



Universidad Nacional de Luján  
Departamento de  
Ciencias Básicas



DISPOSICION CONSEJO DIRECTIVO DEPARTAMENTAL DE CIENCIAS BÁSICAS DISPCD-CB : 242 / 2025

LUJAN, 8 DE JULIO DE 2025

VISTO: El programa de la asignatura Introducción general a la Bioinformática (18924) para la carrera Especialización en Bioinformática; y

CONSIDERANDO:

Que tomó intervención la Comisión Académica de la Carrera.

Que se ha tratado y aprobado por el Consejo Directivo Departamental de Ciencias Básicas en su Sesión Ordinaria del día 3 de julio de 2025.

Por ello,

EL CONSEJO DIRECTIVO DEPARTAMENTAL

DE CIENCIAS BÁSICAS

D I S P O N E :

ARTÍCULO 1°.- APROBAR el programa de la asignatura Introducción general a la Bioinformática (18924) para la carrera Especialización en Bioinformática, que como anexo I forma parte de la presente Disposición.

ARTÍCULO 2°.- ESTABLECER que el mismo tendrá vigencia para los años 2024-2026.-

ARTÍCULO 3°.- Regístrese, comuníquese, cumplido, archívese.-

Lic. Ariel H. REAL - Secretario Académico - Departamento de Ciencias Básicas

Lic. Emma L. FERRERO - Directora Decana - Departamento de Ciencias Básicas

**PROGRAMA OFICIAL**

**DENOMINACIÓN DE LA ACTIVIDAD:** 18924 - Introducción general a la Bioinformática

**TIPO DE ACTIVIDAD ACADÉMICA:** Curso.

**CARRERA/S:** Especialización en Bioinformática

**PLAN DE ESTUDIOS:** Plan de Estudios: 76.01 (Resolución HCS N° 711/22)

**DOCENTE/S RESPONSABLE/S:** Alberto Penas Steinhardt

**EQUIPO DOCENTE:** Alberto Penas Steinhardt, Pablo Aguilera, Gabriel Tolosa

**ACTIVIDADES CORRELATIVAS PRECEDENTES:**

**PARA CURSAR:** TRAMO NIVELATORIO

**PARA APROBAR:** TRAMO NIVELATORIO

**MODALIDAD DE DICTADO:**

**PRESENCIAL:** X

**CARGA HORARIA TOTAL:** 36 horas

**DISTRIBUCIÓN INTERNA DE LA CARGA HORARIA:**

TEÓRICO 18 horas

PRÁCTICO 18 horas

**PERÍODO DE VIGENCIA DEL PRESENTE PROGRAMA:** 2024-2026.

**CONTENIDOS MÍNIMOS O DESCRIPTORES**

Bases de datos biológicas. Introducción a la genómica. Búsquedas de secuencias. Análisis de resultados. Algoritmos de alineamiento de secuencias. Costo computacional. Alineamientos de ADN, ARN y proteínas. Genotipado. Estructura poblacional. Filogenias. Análisis de secuencias proteicas. Predicción de estructura y función de proteínas. Comparación de secuencias. Análisis de ADN a nivel nucleótido. Análisis de señales.

**FUNDAMENTACIÓN, OBJETIVOS, COMPETENCIAS**

- Ofrecer una introducción amplia a la bioinformática y, en particular, a la estructura y utilización de información del

### **PROGRAMA OFICIAL**

ámbito de la genómica y la proteómica.

- Introducir los conceptos principales sobre aspectos computacionales del procesamiento de información biológica.
- Estimular el uso y desarrollo de herramientas informáticas para la resolución de problemas biológicos.
- Proporcionar criterios de selección de algoritmos, validación metodológica, y uso de bases de datos.
- Ofrecer un ámbito de discusión sobre los últimos avances en bioinformática e interdisciplinariedad.

### **CONTENIDOS**

Bases de datos biológicas: definición, organización, tipos (primarias, secundarias, especializadas), formatos (Fasta, GenBank), estrategias de búsqueda.

Genómica: obtención de datos, técnicas de secuenciación, variantes, ensamblado y anotación, comparación de genomas, metagenómica.

Búsqueda y alineamiento: exacta y aproximada, algoritmos, programación dinámica, matrices de scoring, BLAST.

Expresión génica y ómicas: Microarrays, análisis estadístico, expresómica, proteómica, metabolómica, glicómica.

Metagenómica y metabolómica: rutas metabólicas, bases de datos (Silva, Greengenes, MetaCyc, KEGG), software (Qiime2, phyloseq).

Análisis de proteínas: estructura, predicción secundaria y terciaria, alineamiento estructural, modelado comparativo, motivos estructurales.

Interacciones biomoleculares: proteína-proteína, proteína-ADN, docking, clustering, bases de datos de interacción.

### **METODOLOGÍA**

Clases teóricas presenciales con apoyo de diapositivas e infografías. Actividades prácticas supervisadas en laboratorios informáticos o notebooks de estudiantes. Uso de servidores virtuales para resolución remota de problemas.

### **TRABAJOS PRÁCTICOS**

#### **TP\_IntroLinux**

Introducción al entorno Linux orientado al trabajo bioinformático. Comandos básicos, manejo de archivos, navegación de sistemas de archivos y automatización de tareas mediante scripts simples.

#### **TP\_Bases\_de\_Datos**

Exploración de bases de datos biológicas primarias y secundarias

**PROGRAMA OFICIAL**

(GenBank, UniProt, Ensembl). Descarga, interpretación y organización de datos en distintos formatos como FASTA y GFF.

**TP-Alineamientos**

Ejercicios prácticos de alineamiento de secuencias utilizando herramientas como BLAST y Clustal Omega. Alineamientos globales, locales y múltiples, análisis de resultados y matrices de sustitución.

**TP\_Mapeo\_Referencia**

Muestreo del proceso de mapeo de lecturas de secuenciación contra un genoma de referencia. Indexado, alineamiento con BWA o Bowtie2 y análisis básico de calidad y cobertura con herramientas como SAMtools.

**TP\_Metagenomica**

Introducción al análisis metagenómico mediante herramientas como QIIME2 o Kraken. Clasificación taxonómica de comunidades microbianas a partir de datos de secuenciación y visualización de perfiles de abundancia.

**REQUISITOS DE APROBACIÓN Y CRITERIOS DE CALIFICACIÓN**

Evaluación continua a través de trabajos prácticos por unidad temática. Evaluación final integradora individual presencial. Evaluación integral considerando también desempeño durante las clases.

**BIBLIOGRAFÍA**

- Claverie & Notredame. Bioinformatics for Dummies. 2nd Ed.
- Branden & Tooze. Introduction to Protein Structure.
- Xin Xion. Essential Bioinformatics. Cambridge Press.
- Vince Buffalo. Bioinformatics Data Skills. O'Reilly.
- Markel & Leon. Sequence Analysis in a Nutshell. O'Reilly.
- Caporaso et al. QIIME. Nature Methods.

## Hoja de firmas