

FORMULARIO DE PRESENTACIÓN DE CURSOS DE POSGRADO

1.1. Indique la denominación del curso propuesto:

Bioinformática

1.2. Inserto en una carrera de posgrado

Sí

No

1.3. En caso de que el curso ya sea dictado en otra carrera indique la siguiente información:

Carrera	Tipo de dictado	Modalidad	Carácter

2. Equipo docente.

2.1. Responsable a cargo.

Apellido: Bustos

Nombre: Diego Martin

Documento: DNI 23317122

Correo electrónico: dbustos@mendoza-conicet.gob.ar

CUIT/CUIL: 20-23317122-1

2.2. Integrantes del equipo docente (repetir cuantas veces sea necesario)

Apellido: Barrera

Nombre: Exequiel Ernesto

Documento: 31318601

Correo electrónico: exequierbar@gmail.com

CUIT/CUIL: 20-31318601-7

3. Fecha probable de dictado

Semestre

1er

2do

mes: Septiembre a Noviembre

4. Número máximo y mínimo de alumnos

Max: 10 Min: 1

5. Carga horaria propuesta

5.1. Exprese la carga horaria relacionada al dictado de la actividad en horas reloj.

Modalidad	Carga teórica	Carga práctica	Total	Porcentaje
Presencial	16	16	32	75
No presencial	0	10	10	25
Total	16	16	42	

6. Objetivos (máx. 2000 caracteres).

Se espera que los alumnos adquieran un conocimiento general de los conceptos, problemas y desafíos de la bioinformática actual, y que adquieran las herramientas básicas para desarrollar investigación en ese campo de las ciencias biológicas y la interrelación con otras disciplinas biológicas. A su vez se espera introducir al alumno en las aplicaciones de la bioinformática que se emplean en el entorno biológico. Para ello en el curso se realizará un recorrido por los diferentes conceptos y especialidades de la biología molecular y genética.

7. Contenidos (máx. 2000 caracteres).

Unidad 1: Introducción a la Bioinformática

Aspectos básicos de los sistemas biológicos. Fundamentos de química y biología aplicables a la bioinformática. Concepto de Genética. Código genético. Traducción y transcripción genética. Fundamentos de Biología Molecular. Concepto de ADN.

Unidad 2: Bases de datos en bioinformática

Revisión de conceptos de bases de datos. Modelo jerárquico. Modelo en red. Modelo orientado a objetos. Modelo declarativo. Descomposición y normalización. Biología de visualización de datos. Bases de datos biológicas.

Unidad 3: Secuencias de ADN

Concepto de secuencias. Análisis de secuencias. Formato FASTA. Secuencias reguladoras. BLAST y NCBI Entrez. Algoritmos genéticos. Algoritmos de clustering.

Unidad 4: Genes

Características del código genético. Splicing. Marco abierto de lectura. Modelos estocásticos. Modelo oculto de Markov. Predicción de genes.

Unidad 5: Secuencias y proteínas

Alineamiento de secuencias. Alineamiento múltiple de secuencias. Árbol filogenético. Clustal W. Secuenciación masiva de genomas. FASTq. Proteínas y proteómica. UNIPROT

Unidad 6: Estructuras biológicas

Estructura de ADN (primaria, secundaria y terciaria). Estructura del ARN (primaria, secundaria y terciaria). Estructura de proteínas. Protein Data Bank. Folding de proteínas. Alineamiento de estructuras.

8. Describa las actividades prácticas desarrolladas, indicando lugar donde se desarrollan y modalidad de supervisión (Si corresponde). (máx.2000 caracteres)

Las clases prácticas se realizarán en simultáneo a las clases teóricas, las cuales se desarrollarán en el aula de informática de la Fac de Cs Exactas y Naturales. La supervisión se realizará por parte de los docentes del curso.

9. Bibliografía propuesta (máx.2000 caracteres).

Bibliografía Básica

BIOINFORMATICS

A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins
Second Edition
Andreas D. Baxevanis
A John Wiley & sons, inc., Publication

Bibliografía Complementaria

BIOINFORMATICS:

Concepts, Methodologies, Tools, and Applications
Information Resources Management Association

STATISTICAL BIOINFORMATICS

A Guide for Life and Biomedical Science Researchers
Edited by
Jae K. Lee
A John Wiley & sons, inc., Publication

STATISTICAL BIOINFORMATICS WITH R

Sunil K. Mathur
University of Mississippi
Academic Press

10. Modalidad de evaluación y requisitos de aprobación y promoción (2000 caracteres)

Metodología de enseñanza: El curso consistirá de clases teórico/prácticas, y elaboración de trabajo final basado en un problema de cuya resolución requiera el uso de herramientas de bioinformática (10 horas no presenciales).

Evaluación: La evaluación se realizará en base al trabajo final. Participar al menos del 90% de las clases teórico/prácticas y las discusiones de artículos, y aprobar el trabajo final con al menos el 60% del puntaje máximo posible.

Para aprobar la asignatura los **alumnos regulares** deberán entregar un trabajo final con el análisis de un problema que requiera de la bioinformática para su resolución. Los alumnos cuya calificación en el trabajo final sea de al menos 80% podrán optar a la promoción sin examen final. Las solicitudes de promoción serán resueltas antes del primer turno de exámenes finales.

Los **alumnos libres** deberán aprobar instancias de evaluación equivalentes a las aprobadas por los alumnos regulares: entregar un trabajo con el análisis de un problema que requiera de la bioinformática para su resolución, demostrar conocimiento de los artículos leídos para las discusiones grupales durante el curso. El tema del artículo de revisión será asignado por los docentes del curso luego de la inscripción al examen. El día del examen los alumnos libres deberán realizar un examen escrito exhaustivo sobre los contenidos generales de la asignatura, entregar el trabajo final, y mantener una discusión con los docentes sobre los artículos de discusión.

11. Ingrese toda otra información que considere pertinente, incluidos requisitos específicos si corresponde (máx.1600 caracteres).