE CIENCIAS
BIOQUÍMICAS Y FARMACEUTICAS**

RESUELVE:

ARTICULO 1º.- Aprobar el programa de la asignatura electiva “Determinación de secuencia genómica, ensamblado y anotación de fagos (SEA-PHAGES Fase II)”, correspondiente a las Carreras de Bioquímica y Licenciatura en Biotecnología, según se detalla en el ANEXO UNICO de la presente.

ARTÍCULO 2º.- Regístrese, comuníquese y archívese.-

RESOLUCION C.D. N° 094/2022



Programa de Asignatura				
Nombre de la asignatura	Determinación de secuencia genómica, ensamblado y anotación de fagos (SEA-PHAGES Fase II)			
Código				
Área	Estadística y Procesamiento de datos			
Departamento	Matemática y Estadística			
	Carrera (Indicar X)	Anual o Cuatrimestral	Director de Área y Docente Responsable	
Bioquímica	X	Cuatrimestral	Martín Espariz	
Farmacia				
Licenciatura en Biotecnología	X	Cuatrimestral	Martín Espariz	
Licenciatura en Química				
Profesorado en Química				
Licenciatura en Ciencia y Tecnología de los Alimentos				
Tipo de asignatura (Indicar X)				
Obligatoria				
Electiva/Optativa			X	
Ubicación en el plan de estudios (Indicar X)				
Ciclo Básico				
Ciclo Biomédico				
Ciclo Profesional				
Ciclo de Formación Superior, de Orientación o Complementario			X	
Eje de Integración de la Formación Disciplinaria y Estudio de la Práctica Profesional				
Carga horaria	Cursado Virtual	Cursado Presencial	Preparación de actividades encomendadas <i>Horas dedicadas por el alumno</i>	Horas Totales
Contenidos Teóricos		12		12
Laboratorios				
Tareas de Aula				
Trabajos Prácticos				
Seminarios				
Talleres		48		48
Prácticas				
Territoriales/Profesionales				
Evaluaciones				
Otros				
Carga horaria total de la asignatura				60
Indique las actividades enmarcadas en Otros :				

Estándares mínimos según el Plan de Estudios

Fundamentación

Esta asignatura se encuentra enmarcada dentro del programa: The Howard Hughes Medical Institute (HHMI) Science Education Alliance Phage Hunting Advancing Genomics and Evolutionary Science (SEA-PHAGES), el cual aprovecha el enorme tamaño y diversidad de la población de bacteriófagos disponible para comprometer a los alumnos en el descubrimiento de nuevos virus, anotación de genomas, y genómica comparativa, lo cual genera un impacto fuerte no sólo en la investigación de bacteriófagos, sino que además estimula la persistencia, el interés y retención de los estudiantes en campos relacionados con la investigación en ciencias biológicas.

A través de su inmersión en una experiencia de investigación auténtica, valiosa y accesible, se pretende desarrollar el pensamiento crítico, la capacidad de resolución de problemas en el trabajo bioinformático, estimular la autoidentificación del estudiante con los avances en el aprendizaje y generación del conocimiento, consolidar la motivación, la actitud y definir las aspiraciones profesionales.

El programa de la asignatura "Determinación de secuencia genómica, ensamblado y anotación de fagos" responde a la necesidad de formar a los estudiantes de Biotecnología y Bioquímica en el uso y manejo del diverso conjunto de metodologías modernas para el análisis de datos. Se busca incrementar las capacidades de los egresados en el manejo de herramientas bioinformáticas que actualmente son indispensables en el ejercicio de la profesión, profundizando el estudio de las aplicaciones de la Informática en el área de la Biología, con especial énfasis en el nivel molecular.

Es importante mencionar que entre las metodologías a utilizar se llevarán adelante técnicas de última generación, como la secuenciación de ADN genómico de fago.

Objetivos Generales

El objetivo general de la asignatura es que el estudiante determine cómo se estructura la información biológica en el genoma de un fago a partir de su secuencia. Para ello se requiere que el estudiante identifique los genes y otras características de la secuencia genómica, y prediga las funciones de estos genes cuando sea posible.

Objetivos Específicos

- Inspeccionar el genoma de un fago en relación con otros fagos y comprender la arquitectura genómica general.
- Recopilar datos y archivos adicionales que se utilizarán en la anotación.
- Predecir con herramientas automatizadas la presencia de genes que codifican para proteínas y datos funcionales sobre los genes predichos.
- Inspeccionar manualmente secuencias anotadas automáticamente para refinar su anotación e identificar genes faltantes.
- Preparar archivos finales con las anotaciones y enviar a GenBank.

Contenidos Temáticos

Comparación de secuencias. Secuencias homólogas (ortólogas, parálogas, xenólogas). Bases de datos primarias de ADN y proteínas (GenBank, EMBL, Swiss-Prot, TrEMBL, etc.). Búsquedas en bases de datos por similitud de secuencia utilizando la herramienta BLAST y sus variantes. Ensamblado y anotación de genomas, predicción de genes. Base de datos de Genomas. Uso de Genome Browsers (NCBI). Comparación de Genomas.

Evaluación de cursado de la asignatura

Requerimientos académicos del estudiante

	Laboratorios		Tareas de Aula/ Taller		Otros	Cantidad de Evaluaciones	
	% Asistencia	% Aprobación	% Asistencia	% Aprobación		Parciales	Recuperatorios
Regular			80			-	-
Promovido			80		X	-	-

Criterios de Evaluación. Observaciones.

La condición de regularización se obtendrá por una evaluación en un formato independiente de examen, pero que se basará en la evaluación por parte del docente de parámetros relacionados con el proceso de investigación como: predisposición al pensamiento crítico, esfuerzo en la labor técnica, capacidad de redireccionar el proceso ante las dificultades. Hay que destacar que todas las actividades planteadas serán presenciales en trabajo en equipo y con los medios disponibles en la sala de computación.

Para promover la materia los estudiantes tendrán que generar los archivos con las anotaciones del genoma fágico de su caso de estudio. Una vez revisados por los profesores a cargo del curso, estos serán subirlos por los estudiantes al portal phagesdb.org.

Instrumentos de evaluación para la <i>acreditación final</i> de la asignatura			
	Regular	Libre	Otros
Examen escrito			
Examen oral		X	
Práctica de laboratorio			
Monografía/Otros	X	X	

Criterios Evaluación. Observaciones.

Otros: Para aprobar la materia el estudiante deberá subir al portal phagesdb.org los archivos con las anotaciones del genoma fágico de su caso de estudio. Dichos archivos serán previamente revisados por los profesores a cargo del curso. Los estudiantes que opten por acreditar la materia en condición libre tendrán a su vez que exponer sus resultados en una instancia oral.

Bibliografía
SEA-PHAGES Bioinformatics Guide. Welkin H. Pope, Debbie Jacobs-Sera, Daniel A. Russell, Steven G. Cresawn, Graham F. Hatfull. University of Pittsburgh. The Science Education Alliance-Phage Hunters Advancing Genomics and Evolutionary Science Program. Supported by the Howard Hughes Medical Institute. https://seaphagesbioinformatics.helpdocsone.com/home