



PLAN 2011

**ELECTIVA I: BIOINFORMÁTICA**

CARRERA: LICENCIATURA EN BIOTECNOLOGÍA

**I. IDENTIFICACIÓN**

1.	Código	: 62B
2.	Horas Semanales de Clase	: 4
	2.1. Teóricas	: 2
	2.2. Prácticas	: 2
3.	Crédito	: 3
4.	Pre-Requisito	:

**II. JUSTIFICACIÓN**

La Bioinformática consiste en la aplicación de la tecnología computacional a la gestión y el análisis de datos biológicos. Como asignatura es multidisciplinaria, ya que abarca varias disciplinas científicas tradicionales como la Biología, Informática, Matemática, Física y Química. Los avances más importantes en la biología computacional permiten actualmente el acceso a sofisticadas herramientas informáticas para organizar, analizar y distribuir la enorme cantidad de información biológica y bioquímica generada por las nuevas tecnologías de alto rendimiento.

Esta materia pretende utilizar herramientas de la tecnología de la información útiles para el análisis de datos derivados por técnicas biológicas de alta productividad, como por ejemplo la secuenciación del genoma.

**III. OBJETIVOS**

1. Desarrollar habilidades relacionadas con las nuevas tecnologías digitales y su integración con el ejercicio profesional.
2. Realizar búsquedas avanzadas en las diferentes bases de datos biológicas públicas.
3. Desarrollar criterios de selección de aplicaciones bioinformáticas para resolución de diferentes tipos de problemas.
4. Seleccionar aplicaciones bioinformáticas para resolver diferentes tipos de problemas.

**IV. CONTENIDOS****A. UNIDADES PROGRAMÁTICAS**

1. Conceptos generales de Bioinformática
2. Información biológica en formato electrónico
3. Análisis de secuencias
4. Filogenia y árboles filogenéticos



5. Dinámica de sistemas biológicos
6. Análisis de imagen aplicado

## **B. DESARROLLO DE LAS UNIDADES PROGRAMÁTICAS**

### **1. Conceptos generales de Bioinformática**

- 1.1. Conceptos básicos de programación de computadores con lenguaje de programación relevante para Bioinformática.
- 1.2. Algoritmos clásicos y ejercicios o miniproyectos de programación.
- 1.3. Técnicas de acceso a bases de datos y utilización de herramientas informáticas comunes en Bioinformática.
- 1.4. Información biológica.
- 1.5. Definición de Bioinformática.
- 1.6. Vías de acceso a la información según problema biológico.

### **2. Información biológica en formato electrónico**

- 2.1. Aspectos computacionales básicos en bioinformática.
- 2.2. Bioinformática y bases de datos.
  - 2.2.1. Introducción a las bases de datos.
    - 2.2.1.1. Características.
    - 2.2.1.2. Acceso.
    - 2.2.1.3. Principales herramientas de búsqueda.
    - 2.2.1.4. Formatos.
    - 2.2.1.5. Redes e internet.
    - 2.2.1.6. Acceso a las bases de datos web.
    - 2.2.1.7. Principales bases de datos biológicas.

### **3. Análisis de secuencias**

- 3.1. Bases de datos de DNA y proteínas.
- 3.2. Análisis de secuencias basado en aspectos composicionales.
- 3.3. Búsqueda de patrones y motivos en secuencias.
- 3.4. Estrategias básicas para la búsqueda de similitud entre secuencias.
- 3.5. Comparación entre pares de secuencias y alineamientos múltiples.
- 3.6. Proyectos genomas
- 3.7. Búsqueda de secuencias similares en bases de datos BLAST, FASTA.

### **4. Filogenias y árboles filogenéticos**

- 4.1. Conceptos básicos de filogenia y evolución molecular.
- 4.2. Filogenias basadas en datos morfológicos versus filogenias moleculares.
- 4.3. Análisis filogenético basado en secuencias.
- 4.4. Métodos de estimación de distancias evolutivas.
- 4.5. Principales métodos para la construcción de árboles filogenéticos.
- 4.6. Representación gráfica de árboles filogenéticos.

**5. Dinámica de sistemas biológicos**

- 5.1. Dinámica de sistemas.
- 5.2. Problemas biológicos y definición del sistema.
- 5.3. Diagrama causal.
- 5.4. Creación y simulación del modelo.
- 5.5. Aplicaciones en biotecnología.

**6. Análisis de imagen aplicado**

- 6.1. Imágenes digitales: Procesamiento y análisis.
- 6.2. Manejo de información espacial y espectral en imágenes de interés biológico.
- 6.3. Morfometría.

**C. METAS PEDAGÓGICAS**

**Al finalizar el estudio y práctica de la Unidad “Conceptos generales de Bioinformática”, el estudiante debe:**

- Adquirir las destrezas prácticas en la metodología propia de la disciplina.

**Al finalizar el estudio y práctica de la Unidad “Información biológica en formato electrónico”, el estudiante será capaz de:**

- Aprender el manejo de las bases de datos y de programas informáticos que pueden emplearse en el ámbito de las Ciencias Biológicas.
- Utilizar las fuentes de información dentro del ámbito de las Ciencias Biológicas.

**Al finalizar el estudio y práctica de la Unidad “Análisis de secuencias”, el estudiante será capaz de:**

- Utilizar programas informáticos de análisis de secuencias de ácidos nucleicos y proteínas

**Al finalizar el estudio y práctica de la Unidad “Filogenias y árboles filogenéticos”, el estudiante será capaz de:**

- Realizar análisis filogenéticos.

**Al finalizar el estudio y práctica de la Unidad “Dinámica de sistemas biológicos”, el estudiante debe:**

- Adquirir capacidad de gestión de la información, análisis y síntesis.
- Comprender modelos computacionales y sus aplicaciones a diversos sistemas biológicos.

**Al finalizar el estudio y práctica de la Unidad “Análisis de imagen aplicado”, el estudiante será capaz de:**

- Procesar, analizar y manejar imágenes digitales.

#### **V. METODOLOGÍA**

La metodología formativa incluirá:

1. Clases magistrales en las que el profesor planteará los fundamentos teóricos de la asignatura y resolverá las dudas y cuestiones planteadas por el alumno.
2. Prácticas en el laboratorio de informática.
3. Seminarios para la realización de trabajos en grupo por parte de los alumnos sobre temas relacionados con los contenidos de la asignatura.
4. Ejercicios prácticos y consultas bibliográficas utilizando una plataforma de e-learning.
5. Tutorías personalizadas (presenciales y on-line) en las que el profesor orientará al alumno en su labor de estudio y resolverá las dudas que le plantee.

#### **VI. MEDIOS AUXILIARES**

- Pizarra, marcadores y borrador
- Textos básicos y de consulta
- Publicaciones científicas
- Cañón multimedia
- Laboratorio de informática
- Herramientas computacionales de representación, modelado o simulación y otros programas informáticos
- Plataforma de educación virtual
- 

#### **VII. ESTRATEGIAS DE ENSEÑANZA – APRENDIZAJE**

El alumno dispondrá del material docente en la plataforma de docencia virtual de la FACEN-UNA. Además, recibirá el apoyo tutorial por parte del equipo docente que le orientará personalmente durante las clases presenciales para realizar su tarea de aprendizaje.

Para las prácticas se proponen:

- Aspectos computacionales básicos en bioinformática.
- Bases de datos biológicas.
- Bases de datos de DNA y proteínas.
- Análisis de secuencias.
- Filogenias moleculares I.

- 
- Dinámica de sistemas.
  - Análisis de imagen.

### VIII. EVALUACIÓN

Se evaluarán tanto los conocimientos teóricos adquiridos, como la capacidad de relación entre los conocimientos teóricos y prácticos, y la exposición de trabajos y seminarios individuales y/o colectivos, y su capacidad para asimilar los conocimientos expuestos por estas vías. Para esta evaluación se realizarán pruebas presenciales y no presenciales, considerándose la participación del alumno en las actividades individuales on-line mediante la plataforma virtual.

### IX. BIBLIOGRAFÍA

#### A. BÁSICA

ATTWOOD, T.K. & PARRY-SMITH, D.J. 2002. Introducción a la bioinformática, Prentice Hall, 227p.

CUTLIP, M.B. & SHACHAM, M. 2008. Resolución de problemas en Ingeniería Química y Bioquímica con POLYMATH, Excel, y MATLAB, Pearson Educación, 706p.

GONZALEZ, R.C. & WOODS, R.E. 2008. Digital Image Processing, Third Edition, Prentice Hall, 977p.

VOIT, E.O. 2012. A First Course in Systems Biology, Taylor & Francis Group, 496p.

#### B. COMPLEMENTARIA

AGOSTINO, M. 2012. Practical Bioinformatics, Garland Science, 394p.

AITKEN, M.R.F., BROADHURST, B. & HLADKY, S.B. 2010. Mathematics for biological scientists, Garland Science, 482p.

BARNES, M.R. 2007. Bioinformatics for geneticists: a bioinformatics primer for the analysis of genetic data, Chichester, England ; Hoboken, NJ: Wiley.

FIELD, D., TIWARI, B., BOOTH, T., HOUTEN, S., SWAN, D., BERTRAND, N. & THURSTON, M. 2006. Open software for biologists: from famine to feast. *Nature Biotechnology* **24**(7), 801–803.

MOUNT, D.W. 2004. Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis, CSHL Press, 714p.

STOJANOVIC, N. 2007. Computational Genomics, Garland Science.

TORSHIN, I.Y. 2006. Bioinformatics in the Post-Genomic Era: The Role of Biophysics, Nova Publishers, 280p.

TRAMONTANO, A. 2006. Protein structure prediction: concepts and applications, Wiley-VCH, 236p.

ZVELEBIL, M. & BAUM, J. 2007. Understanding Bioinformatics, Garland Science, 798p.