Ministerio de Cultura y Educación
Universidad Nacional de San Luis
Facultad de Química Bioquímica y Farmacia
Departamento: Biología
Area: Biologia Molecular

(Programa del año 2025)
(Programa en trámite de aprobación)
(Presentado el 01/07/2025 11:32:20)

I - Oferta Académica

Materia	Carrera	Plan	Año	Período
() BIOINFORMÁTICA	LIC. EN CIENCIAS BIOLOGICAS	8/13	2025	1° cuatrimestre

II - Equipo Docente

Docente	Función	Cargo	Dedicación
LAPADULA, WALTER JESUS	Prof. Responsable	P.Adj Simp	10 Hs
CARMONA VIGLIANCO, NATALIA EVE	Responsable de Práctico	JTP Exc	40 Hs
CABRERA, IVANNA MAILEN	Auxiliar de Práctico	A.1ra Simp	10 Hs

III - Características del Curso

Credito Horario Semanal				
Teórico/Práctico	Teóricas	Prácticas de Aula	Práct. de lab/ camp/ Resid/ PIP, etc.	Total
4 Hs	Hs	Hs	Hs	4 Hs

Tipificación	Periodo
C - Teoria con prácticas de aula	1º Cuatrimestre

Duración			
Desde	Hasta	Cantidad de Semanas	Cantidad de Horas
13/03/2025	24/06/2025	15	60

IV - Fundamentación

La bioinformática se ha convertido en una herramienta fundamental para las ciencias de la vida. Esta disciplina permite analizar y comprender la información contenida en secuencias de ácidos nucleicos y proteínas desde una perspectiva bioquímica y biofísica para obtener claves estructurales, funcionales y evolutivas. En los últimos años el manejo de herramientas bioinformáticas se ha convertido en una necesidad para las disciplinas biológicas. Esto se debe principalmente a la utilización, cada vez más común, de las técnicas masivas de secuenciación que generan diariamente una vasta cantidad de datos biológicos que en su mayoría se encuentran disponibles publicamente en diferentes bases de datos. Por lo tanto, la información generada y su disponibilidad constituyen un pilar de investigaciones en los ámbitos de la salud, el agro, las ciencias químicas, entre otros. Asimismo, la fortaleza de la bioinformática radica en el análisis de dichos datos en el marco de la teoría evolutiva, lo cual permite comprender el mundo biológico de manera más acabada.

V - Objetivos / Resultados de Aprendizaje

Objetivo general:
Introducir el uso de bases de datos y de herramientas bioinformáticas para procesar de manera crítica información biológica, mediante el análisis de datos de genes, genomas, transcriptomas y proteínas.

Objetivos específicos:
-Identificar la información disponible de genes, genomas, transcriptomas y proteínas de diferentes organismos a partir del uso de bases de datos biológicas
-Adquirir experiencia en el manejo de herramientas bioinformáticas utilizadas para el análisis de genes,

genomas,transcriptomas y proteínas mediante la realización de las actividades prácticas
-Discernir el uso de las distintas herramientas para resolver problemas biológicos particulares, mediante la elaboración de un trabajo integrador

VI - Contenidos

PROGRAMA ANALÍTICO Y DE EXAMEN

Tema 1: Introducción a la bioinformática y técnicas de alto rendimiento

¿Qué es la Bioinformática?. Conceptos de genes, genomas y transcriptomas de procariotas y eucariotas. Conceptos de Proteínas. Secuenciación de ácidos nucleicos, fundamentos, equipos y resultados obtenidos por las técnicas de primera, segunda y tercera generación. formatos fasta y fastq.

Tema 2: Evolución y bioinformática

Evolución biológica y su relevancias para la bioinformática, Mecanismos evolutivos, mutaciones, flujo génico, recombinación, selección natural y deriva génica. Evolución a nivel molecular, teoría del reloj molecular, teoría neutral, concepto de homología, genes ortólogos, parálogos y xenólogos. Conceptos de familias y superfamilias génicas.

Tema 3: Alineamiento de secuencias y bases de datos

¿Qué es un alineamiento de secuencias? usos de los alineamientos de secuencias, tipos de alineamientos (locales y globales). Métodos de alineamiento: programación dinámica, progresivo, basado en consistencia e iterativo. Sistemas de puntajes para alineamientos de ácidos nucleicos y aminoácidos (matrices PAM y BLOSUM). Programas utilizados para realizar alineamientos múltiples de secuencias y para su visualización. Bases de datos biológicas, NBCI, EBI. Obtención de secuencias y metadata disponibles en bases de datos. Búsqueda de genes por homología (BLAST).

Tema 4: Filogenia molecular

Teoría de árboles, formas de enraizar (grupos externo o punto medio), formato newik. Interpretación de árboles, grupos monofiléticos, parafiléticos y polifiléticos. Flujo de trabajo para inferir una filogenia molecular. Marcadores utilizados para realizar análisis filogenéticos, alineamiento de secuencias, Modelos de sustitución , métodos de inferencia basados en distancia (UPGM y Neighbor joining) y basados en caracteres (Máxima Parsimonia, Máxima Verosimilitud e Inferencia Bayesiana). Soporte de árboles por bootstrap. Visualización y edición de árboles por figtree.

Tema 5: Herramientas utilizadas para el ensamblado y anotación de genomas

Obtención de reads, control de calidad (FASTQC), concepto de cobertura, conceptos de ensamblado de genomas por mapeo contra referencia y de novo. Control de calidad de ensambles L50, N50. Programas usados. Anotación de genomas. Programas de visualización Jbrowser y Artemis. Uso de la plataforma Galaxy.

Tema 6: Filogenómica

¿Qué es la filogenómica?. Tipo de datos a analizar mediante filogenómica: Genomas completos, bloques sinténicos, pangenoma y core genoma, Mutaciones puntuales simple (SNPs). Análisis del pangenoma mediante la utilización de Roary.

Tema 7: Herramientas utilizadas para el análisis de experimentos de RNAseq

Obtención de datos disponibles en bases de datos públicas (Sequence read archives/European Nucleotide Archive). Control de calidad (FASTQC), filtrado de secuencias, Alineamiento de Reads con genomas de referencia. Conteo y normalización cuentas, reads per kilobases per millions (RPKM), Transcripts per million (TPM). Análisis diferencial de expresión. Programas utilizados

Tema 8: Herramientas utilizadas para el análisis de proteínas Plataforma Expasy. Conceptos de estructura primaria, secundaria, terciaria y cuaternaria, dominios y motivos. Clasificación de proteínas en superfamilias y familias. Análisis de dominios mediante interpro. Predicción funcional de proteínas. Búsqueda de proteínas PSI-BLAST, HMMER. Predicción de estructura secundaria. Clasificación estructural de proteínas por CATH. Protein data bank. Predicción de estructura terciaria (SWISS-MODEL y alphafold).

Tema 9: Otras herramientas y bases de datos

VectorBase, TriTrypDB, análisis de sintenia, timetree, Identificación molecular de organismos, código de barra genético, bold datasystem, Spling, diseño de cebadores para PCR.

Tema 10: Metagenómica

¿Qué es la metagenómica? utilizaciones actuales. Microbiota y microbioma. Whole metagenome sequencing y Targeted sequencing (metabarcoding).

VII - Plan de Trabajos Prácticos

Trabajo práctico 1. Análisis de secuencia obtenidas por métodos de primera generación

Trabajo Práctico 2. Bases de datos NCBI, BLAST y alineamientos múltiples de secuencias

Trabajo práctico 3. Filogenia Molecular
Trabajo práctico 4. Control de calidad de archivos FASTQ, ensamblado de genoma, análisis estadístico y anotación de genes
Trabajo Práctico 5. Filogenómica
Trabajo práctico 6. Bases de datos de transcriptomas, Control de calidad de arhcivos FASTQ, Alineamiento de transcriptoma con genoma de referencia, Estimación de TPM, Atlas-EBI
Trabajo Practico 7. Herramientas para el estudio de proteínas Trabajo práctico 8. Otras herramientas comunmente utilizadas en bioinformática
Trabajo práctico 9. Metagenómica

VIII - Regimen de Aprobación

1. TRABAJOS PRÁCTICOS
Los trabajos prácticos consisten en prácticos de informática. La aprobación de los mismos implica que el/la estudiante demuestre un conocimiento claro del tema, participe en la clase y trabaje de manera individual, alcanzando los objetivos fijados. Al final de cada prácticos se realizará un puesta en común donde los/las estudiantes deberán explicar como resolvieron la ejercitación.
2. PROYECTO INTEGRADOR
Para regularizar la asignatura el/la estudiante deberá aprobar un proyecto integrador individual o grupal.
3. EXAMEN FINAL
Para aprobar el curso el estudiante deberá cumplir:
i) con los requisitos de regularización establecidos en el presente programa
ii) con la aprobación del examen final (en cualquiera de los turnos establecidos por el calendario académico de la Facultad), cuya calificación mínima cuantitativa es de 4 (cuatro) puntos. Requisitos para alcanzar la regularidad:
• Realizar y aprobar el proyecto final con porcentaje mínimo de 60%.
Requisitos para alcanzar la promoción sin examen final:
• Asistir al 80% de las clases
• Aprobar los exámenes parciales en primera instancia con nota mínima de 70%
• Realizar y aprobar el proyecto final con nota mínima de 70%.
La nota final resultará de promediar todas las notas obtenidas por el estudiante en las distintas instancias incluida la participación en los trabajos prácticos. En el caso de no satisfacer alguna de las exigencias de promocionalidad, el estudiante automáticamente quedará incorporado al Régimen de Alumnos Regulares.
ALUMNOS LIBRES
El estudiante libre deberá:
• Presentar y aprobar el 100% de los trabajos prácticos
• Presentar por escrito y defender en forma oral el proyecto de integración
• Aprobar el examen final oral a programa abierto de características similares al examen regular.

IX - Bibliografía Básica

[1] -Marco Salemi and Anne-Mieke Vandamme. The Phylogenetic Handbook. A Practical Approach to Phylogenetic. Second [2] edition. 2009.
[2] -José Miguel Valderrama Martín, Francisco Ortigoza y Rafael A. Cañas. Métodos de secuenciación: segunda generación. Encuentros en la biología. VOL.XIII, No.174. 2020.
[3] -José Miguel Valderrama Martín, Francisco Ortigoza y Rafael A. Cañas. Métodos de secuenciación: tercera generación. Encuentros en la biología. VOL.XIII, No.175. 2020.
[4] -Eija Korpelainen, Jarno Tuimala, Panu Somervuo, Mikael Huss and Garry Wong. RNAseq data analysis a practical approach. 2015.
[5] -Supratim Choudhuri. Bioinformatics for beginners. 2014.
[6] -Vince Buffalo. Bioinformatics Data Skills. 2015.
[7] -Paul G. Higgs and Teresa K. Attwood, Blackwell. Bioinformatics and Molecular Evolution. 2005.
[8] -Jean-Michel Claverie and Cedric Notredame. Bioinformatics for Dummies. 2007.
[9] -CA Orengo, DT Jones and JM Thornton. Bioinformatics. Genes, Proteins and Computers. 2003
[10] -Marta Mollerach, Josefina Campos, Sabrina Di Gregorio, Tomás Poklepovich, Melina Ruggiero, María Sol Haim, Carolina Torres, Silvia Argimón. Material didáctico del curso titulado "Introducción al análisis de genomas bacterianos obtenidos por técnicas de secuenciación masiva". Universidad de Buenos Aires. 2022
[11] - Daniel Beiting. DIY.transcriptomics. University of Pensilvania. 2021

[12] -Bérénice Batut, Building an amplicon sequence variant (ASV) table from 16S data using DADA2 (Galaxy Training Materials). https://training.galaxyproject.org/training-material/topics/microbiome/tutorials/dada-16S/tutorial.html Online, 2025
[13] -Hiltemann, Saskia, Rasche, Helena et al. Galaxy Training: A Powerful Framework for Teaching! PLOS Computational Biology. 2023
[14] -Batut et al. Community-Driven Data Analysis Training for Biology Cell Systems , 2018
[15] - Jose´ S. L. Patane´, Joaquim Martins Jr., and Joa˜ o C. Setubal. Chapter 5 Phylogenomics. Libro. Comparative Genomics. 2018.
[16] - Dr. Daniel Kurth, Dr. Ariel Fernando Amadio, Dr. José Matías Irazoqui, Dr. Julián Rafael Dib, Dra. María Alejandra Martínez, Dr. José Horacio Pisa, Dr. Juan Pablo Bustamante, Dra. Karina Antúnez Claustre y Dr. Eduardo Castro-Nallar. Material didáctico del curso Metagenómica para Aplicaciones Industriales y de Salud. 2024

X - Bibliografia Complementaria

XI - Resumen de Objetivos

XII - Resumen del Programa

Tema 1: Introducción a la bioinformática y técnicas de alto rendimiento
Tema 2: Evolución y bioinformática
Tema 3: Alineamiento de secuencias y bases de datos
Tema 4: Filogenia Molecular
Tema 4: Herramientas utilizadas para el ensamblado y anotación de genomas
Tema 5: Filogenómica
Tema6: Herramientas utilizadas para el análisis de experimentos de RNAseq
Tema 7: Herramientas utilizadas para el análisis de proteínas
Tema 8: Otras herramientas y bases de datos
Tema 9: Metagenómica

XIII - Imprevistos

XIV - Otros

ELEVACIÓN y APROBACIÓN DE ESTE PROGRAMA	
	Profesor Responsable
Firma:	
Aclaración:	
Fecha:	