

Programa de Asignatura			
Nombre de la asignatura	Taller de Bioinformática		
Área	Bioinformática		
Departamento	Matemática y Estadística		
	Carrera (Indicar X)	Anual o Cuatrimestral	Director de Área y Docente Responsable
Bioquímica			
Farmacia			
Licenciatura en Biotecnología	X	Cuatrimestral	Martín Espariz y Corina Fusari
Licenciatura en Química			
Profesorado en Química			
Licenciatura en Ciencia y Tecnología de los Alimentos			
Tipo de asignatura (Indicar X)			
Obligatoria	X		
Electiva/Optativa			
Ubicación en el plan de estudios (Indicar X) y horas dedicadas a cada ciclo entre paréntesis según contenido mínimo			
Ciclo Básico/Área Formación General			
Ciclo/Área de Formación Biomédico/ Pre Profesional			
Ciclo/ Área de Formación Profesional			
Ciclo de Formación Superior, de Orientación o Complementario	X		
Eje de Integración de la Formación Disciplinar y Estudio de la Práctica Profesional			
Carga horaria	Cursado Virtual	Cursado Presencial	Horas Totales
Contenidos Teóricos	9	5	14
P1	6	20	26
P2	0	10	10
P3	--	--	--
Otros	--	--	--
Carga horaria total de la asignatura			50
P1: Refiere a actividades prácticas con formato de resolución de problemas de forma escrita y/o repetitiva. P2: Refiere a actividades prácticas experimentales previamente informada, incluyendo la confección de informes y evaluaciones. P3: Refiere a actividades prácticas en terreno o que involucren la realización de un proyecto por parte del estudiante. También aquí se incluyen la realización de seminarios y monografías.			

Contenidos Curriculares Básicos según Plan de Estudios

Informática, teoría de la información, complejidad computacional, aplicaciones en biotecnología.
Análisis y comparación de secuencias. Tipos de alineamientos. Motivos locales conservados: motivos, patrones, reglas, huellas dactilares, bloques, perfiles, modelos de Markov ocultos.
Bases de datos primarias y secundarias. Análisis genómicos.
Análisis de casos producidos por métodos de alto rendimiento: categorización, análisis multivariado, clasificación supervisada y no supervisada. Aplicaciones en genómica, transcriptómica, proteómica y metabolómica.
Aplicaciones de bioinformática estructural: Datos estructurales, archivos pdb. Manejo de base de datos estructurales de ARN y proteínas.

Fundamentación

En la actualidad se generan grandes volúmenes de datos sobre los más variados procesos con mucha rapidez, presentando dos desafíos: el almacenaje y administración de los datos y la extracción de información útil a partir de los mismos. La Biología no es ajena a este fenómeno. En el campo de la biología molecular se han desarrollado tecnologías que generan datos cuyo análisis e interpretación proveen claves para el entendimiento de diversos procesos, como las interacciones entre proteínas, el silenciamiento o la expresión de genes o el comportamiento de reacciones químicas de distintos metabolitos, entre otros. El programa de la asignatura "Taller de Bioinformática" responde a la necesidad de formar a los estudiantes de Biotecnología 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.

Objetivos Generales

Introducir al estudiante universitario en la Bioinformática resaltando el papel de la misma en el desarrollo contemporáneo de la Biología y la Biotecnología. Desarrollar en él una actitud crítica y reflexiva en el análisis e interpretación de datos biológicos y en la elección y uso de herramientas informáticas.

Objetivos Específicos

El curso tiene como objetivos específicos:

- Comprender el aporte y la importancia de la Bioinformática en la construcción del conocimiento biológico.
- Aplicar los conocimientos adquiridos a situaciones que demanden la utilización de procedimientos bioinformáticos de uso frecuente.
- Adquirir herramientas para comprender y utilizar recursos bioinformáticos más allá de los utilizados durante el cursado de la asignatura.

Contenidos Temáticos (entre paréntesis colocar el contenido básico que vincula)

Contenidos conceptuales:

Unidad 1: Introducción a la Bioinformática

Introducción y reseña histórica de la Bioinformática. El rol de la bioinformática en el análisis de datos de expresión génica. La aplicación de la bioinformática en el mapeo gen / genoma. Papel de la bioinformática en la alineación de secuencias y la búsqueda de homólogos. Alcances de la bioinformática estructural. Procesamiento bioinformático de datos de producción masiva ("Big Data").

Unidad 2: Búsqueda y comparación de secuencias.

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. Bidireccional best Hits. Búsquedas y funcionamiento de las Bases de datos a través de índices y campos. Significancia estadística de la alineación de secuencias.

Unidad 3: Identificación y búsqueda de motivos locales conservados.

Identificación de motivos y dominios en la alineación de secuencias múltiples: motivos, patrones, reglas, huellas dactilares, bloques, perfiles, modelos de Markov ocultos. PSI-BLAST, PHI-BLAST, Mega-Blast, hmmscan, hmmsearch y jackhmmer. Bases de datos secundarias Pfam, Gene-Ontology, UniProt, PRINTS, ProSite. Anotación de secuencias.

Unidad 4: Análisis filogenético molecular.

Tipos de alineamiento: alineamiento global, alineamiento parcial. Alineamiento de a pares y múltiple. Nociones de algoritmos, complejidad y heurísticas. Generación de Matrices de score (BLOSUM, PAM). Dot-Plot. Relación del análisis filogenético con la alineación de secuencias. El concepto de árboles evolutivos. Modelos de sustitución. Análisis filogenéticos basados en caracteres (método de parsimonia y máxima verosimilitud) y en distancia (método de unión de vecinos "Neighbor-Joining" y UPGMA). Fiabilidad de las predicciones filogenéticas: Bootstrap y Jackknife. Complejidad del genoma y análisis filogenético.

Unidad 5: Bioinformática Estructural

Análisis bioinformático de estructuras, alineamiento estructural. Archivos PDB. Bases de datos estructurales. Búsqueda de motivos estructurales. Predicción de la estructura terciaria de proteínas y complejos proteína-ácidos nucleicos (AlphaFold3). Programas para la visualización de estructuras 3D (PyMOL).

Unidad 6: Análisis Bioinformático de Genomas

Ensamblado y anotación de genomas, predicción de genes. Base de datos de Genomas. Mapeo físico de genes. Variantes alélicas “Variant Calling”. Uso de Genome Browsers (NCBI), RAST, Ensembl y Galaxy. Comparación de Genomas. Identidad nucleotídica promedio. Genómica comparative en eucariotas. Tamaño del genoma eucariota y tipos de secuencias. Estructura génica, alelos, ploidía. Bases de datos de genomas eucariotas. Marcadores moleculares y polimorfismos. Diversidad nucleotídica. Cambios sinónimos, no sinónimos y silenciosos. Análisis de los gráficos de sintenia.

Unidad 7: Técnicas “ómicas”

Producción y análisis de grandes datos. Conceptos de genómica, transcriptómica, proteómica, y metabolómica. Secuenciación ADN/ARN, MicroArrays, generación de datos de proteínas y metabolitos mediante técnicas de espectrometría de masa. Integración y visualización de resultados de técnicas ómicas. Bases de datos de vías metabólicas KEGG, BioCyc y otras. Análisis multivariado: Análisis de componentes principales (PCA). Nociones matemáticas generales de la determinación de las componentes: eigenvalues, eigenvectors y loadings. Análisis de conglomerados jerárquicos y de partición. Mapas de calor (heatmaps) y volcano-plots. Análisis e interpretación de resultados de ómicas utilizando análisis multivariado.

Evaluación de cursado de la asignatura									
Requerimientos académicos del estudiante									
	Cuestionario		TP		P3		Otros	Cantidad de Evaluaciones	
	% Asistencia	% Aprobación	% Asistencia	% Aprobación	% Asistencia	% Aprobación		Parciales	Recuperatorios
Regular			80	80					
Promovido	80	60							
Metodología de enseñanza y aprendizaje y Criterios de Evaluación en el cursado. Observaciones.									
La metodología de trabajo tiende a promover la participación activa de los estudiantes en actividades en las que “su saber hacer” en aspectos bioinformáticos les permita alcanzar un grado cada vez mayor de competencia en el tema y facilite el logro de los objetivos. Las clases teóricas tienen una finalidad informativa, mientras que los trabajos prácticos una finalidad formativa. La exposición verbal en las clases teóricas se integra con la presentación de situaciones problemáticas cuya resolución facilite al estudiante la comprensión de la asignatura relacionando los nuevos conceptos con temas anteriores de ésta y de otras áreas y contribuyan al desarrollo de la capacidad de reflexión y de la actitud crítica. Los trabajos prácticos utilizan situaciones problemáticas para que el estudiante busque información, la discuta con otros, analice datos y conceptos y emita opiniones. La discusión guiada, el análisis de situaciones, la resolución de problemas y la elaboración de informes escritos tienden a estimular la interacción docente-estudiante y de los estudiantes entre sí y a facilitar la adquisición de los conocimientos, habilidades y destrezas, así como también el desarrollo de comportamientos. Para la regularización del curso el estudiante deberá asistir al 80% de las clases presenciales y aprobar los cuestionarios individuales (60%). La promoción de la materia durante la cursada se alcanza cumpliendo la asistencia y los cuestionarios y aprobando los trabajos prácticos grupales (80%). La nota de promoción se promedia entre cuestionarios y trabajos prácticos.									
Metodología de Evaluación y Acreditación de la Asignatura. Observaciones									

El examen para los estudiantes regulares o libres constará de un Trabajo Práctico Integrador, que deben resolver de manera individual y una instancia de evaluación oral que versará en la defensa del Trabajo y justificación de las herramientas empleadas.

Bibliografía utilizada (Incluir por lo menos una con una antigüedad no mayor de cinco años)

- Abramson, J., Adler, J., Dunger, J. et al. Accurate structure prediction of biomolecular interactions with AlphaFold 3. Nature 630, 493–500 (2024). <https://doi.org/10.1038/s41586-024-07487-w>
- Hasija, Y. All About Bioinformatics: From Beginner to Expert. Academic Press (2023). ISBN: 978-0-443-15250-4
- Rodionova, O, Kucheryavskiy, S., Pomerantsev, A.. Efficient tools for principal component analysis of complex data— a tutorial, Chemometrics and Intelligent Laboratory Systems, Volume 213, 2021, 104304, ISSN 0169-7439.
- Shaik, N. A., et al. (Ed.) (2019). Essentials of Bioinformatics, Volume I. Understanding Bioinformatics: Genes to Proteins. Springer.
- Tan, P., Steinbach, M., Kumar, V. Introduction to Data Mining (Second Edition) Chapter 8: Cluster Analysis: basic concepts and algorithms. Pearson (2018). print ISBNs are 9780133128901, 0133128903
- Jolliffe IT, Cadima J. 2016. Principal component analysis: a review and recent developments. Phil. Trans. R. Soc. A 374:20150202. <http://dx.doi.org/10.1098/rsta.2015.0202>
- Keith, J. (Ed.). (2017). Bioinformatics Volume I: Structure, Functions and Applications, Springer Protocols.
- Keith, J. (Ed.). (2017). Bioinformatics Volume II: Data, Sequence Analysis and Evolution, Springer Protocols.
- Xiong, J. Essential Bioinformatics. Cambridge University Press. Publicación Online: 2012. Publicación impresa: 2006. DOI: <https://doi.org/10.1017/CBO9780511806087>