

Semana 1. 02/08/2024

Teoría: Presentación de los contenidos, objetivos y metodología de evaluación de la asignatura. Introducción general al análisis del ADN como información genética. Repaso de conceptos de biología molecular y genética (dogma central de la biología molecular, organización de los genomas: cromosomas, genes, exones, intrones, *splicing*). Repaso técnicas de biología molecular (PCR, electroforesis). Secuenciación de ADN por el método de Sanger, problemas técnicos, asignación de bases e interpretación de los datos. Proyecto Genoma Humano. Formatos de archivos de secuencias más empleados en bioinformática (fasta, genbank, embl, fastq, gff/gtf).

Coloquio: Trivia con preguntas de repaso de conceptos vistos en materias anteriores y los nuevos desarrollados en la teoría 1.

Práctica: Visualización y manipulación de electroferogramas y secuencias de ADN. Ejercicios básicos bash Linux. Diferencias entre los formatos de secuencias y conversión entre formatos. Utilización de Readseq y paquetes básicos para el manejo de secuencias: BioEdit, EMBOSS, SMS, SnapGene Viewer.

Semana 2. 09/08/2024

Teoría: Bases de datos Biológicas; historia, desarrollo y evolución de las mismas. Tipos de bases de datos y clasificación de las mismas (ADN, proteínas, genomas, estructuras, etc.). Bases de datos primarias de secuencias (GenBank/ENA/DDBJ) y secundarias más usadas. Motores de búsqueda de las principales bases de datos. Búsqueda de secuencias en bases de datos. Aplicación de filtros. Búsqueda por palabra clave, nombre, etc. Exploradores de genomas.

Coloquio: Lectura extra-áulica del Prólogo y Cap. 1 y 2 del libro "Vida.exe" (escrito y editado por algunos egresados de la carrera) y de la nota digital "El caso de Rosalind Franklin" disponible en la web mujeresconciencia.com. Trivia con preguntas relacionadas a dicha actividad de lectura, que propicien también el debate de ideas entre los estudiantes.

Práctica: Ejercicios de búsqueda en bases de datos biológicas: Pubmed, Entrez (NCBI), SRS (EBI), Uniprot, PDB.

Semana 3. 16/08/2024

Teoría: Objetivos y aplicaciones del alineamiento de secuencias. Conceptos de Identidad, Similitud, Homología. Tipos de alineamiento de secuencias. Introducción al alineamiento de pares de secuencias global y local. Evaluación de gaps (reglas para establecer las penalidades). Matrices de sustitución (PAM y BLOSUM). Alineamientos por métodos de matrices de puntos (dot-plots).

Coloquio: "Competencia" entre los alumnos a través del juego "*Sequence Alignment Game*" disponible en la [web](#).

Práctica: Generación de dot-plots, interpretación de los resultados y comprensión de sus implicancias biológicas. Análisis de dot-plots ya generados previamente, creación de Dot-plots a partir de secuencias de ADN/proteínas usando programas como dotmatcher, dotter y dottup. Análisis de dot-plots con anotación estructural empleando FlexiDot.

Semana 4. 23/08/2024

Turno Especial de Exámenes – Sin clases.

Semana 5. 30/08/2024

Teoría: Técnicas de alineamiento global, local y semi-global (ends-free) de pares de secuencias. Fundamentos de la programación dinámica. Algoritmos de Needleman-Wunsch y Smith-Waterman. Matrices de puntuación y penalidades.

Coloquio: Trivia con preguntas de repaso de conceptos vistos en la teoría.

Práctica: Ejercicios para la comprensión de los fundamentos de la programación dinámica mediante la realización de alineamientos globales y locales, tanto manualmente (a partir de matrices de puntuación) como mediante la utilización de software específico (needle, water, LALIGN).

Semana 6. 06/09/2024

Teoría: Métodos heurísticos. Búsqueda de secuencias similares en bases de datos de secuencias. Algoritmos BLAST y FASTA. Conceptos básicos de probabilidad y estadística asociados al alineamiento de secuencias. Variantes de BLAST y sus usos. Consideraciones generales.

Coloquio: Realización del laboratorio virtual disponible en esta [web](#). El propósito de este laboratorio es familiarizarlos con las técnicas de laboratorio utilizadas para identificar diferentes tipos de bacterias basándose en su secuencia de ADN, aplicando BLAST y análisis bioinformáticos. Las técnicas empleadas en este laboratorio son aplicables en una amplia variedad de entornos, incluyendo la investigación científica y laboratorios forenses. Puesta en común de la actividad.

Práctica: Utilización de BLAST en sus versiones web y local, creando para esto último, bases de datos a partir de grupos de secuencias. Análisis de ejemplos reales. Primer-BLAST.

Semana 7. 13/09/2024

Parcial 1. Incluye los contenidos teóricos y prácticos vistos desde la Semana 1 a la 6.

Semana 8. 20/09/2024

Teoría: Alineamiento múltiple de secuencias (MSA). Diferentes algoritmos para el alineamiento múltiple de secuencias: exactos, progresivos, iterativos. Limitaciones y Benchmarking. Software para la visualización de MSA. Definición de motivos, dominios y patrones (secuencia consenso, expresiones regulares). Perfiles y matriz de puntuación de posición-específica (PSSMs). Logos de secuencias. Bases de datos de dominios y familias proteicas. Búsquedas de secuencias similares con perfiles HMMs.

Coloquio: Formar dos o tres grupos y comenzar a completar un tablero en Padlet (formato libre) disponible en el aula virtual con un resumen de los principales contenidos vistos en la materia con el propósito de ir incorporando los de las clases siguientes.

Práctica: Empleo de programas para el alineamiento múltiple de secuencias: ClustalW/X, T-Coffee, MUSCLE, MSA, etc. Comparación de los resultados obtenidos por los diferentes programas contra sets de referencia para evaluar el desempeño de los mismos. Uso de Meme Suite para la identificación de motivos conservados. Ejercicios empleando HMMer, MEME/MAST, PSI-Blast.

-Entrega consignas de **Trabajo Práctico Integrador**.

Semana 9. 27/09/2024

Teoría: Ensamblado, anotación y análisis de genomas. Proyectos de ensamblado de secuencias tipo Sanger. Proceso de ensamblado, algoritmo OLC y de De Bruijn, anotación y análisis de genomas. Introducción a las Nuevas tecnologías de secuenciación (NGS). Genómica, aplicaciones y definición de conceptos básicos.

Coloquio: Laboratorio virtual que implica el uso de equipos de secuenciación de la plataforma Illumina. Formulario con preguntas y puesta en común de la actividad.

Práctica: Interpretar las diferentes etapas que componen un proyecto de ensamblado de secuencias y las consideraciones necesarias en cada una. Preprocesamiento, ensamblado y anotación de secuencias obtenidas mediante secuenciación de Sanger. Realización de la etapa de "gap closure" de un ensamblado mediante la adición de secuencias específicas. Empleo de Staden Package, Artemis, herramientas del NCBI, entre otras.

Introducción al ensamblado de secuencias producidas por tecnologías de segunda generación, evaluación de la calidad del ensamblado y comparación con el genoma de referencia.

Semana 10. 04/10/2024

Teoría: Conceptos de gen, ORFs, intrón, exón. Procariotas vs Eucariotas. Identificación de genes codificantes en secuencias. Diferentes estrategias para la predicción de genes. Métodos ab initio, basados en homología y estrategias integradoras. Búsqueda de ORFs, HMM, IMM, Redes neuronales. Uso de diversas herramientas informáticas y evaluación de los resultados. Predicción y Anotación de genes. Gene Ontology (términos GO).

Coloquio: Actividad grupal extra-áulica titulada "Descifrando genomas". Los alumnos deberán preguntarse el genoma de qué organismo les gustaría secuenciar y estudiar, y por qué. Para ello se les pedirá que busquen un artículo científico en el cual se haya publicado la secuenciación, ensamblado y anotación del genoma de dicho organismo (que no sea un organismo modelo ampliamente estudiado hoy en día, por ej. genoma humano, ratón, Arabidopsis, *E. coli*, etc.). Deberán reportar en un informe un breve resumen del artículo, cuál es la importancia de secuenciar el genoma de ese organismo en particular (biológica, médica, económica, etc.), qué tecnología de secuenciación se utilizó, qué metodología de ensamblado y anotación se aplicó, en qué año se realizó, si es la primera versión del genoma o ya existen otras publicadas. Explorar si se han desarrollado otros recursos específicos para ese genoma, por ej, visualizador de genoma, base de datos especializada, entre otros. Estos son algunos puntos de referencia, podrán agregar toda la información extra que consideren relevante. En clase se realizará una puesta en común de forma breve el organismo elegido y el informe realizado al resto de los compañeros.

Práctica: Comprender las diferentes estrategias para la predicción de genes. Resolver problemas de predicción de genes empleando programas del paquete EMBOSS, Glimmer, FGenesB, Blastp, Blastx, Artemis, pipeline de predicción y anotación de genes Prokka, Bakta, etc. Comparación de los resultados y ventajas/desventajas de cada aproximación. Realizar la anotación funcional de los genes predichos.

Semana 11. 11/10/2024

FERIADO

Semana 12. 18/10/2024

Teoría: Introducción al análisis de árboles filogenéticos. Conceptos evolutivos y filogenia. Ortólogos y Parálogos. Características, topologías y tipos de árboles. Métodos de reconstrucción filogenética: basados en distancia (UPGMA, NJ) y basados en caracteres (MP, MV/ML, MB). Evaluación de árboles. Bootstrapping.

Coloquio: Trivia con preguntas de repaso de conceptos vistos en la teoría.

Práctica: Familiarizarse con el uso de árboles filogenéticos. Analizar las distintas representaciones de árboles filogenéticos. Construcción de árboles filogenéticos a partir de alineamientos múltiples empleando diferentes programas, visualización e interpretación de los resultados. Comparación de los diferentes enfoques de reconstrucción filogenética.

Semana 13. 25/10/2024

Teoría: Perl como herramienta en bioinformática. Bioperl. Expresiones regulares.

Coloquio: Consultas TP Final Integrador.

Práctica: Programación básica y herramientas de Perl para comprender la sintaxis de Perl, manejar las diferentes estructuras de datos, emplear ficheros y otros procedimientos de entrada/salida (I/O). Expresiones regulares. Manipular diferentes módulos de Perl. Bioperl. Comparación con el lenguaje Python. Introducción a Biopython y Jupyter notebook/Colab.

Semana 14. 01/11/2024

-Exposición del Tablero colaborativo en Padlet.

-Entrega y exposición del **Trabajo Práctico Integrador**: su evaluación es conceptual, se realizará el esclarecimiento de dudas que puedan surgir de su realización respecto a contenidos teóricos y/o de manejo de software. El mismo incluye ejercicios vistos en las prácticas de las semanas 6, 8, 9, 10, 12 y 13 de manera integrada en la resolución de un caso/problema.

Semana 15. 08/11/2024

Parcial 2. Incluye los contenidos teóricos y prácticos vistos desde la Semana 8 a la 13.

Semana 16. 15/11/2024

Recuperatorio Parcial 1 o 2.

Semana 17. 22/11/2024

Recuperatorio Parcial 2 (para quienes hayan tenido que recuperar el Parcial 1 la semana anterior).