

Planificación de la Asignatura: Análisis y Alineam. de Secuen.

Fecha: 23/10/2024 13:02

Código: L1335

Carrera: Licenciatura en Bioinformática

Departamento Académico: Biología

Docente a cargo:

Correo del docente a cargo: ileana.tossolini@uner.edu.ar

Régimen de Dictado: Cuatrimestral 2º Cuatrimestre

Carga Horaria Semanal: 6 horas semanales

Carga Horaria Total: 84 horas

Contenidos Mínimos:

Análisis de secuencias de ADN, técnicas de alineamiento de pares de secuencias, técnicas de alineamiento de secuencias múltiples

Competencias Genéricas:**TECNOLÓGICAS**

CT 1. Identificación, formulación y resolución de problemas de la disciplina Bioinformática. Nivel de Dominio 2 y 3.

CT 2. Concepción, diseño y desarrollo de proyectos de la disciplina Bioinformática. Nivel de Dominio 2.

CT 4. Utilización de técnicas y herramientas de aplicación en la disciplina Bioinformática. Nivel de Dominio 2 y 3.

SOCIALES, POLÍTICAS Y ACTITUDINALES

CS 1. Fundamentos para el desempeño en equipos de trabajo. Nivel de Dominio 2.

CS 2. Fundamentos para una comunicación efectiva. Nivel de Dominio 2.

CS 3. Fundamentos para una actuación profesional ética y responsable. Nivel de Dominio 2.

CS 4. Fundamentos para evaluar y actuar en relación con el impacto social de su actividad profesional en el contexto global y local. Nivel de Dominio 2.

CS 5. Fundamentos para el aprendizaje continuo y autónomo. Nivel de Dominio 2.

Competencias Específicas:

CE 1. Modelizar genomas de especies recombinantes más ventajosas a partir del análisis y comparación de genomas de especies salvajes. Nivel de Dominio 1.

CE 3. Desarrollar estudios en metodologías estadísticas, matemáticas y computacionales para analizar el genoma y la expresión génica. Nivel de Dominio 2 y 3.

CE 4. Desarrollar estudios de modelización de los mecanismos de regulación de la expresión génica. Nivel de Dominio 2.

CE 9. Participar en el desarrollo y la implementación de la tecnología de GeneChips, expresión génica, mapeo, rastreo de polimorfismos, descubrimiento de genes y desarrollo de algoritmos diagnósticos. Nivel de Dominio 1 y 2.

Argumentación de aportes marcados en la matriz de competencias:

Desde la asignatura queremos contribuir a la construcción de nociones y criterios que permitan a los alumnos apropiarse de aspectos conceptuales, experimentales y prácticos relacionados con las estrategias y tecnologías vigentes vinculadas con el análisis de secuencias, potenciando la autonomía y creatividad, analizando ejemplos reales, y alcanzando una visión más acabada de la Bioinformática y el futuro disciplinar. Asimismo, se busca fomentar un espíritu crítico que les permita valorar adecuadamente los alcances y limitaciones de las técnicas y algoritmos empleados, así como los nuevos desafíos computacionales y de

almacenamiento que conlleva la gran acumulación de información.

Las actividades prácticas y de coloquio se elaboran teniendo en cuenta esto y por lo tanto las competencias enunciadas anteriormente (y otras detalladas en los objetivos específicos) son consolidadas durante el cursado. A su vez, el TP Final Integrador propuesto tiene como propósito ofrecer a los estudiantes una experiencia didáctica que les sirva como introducción a su futura práctica profesional. Los alumnos analizarán y procesarán datos reales, y comunicarán sus resultados oralmente. Esto propicia que los estudiantes desarrollen habilidades prácticas, adquieran conocimientos relevantes y se involucren activamente en su propio aprendizaje, desarrollándose así algunas de las competencias enumeradas en el apartado anterior.

Correlativas Regulares para cursar:

Genética

Probabilidad y Estadística

Correlativas Aprobadas para cursar:

Algoritmos y Estructuras de Datos

Correlativas Aprobadas para promocionar o rendir el examen final:

Primer año

Algoritmos y Estructuras de Datos

Inserción de la Asignatura en el plan de Estudios:

La Bioinformática es una disciplina de carácter interdisciplinario que se focaliza en la aplicación de la informática a la recopilación, almacenamiento, organización, análisis y explotación de información relativa a datos biológicos. Se caracteriza por la aplicación de las tecnologías computacionales y de la estadística en la organización y análisis de datos de origen biológico, y es el punto de confluencia entre la informática, las ciencias biomédicas, la física y la química. La Bioinformática tuvo su auge en los años '90 con el Proyecto Genoma Humano y en los últimos años ha ganado gran relevancia y notoriedad, especialmente desde el 2020 con la pandemia de COVID19 debido a su papel fundamental en la producción e interpretación de datos sobre el virus SARS-CoV-2.

La trayectoria formativa del Licenciado en Bioinformática tiene como objetivo preparar a los estudiantes para intervenir profesionalmente en problemáticas relacionadas con las ciencias biomédicas mediante el uso de la informática con el fin de analizar, modelar y simular estructuras y fenómenos observados en los seres vivos en los distintos niveles de organización. En este marco, desde "Análisis y Alineamiento de secuencias", que se ubica en el cuarto año de la carrera, buscamos brindarle a los estudiantes una perspectiva global de la conjunción entre el área informática con el campo biológico, siendo una materia fundamental en la cual los alumnos logran integrar dichos campos. Queremos contribuir a la construcción de nociones y criterios que permitan a los alumnos apropiarse de aspectos conceptuales, experimentales y prácticos relacionados con las estrategias y tecnologías vigentes vinculadas con el análisis de secuencias, potenciando la autonomía y creatividad, analizando ejemplos reales, y alcanzando una visión más acabada de la Bioinformática y el futuro disciplinar. Asimismo, se busca fomentar un espíritu crítico que les permita valorar adecuadamente los alcances y limitaciones de las técnicas y algoritmos empleados, así como los nuevos desafíos computacionales y de almacenamiento que conlleva la gran acumulación de información. Esta asignatura brinda conocimientos que son compatibles y complementarios con conceptos y contenidos de otras asignaturas en relación de aplicar los conocimientos computacionales a problemas de las ciencias de la vida, fomentando así la interdisciplinariedad.

La organización curricular de la carrera de Licenciatura en Bioinformática especifica que:

- La presente asignatura se desarrolla en el segundo cuatrimestre del cuarto año del Plan de Estudios 2013.
- El cuatrimestre consta de 17 semanas de cursado (Res. CD 398/23), quedando la semana 4 libre sin clases por ser el Turno Especial de Exámenes. Las primeras 15 semanas corresponden al dictado de las clases, mientras que las semanas 16 y 17 se destinarán a las evaluaciones recuperatorias, así como a la confección y entrega de planillas de regularidades/promociones.
- La carga horaria semanal de la asignatura es de 6 horas (84 horas totales).

Para cursar “Análisis y Alineamiento de secuencias” (según Res. CD 311/23) es necesario haber regularizado las asignaturas Genética (3° año) y Probabilidad y Estadística (2° año) aprobada Algoritmos y Estructuras de Datos (2° año); para poder promocionar/aprobar examen final se debe tener primer año aprobado así como Algoritmos y Estructuras de Datos. La articulación vertical con dichas asignaturas y con otras como Informática Básica (1° año), Programación Avanzada (2° año), Biología Celular y Molecular (2° año), y Bioquímica (2° año), traza un recorrido por parte de los estudiantes que resulta de suma importancia para poder reconstruir y retomar conceptos fundamentales para el análisis de secuencias biológicas con herramientas computacionales. Por ejemplo:

- Informática Básica y Programación Avanzada: proveen las herramientas necesarias para el manejo y administración de la computadora, manejo del sistema operativo Linux y ejecución de comandos bash, así como la capacidad de escribir programas sencillos.
- Bases de datos: brinda los conocimientos para comprender la estructura, curación y funcionamiento de bases de datos de secuencias, así como la capacidad para generar bases de datos específicas con objetivos particulares.
- Bioquímica, Biología Celular y Molecular, y Genética: brindan los conocimientos biológicos fundamentales sobre los cuales se podrá comprender la función e implicancias de los alineamientos de secuencias, así como para interpretar el significado biológico de los resultados obtenidos. También sientan las bases para comprender los descubrimientos más recientes y relevantes sobre la genómica, la transcriptómica y la proteómica.
- Probabilidad y Estadística, y Métodos Estadísticos: proporcionan los conocimientos esenciales de estadística para comprender su aplicación en el campo del alineamiento de secuencias y la importancia en la interpretación y validación de los resultados obtenidos, así como del funcionamiento de los algoritmos aplicados.

Aunque menos críticos pero también necesarios, sus contenidos se articulan con asignaturas como Inglés y Metodología de la Investigación Científica. Asimismo, la materia se articula verticalmente hacia adelante con las asignaturas electivas técnicas, como por ejemplo “Análisis de secuencias de nuevas tecnologías de secuenciación en paralelo”, siendo clave la comprensión y aplicación de los contenidos que se desarrollen en “Análisis y alineamiento de secuencias”.

Con el cursado propuesto para esta asignatura buscamos propiciar la construcción de nociones y criterios que le permitan los profesionales en formación apropiarse de aspectos conceptuales, experimentales y prácticos relacionados con las estrategias y tecnologías vigentes vinculadas al análisis, interpretación,

almacenamiento y alineamiento de las secuencias biológicas. También, en la formación de un espíritu crítico y proactivo que les permita valorar adecuadamente los alcances y limitaciones de dichas técnicas y sus marcos teóricos, así como también estar actualizados en cuanto a los nuevos descubrimientos o desarrollos en el área. Los conceptos y la formación práctica incluidos en la planificación de la asignatura constituyen una herramienta indispensable para los futuros egresados de la Licenciatura en Bioinformática.

Objetivo General:

La presente asignatura pretende que los alumnos conozcan los formatos de secuencias, las bases de datos de secuencias de ácidos nucleicos y proteínas mayormente utilizadas, los algoritmos principales para el análisis de dichas secuencias, que los estudiantes puedan implementar soluciones simples a problemas biológicos y que se familiaricen con los recursos disponibles. Para ello, las clases teóricas englobarán los conocimientos esenciales y las clases prácticas cubrirán la utilización de los recursos disponibles y la implementación de dichas soluciones. Se busca producir un espacio de aprendizaje que permita al alumno adquirir competencias que favorezcan su futuro desempeño como profesional, asumiendo una actitud ética, responsable, crítica, proactiva, creativa y comunicativa para la identificación y resolución de problemas contextualizados en la disciplina.

Objetivos Particulares:

1. Objetivos relacionados con las competencias específicas (conocimiento disciplinar) y competencias genéricas tecnológicas. Se espera que los/as alumnos/as:

- Conozcan los distintos formatos de anotación de secuencias.
- Identifiquen y utilicen las principales bases de datos de secuencias, y utilicen herramientas computacionales de búsqueda para recuperar secuencias particulares de estas bases de datos.
- Comprendan los métodos y herramientas de análisis de características de una secuencia.
- Comprendan lo que es un alineamiento de secuencias y cómo se determinan sus puntajes.
- Entiendan la diferencia de un alineamiento global y local de pares de secuencias y los usos de cada uno.
- Comprendan cómo utilizar los métodos de matrices de puntos para analizar secuencias.
- Entiendan los pasos realizados por los algoritmos de Needleman-Wunsch y Smith-Waterman para producir un alineamiento de pares de secuencias.
- Comprendan el significado del Score y el “E-value” en un alineamiento de pares de secuencias.
- Entiendan lo que es un alineamiento de secuencias múltiple y conozcan los métodos computacionales para realizarlo.
- Efectúen búsquedas de secuencias similares en bases de datos de secuencias.
- Utilicen las principales herramientas de análisis y alineamiento de secuencias: Blast suite, ClustalW, EMBOSS, Glimmer, Prokka, entre otras.
- Realicen el análisis de datos reales, y obtengan conclusiones acerca de las mejores prácticas para los análisis así como conclusiones biológicas a partir de los mismos.
- Puedan establecer criterios de selección de las distintas herramientas bioinformáticas para su implementación, según el problema y/o contexto analizado.

- Realicen scripts simples en Perl para la manipulación de datos de secuencia y los diversos resultados obtenidos por otros programas, y utilizarlos para automatizar diferentes tareas bioinformáticas.
- Comparen el lenguaje Perl con los otros lenguajes de programación empleados en bioinformática para utilizar en problemas biológicos concretos.
- Realicen y comprendan los pasos para el ensamblado de secuencias de ADN, a partir de datos de secuenciación de primera y segunda generación, y se familiaricen con el vocabulario específico de análisis de secuencias provenientes de técnicas de secuenciación masiva.
- Analicen trabajos científicos, tanto de software desarrollado para el análisis de secuencias, como trabajos que utilizan las técnicas y/o procedimientos vistos en la asignatura para abordar problemáticas biológicas actuales.

2. Objetivos del desarrollo de competencias genéricas sociales, políticas y actitudinales. Se espera que los/as alumnos/as:

- Adquieran y/o potencien un modo de pensar crítico, reflexivo y comprometido.
- Potencien su aprendizaje de manera continua y autónoma, y puedan comunicar contenidos técnicos vinculados a la profesión de manera efectiva.
- Exploten sus aptitudes para el desempeño en equipos de trabajo.
- Puedan resolver situaciones problemáticas, integrando conocimientos y alentando a la búsqueda creativa de soluciones.
- Apliquen la autoevaluación y la evaluación entre pares, para identificar fortalezas, debilidades y potencialidades de las diversas producciones de los demás estudiantes (informes escritos, exposiciones orales, trabajo final).
- Comprendan el rol de un/a Licenciado/a en Bioinformática en la interpretación de los resultados a partir de la información que se genera principalmente a partir de datos biológicos.

Programa Analítico:

En esta planificación, siempre que se hable de “secuencias” se hace referencia indistintamente a secuencias de ADN o de proteínas. Dado que los principios para el alineamiento tanto de a pares como múltiple de secuencias son los mismos, solo en aquellos casos que la metodología lo requiere se hace la diferenciación. La asignatura parte de los conocimientos adquiridos en las materias Biología Celular y Molecular, y Genética, reforzando los conceptos de información contenida en el genoma. Asimismo, se organizan los contenidos rescatando los conocimientos previos adquiridos en asignaturas como las vinculadas a la Programación, Base de Datos, Probabilidad y Estadística, de manera de establecer una integración entre las asignaturas del plan de estudio.

En la primera Unidad se cubren los aspectos informáticos de la organización de la información de forma sistemática en bases de datos, la forma de navegar y obtener información, así como el análisis de las características diferenciales de las secuencias. A partir de la segunda Unidad, se aborda la problemática del alineamiento entre secuencias, partiendo de la problemática más sencilla, aumentando en cada tema en nivel de complejidad. Se llega así a la tercera Unidad, la cual aborda las metodologías para comparar un número muy grande de secuencias alojado en bases de datos y los algoritmos desarrollados para resolver de forma rápida este complejo problema. La siguiente Unidad aborda la problemática de alinear un gran número de secuencias al mismo tiempo, y también se hace una diferenciación entre alineamiento local y global. Las dos últimas Unidades corresponden particularmente al análisis de secuencias, desde un punto de vista puramente informático en la Unidad de Programación, la cual presenta herramientas para desarrollar programas que solucionen tareas complejas. Por último, la Unidad de Secuenciación de Genomas integra gran parte de los contenidos desarrollados anteriormente, y permite la integración de muchos de los conceptos desarrollados en la cursada volcados en aplicaciones reales y complejas.

UNIDAD 1. GENOMAS Y SECUENCIAS COMO INFORMACIÓN BIOLÓGICA: El ADN como información genética. Formatos de datos de secuencias. Bases de datos de secuencias. Formatos de intercambio. Análisis de características de secuencias. Contenido de GC, regiones codificantes, repeticiones, tamaño de genomas y complejidad.

UNIDAD 2. ALINEAMIENTO DE SECUENCIAS: Alineamiento de secuencias. Alineamiento de pares de secuencias global y local. Métodos de matrices de puntos. Algoritmos de Needleman-Wunsch para alineamiento global y Smith-Waterman para alineamiento local. Matrices de puntuación y penalidades Blosum y PAM.

UNIDAD 3. ALINEAMIENTO CONTRA BASES DE DATOS: Búsqueda de secuencias en bases de datos. Algoritmos FASTA y BLAST. Conceptos básicos de probabilidad y estadística asociados al alineamiento de secuencias. Significancia estadística de los resultados obtenidos en un alineamiento. Puntaje (score), estadísticas, significado de los parámetros utilizados y resultados.

UNIDAD 4. ALINEAMIENTO MÚLTIPLE: Alineamiento múltiple de secuencias. Métodos computacionales de alineamiento múltiple. Matriz de puntuación de posición-específica, patrones, dominios. Búsquedas de secuencias similares utilizando modelos ocultos de Markov (HMMs). Conceptos de evolución. Inferencias filogenéticas.

UNIDAD 5. PROGRAMACIÓN PARA ANÁLISIS DE SECUENCIAS: Bioinformática bajo Linux, Bash, Perl, BioPerl. Conceptos básicos de programación en Perl, variables, control de flujo, manejo de archivos. Expresiones regulares. BioPerl como repositorio de módulos para análisis bioinformáticos. Comparación de Perl/BioPerl con Python/Biopython.

UNIDAD 6. SECUENCIACIÓN DE GENOMAS: Metodologías clásicas de secuenciación de genomas. Proyecto Genoma Humano. Ensamblado de secuencias de ADN. Algoritmos de overlap-layout-consensus y grafos. Conceptos básicos de cobertura, calidad, lecturas pareadas. Historia de las tecnologías de secuenciación, introducción al funcionamiento de las nuevas tecnologías de secuenciación (NGS). Predicción y anotación de genes codificantes en secuencias. Concepto de ORF, concepto de gen. Métodos intrínsecos y extrínsecos para la predicción de genes (técnicas ab initio, comparación por homología y métodos experimentales). Compilación de múltiples fuentes de información. Ontología génica (términos GO).

Metodología Didáctica:

La propuesta actual se centra en la construcción de experiencias que permitan a los estudiantes adquirir competencias y comprender los contenidos de la asignatura, con el propósito de aplicarlos en la resolución de situaciones de la vida profesional futura. Los docentes desempeñarán un papel fundamental en guiar a los estudiantes a través de actividades diseñadas para fomentar el aprendizaje colaborativo, la resolución de problemas vinculados al campo de estudio y la integración de los conceptos abordados.

Los contenidos detallados previamente se desarrollan en las 15 semanas establecidas y las clases se dividen principalmente en:

1. Teorías y actividades complementarias asincrónicas.
2. Coloquios.
3. Trabajos prácticos in silico.
4. Trabajo Práctico Final Integrador.

Los contenidos de la asignatura serán abordados a través de clases teóricas, cuestionarios de revisión de conceptos, material complementario, visualización de videos y clases prácticas en computadora para cubrir los diferentes aspectos de los métodos para el alineamiento de secuencias, búsqueda en bases de datos biológicas y el análisis de los datos. Debido a la novedad de muchos de estos temas, se discutirán las técnicas y herramientas mediante la utilización de trabajos científicos y tutoriales, que requieren de un buen nivel de lectura y comprensión del inglés.

Para el desarrollo de las mismas, se prevé la utilización de herramientas digitales (TICs), principalmente se usará el campus virtual de la Facultad de Ingeniería (plataforma Moodle), que ofrece diversas herramientas como foros, chats, encuestas, tareas, cuestionarios, entre otras. El aula virtual permite tener organizada la información sobre el cursado, los contenidos de las clases, la bibliografía y todo el material complementario. La propuesta de cátedra implica dividir los contenidos en “Mosaicos” dentro del aula virtual de la asignatura. Cada mosaico tendrá: 1) los contenidos de cada clase teórica asincrónica (video de la teoría subido en el canal de Youtube de la materia una semana antes del encuentro presencial, y presentación para descargar en formato pdf). Esto permite a los alumnos visualizar las teorías a su ritmo, pudiendo pausar o volver a reproducirlo las veces que quieran, tomar apuntes de forma más tranquila y complementar con información extra mientras están viendo el video. Si bien se pierde la interacción “cara a cara”, esto se recupera en cada clase coloquial-práctica. 2) La práctica (guía para el trabajo práctico in silico presencial, manuales, tutoriales y videos complementarios). Además, contendrá la bibliografía principal/complementaria, y material complementario (generalmente videos, artículos científicos, noticias) usados para ampliar/ejemplificar los contenidos desarrollados en la clase. A partir del campus virtual, se encontrará abierto un canal de comunicación para preguntar y responder de manera colaborativa a dudas, inquietudes, ideas y proyectos

en marcha.

Para comprobar que los alumnos efectivamente miren la clase teórica, deberán realizar un cuestionario en el aula virtual por cada clase con preguntas de tipo respuesta abierta y V/; o bien lo responderán en forma de trivia (usando Socrative o Kahoot) durante la instancia de coloquio de la clase correspondiente. También se implementarán “tareas” a desarrollar de forma extra-áulica (de forma individual o grupal), para que luego en una instancia de tipo coloquio presencial (previo a la clase práctica) los estudiantes expongan los resultados con actividades como debates, trivias, pizarra colaborativa, puesta en común mediante presentación oral, entre otras. Esta propuesta de clases teóricas asincrónicas más una instancia de tipo coloquio tiene como objetivo principal involucrar activamente a los estudiantes en su propio proceso de aprendizaje. Para lograrlo, se fomentará la experimentación, el planteamiento de preguntas, el diálogo y el razonamiento colectivo. Se les dará la oportunidad a los alumnos de desarrollar sus propias interpretaciones y explicaciones. El docente desempeñará un papel crucial al ayudar a los estudiantes a tomar conciencia de sus ideas previas, brindándoles la oportunidad de cuestionarlas, debatirlas, fortalecerlas o utilizarlas como base para construir ideas más complejas en relación a los contenidos vistos y el contexto local/global. Seguido al coloquio se realizarán los trabajos prácticos in silico. Las clases prácticas en computadora requieren de la participación activa y crítica de los alumnos, en las cuales los docentes guían pero a la vez fomentan la autonomía y reflexión de los estudiantes. En cada clase práctica se aplican los conceptos desarrollados en la teoría mediante la realización de ejercicios que requieren la utilización de software específico, o el desarrollo de actividades que permitan la interpretación de las diferencias entre las metodologías desarrolladas. Además, se combinan problemas y resolución de casos mediante el análisis de datos biológicos reales. Algunos de ellos, destinados a la incorporación de conceptos y metodologías de acción, otros instan a los alumnos a reflexionar y vincular los conceptos desarrollados con la práctica profesional.

Respecto al Trabajo Práctico Final Integrador, el mismo se realizará de a dos o tres alumnos (de ser factible) y tiene como objetivo el estímulo de la capacidad integradora de conceptos, la autonomía en la toma de decisiones y de resolución de situaciones problemáticas vinculadas con el ejercicio profesional de la Bioinformática. En este trabajo los alumnos deberán analizar y procesar datos reales para la resolución de un problema biológico, aplicando las diversas estrategias de análisis vistas en el cursado, analizando críticamente las metodologías y los procedimientos, tomando decisiones respecto de la tarea, argumentando las soluciones propuestas, discutiendo y llegando a acuerdos con su equipo de trabajo. Así, se tratará de implicar al estudiante en su propio proceso de aprendizaje, a partir de la búsqueda de soluciones adecuadas y la comunicación de los resultados. La elaboración del TP Final Integrador comenzará semanas previas a la fecha de entrega, y tendrá un acompañamiento semanal para guiar su elaboración; retroalimentándose con las discusiones y herramientas que se usarán durante el cursado.

Formación Práctica:

La formación práctica se integra de manera continua a lo largo de todo el programa de la asignatura, promoviendo una interacción entre las lecciones teóricas y las clases prácticas en computadora, culminando en la ejecución del Trabajo Práctico Final Integrador. Las clases prácticas se desarrollarán en un Laboratorio de Computación de la Facultad, las cuales van creciendo en nivel de complejidad e integración de conocimientos conforme se avanza en el cursado de la asignatura. Las prácticas se componen de ejercicios simples ideados para la comprensión de ciertos conceptos, y también de actividades basadas en la resolución de casos y problemas fundados en situaciones reales a las cuales los bioinformáticos se enfrentan en el ejercicio profesional, y tienen la intención de desarrollar la fundamentación, pensamiento crítico y el criterio profesional.

Dichas actividades, fomentarán la participación activa de los estudiantes apostando a que las mismas faciliten la comprensión de nociones fundamentales para la materia. Se proponen tareas que están centradas en el aprendizaje activo del estudiante. El objetivo de estas instancias es que el estudiante aplique los conocimientos desarrollados, familiarizándose con los métodos de adquisición y procesamiento de datos, análisis crítico de resultados y comunicación de estos mediante informes, infografías, y presentaciones orales.

Las clases prácticas harán uso de datos reales y simulados, para describir y conocer las diferentes alternativas de métodos de análisis, comparando los diferentes resultados obtenidos de una forma crítica. Además, se discutirán trabajos científicos recientes, con un alto impacto, que marcan el camino realizado por las tecnologías y desarrollo de herramientas bioinformáticas. Se pretende que los alumnos discutan trabajos científicos y presenten las demás actividades propuestas durante las instancias de coloquios.

Algunas actividades prácticas propuestas para realizar en los trabajos prácticos in silico o en los coloquios incluyen:

- La Visualización de videos (charlas TED, conferencias) que, por ejemplo, amplíen los conocimientos teóricos desarrollados en cada clase, muestren tutoriales para el uso de determinadas herramientas, ejemplifiquen conceptos teóricos, e inviten a la reflexión del presente de las tecnologías usadas para la secuenciación de ADN y sus aplicaciones futuras, incentivando a los estudiantes que asuman el rol de profesionales en este campo.
- Cuestionario con preguntas que fomenten el debate de cuestiones técnicas y aspectos éticos de ciertas aplicaciones entre los estudiantes. Análisis y discusión de artículos científicos destacados recientes, vinculados a los temas abordados.
- Trivia con preguntas de repaso de conceptos vistos en la teoría.
- Competencia a través del uso de un juego para alinear secuencias.

- Realización de un tablero colaborativo en Padlet que resuma los principales contenidos vistos en una cierta cantidad de clases.
- Realización de un laboratorio virtual. El uso de los laboratorios virtuales permite generar nuevos espacios pedagógicos interactivos, donde se promueve la participación interactiva con los contenidos de un laboratorio experimental, lo cual ayuda a comprender los contenidos teóricos y fortalecer habilidades prácticas, ya que permiten observar de cerca procesos y manipular equipos que no están disponibles en las instalaciones de la facultad, facilitándose la construcción del conocimiento.
- Análisis y discusión de artículos científicos destacados recientes, vinculados a los temas abordados. Así como también de capítulos de libros de divulgación científica vinculados a algunas de las temáticas abordadas.

El Trabajo Práctico Final Integrador incluye ejercicios de programación de análisis de secuencias donde se buscará solución a un problema biológico real, aplicando las diversas estrategias vistas durante el cursado. Se trabajará bajo Linux utilizando programas de ensamblado de secuencias, alineamiento múltiple, comparación con bases de datos, programación básica de análisis de secuencias utilizando Perl / BioPerl, favoreciendo así al desarrollo de habilidades bioinformáticas avanzadas. Se deberá resolver en dos o tres semanas de trabajo extra-áulico, y el resultado es evaluado conceptualmente de dos maneras: en primer lugar la resolución del problema y la aplicación de las técnicas vistas durante el cursado y en segundo lugar, la presentación de los resultados, evaluando la capacidad de transmisión de los mismos, así como las habilidades de síntesis, toma de decisiones y elaboración de conclusiones. Luego de la exposición se realizará el esclarecimiento de dudas que puedan surgir de su realización respecto a contenidos teóricos y/o de manejo de software, lo cual sirve como preparación para el Parcial número 2.

Listado de Actividades de Formación Práctica:

Son las actividades prácticas planificadas para el cuatrimestre (detalladas por semana en el cronograma extendido).

Utilización de las siguientes bases de datos y software específico para la realización de las prácticas de laboratorio propuestas:

- Readseq, SnapGene Viewer, Staden Package.
- International Nucleotide Sequence Databases (GenBank/EMBL/DDBJ). Entrez (NCBI), SRS (EBI). Uniprot. InterProScan. Prosite.
- EMBOSS, SMS, Codon Usage DB.
- Dotplot, dotmatcher, dotter, dotup.
- Needle, Water, Lalign.

- Blast web, Blast+.
- ClustalW, T-Coffee, MUSCLE.
- PHYLIP, treeview, figtree.
- HMMer, MEME/MAST, PSI-Blast.
- Glimmer, EasyGene, FgenesB, Prodigal, Prokka, Artemis.

Las prácticas van creciendo en nivel de complejidad e integración de conocimientos conforme se avanza en el cursado de la asignatura. Las mismas se basan principalmente en la resolución de casos y problemas fundamentados en situaciones reales a las cuales los bioinformáticos se enfrentan en el ejercicio profesional, y tienen la intención de desarrollar la fundamentación, pensamiento crítico y el criterio profesional.

Programación de scripts en lenguaje Perl: uso de Bioperl. Desarrollo de scripts para automatización de análisis de resultados, reformato de archivos, manejo de expresiones regulares. Comparación con Python y Biopython.

Trabajo Práctico Integrador:

Incluye ejercicios de programación de análisis de secuencias donde se buscará solución a un problema biológico real. Se trabajará bajo Linux utilizando programas de ensamblado de secuencias, alineamiento múltiple, comparación con bases de datos, programación básica de análisis de secuencias utilizando Perl / BioPerl, favoreciendo así al desarrollo de habilidades bioinformáticas avanzadas.

Intensidad de la formación práctica

Detalle de la carga horaria total prevista para cada una de las siguientes actividades:

Actividades prácticas que aportan a las competencias específicas en el Nivel de dominio 1: 5 horas

Actividades prácticas que aportan a las competencias específicas en el Nivel de dominio 2: 30 horas

Actividades prácticas que aportan a las competencias específicas en el Nivel de dominio 3: 15 horas

Horas totales de actividades de formación práctica: 50 horas

Metodología de Evaluación Durante el cursado:

Se realizó la modificación de la metodología de evaluación a partir del 2022, teniendo en cuenta el resultado de las encuestas internas de la cátedra y autoevaluación respondidas por los alumnos durante años anteriores, en las cuales la mayoría de los estudiantes manifiesta que un único parcial al final del cursado no les resulta adecuado para el seguimiento y aprobación de la materia. Durante las cursadas posteriores esta metodología de evaluación (2 parciales) arrojó buenos resultados y fue bien recibida por parte de los alumnos, por lo cual se decide continuar de esta manera.

Los alumnos serán evaluados cuantitativamente en dos Parciales individuales. Asimismo, se realizarán actividades semanalmente durante el coloquio, que serán evaluadas de manera conceptual, y que ayudarán a los alumnos a estudiar los contenidos de la materia durante el cursado.

El Parcial N° 1 se realizará en la Semana 7 y el N° 2 en la Semana 15. En estos parciales se evaluarán los diferentes conceptos teóricos vistos hasta la semana anterior al parcial, así como la utilización de las distintas herramientas bioinformáticas empleadas durante las clases prácticas de la materia. Los problemas tienen una estructura similar a los desarrollados en las prácticas de la asignatura.

Se plantea la realización de un Trabajo Práctico Integrador que no tendrá una nota numérica y ayudará a los alumnos a integrar los diversos contenidos prácticos y herramientas usadas durante el cursado, sirviendo de preparación además para el Parcial N° 2.

Respecto al Trabajo Práctico Integrador, del informe escrito presentado se evaluarán conceptualmente (cualitativamente) los resultados obtenidos y los criterios con los que se llevó a cabo. Se tendrá en cuenta que los resultados obtenidos sean coherentes con lo que se ha trabajado en clase, las respuestas acorde a la temática y completitud de las mismas, autonomía en el desarrollo de scripts de Perl, justificación pertinente de los programas elegidos, funcionalidad de los archivos generados, etc. Los resultados se expondrán de manera oral ante el resto de la clase.

Además se les pide a los estudiantes que al final del cursado realicen una Autoevaluación, la cual contribuye a un mayor entendimiento del propio proceso de aprendizaje. La misma consta de una rúbrica que deben completar respecto al desarrollo del Trabajo Integrador y su desempeño en los Parciales, y diversas preguntas relacionadas con los conceptos previos que se retomaron y/o ampliaron, con las nuevas habilidades adquiridas y respecto a la proyección de dichas actividades en el futuro profesional.

Metodología de Evaluación en Exámenes Finales:

Aquellos estudiantes regulares que no cumplan con la promoción directa (Nota final <80%), deberán rendir un examen final escrito en las fechas dispuestas según calendario académico sobre los contenidos desarrollados en las clases teórico-prácticas, siendo el resultado de esta instancia la nota final de la materia.

Los alumnos serán evaluados en examen final en dos etapas. En primer lugar se realizará una evaluación teórica, la cual consistirá en responder preguntas y resolver problemas que no requieran de computadoras. Luego de esta evaluación de conceptos teóricos, se les dará una serie de problemas prácticos que deben resolverse en la computadora y para los cuales los alumnos pueden hacer uso de toda la bibliografía disponible, apuntes, etc.

Para los alumnos libres, la evaluación cuenta con una pregunta teórica adicional, de mayor grado de desarrollo e interpretación, así como un problema práctico extra.

Condiciones de Regularidad :

Los alumnos deberán aprobar ambos parciales con un mínimo de 60% (promedio entre la parte teórica y la práctica) para lograr la regularización de la materia. La nota final de la asignatura será un promedio de ambos exámenes, considerando además la presentación del Trabajo Final Integrador. Cada parcial contará con un recuperatorio para aquellos que no logren el 60%.

La promoción de la materia se logrará si la nota promedio final supera el 80%, los alumnos que la logren no realizarán examen final. Los alumnos que regularicen pero no promocionen la materia deberán aprobar un examen final.

Cronograma de parciales durante el primer Cuatrimestre:

Cronograma de parciales durante el segundo Cuatrimestre:

Primer Examen Parcial: 13 de Septiembre de 2024

Segundo Examen Parcial: 08 de Noviembre de 2024

Recuperatorio 01: 15 de Noviembre de 2024

Recuperatorio 02: 22 de Noviembre de 2024

Bibliografía Principal:

Básica:

- BAXEVANIS, A. D. Y OUELLETTE, B. F. F. 2001. Bioinformatics – A practical guide to the analysis of genes and proteins. Wiley-Interscience (Second Edition)
- BEDELL, J.; KORF, I.; YANDELL, M. 2003. BLAST. O Reilly & Associates.
- DURBIN, R., S. R. EDDY, A. KROGH Y G. MITCHISON. 1999. Biological Sequence Analysis: Probabilistic Models of Proteins and Nucleic Acids. Cambridge University Press.
- GIBAS, C. Y P. JAMBECK. 2001. Developing Bioinformatics Computer Skills. O Reilly & Associates.
- MOUNT, D. W. 2004. Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis. Cold Spring Harbor Laboratory. (Second edition)
- TISDALL, J. 2001. Beginning Perl for Bioinformatics. O Reilly & Associates.

Bibliografía Complementaria:

Se le brinda a los alumnos una carpeta compartida con trabajos científicos/manuales de los programas y metodologías utilizadas durante el dictado; así como también con artículos científicos y notas actuales sobre técnicas y avances actuales en el área.

Equipo de Cátedra:

Dra. Ileana Tossolini. En ejercicio como Prof. Adjunta Simple carácter interino, con cargo JTP simple carácter interino en licencia sin goce de sueldo por cargo de mayor jerarquía.

Lic. Atilio Rausch. En ejercicio como JTP simple carácter suplente.

Actividades de Investigación Gestión y Extensión:

-Investigación.

Ileana Tossolini es co-directora del PID UNER titulado "Prácticas educativas mediatizadas en la Universidad Nacional de Entre Ríos: inclusión de tecnologías digitales e innovación pedagógica en la post-pandemia".

Ambos docentes realizan además tareas de investigación en sus campos disciplinares fuera de la FI-UNER.

Ileana Tossolini es investigadora Asistente en el IAL-CONICET (Santa Fe) y Atilio Rausch es becario doctoral en la misma institución.

De las líneas de investigación de cada docente pueden surgir oportunidades para la realización de tesinas para la Lic. en Bioinformática. Un ejemplo es la actual dirección de tesina de la alumna Rocío Tolley por parte de Ileana Tossolini.

Por otro lado, Ileana Tossolini es directora de la tesis de Walter Elias para la Maestría en Enseñanza de la Ingeniería (MEI) de la Facultad.

-Gestión

Ileana Tossolini es Miembro de la Comisión Directiva del Departamento Biología, suplente en la comisión evaluadora de adscripciones de dicho departamento y Tutora de la MEI.

Requisitos de admisión para alumnos oyentes:

De acuerdo al reglamento académico.

Infraestructura, equipamiento y recursos necesarios:

Laboratorio de Computación II, con sistema operativo GNU/Linux y conexión a internet.

Será necesario contar con permisos para la instalación de software.

Otros: