



---

---

<b>ASIGNATURA:</b>	BIOINFORMÁTICA	<b>CÓDIGO:</b>	
<b>DEPARTAMENTO:</b>	INGENIERÍA EN SISTEMAS DE INFORMACIÓN	<b>DE CLASE:</b>	Cuatrimestral
<b>ÁREA:</b>	INGENIERÍA EN SISTEMAS DE INFORMACIÓN	<b>HORAS SEM.:</b>	6 hs.
<b>BLOQUE:</b>	ELECTIVAS	<b>HORAS / AÑO:</b>	Reloj 72hs./ Catedra 96hs

---

#### **Fundamentación:**

La expansión biotecnológica y de las ciencias biomédicas ocurrida hacia fines del siglo pasado (y comienzos de este) ha generado una nueva revolución en el escenario de la investigación biológica. Las tecnologías y métodos experimentales utilizados actualmente en las áreas de genómica, proteómica y metabolómica, han dado lugar a nuevos procesos de diagnóstico e investigación molecular que están cambiando el escenario actual de la investigación científica (sólo comparable a la transformación provocada por el proyecto genoma humano). Los secuenciadores de nueva generación, los microarrays de ADN o los espectrómetros de masas de alta resolución permiten medir la actividad celular a nivel molecular y a escala de genomas y proteomas completos. La inmensa cantidad de información obtenida con estas tecnologías sobre los cambios moleculares asociados a distintas condiciones de un sistema biológico, hace posible encarar algunas preguntas fundamentales sobre los procesos fisiológicos y patológicos de la célula, o conocer cómo se construye un organismo. A medida que estas nuevas tecnologías van generando volúmenes de datos cada vez mayores, paralelamente también va creciendo la complejidad de las tareas de procesamiento y análisis de datos. En la actualidad, esto supone un cuello de botella en las tareas de investigación bioinformática, ya que el ritmo de producción de datos es mucho mayor que los desarrollos de funcionalidad de las técnicas de análisis existentes. Consecuentemente, se ha creado la necesidad inmediata de desarrollos computacionales orientados a la creación de herramientas eficientes especializadas en el análisis y la comprensión de datos biológicos provenientes de estas nuevas tecnologías.

La bioinformática está teniendo un profundo impacto en la biología molecular, la biomedicina, la neurociencia y otras áreas relacionadas con la biotecnología. El perfil del bioinformático es hoy altamente demandado por todos los grupos de investigación en estas áreas, hecho que se ve reflejado en la incorporación de maestrías y/o carreras de grado en bioinformática, y en la designación de la bioinformática como materia obligatoria en todas las carreras de biotecnología. Los grandes centros de investigación y empresas farmacéuticas cuentan hoy con grupos de investigación bioinformática, los cuales llevan estrechas colaboraciones con otros de los grupos de investigación, en la comprensión de enfermedades, el desarrollo de nuevos y mejores métodos de diagnóstico y tratamiento de enfermedades, en el descubrimiento y desarrollo de nuevos fármacos, y en la implementación de estrategias de medicina personalizada.



*Universidad Tecnológica Nacional  
Facultad Regional Buenos Aires*

Si bien la bioinformática es una ciencia interdisciplinaria que puede ser abordada por biólogos con interés computacional, el grado de complejidad de análisis de datos biológicos y el volumen de información a procesar requieren también de computadores científicos con comprensión de la biología para poder ser resueltos eficientemente.

### **Objetivos:**

- Reconocer los conceptos teóricos y prácticos de los métodos y herramientas de la bioinformática utilizados en Genómica y Proteómica.
- Identificar ventajas y limitaciones de los principales algoritmos bioinformáticos para el análisis de secuencias génicas, análisis de expresión génica, análisis filogenético, análisis de genomas, identificación de proteínas, análisis estructural y funcional de proteínas.
- Reconocer los distintos métodos y herramientas disponibles para el análisis de secuencias génicas, análisis de expresión génica, análisis filogenético, análisis de genomas, identificación de proteínas, análisis estructural y funcional de proteínas.
- Distinguir lenguajes de programación bioinformática para utilizar en problemas biológicos concretos.
- Reconocer las principales bases de datos biológicos y herramientas computacionales de la bioinformática para evaluar y utilizar nuevas técnicas que puedan surgir en el futuro.

### **Programa analítico:**

Unidad Temática 1: Introducción a la Biología Celular y Molecular.

Unidad Temática 2: Dogma Central de la Biología Molecular. Métodos y Modelos Experimentales. Paradigma de Darwin.

Unidad Temática 3: Definición de Bioinformática. Introducción al Análisis de Secuencias. Formatos de datos de secuencias. Bases de datos de secuencias.

Unidad Temática 4: Alineamiento de Secuencias. Matrices de Sustitución. Algoritmo de Needleman-Wunsch.

Unidad Temática 5: Algoritmo de Smith-Waterman. Algoritmo de Ends-Free. Métodos heurísticos de alineamiento. Búsqueda de secuencias en bases de datos.

Unidad Temática 6: ENCODE. BLAST. Bases de datos de Secuencias de ADN y ARN.

Unidad Temática 7: Bases de datos de Secuencias de Proteínas. Bases de datos secundarias.

Unidad Temática 8: Alineamiento Múltiple de Secuencias. Alineamiento Múltiple de Secuencias de ADN. Alineamiento Múltiple de Secuencias de Proteínas.

Unidad Temática 9: Linux. Perl, BioPerl. local BLAST.

Unidad Temática 10: Perfiles, Dominios, HMMs.

Unidad Temática 11: Predicción de Genes.

Unidad Temática 12: Introducción al análisis filogenético.

Unidad Temática 13: Introducción al Modelado de Estructura de Proteínas.

Unidad Temática 14: Introducción al Análisis de Genomas.



**Distribución de carga horaria entre actividades teóricas y prácticas:**

Tipo de actividad	Carga horaria total en hs. reloj	Carga horaria total en hs. cátedra
Teórica	39	52
Formación Práctica	33	44
Formación Experimental	0	0
Resolución de Problemas	0	0
Proyectos de Diseño	0	0
Práctica Supervisada	0	0
Total	72	96

**Articulación Horizontal y vertical con otras materias**

La asignatura Bioinformática se articula en forma vertical con otras asignaturas que la preceden en el plan de estudio, específicamente Administración de Recursos, Redes de Información, Simulación, Ingeniería de Software. Cada estudiante deberá tener cursada y regularizada cada una de estas asignaturas al momento de comenzar la cursada.

En cuanto a la articulación horizontal, Bioinformática brinda conocimientos que son compatibles y complementarios con conceptos y contenidos de otras asignaturas en relación de aplicar los conocimientos computacionales a problemas de las ciencias de la vida, fomentando así la interdisciplinariedad

**Cronograma estimado de clases:**

Unidad temática	Duración en horas cátedra
1	10
2	10
3	8
4	8
5	8
6	8
7	7
8	7
9	6
10	6
11	5
}12	5
13	4
14	4



### **Bibliografía:**

#### **BIBLIOGRAFÍA OBLIGATORIA**

- DURBIN, R., S. R. EDDY, A. KROGH Y G. MITCHISON. (1999) Biological Sequence Analysis: Probabilistic Models of Proteins and Nucleic Acids. Cambridge University Press.
- GIBAS, C. Y P. JAMBECK. (2001) Developing Bioinformatics Computer Skills. O'Reilly & Associates.
- MOUNT, D. W. (2004) Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis. Cold Spring Harbor Laboratory.
- TISDALL, J. (2001) Beginning Perl for Bioinformatics. O'Reilly & Associates.
- BUFFALO, V. (2015) Bioinformatics Data Skills: Reproducible and Robust Research with Open Source Tools. O'Reilly & Associates.
- BIOINFORMATICS journal (2021) <https://academic.oup.com/bioinformatics>
- BRIEFINGS IN BIOINFORMATICS (2021) <https://academic.oup.com/bib?searchresult=1>

#### **PÁGINAS WEB DE INTERÉS**

- European Bioinformatics Institute - <https://www.ebi.ac.uk>
- National Center for Biotechnology Information - <https://www.ncbi.nlm.nih.gov>

### **Correlativas:**

#### **PARA CURSAR:**

Cursadas: Redes de Información  
Administración de Recursos  
Simulación  
Ingeniería en Software

Aprobadas: Diseño de Sistemas  
Sistemas Operativos  
Gestión de Datos

#### **PARA RENDIR:**

Aprobadas: Redes de Información  
Administración de Recursos  
Simulación  
Ingeniería en Software