



UNIVERSIDAD NACIONAL DE CORDOBA

Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales

República Argentina

Programa de:

## Bioinformática

Código:

Carrera: *Ciencias Biológicas*

Escuela: *Biología*

Departamento: *Diversidad Biológica y Ecología*

Plan: 261-2015

Carga Horaria: 75

Semestre: *Noveno*

Carácter: *Selectiva*

Créditos: 7,5

Hs. Semanales: 7,5

Año: *Quinto*

### Objetivos:

-Brindar herramientas para que la/el estudiante construya conocimiento crítico y reflexivo sobre la teoría y la práctica en bioinformática.

-Presentar y discutir las bases moleculares y las técnicas experimentales estándares en las investigaciones relacionadas con las "ómicas", así como, utilizar las herramientas informáticas y estadísticas de uso común en bioinformática.

-Analizar e interpretar grandes conjuntos de datos que deriven de diversas fuentes y naturaleza para aplicarlos en estudios relacionados con la ecología, sistemática, la salud, el medio ambiente, la biotecnología y la biología de sistemas.

-Pensar y diseñar proyectos científicos en bioinformática.

### Programa Sintético:

1. Bioinformática, programación y obtención de datos.
2. Diseño experimental y estadística en R.
3. Genómica
4. Genómica traslacional y Transcriptómica.
5. Metagenómica.
6. Biología de sistemas y Redes.

Programa Analítico: de foja 2 a foja 6.

Programa Combinado de Examen (si corresponde): de foja a foja.

Bibliografía: de foja 7 a foja 7.

Correlativas Obligatorias: *Bioestadística II y Genética*

### Rige:

Aprobado HCD, Res.:

Modificado / Anulado / Sust. HCD Res.:

Fecha:

Fecha:

El Secretario Académico de la Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales (UNC) certifica que el programa está aprobado por el (los) número(s) y fecha(s) que anteceden. Córdoba, / / .

Carece de validez sin la certificación de la Secretaría Académica:

**PROGRAMA ANALÍTICO**  
**LINEAMIENTOS GENERALES**

Bioinformática es una materia selectiva que puede ser cursada por estudiantes de 4to y 5to año de la Carrera Ciencias Biológicas al tener como correlativas a Genética de Poblaciones y Evolución. La bioinformática es una disciplina que se encuentra en la interfaz de las ciencias computacionales y biológicas al analizar principios comunes en biología utilizando herramientas computacionales y, actualmente, mediante el análisis de grandes volúmenes de datos. Su objetivo es profundizar la integración de disciplinas y metodologías para generar nuevas perspectivas y capacidades en la formación profesional y académica. La bioinformática es una actividad intrínsecamente transversal, es aplicable a todos los ámbitos de la Biología y tiene un profundo impacto en campos tan variados como la salud humana, la industria agropecuaria, la farmacéutica, la conservación, la biotecnología, la evolución o la ecología. La bioinformática es imprescindible para dar sentido a la gran cantidad de nuevos datos biológicos, para explicar el funcionamiento de los sistemas biológicos de manera cada vez más integrada y para la nueva generación de recursos, bienes y servicios que se deriven de los nuevos conocimientos y tecnologías.

En esta materia se impartirán los conceptos básicos de programación que permitan, a los/las estudiantes, desarrollar habilidades en la escritura y ejecución de scripts. A la par, se ofrecen herramientas básicas para operar en Linux, el sistema operativo más empleado en bioinformática. Se presentarán los pasos previos al análisis de datos, tales como su adquisición, extracción, transformación y normalización. Estas tareas, son críticas para minimizar las incongruencias e inconsistencias de la gran cantidad de información a procesar. Se ensayarán los principios prácticos programáticos y de línea de comandos básicos para procesar y manipular grandes volúmenes de datos. El sistema de programación y de análisis estadísticos **R** es actualmente muy utilizado en bioinformática y en esta asignatura se lo utilizará transversalmente para el análisis de datos y visualización de resultados.

En lo referido a la genómica y metagenómica, se presentará una introducción a las técnicas de secuenciación y a las herramientas esenciales para el análisis de datos de secuenciación por metodología de próxima generación (NGS). Se utilizarán las aproximaciones más novedosas al análisis metagenómico, basadas en co-ensamblaje y binning por abundancia, lo que permitirá obtener y separar genomas. Se presentarán los fundamentos para la comparación de secuencias, la búsqueda de estados de caracteres homólogos y la inferencia filogenómica. Se presentarán ejemplos de metagenómica en distintos grupos de organismos ya que se pueden analizar los genomas de comunidades enteras de bacterias, virus y hongos, de otra manera inaccesibles, ampliando nuestra comprensión de la diversidad, ecología, evolución y funcionamiento de los microorganismos, al mismo tiempo que contribuye a la aparición y desarrollo de nuevas aplicaciones en diversas áreas, incluyendo a la biotecnología, y a las ciencias agronómicas, ecológicas y ambientales.

En cuanto a la genómica traslacional y transcriptómica, se presentará el estudio de variantes genómicas puntuales y estructurales, así como su asociación a enfermedades humanas y/o a variaciones climáticas. Los y las estudiantes recibirán contenidos teóricos y prácticos sobre la detección, análisis e interpretación de mutaciones (SNVs, indels) y variantes asociadas al número de copias génicas (CNVs) obtenidos por NGS, así como polimorfismos (SNPs) a través de estudios de asociación (GWAS). Se abordarán además los aspectos relacionados con el estudio epidemiológico de los posibles factores de riesgo asociados a dichas variantes genómicas. Además, se mostrará las aplicaciones de la bioinformática en el ámbito de la expresión de genes. Para ello, se estudiarán los métodos de análisis de transcripción génica basados en microarrays y secuenciación masiva (RNA-seq).

Finalmente, esta asignatura pretende familiarizar a los y las estudiantes con las nuevas aproximaciones sistémicas al estudio de fenómenos biológicos y con las redes biológicas. Los y las estudiantes se familiarizarán con las metodologías y algoritmos usados para el tratamiento bioinformático de redes biológicas, así como con el manejo del software que los implementan. Ensayarán la construcción e interpretación de Redes en el campo de las ciencias de la salud, biológicas y agronómicas.

### **METODOLOGÍA DE ENSEÑANZA**

La propuesta pedagógica de la materia se basa en el denominado "aprendizaje basado en la resolución de problemas" y "enseñanza-aprendizaje por investigación" (Galletto et al. 2009; Amarilla et al. 2017). Esta forma de aprendizaje promueve la adquisición del conocimiento a partir del desarrollo de habilidades para la búsqueda, análisis y discusión de la información, permitiendo que el/la estudiante se capacite y entrene en la resolución de problemas. La asignatura está planeada con un enfoque constructivista, promoviendo que el/la estudiante se mantenga activo en la construcción de su conocimiento junto con los docentes y compañeros de asignatura. Las clases impartidas serán teóricas y prácticas, tanto en el aula como en la plataforma MOODLE. Las actividades teóricas se desarrollarán a través de exposiciones dialogadas del docente orientado a desarrollar en los alumnos la habilidad de detectar problemas, generar hipótesis, pensar y diseñar diferentes métodos experimentales, obtener datos relevantes de acuerdo con el problema, utilizar diferentes herramientas para el análisis de esos datos y evaluar críticamente los resultados obtenidos. Durante el desarrollo de los Trabajos Prácticos (presenciales y/o virtuales) se realizan actividades que le permiten al estudiante poner en práctica las habilidades antes mencionadas, para esto utilizarán diferentes programas de cómputos, los que serán ejecutados en clusters virtuales y gratuitos y/o en los clusters que dispone la UNC. Se discutirán artículos científicos seleccionados a modo de ejemplos que permitan visualizar cómo se aplican las técnicas expuestas o cómo se estudian los distintos aspectos de la de la bioinformática y la biología computacional en los distintos campos de estudios. Se leerán trabajos específicos de cada tema para problematizar los temas desarrollados, creando espacios para reflexionar, ejercitar y afianzar el pensamiento crítico.

## EVALUACIÓN

Desempeño en clases: Durante cada encuentro se evaluará la participación de cada estudiante en las actividades propuestas, la cantidad y calidad del material aportado a la clase, la delimitación de problemas o preguntas de investigación y la información o conjunto de datos seleccionado para abordar ese problema o pregunta. Se considerará además la predisposición del o la estudiante para familiarizarse con los diferentes programas de cómputos y el cumplimiento de objetivos parciales o a corto plazo. Al final de la materia, los docentes calificarán a los alumnos con una nota de concepto y que será promediada con las notas de las otras instancias de evaluación.

Trabajo creativo de investigación: Se deberá presentar, en forma oral y escrita, una idea original y creativa de investigación en sistemática, ecología, agronomía, biotecnología o ciencias de la salud, utilizando metodologías y herramientas bioinformáticas. En la instancia oral se deberán evidenciar las habilidades de resolución de problemas con las herramientas bioinformáticas presentadas y desarrolladas en las clases. Este trabajo final se construirá colectiva- y gradualmente durante todo el cursado.

Evaluación integradora: Los y las estudiantes que opten por la promoción total de la materia (ver condiciones más abajo), deberán presentar y aprobar un trabajo que consistirá en el diseño de una idea de investigación en el que, se apliquen las herramientas bioinformáticas enseñadas y utilizadas en la asignatura y una evaluación final oral integradora, donde se evaluarán los contenidos de la asignatura.

Características del examen final para alumnos regulares y libres: El examen será oral y se evaluarán los contenidos desarrollados en las clases teóricas. El alumno puede preparar uno de los temas del programa para iniciar el examen. El alumno debe demostrar el manejo de los programas de cómputos presentados en la asignatura. El alumno deberá estar en condiciones de desarrollar el programa analítico de la materia.

Condiciones para optar por la promoción total:

1. Tener aprobada Bioestadística II y regularizada Genética al momento de la firma de la regularidad.
2. Aprobar el 90% de los trabajos prácticos.
3. Asistir al 90% de los teóricos.
4. Aprobar con el 70% todas las instancias evaluativas.
5. La promoción total de la asignatura durará dos años a partir de la firma de la regularidad.

Condiciones para la regularidad:

1. Tener regulares las siguientes asignaturas: Bioestadística II y Genética.
2. Asistir y Aprobar el 80% de los trabajos prácticos.
3. Aprobar con el 40% todas las instancias evaluativas.

Los alumnos que no cumplan con alguno de estos requisitos asumirán la condición de alumnos libres. La regularidad tendrá dos años de duración a partir de la firma de la regularidad.

## CONTENIDOS TEMÁTICOS

### **Unidad 1. Bioinformática, introducción a la programación y a la obtención de datos.**

Introducción a la bioinformática, surgimiento y aplicaciones. Introducción a los ordenadores y los lenguajes de programación. Gestión básica del Sistema Operativo Unix/Linux: gestión de procesos y ficheros. Familias de formatos de datos más comunes, uso práctico de la línea de comandos para la extracción y correlación de información (vectores, factores, matrices, listas, data frames). Minería de datos básica mediante bases de datos SQL. Cloud Computing: introducción y sus aplicaciones a resolución de problemas biológicos.

### **Unidad 2. Diseño experimental y estadística en R.**

Introducción al estudio de los sistemas complejos, diseño de experimentos vinculados a las “ómicas” y a la biología de sistemas y redes: Unidad experimental, muestra, réplica y pseudoréplica. Factores y variables en función de la pregunta de investigación. Introducción y fundamentos de programación en R: modelos estadísticos más comunes en bioinformática. Situaciones problemáticas en sistemática, ecología, agronomía y ciencias de la salud.

### **Unidad 3. Genómica.**

Introducción a la genómica y a sus aplicaciones en evolución, sistemática y ciencias de la salud. Secuenciación de próxima generación (NGS). Análisis de datos genómicos (e.g., MEGAN) y plataformas y bases de almacenamiento (e.g., BLAST, CAMERA). Ensamblaje y anotación de genomas de *novo* con datos de NGS. Evolución genómica. Estimación de filogenias genómicas: métodos de máxima verosimilitud e inferencia bayesiana. Identificación de marcadores moleculares tipo microsatélites y SNP (polimorfismo de simple nucleótido) y sus aplicaciones en ciencias de la salud.

### **Unidad 5. Genómica traslacional y Transcriptómica.**

Genómica traslacional: introducción a las variantes genómicas y sus aplicaciones en estudios ecológicos, evolutivos y en ciencias de la salud. Detección de variantes estructurales (CNV). Análisis de polimorfismos poblacionales mediante SNPs y GWAS (Genome-wide association study): estudios de asociación entre QTL (quantitative trait loci) / QTNs (quantitative trait nucleotides) y variables bioclimáticas y/o de suelo. Aplicaciones en ciencias de la salud y agronómicas. Transcriptómica: introducción al análisis de datos de transcriptómica y microarrays. Bases de datos y softwares para su procesamiento y análisis. Análisis de RNA-seq, formatos y métodos computacionales. Aplicaciones en biotecnología y medicina.

### **Unidad 4. Metagenómica.**

Introducción a la metagenómica y sus relaciones con otras áreas del conocimiento: e.g., ecología, taxonomía, microbiología, agronomía, ciencias ambientales. Ensamblaje y coensamblaje de metagenomas. Predicción de genes y búsqueda de homología. Anotación taxonómica de genes y contigs. Concepto de Unidad Taxonómica Operativa (UTO). Aplicaciones clínicas (e.g., proyecto microbioma humano) y biotecnológicas (e.g., agroindustria, farmacéutica).

## **Unidad 6. Biología de sistemas y Redes.**

Biología de sistemas: introducción e interacciones disciplinares (e.g., Biología, Química, Física, Paleontología, Microbiología, Ciencias Agrarias, Medicina). Niveles de organización de la biodiversidad, preguntas de investigación y abordajes metodológicos posibles. Ejemplos en estudios sistemáticos, biogeográficos, filogeográficos y climáticos. Redes: Estructura y dinámica de redes complejas. Modelos matemáticos y simulación. Teoría de grafos. Manejo, visualización y cálculos topológicos con redes biológicas. Ejemplos en estudios de interacción metabólica y en estudios de interacciones animales-plantas, microbiomas-plantas y microbiomas-animales.

### **DISTRIBUCIÓN DE LA CARGA HORARIA**

<b>ACTIVIDAD</b>	<b>HORAS</b>
TEÓRICA	40
FORMACIÓN PRACTICA:	35
FORMACIÓN EXPERIMENTAL	
RESOLUCIÓN DE PROBLEMAS	
ACTIVIDAD DE PROYECTO Y DISEÑO	
PPS	
<b>TOTAL DE LA CARGA HORARIA</b>	<b>75</b>

### **DEDICADAS POR EL ALUMNO FUERA DE CLASE**

<b>ACTIVIDAD</b>	<b>HORAS</b>
TEÓRICA	10
FORMACIÓN PRACTICA:	10
FORMACIÓN EXPERIMENTAL	
RESOLUCIÓN DE PROBLEMAS	
ACTIVIDAD DE PROYECTO Y DISEÑO	
PPS	
<b>TOTAL DE LA CARGA HORARIA</b>	<b>20</b>

## **BIBLIOGRAFÍA**

- Amarilla L.D., C. Torres & L. Galetto. 2017. Enseñanza y Aprendizaje de la Diversidad Vegetal en la Universidad: análisis de una propuesta didáctica basada en la construcción y problematización del conocimiento. Reunión Argentina de Biología Evolutiva. Corrientes, Argentina.
- Diana Marco (Ed.) 2010. Metagenomics: Theory, Methods and Applications. Caister Academia Press, Norfolk, UK. ISBN 978-1-904455-54-7. 214 pp.
- Curry, E. 2020. Introduction to Bioinformatics with R: A Practical Guide for Biologists. CRC Press.
- Galetto, L.; Urcelay, C.; Torres, C.; NatterO, J.; Romanutti, A.; Scrivanti, R. y Anton, A. 2009. Enseñanza de la diversidad vegetal en la universidad: una propuesta didáctica innovadora. Revista de Educación en Biología 12: 12-20.
- Mount, D. W. 2004. Bioinformatics Sequences and Genome Analysis. Cold Spring Harbor Laboratory Press, USA, 2<sup>nd</sup> Edition.
- Lin, S., Scholtens, D., & Datta, S. 2022. Bioinformatics Methods: From Omics to Next Generation Sequencing. CRC Press.
- Pevssner, J. 2003. Bioinformatics and funtional Genomics. John-Wiley& Sons Inc. First Ed. USA.
- Kappelmann-Fenzl, M. (Ed.). 2021. Next Generation Sequencing and Data Analysis. Heidelberg, Germany: Springer.
- R Core Development Team., 2018. R: A language and environment for statistical computing. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing. ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.R-project.org>.
- Raza, K., & Dey, N. 2021. Translational Bioinformatics in Healthcare and Medicine. Academic Press.
- Ramírez-Reyes, T. 2020. La La filogenómica como herramienta fundamental en el estudio de la diversidad biológica. Revista Latinoamericana de Herpetología, 3(1), 33-48.
- Robert Gentleman, Vincent Carey, Wolfgang Huber, Rafael Irizarry, Sandrine Dudoit (Eds.). 2005. Bioinformatics and Computational Biology Solutions Using R and Bioconductor. Springer.
- Singh, V., & Kumar, A. (Eds.). 2021. *Advances in Bioinformatics*. Springer.
- Wei Zhang, Ilya Shmulevich (Eds.). 2006. Computational and Statistical Approaches to Genomics. Springer.
- Xiong J. Essential Bioinformatics / J. Xiong New York: Cambridge University Press, 2006.



Universidad Nacional de Córdoba  
2022 - Las Malvinas son argentinas

**Hoja Adicional de Firmas**  
**Informe Gráfico**

**Número:**

**Referencia:** Programa Bioinformática - materia selectiva no curricular

---

El documento fue importado por el sistema GEDO con un total de 7 pagina/s.