San Miguel de Tucumán

EXP-FBQF-ME-23837/2025

VISTO:

Las presentes actuaciones mediante las cuales la Dra.Carolina SERRA BARCELLONA, Secretaria Academica de esta Facultad, eleva el Programa de la asignatura electiva BIOINFORMÁTICA, perteneciente al Plan de Estudios 2025 de la Carrera de Bioquimica de esta Unidad Académica ;

ATENTO:

A lo aconsejado por la Comisión de Enseñanza y Disciplina; y

CONSIDERANDO:

Que el programa propuesto cuenta con la opinión favorable de la Dirección y Comité Académico de la carrera de Bioquímica;

Que analizado el presente tema, los señores consejeros presentes por unanimidad acordaron aprobar el programa de la asignatura electiva BIOINFORMÁTICA;

Por ello,

EL CONSEJO DIRECTIVO DE LA FACULTAD DE BIOQUIMICA,QUIMICA Y FARMACIA

(en Sesión Ordinaria de fecha 13/06/2025)

R E S U E L V E :

Art.1º)- Aprobar el programa teórico y práctico de la asignatura electiva "BIOINFORMÁTICA", perteneciente al Plan de Estudios 2025 de la Carrera de Bioquimica, cuyo detalle como Anexo forma parte de la presente resolución.

Art.2º)- Comuníquese. Cumplido, pase a Dirección Alumnos a sus efectos.

Firma Electrónica por: Dra. María Inés Gómez, Decana - Dra. Carolina Serra Barcellona, Secretaria Académica - Sra. Nilda Leonor Ardiles, Directora General Administrativa a cargo de la Direccion General Academica.

Resolución N°: RES - FBQF - DAC - 8495 / 2025

Programa de asignatura – Plan de estudios 2025

I. Identificación			
Asignatura	Bioinformática		
Instituto			
Carrera	Bioquímica		
Carácter	Electiva con flexibilidad de cursado		
Curso			
Cuatrimestre	2° Cuatrimestre		
Horas presenciales	50	**Horas semanales**	5
Asignaturas correlativas	Asignaturas correlativas para cursar: Regular: Química Biológica Aprobada: Biología Celular y Molecular Asignaturas correlativas para rendir: Regular: Química Biológica Aprobada: Biología Celular y Molecular		

II. Descripción de la asignatura

La asignatura Bioinformática aborda los principios básicos de la disciplina bioinformática, desde la obtención, procesamiento e interpretación de secuencias de ADN, ARN y proteínas, así como el análisis estructural y funcional de biomoléculas mediante bases de datos y software especializado. Se espera que el alumno comprenda cómo se maneja la información obtenida con las técnicas HTS (High-Throughput Screening) utilizadas en la genómica, proteómica, transcriptómica y metabolómica para entender el comportamiento de sistemas biológicos. Se presentan las principales bases de datos bioinformáticas, su organización, utilización, relación entre ellas y aplicaciones relevantes para el ámbito farmacéutico y bioquímico. Se exploran los fundamentos de los análisis de secuencias, análisis genómicos y farmacogenómicos. La asignatura busca integrar el conocimiento experimental con el análisis computacional aplicados al análisis de datos biológicos en investigación, desarrollo e innovación en el área de la salud.

III. Resultados de Aprendizaje

1. Obtener e interpretar información de bases de datos biológicos.
2. Utilizar herramientas bioinformáticas para el análisis de datos ómicos:
3. Procesar y analizar datos relacionados con las tecnologías ómicas.
4. Aplicar alineamientos de secuencias para identificar elementos funcionales y relaciones evolutivas.
5. Construir y analizar árboles filogenéticos empleando secuencias genómicas y de proteínas.
6. Evaluar la calidad de ensamblajes genómicos y realizar su anotación funcional.
7. Analizar la expresión génica mediante herramientas bioinformáticas para interpretar datos transcriptómicos y proteómicos.

IV. Contenidos mínimos

Bioinformática: aplicaciones en Biomedicina. Bases de datos biológicas. Formatos de datos biológicos. Comparación y alineamiento de secuencias. Herramientas de alineamiento y búsqueda de secuencias. Identificación de genes y elementos funcionales

en secuencias genómicas. Ensamblaje y anotación de genomas. Herramientas para análisis de datos transcriptómicos y proteómicos (Galaxy, DESeq, EdgeR).

V. Programa de contenidos teóricos

Unidad Temática 1. Bases de datos biológicos.
Introducción a la Bioinformática; aplicaciones en Biomedicina. Tipos de bases de datos biológicos. Formatos de datos biológicos. Acceso y manejo de la información de bases de datos "ómicos" (genómicos, proteómicos, epigenómicos), de expresión génica, etc.

Unidad Temática 2. Ómicas y técnicas asociadas.
Genómica. Secuenciación de próxima generación (NGS). Microarrays de ADN. Transcriptómica. RNA-seq (Secuenciación de ARN). Microarrays de ARN. Proteómica. HPLC acoplada a espectrometría de masas (MS). Metabolómica. Cromatografía líquida acoplada a espectrometría de masas (LC-MS). Epigenómica. Secuenciación con tratamiento de bisulfito. ChIP-seq (Secuenciación de inmunoprecipitación de cromatina).

Unidad Temática 3. Alineamiento de Secuencias
Comparación y alineamiento de secuencias. Algoritmos y programas de alineamiento de secuencias de nucleótidos y de proteínas. Búsqueda de secuencias. Identificación de genes y elementos funcionales en secuencias genómicas. Métodos para la reconstrucción de árboles y redes filogenéticas mediante el uso de secuencias de ADN.

Unidad Temática 4. Genómica y Transcriptómica Computacional
Ensamblaje y anotación de genomas. Análisis de expresión génica y RNA-seq. Herramientas para análisis de datos transcriptómicos y proteómicos.

VI. Programa de Trabajos Prácticos

Trabajo práctico 1
Obtención de datos de distintas bases de datos biológicos. Almacenamiento de datos en archivos de texto plano. Visualización y edición de la información para análisis posteriores.

Trabajo práctico 2
Evaluación de la calidad de datos de secuenciación. Alineamiento y análisis de secuencias. Uso de herramientas como BLAST para realizar búsquedas de homología. Utilización de un programa de alineamiento múltiple. Reconstrucción filogenética. Interpretación y discusión de resultados.

Trabajo práctico 3
Análisis de expresión génica a partir de datos transcriptómicos. Flujos de trabajo para el análisis y visualización de datos para identificar genes diferencialmente expresados entre condiciones experimentales y de control.

Trabajo práctico 4
Ensamblaje de genomas a partir de datos de secuenciación. Obtención de datos de secuenciación. Preprocesamiento. Evaluación de la calidad del ensamblaje. Anotación funcional de genomas.

VII. Horas de trabajo por actividad formativa		
Actividad	**Metodología**	**Horas**
Clases teóricas	Exposición de fundamentos teóricos mediante uso de herramientas informáticas. Análisis de casos.	10
Trabajos Prácticos	Desarrollo de experimentos y análisis de nanomateriales mediante técnicas de síntesis y caracterización. Resolución de problemas aplicados y discusión de resultados.	40

VIII. Estrategias Metodológicas

En las clases teóricas se abordan los conceptos fundamentales de la asignatura a través de presentaciones con exposición y discusión de contenidos y diagramas de trabajo necesarios para la resolución de problemas bioinformáticos. Durante la exposición de contenidos, se propondrán ejercicios y problemas que ejemplifiquen los conceptos desarrollados, facilitando la comprensión de aspectos teóricos a través de ejemplos concretos.

Los trabajos prácticos permiten la aplicación de los conocimientos adquiridos en las clases teóricas. Consisten en sesiones con problemas a resolver de cada una de las unidades o demostraciones de casos de estudio sobre la aplicación de herramientas bioinformáticas. Los alumnos deberán complementar las clases con la lectura de artículos, la resolución de problemas y la elaboración de informes sobre los resultados obtenidos.

Se utilizará el aula virtual para que los alumnos tengan acceso al material de estudio, presentaciones, artículos de referencia, acceso a software gratuitos y material complementario.

Los docentes estarán disponibles para consultas individuales o grupales, tanto de manera presencial como virtual, en horarios programados. Estos espacios permitirán la resolución de dudas, el acompañamiento en la comprensión de conceptos complejos y la orientación en los trabajos prácticos.

IX. Evaluación

La calificación de la asignatura materia se obtendrá mediante la evaluación continua de los trabajos prácticos. Si la calificación final es igual o mayor a 7 la asignatura se considerará aprobada mediante promoción directa.

La asignatura será de carácter promocional, siempre que cumplan con los requisitos establecidos.

Evaluación de Trabajos Prácticos

- La aprobación de los trabajos prácticos requerirá asistencia del 100% a las actividades de laboratorio y la entrega de informes correspondientes.
- La evaluación de los informes de laboratorio será consignada como aprobado o desaprobado.

Criterios de Promoción

Los alumnos que aprueben todos los trabajos prácticos con una calificación igual o mayor a 7 (siete) puntos en una escala del 1 al 10 serán considerados alumnos promocionados. Aquellos alumnos que aprueben los trabajos prácticos y obtengan una calificación menor a 7 (siete) pero igual o mayor a 5 (cinco) puntos quedarán en condición de alumnos regulares y podrán rendir un examen final de modalidad mixta (oral y escrita), donde se evaluará tanto la comprensión teórica como la aplicación de los conceptos estudiados.

X. Régimen de regularidad y/o promoción

La obtención y duración de la regularidad está establecida según el Reglamento alumnos de la FBQF Resol. HCD N° 0086-2018 y la reconsideración Resol. N°0543-2018.

XI. Recursos didácticos, instrumentales y tecnológicos

Para el desarrollo de la asignatura se utilizarán diversos recursos didácticos que faciliten la comprensión de los contenidos y promuevan el aprendizaje individual y grupal.

- Material en PowerPoint y videos explicativos preparados por los docentes.
- Material impreso y digital: Artículos científicos, textos especializados y casos de estudio disponibles en formato físico y digital.
- Plataforma del Aula Virtual: Acceso a presentaciones, bibliografía recomendada, ejercicios de autoevaluación y materiales complementarios.
- Herramientas tecnológicas: Software de modelado molecular y simulaciones para la visualización de nanomateriales y su interacción con sistemas biológicos.
- Pizarra y recursos tradicionales.
- Medios de comunicación digital: Espacios de consulta y tutorías virtuales para fortalecer la interacción entre estudiantes y docentes fuera del aula.

XII. Bibliografía básica

Título	Autores	Editorial	Año de edición
Bioinformatics: Sequence and genome analysis	Mount D.W.	Cold Spring Harbor	2001
Introduction to bioinformatics	Bagchi, Angshuman	Alpha Science International Ltd	2018
Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins	Andreas D. Baxevanis, Gary D. Bader, David S. Wishart.	Wiley	2020
Una Breve Introducción a Galaxy	Saskia Hiltemann, Helena Rasche; Nicolas Palopoli, Jolene Ramse	https://training.galaxyproject.org/training-material/topics/introduction/tutorials/galaxy-intro-short/slides-plain_ES.html#una-breve-introducci%C3%B3n-a-galaxy	2023

XIII. Bibliografía complementaria

Título	Autores	Editorial	Año de edición
Páginas web y revistas científicas			

Hoja de firmas

Sistema: sudocu
Fecha: 23/06/2025 11:22:17
Cargado por: Ivana Karina Herrera

Autorizado por: Nilda Leonor Ardiles
Dirección Gral. Administrativa - FBQF
Directora General Administrativa
23/06/2025 12:19:10

Autorizado por: Carolina Serra Barcellona
Secretaría Académica - FBQF
Secretaria Académica
24/06/2025 12:21:23

Autorizado por: Maria Inés Gomez
Decanato - FBQF
Decana
24/06/2025 12:35:18