

Presidencia Roque Sáenz Peña, 25 de abril de 2018

RESOLUCIÓN N° 36/18 - C.D.C.B. y A.

VISTO:

El Expediente **01-2018-01088**, iniciado por la Dra. Farm. SEREMETA, Katia- Directora de la carrera Lic. en Biotecnología, medio por el cual eleva el Programa de la asignatura "**Bioinformática**" correspondiente a la carrera de **Licenciatura en Biotecnología** de la Universidad Nacional del Chaco Austral, para su aprobación; y

CONSIDERANDO:

Que el mencionado programa se ajusta a los contenidos mínimos y carga horaria de la citada carrera;

Que se consideran adecuados los objetivos, métodos pedagógicos, métodos de evaluación, programa analítico y bibliografía que forman parte de la propuesta;

Que analizadas las actuaciones, el Consejo Departamental opina que lo solicitado se encuadra con lo establecido por el Reglamento Académico de Alumnos;

Lo aprobado en sesión de la fecha;

POR ELLO:

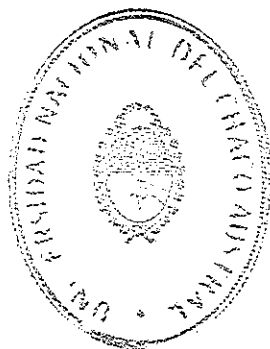
**EL CONSEJO DEPARTAMENTAL
DEL DEPARTAMENTO DE CIENCIAS BÁSICAS Y APLICADAS
DE LA UNIVERSIDAD NACIONAL DEL CHACO AUSTRAL**

RESUELVE:


ARTICULO 1°: Aprobar el Programa de la asignatura "**Bioinformática**" correspondiente a la carrera de **Licenciatura en Biotecnología**" del Departamento de Ciencias Básicas y Aplicadas de la Universidad Nacional del Chaco Austral, y que como Anexo Único forma parte de la presente resolución.

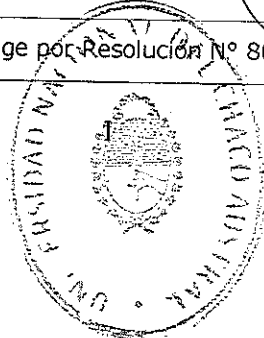
ARTICULO 2°: Regístrese, comuníquese a la Dra. Farm. SEREMETA, Katia- Directora de la Carrera de Lic. en Biotecnología y a las Áreas correspondientes. Cumplido, archívese.-

Mg. Ing. Enzo Gabriel JUDIS
Director de Departamento
Ciencias Básicas y Aplicadas



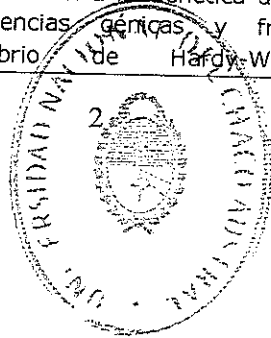
PROGRAMA DE LA ASIGNATURA

 <p>UNCAUS UNIVERSIDAD NACIONAL DEL CHACO AUSTRAL</p>		BIOINFORMÁTICA	
Departamento:		Ciencias Básicas y Aplicadas	
Carga Horaria: 60 horas		Programa vigente desde:	
Carrera		Año	Cuatrimestre
LICENCIATURA EN BIOTECNOLOGÍA		Cuarto	Primero
CORRELATIVA PRECEDENTE		CORRELATIVA SUBSIGUIENTE	
Asignaturas		Asignaturas	
Para cursar		Para rendir	
Regularizada	Aprobada	Aprobada	
Biología Celular y Molecular	Química Orgánica I	Biología Celular y Molecular	
		Operaciones y Procesos Biotecnológicos I Genética Molecular Bioética y Legislación	
DOCENTES:		Prof. Adj.: Patricia Evelyn X	
OBJETIVOS:		<p>Objetivo General:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Capacitar al alumno en el conocimiento y apreciación básica de la utilidad de la bioinformática. <p>Objetivos Particulares:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Obtener conceptos básicos para el manejo de herramientas básicas de bioinformática. • Familiarizarse con recursos "on-line" útiles en el aprendizaje de la bioinformática. • Evaluar fuente y calidad de la información obtenida. • Acceder a diferentes bases de datos para extraer información particular y procesarla con herramientas computacionales. • Utilizar algunos recursos proporcionados por NCBI. • Utilizar <i>software</i> de alineamientos de secuencias. • Obtener el conocimiento mínimo de cómo generar un Árbol Filogenético a partir de secuencias de ADN. 	
CONTENIDOS MÍNIMOS:		Bioinformática y aplicaciones en biotecnología. Niveles de información. Acceso remoto a bancos de datos, algoritmos de búsqueda. Bancos genéticos. Análisis de secuencias biológicas. Homologías secuenciales y estructurales.	
MÉTODOS PEDAGÓGICOS:		<p>En el desarrollo de la asignatura se utilizarán:</p> <ul style="list-style-type: none"> - Clases Teóricas explicativas. - Clases de trabajos prácticos. - Guías complementarias de lecturas. - Seminarios. - Clases de consulta. - Conferencias de especialistas invitados acorde con la temática. 	
MÉTODOS DE EVALUACIÓN:		Se rige por Resolución N° 80/12 - C.S.	



vig. Ing. Enzo Gabriel JUDI
Director de Departamento
Ciencias Básicas y Aplicadas

	<p>La evaluación del alumno se llevará a cabo teniendo en cuenta los siguientes aspectos:</p> <ul style="list-style-type: none"> - Corrección de las guías de actividades prácticas. - Se realizarán 2 (dos) evaluaciones parciales de carácter escrito y/o oral. El alumno tendrá derecho a recuperar las dos instancias evaluadoras sólo una vez cada una. - Participación en los seminarios y actividades especiales. <p>Al final del cursado se reconocerán dos tipos de alumnos:</p> <p>1) Regulares: Será considerado alumno regular aquel que cumplimente los siguientes requisitos:</p> <p>a) Asistencia al 75 % de las clases de Teóricas-Prácticas impartidas en el período.</p> <p>b) Presentación y aprobación del 100 % de los Trabajos Prácticos durante el desarrollo la asignatura.</p> <p>c) Aprobación del 100 % de los Exámenes Parciales.</p> <p>2) Libre: El alumno libre será el estudiante que habiendo cursado una asignatura no dio cumplimiento a los requisitos establecidos en el ítem anterior; o bien que no haya cursado la asignatura.</p>
<p>PROGRAMA ANALÍTICO:</p>	<p>UNIDAD 1: INTRODUCCIÓN A LA BIOINFORMÁTICA Definición y objetivos de la bioinformática. Conceptos básicos. Aplicaciones. Teoría de la información. Internet como recurso de búsqueda. Motores de búsqueda. Estrategias de búsqueda. Fuentes y calidad de información.</p> <p>UNIDAD 2: BASES DE DATOS BIOLÓGICOS Bases de datos biológicos. Bases de datos mundiales: NCBI, EMBL y DDBj. Tipos de bases de datos: de nucleótidos, de proteínas y de genomas. Recursos del sitio NCBI. Bases de datos bibliográficas.</p> <p>UNIDAD 3: SECUENCIACION Secuenciación de Ácidos Nucleicos. Secuenciación de Genomas. Genómica. Análisis de la expresión génica. Transcriptómica. Secuenciación de Proteínas. Proteómica.</p> <p>UNIDAD 4: ANÁLISIS DE SECUENCIAS BIOLÓGICAS Secuencias de nucleótidos y secuencias de aminoácidos: obtención, procesamiento y alineamiento. Alineamientos locales y globales. Alineamientos múltiples. Herramientas computacionales y <i>software</i>: BLAST, Clustal W, Clustal X, Muscle. Editores de secuencias. Formatos de secuencias. Depuración de secuencias, masajeador de secuencias. Diseño de cebadores: Primer3.</p> <p>UNIDAD 5: FILOGENIA MOLECULAR Introducción a la filogenia molecular: definición, algoritmos, árboles filogenéticos. Herramientas computacionales y <i>softwares</i> de construcción de árboles filogenéticos a partir de secuencias: MEGA.</p> <p>UNIDAD 6: GENÉTICA DE POBLACIONES Introducción a la Genética de Poblaciones. Definición. Población. Frecuencias génicas, y frecuencias genotípicas. Variación. Equilibrio de Hardy-Weinberg. Supuestos. Procesos</p>



Mg. Ing. Enzo Gabriel JDD.
Director del Departamento
Ciencias Básicas y Aplicadas

	Microevolutivos. Mutación. Selección Natural. Deriva genética. Migración. Herramientas informáticas para el análisis y simulación.
PRÁCTICOS:	<p>La asignatura contempla la realización de trabajos prácticos en un 60% respecto a la carga horaria total.</p> <p>Trabajo Práctico n° 1: Motores de Búsqueda y Fuentes de Información.</p> <p>Trabajo Práctico n° 2: Bases de datos biológicos.</p> <p>Trabajo Práctico n° 3: Secuenciación.</p> <p>Trabajo Práctico n° 4: Análisis de Secuencias.</p> <p>Trabajo Práctico n° 5: Árboles filogenéticos.</p> <p>Trabajo Práctico n° 6: Genética de Poblaciones.</p>
BIBLIOGRAFÍA:	<ul style="list-style-type: none"> - Claverie, J-M. & Notredame, C. Bioinformatics for dummies (2nd edition) (2007). Wiley Publishing Inc - Hartl, D. L. & Clark, A. G. Principles of Population Genetics (4th Edition). (2007) Sinauer Associates, Inc. - Mount, D. H. Bioinformatics: Sequence and genome analysis (2nd edition). (2004). Cold Spring Harbour Laboratory Press. - Orengo, C.A., Jones, D.T & Thornton. Bioinformatics: Genes, Proteins & Computers. (2003). BIOS Scientific Publishers Limited. - Tramontano, A. (2007). Introduction to Bioinformatics. Chapman & Hall-CRC.

Mg. Ing. ENZO BAOTIC, J.D.
Director de Departamento
Ciencias Básicas y Aplicadas

