



San Francisco, 4 de agosto de 2023

VISTO lo dispuesto por la Ordenanza 1383/12 y la propuesta del Departamento de Ingeniería en Sistemas de Información, y

CONSIDERANDO:

Que por medio de esta normativa y mediante el dictado de asignaturas electivas es posible incorporar perfiles propios de la región a efectos de adaptar los diseños curriculares a las necesidades de la misma.

Que en tal sentido y en cumplimiento de las reglamentaciones vigentes, y a propuesta de los Departamentos respectivos los Consejos Directivos de las Facultades Regionales definirán cuáles serán las materias electivas, área del conocimiento, objetivos generales y específicos que justifiquen la inclusión, carga horaria, sus contenidos analíticos, bibliografía, modalidad de dictado, propuesta pedagógica, y sus correspondientes correlatividades debidamente justificadas.

Que el Consejo Departamental de Ing. en Sistemas de Información elevó al Consejo Directivo de esta Facultad Regional San Francisco la propuesta de implementación de materias electivas.

Que la Comisión de Enseñanza del Consejo Directivo de la Facultad Regional San Francisco, ha analizado los antecedentes y avala la solicitud.

Que el dictado de la medida se efectúa en uso de las atribuciones otorgadas por el Estatuto Universitario.

Por ello,

**EL CONSEJO DIRECTIVO DE LA FACULTAD REGIONAL SAN FRANCISCO
DE LA UNIVERSIDAD TECNOLÓGICA NACIONAL
RESUELVE:**

ARTÍCULO 1°.- Aprobar el dictado de la asignatura Bioinformática (carga horaria anual 4 hs.) como materia electiva, parte curricular de la Carrera Ingeniería en Sistemas de Información - Plan 2008, del área Sistemas de Información a dictarse en el quinto nivel, con modalidad anual y una carga horaria de 4 hs. semanales, a partir del Ciclo Lectivo 2024.

ARTÍCULO 2°.- Aprobar en Anexo I, Objetivo General y objetivos específicos que justifican la inclusión de dicha materia, las correlatividades debidamente justificadas, el programa analítico, la bibliografía y la propuesta pedagógica.

ARTÍCULO 3°.- Regístrese. Comuníquese. Elévese al Rectorado a sus efectos y archívese.

RESOLUCIÓN CD N°: 563/2023

Bioinformática – Plan 2008

Área:	Sistemas de Información
Nivel:	5º Nivel
Carga Horaria Semanal:	4 horas semanales
Régimen:	Anual

1- Objetivos generales y específicos que justifican la inclusión de la materia

Objetivo general

El objetivo general de la asignatura es brindar a los estudiantes los conocimientos necesarios para comprender los conceptos fundamentales de la bioinformática, aplicar técnicas de análisis bioinformático en la solución de problemas biológicos y utilizar herramientas informáticas para el procesamiento y análisis de datos biológicos. Además, se pretende otorgar una visión actualizada y promover la autocapacitación del estudiante en esta temática.

Objetivos específicos

1. Comprender los conceptos fundamentales de la bioinformática y su evolución histórica.
2. Identificar y analizar las necesidades y aplicaciones de la bioinformática.
3. Conocer el concepto de bases de datos biológicas y sus aplicaciones.
4. Comprender los fundamentos de las alineaciones de secuencias biológicas y sus principales herramientas.
5. Analizar los diferentes métodos de ensamblaje y anotación del genoma.
6. Conocer los conceptos, metodologías y aplicaciones de la filogenia molecular computacional.
7. Analizar los métodos de predicción y evaluación de la estructura de proteínas.
8. Comprender los conceptos y enfoques computacionales en el diseño de fármacos.
9. Analizar las propiedades y aplicaciones de las redes biológicas.
10. Identificar las técnicas de minería de datos para analizar grandes conjuntos de datos biológicos.

2- Correlatividades debidamente justificadas

Asignatura	Para cursar y rendir	
	Cursada	Aprobada
Bioinformática	- Legislación - Gestión de datos	- Inglés II - Algoritmos y Estructuras de Datos

Legislación. Se seleccionó esta asignatura por aportar contenidos necesarios en relación al marco legal y la ética del ejercicio de la profesión, lo cual es muy importante al trabajar con sistemas biológicos.

Gestión de datos. Esta asignatura se requiere para que el estudiante cuente con conocimientos previos relacionados a bases de datos.

Inglés II. Es importante que el estudiante haya desarrollado previamente habilidades en lecto comprensión en inglés, ya que debido al creciente avance de la bioinformática en los últimos años, la mayoría de información actualizada se encuentra disponible en este idioma y es relevante para su formación promover la autocapacitación en esta temática.

Algoritmos y Estructuras de datos. Esta asignatura se requiere para que el estudiante cuente con una base de conocimientos en programación.

3- **Programa analítico**

Unidad Nº 1: Introducción a la bioinformática.

- Conceptos de Bioinformática, Biología in sílico y biología computacional.
- Evolución de la bioinformática.
- Objetivos y desafíos.
- Necesidad y aplicaciones. Perspectivas futuras.

Unidad Nº 2: Bases de datos biológicas y sus aplicaciones.

- Concepto y origen de Base de datos.
- Concepto de bases de datos relacionales y orientadas a objetos.
- Bases de datos de secuencias.
- Base de datos compuesta.
- Base de datos secundaria.
- Bases de datos estructurales.
- Base de datos especializada.
- Búsqueda y anotación en bases de datos.

Unidad Nº 3. Análisis de secuencias biológicas

- Alineaciones de secuencias. Finalidad.
- Determinación de la similitud y deducción de la homología.
- Matrices de puntuación.
- Herramienta básica de búsqueda de alineación local.
- Alineación de secuencias múltiples (MSA).
- Análisis filogenético.
- Aplicaciones.

Unidad Nº 4. Ensamblaje y anotación del genoma.

- Conceptos preliminares.

- Ensamblaje del genoma después de la secuenciación.
- Tecnología de ensamblador.
- Algoritmos de ensamblaje del genoma.
- Preprocesamiento de datos.
- Enfoques de ensamblaje del genoma.
- Herramientas y software.
- Dificultades.
- Cálculo matemático para estudios en profundidad.
- Anotación del genoma.
- Aplicación y perspectivas futuras.

Unidad Nº 5. Filogenia molecular computacional.

- Conceptos y aplicaciones.
- Evolución convergente y divergente.
- Concepto de cladística y sistemática.
- Terminología de los árboles filogenéticos.
- Inferencia evolutiva de árboles filogenéticos.
- Métodos de construcción de árboles.
- Estimación de la fiabilidad del árbol filogenético.
- Herramientas filogenéticas.

Unidad Nº 6. Bioinformática en el estudio de proteínas

- Conceptos preliminares sobre estructura y plegamiento de proteínas.
- Métodos de predicción de la estructura de proteínas.
- Evaluación de la estructura proteica predicha. Aplicaciones.
- Análisis estructural y funcional de proteínas.
- Crecimiento de la base de datos estructural de proteínas.

Unidad Nº 7. Bioinformática en el desarrollo de fármacos.

- Conceptos preliminares. fármaco, ligando, receptor, farmacóforo, estudios clínicos y preclínicos.
- Enfoques computacionales en el diseño de fármacos. Modelado molecular. Predicción del sitio de unión y la cavidad. Diseño y búsqueda de ligandos computacionales. Modelado de farmacóforos. Acoplamiento molecular. Simulación de dinámica molecular. Relación estructura actividad cuantitativa. Optimización de clientes potenciales.
- Limitaciones.
- Tendencias recientes en el diseño de fármacos.
- Análisis de farmacocinética y farmacodinamia de candidatos a fármacos.
- Enfoques computacionales para el diseño de vacunas.

Unidad Nº 8. Redes biológicas.

- Propiedades de las redes biológicas.
- Tipos de redes biológicas.
- Métodos experimentales en redes biológicas.
- Recursos para los estudios basados en redes biológicas.
- Herramientas para el análisis de vías neuronales.
- Aplicaciones de las redes biológicas.
- Desafíos y perspectivas futuras.

Unidad Nº 9. Biología de sistemas y análisis de Big Data.

- Big data en general y en el contexto de la biología.
- Tipos de datos en biología de sistemas.
- Recursos de Big Data biológicos.
- Generación de redes y su análisis a partir de diversas fuentes de datos.
- Big data en la reutilización de fármacos y farmacología de sistemas.
- Estudio de caso relacionado con el análisis de datos de transcriptoma.
- Limitaciones en el análisis de Big Data.

Unidad Nº 10. Machine learning en bioinformática.

- Aprendizaje supervisado.
- Aprendizaje no supervisado.
- Regresión.
- Agrupamiento.
- Aplicación del Machine Learning en bioinformática.

Unidad Nº 11. Minería de datos biológicos.

- Minería de datos biológicos.
- Aplicaciones de minería de datos.
- Proceso de minería de datos.
- Técnica de selección de características en minería de datos.
- Principales algoritmos de minería de datos aplicables a datos biológicos.
- Evolución de datos biológicos y problemas relacionados.
- Áreas y herramientas de investigación en bioinformática.
- Limitaciones.

4- Bibliografía

Obligatoria:

Aloisio, C. Bioinformática, Facultad Regional San Francisco, UTN. 2023.

Referencias y recursos en internet:

Dev Bukhsh Singh, Rajesh Kumar Pathak. Bioinformatics: Methods and Applications. Disponible en:

https://play.google.com/store/books/details?id=LwAwEAAAQBAJ&rdid=book-LwAwEAAAQBAJ&rdot=1&source=gbs_vpt_read&pcampaignid=books_booksearch_viewport&pli=1

Mauricio Lozano, Leticia Ferrelli, Gustavo Parisi. Trabajos Práctico Bioinformática 2021. Facultad de Ciencias Exactas, Universidad Nacional de La Plata, 2022.

Disponible en:

<https://libros.unlp.edu.ar/index.php/unlp/catalog/view/2080/2470/6964-1>

Fernando Gomez Merino, Hilda Silva Rojas, Paulino Pérez Rodríguez.

Bioinformática, aplicaciones a la genómica y proteómica. Disponible en:

<https://www.researchgate.net/publication/253408324>.

Bioinformatica_Aplicaciones_en_Genomica_y_Proteomica

Mónica Franch Sarto. Tesis doctoral: Bioinformática funcional y su aplicación en genómica, proteogenómica y reposicionamiento de fármacos. Madrid, Ed.

Electrónica, 2019. Disponible en:

<https://eprints.ucm.es/id/eprint/55758/1/T41161.pdf>

QSAR toolbox. Disponible en: <https://qsartoolbox.org/>

National Library of Medicine, National Center for Biotechnology information.

GenBank Overview. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>

National Library of Medicine, National Center for Biotechnology information. Basic Local Alignment Search Tool (BLAST). Disponible en:

<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>

5- Propuesta pedagógica

Para el dictado de la asignatura, se han seleccionado cuidadosamente los contenidos fundamentales y aplicables a la formación de los estudiantes. Se impartirán clases teóricas utilizando presentaciones vistosas, utilizando videos, ejemplos de la vida real y que se relacionen con sus intereses. Por otro lado, las actividades propuestas propiciarán que se afiancen los contenidos utilizando la gamificación como estrategia y finalmente utilizando softwares específicos de bioinformática.

- La metodología de trabajo comprende:

Modelos metodológicos:

1 – Las clases iniciarán con presentaciones de PowerPoint dinámicas y vistosas, conteniendo videos y ejemplos de la vida cotidiana y aplicados a la profesión, para introducir los temas, promoviendo debates y la

participación de los alumnos.

2- Aula taller: A partir de los contenidos, se propondrán actividades teórico-prácticas para propiciar la comprensión de la teoría, para luego poder integrarla con la práctica. Además, se trabaja en actividades prácticas utilizando softwares específicos para cada temática.

Estrategias didácticas:

- Gamificación: las actividades prácticas contarán con elementos de juego para promover el interés del estudiante.
- Planteo de problemas o casos prácticos relacionados con la cotidianeidad, relacionados con los contenidos de estudio.
- Trabajos en grupos interdisciplinarios: Se propiciará el intercambio entre alumnos de las distintas carreras, para simular un equipo de trabajo real donde los integrantes tienen diferente formación.
- Debates y análisis de importancia de los contenidos para su formación.

Recursos metodológicos:

El dictado de clases se expone con la ayuda de proyecciones en PowerPoint y videos. Se contará con un campus virtual de la materia, donde se anexará información, videos y sitios Web de consulta. A lo largo del desarrollo de las clases, se presentarán casos prácticos reales, se orientará al estudiante en búsqueda en información actualizada en bases de datos biológicas (como GenBank, pubMed, Uniprot) o en trabajos científicos y utilización de Software de análisis tales como BLAST (NCBI), QSAR toolbox, entre otros. La bibliografía más relevante para el curso estará disponible en el campus virtual, a través de apuntes de la cátedra y ebooks, e Internet. Además, se promoverá el uso de IA como herramienta de soporte.

Evaluación

Evaluación formativa: realizada durante todo el proceso de enseñanza-aprendizaje; al finalizar el dictado de una unidad temática, se solicitará a los estudiantes la presentación de las actividades prácticas realizadas en clase para su evaluación continua. Se calificará de 0 a 10 puntos en cada instancia, siendo 6 la nota mínima para aprobar la evaluación. En el caso que la calificación obtenida por el estudiante resulte menor a la indicada, dispondrá de dos instancias de recuperación.

Evaluación sumativa: a través de dos exámenes parciales individuales, que contienen los contenidos de los ejes temáticos. Se evaluará de 0 a 10 puntos. En el caso que la calificación obtenida por el estudiante resulte menor a la indicada, dispondrá de una instancia de recuperación, de acuerdo a lo previsto en el calendario académico vigente y disposiciones académicas a tal efecto.