



QUILMES, 28 de octubre de 2015

VISTO el Expediente N° 827-1700/15 y las Resoluciones (CS) N° 189/12, (CS) N° 311/15 y (CD CyT) N° 187/15, y

CONSIDERANDO:

Que el artículo 29° de la Ley de Educación Superior señala que las instituciones universitarias tienen autonomía académica e institucional para establecer el régimen de admisión.

Que el Estatuto de la Universidad en su Art. 30° prescribe tal responsabilidad al Consejo Superior.

Que en los últimos años se han adoptado diversas medidas orientadas a dar apoyo y a generar las condiciones institucionales y pedagógicas necesarias para garantizar el ingreso a y la permanencia en la UNQ a la mayor cantidad de estudiantes, manteniendo y mejorando la calidad de los procesos de enseñanza.

Que las condiciones de acceso e ingreso formuladas hasta ahora forman parte de la política institucional desarrollada en la Universidad, como un proceso tendiente a nivelar los saberes y competencias de los estudiantes para proporcionar al conjunto de ellos el medio para acceder a la educación superior.

Que los contenidos curriculares y la formación académica que se proporcionó a los aspirantes a lo largo del curso de ingreso fueron relevantes para avanzar en sus trayectorias curriculares y llevar adelante el cursado de sus carreras.

Que el ingreso a la educación requiere un Ciclo Introductorio que promueva el aprendizaje de conocimientos disciplinares, prácticas de estudio y modos de convivencia, que dialoguen con las trayectorias formativas previas de los estudiantes y son necesarios para la construcción de recorridos académicos sostenidos.

Que por Resolución (CS) N° 311/15 se aprobó el documento sobre Políticas de acceso e ingreso a la Universidad Nacional de Quilmes, creando un Ciclo Introductorio y encomendando al Departamento de Ciencia y Tecnología la modificación del Plan de Estudios de la Carrera Licenciatura en Bioinformática.





Universidad
Nacional
de Quilmes

Que por Resolución (CS) N° 189/12, se aprobó el Plan de Estudios de la Carrera Licenciatura en Bioinformática.

Que por Resolución (CD CyT) N° 187/15 se aprobaron las modificaciones al Plan de Estudios de la Carrera Licenciatura en Bioinformática.

Que la Comisión de Asuntos Académicos, Evaluación de Antecedentes y Posgrado ha emitido despacho con criterio favorable.

Que la presente se dicta en ejercicio de las atribuciones que el Estatuto Universitario le confiere al Consejo Superior.

Por ello,

EL CONSEJO SUPERIOR DE LA UNIVERSIDAD NACIONAL DE QUILMES

RESUELVE:

ARTICULO 1°: Aprobar las modificaciones al Plan de Estudios de la Licenciatura en Bioinformática, modalidad presencial, según se detalla en el Anexo que forma parte de la presente Resolución.

ARTICULO 2°: Regístrese, practíquense las comunicaciones de estilo y archívese.



RESOLUCION (CS) N°: 466/15

Mg. Alfredo Alfonso
Secretario General
Universidad Nacional de Quilmes


Mario E. Lozano
Rector
Universidad Nacional de Quilmes



ANEXO

**PLAN DE ESTUDIOS DE LA
LICENCIATURA EN BIOINFORMATICA**

1- Marco de referencia

La Biología Molecular, la Ingeniería Genética, la Bioquímica en todas sus expresiones, la Biofísica y muchas otras áreas del conocimiento "Biológico" en general han incrementado significativamente en las últimas décadas la obtención de grandes volúmenes de datos, especialmente mediante el desarrollo de metodologías de trabajo en paralelo en todas las áreas, la miniaturización y la disminución de costos. Estos avances hacen factible, por ejemplo, la obtención de secuencias genómicas completas.

En el año 2006 se produce una inflexión en la tecnología, con el advenimiento de los secuenciadores paralelos basados en las técnicas de pirosecuenciación o de *bridge amplification*. El genoma humano de ~3.000.000.000 de pares de bases fue secuenciado con un costo cercano a los U\$S 10.000.000.000 y se demoró unos tres años, sin considerar el tiempo que transcurrió desde el primer mapa físico de baja resolución (unos 15 años); además, de todo este proceso participaron más de 30 laboratorios. Hoy un solo equipo, operado por una sola persona, puede obtener 100.000.000 de pares de bases en cuatro horas a un costo de U\$S 10.000. Esto significa la obtención de 1.000.000.000 de pares de bases en dos días. Por lo tanto, actualmente, dos personas, trabajando a contraturno podrían secuenciar el genoma de un ser humano en aproximadamente una semana y con un costo inferior a U\$S 300.000. Esta disminución, mayor de 30.000 veces en el costo y mayor de 200 veces en el tiempo, ha sido posible por los enfoques multidisciplinarios que se emplearon en el desarrollo de las nuevas tecnologías. En función de esto, no es imposible pensar que en poco más de dos años la tecnología avanzará lo suficiente como para abaratar aún más los costos e incrementar la velocidad. En efecto, ya hay una decisión estratégica de obtener la secuencia de un genoma humano por tan solo U\$S 1.000.



Una paradoja derivada de lo anterior es que hoy disponemos de más de 5 millones de secuencias aminoacídicas, más de 200 genomas eucariotas y procariotas completamente secuenciados, más de 6000 especies diferentes con

secuencias genómicas completas o parciales, más de 80000 estructuras tridimensionales de proteínas, etc. El gran desafío es encontrar la manera de transformar todos estos datos en información. Por otra parte, también existen más de 20 millones de artículos científicos, de los cuales también deberíamos poder recuperar información.

Por tanto, hoy en día podemos considerar a la biología como una ciencia de la información. La información contenida en los genomas de los organismos debe ser codificada y decodificada para su uso siguiendo los mismos principios establecidos por la teoría de la información.

La Bioinformática es una disciplina científica emergente, necesariamente multidisciplinaria, que puede ser caracterizada como una conjunción entre Biología, Bioquímica, Biofísica, Biotecnología, Matemáticas, Estadística, Informática, Tecnologías de la Información, etc. La Bioinformática no sólo se involucra en la solución de problemas complejos usando herramientas computacionales. También incluye el diseño y mantenimiento de bases de datos a partir de la colección, organización y almacenamiento estructurado de la información biológica. Un problema no menor es que también debe contarse con una serie de procedimientos que permitan la recuperación adecuada de la información biológica que se encuentra almacenada en las bases de datos.

Actualmente la Bioinformática es considerada una de las disciplinas emergentes con mayor índice de expansión y crecimiento, y no existe proceso biotecnológico que no involucre etapas previas y/o posteriores de análisis bioinformático.

2- Presentación de la carrera

La carrera de Bioinformática de la Universidad Nacional de Quilmes tiene como objetivo la formación de profesionales dedicados a la investigación, el desarrollo y/o la aplicación de herramientas informáticas a la solución de problemas biológicos (en sentido amplio), médicos o biotecnológicos. El conjunto de problemas biológicos a solucionar incluye aquellos que impliquen la adquisición, almacenaje, recuperación, organización, análisis y visualización de datos. Todos estos aspectos, que parecen eminentemente técnicos, están íntimamente ligados a la transformación



de los datos en información y conocimiento útil y necesario para el bienestar de la sociedad en su conjunto.

La Bioinformática, como una interdisciplina, se soporta sobre el acceso a una formación básica general de todas las ciencias, incluyendo algunos cursos de formación general. Además de los conocimientos de química, biología, matemática y física necesarios para abordar un adecuado desempeño profesional, en la carrera se refuerza la formación en matemática, biología e informática (general y orientada) de manera tal que el Licenciado en Bioinformática obtenga los conocimientos y herramientas necesarias para enfrentar los desafíos profesionales específicos de su área de trabajo; y teniendo como premisa que el objetivo último es "de los datos a la información o de los datos al conocimiento".

Para sostener la actualización, se mantienen constantes contactos, intercambio de información y trabajos conjuntos con diferentes centros de investigación del país y del exterior.

La carrera de Bioinformática de la UNQ pone especial énfasis en relacionar los estudios con el mundo de la academia y de la producción en todos los campos donde sus aportes puedan ser significativos. Al mismo tiempo se informa y se forma al futuro profesional sobre su rol en la sociedad y las responsabilidades conexas, pues nos proponemos formar recursos humanos de alta calidad con capacidad para emprender trabajos que sirvan para:

- ◆ incrementar la transformación de datos en conocimiento molecular
- ◆ aportar conocimiento para el mantenimiento de la sanidad humana, animal y vegetal
- ◆ aportar conocimiento para la protección del ambiente
- ◆ educar para el uso responsable de la bioinformática en sistemas de diagnóstico personalizado, etc.

Bioinformática también significa Desarrollo, tanto para el sector privado como para la sociedad en general.





3- Condiciones de ingreso

Las establecidas por la Ley n° 24251 de Educación Superior, o las leyes que eventualmente la remplacen, y las reglamentaciones vigentes de la Universidad Nacional de Quilmes.

4- Título de Pregrado

Técnico Universitario en Bioinformática

5- Alcances del título de Técnico Universitario en Bioinformática

- Participar en la creación de bienes y servicios en el área de la bioinformática para la industria de la salud humana, animal y vegetal, las empresas biotecnológicas y el sector ambiental.
- Participar en la obtención de información mediante el análisis bioinformático de secuencias nucleotídicas y aminoacídicas, en forma individual o en colecciones.
- Participar en la realización de estudios bioinformáticos de variabilidad genética y el análisis de patrones de expresión.
- Participar en la obtención y selección de firmas genómicas vinculadas con diagnósticos y pronósticos.
- Participar en trabajos de recuperación de información mediante técnicas de minería de datos.
- Participar en procesos de integración de datos derivados de la investigación experimental y bioinformática.
- Participar en los procesos de predicción bioinformática y análisis de estructuras macromoleculares.
- Participar en todo proceso de análisis o inferencia que involucre la bioinformática.



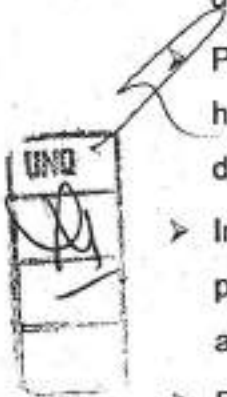
6- Título de Grado



Licenciado en Bioinformática

7- Alcances del título de Licenciado en Bioinformática

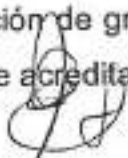
- Formular, asesorar y diseñar, con una sólida base teórica y metodológica, proyectos, estudios o diagnósticos relacionados con la Bioinformática, la Genómica Funcional y la Biología de Sistemas.
- Participar como especialista o liderar equipos profesionales multidisciplinarios de envergadura mediana o grande en proyectos de análisis bioinformáticos de datos biológicos.
- Realizar y evaluar trabajos de investigación en el campo del análisis de datos biológicos desde la óptica de la Bioinformática, la Genómica Funcional y la Biología de Sistemas.
- Participar en el desarrollo, puesta en marcha, gestión y actualización de bases de datos o repositorios bioinformáticos, respondiendo a las demandas crecientes del manejo y análisis de grandes volúmenes de datos biológicos con una perspectiva multidisciplinaria e innovadora.
- Participar en la generación de los algoritmos necesarios para la obtención de herramientas bioinformáticas que permitan resolver un problema biológico dado.
- Interpretar y aplicar los marcos éticos y legales vigentes relacionados con proyectos bioinformáticos, teniendo en cuenta el entorno sociocultural, ambiental y productivo.
- Realizar asesoramiento y peritaje bioinformático en la biología y genética molecular, la biología celular y la microbiología.



8- Modalidad, duración y estructura de la carrera

La Licenciatura en Bioinformática se desarrollará en modalidad presencial y tendrá una duración total estimada de 5 años.

La formación de grado en Bioinformática incluye un ciclo introductorio, y un ciclo inicial, que se acredita como Diploma en Ciencias Básicas, un ciclo intermedio,



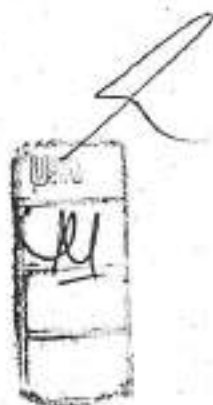


que se acredita como Tecnicatura Universitaria en Bioinformática y un ciclo superior, que conduce a la Licenciatura en Bioinformática.

El plan de estudios ha sido elaborado sobre la base de períodos medidos en cuatrimestres y organizado en seis ejes formativos que aseguran la idoneidad del futuro profesional, tanto a nivel del título intermedio de Técnico Universitario en Bioinformática como del título final de Licenciado en Bioinformática. Cada eje tiene una carga horaria total mínima que puede incrementarse en función de los cursos electivos tomados en los últimos cuatrimestres.

La siguiente tabla muestra los seis ejes y las cargas horarias totales mínimas de cada uno:

Eje formativo	Horas totales mínimas
Formación Matemática	590
Formación Fisicoquímica	300
Formación Biológica	930
Formación General	350
Formación Bioinformática	480
Formación Informática	500



Por otra parte, el conjunto de las distintas asignaturas está organizado en dos tipos de núcleos de cursos: el Núcleo Básico y el Núcleo de Orientación.

El Núcleo Básico está compuesto por asignaturas que hacen a la formación Básica en los seis ejes formativos ya mencionados, aseguran una fuerte formación en matemática, estadística, biología molecular en informática/bioinformática, y son de carácter obligatorio para el título de pregrado de Técnico Universitario en Bioinformática y para el título de grado de Licenciado en Bioinformática.

El Núcleo de Orientación está compuesto por las asignaturas y cursos que hacen al perfil de la formación del Técnico Universitario en Bioinformática y del

Licenciado en Bioinformática, son de carácter electivo. En este núcleo se podrán acreditar cursos o asignaturas oficiales impartidos en otras instituciones Universitarias, previa aprobación por parte del director de la carrera y de las autoridades competentes de la Universidad.

La siguiente tabla esquematiza el diseño de la carrera:

		Horas	Créditos	Total	
				Horas	Créditos
Ciclo Introdutorio		270	30	270	30
Diplomatura en Ciencias Básicas	Núcleo Básico	1710	190	1710	190
Tecnicatura Universitaria en Bioinformática	Núcleo Básico	1134	126	1332	148
	Núcleo de Orientación	198	22		
Licenciatura en Bioinformática	Núcleo Básico	270	30	918	102
	Núcleo de Orientación	648	72		
TOTAL Técnico Universitario en Bioinformática				3312	368
TOTAL Licenciado en Bioinformática				4230	470





8.a- Ciclo Introductorio

La carrera se inicia con un ciclo introductorio que demanda un total de 270 horas, equivalentes a 30 créditos y tiene una duración de un cuatrimestre.

Nº	Cursos	Horas semanales	Régimen de cursado	Créditos	Carga Horaria Total
Primer cuatrimestre					
1	Lectura y escritura académica	5	Cuatrimestral	10	90
2	Matemática	5	Cuatrimestral	10	90
3	Elementos de programación y lógica	5	Cuatrimestral	10	90
	TOTAL			30	270

- Para poder inscribirse en los cursos del Diploma en Ciencias Básicas los alumnos deberán tener aprobados al menos 20 créditos de los cursos del Ciclo Introductorio.

- Los alumnos que al iniciar los cursos del Diploma en Ciencias Básicas adeuden créditos correspondientes al ciclo introductorio deberán completarlos durante los dos cuatrimestres subsiguientes para poder continuar con su recorrido curricular dentro del ciclo inicial de Diplomatura. En caso contrario, a partir del tercer cuatrimestre no podrán continuar con su recorrido curricular dentro del ciclo inicial hasta tanto no completen los créditos adeudados del Ciclo Introductorio.

8.b- Diplomatura en Ciencias Básicas

La Diplomatura en Ciencias Básicas está orientada a ofrecer una formación de alta calidad académica con sólidos conocimientos de las Ciencias Básicas, que le permita al alumno relacionarse con los distintos dominios de estas, en función de las



Universidad
Nacional
de Quilmes

necesidades para insertarse en los siguientes ciclos de formación. La Diplomatura en Ciencias Básicas tiene una carga horaria de 1710 horas equivalentes a 190 créditos. Al finalizar los estudios correspondientes a este ciclo, los alumnos obtendrán un certificado de Diplomado en Ciencias Básicas.

Para obtener el certificado de Diplomado en Ciencias Básicas, se deberán reunir **190 créditos académicos** lo cual asegura **1710 horas** en una duración estimada de 2 años.

Para acceder al título de Diplomado en Ciencias Básicas, el estudiante deberá haber aprobado las asignaturas del núcleo básico reuniendo la cantidad de horas indicadas más arriba.

A continuación se listan las asignaturas de la Diplomatura en Ciencias Básicas y la organización cuatrimestral.





Nº	Núcleo	Asignaturas	Créditos	Dedición	Carga horaria semanal	Carga horaria total	Prerrequisito
Segundo cuatrimestre							
4	Básico	Análisis Matemático I	12	cuatr.	6	108	-
5	Básico	Algebra y Geometría Analítica	12	cuatr.	6	108	-
6	Básico	Biología General	12	cuatr.	6	108	-
7	Básico	Química I	10	cuatr.	5	90	-
		TOTALES	46		23	414	
Tercer cuatrimestre							
8	Básico	Análisis Matemático II	12	cuatr.	6	108	4 y 5
9	Básico	Química Orgánica I	12	cuatr.	6	108	7
10	Básico	Introducción a la programación	16	cuatr.	8	144	-
11	Lenguas Extranjeras	Inglés	6	cuatr.	3	54	-
		TOTALES	46		23	414	
Cuarto cuatrimestre							
12	Básico	Cálculo Avanzado	8	cuatr.	4	72	8
13	Básico	Estructura de Datos	16	cuatr.	8	144	10
14	Básico	Bioquímica I	12	cuatr.	6	108	6 y 9
15	Básico	Probabilidad y Estadística	12	cuatr.	6	108	4 y 5
16	Básico	Taller de Trabajo Intelectual	4	cuatr.	2	36	-
		TOTALES	52		26	468	
Quinto cuatrimestre							
17	Básico	Elementos de Física	10	cuatr.	5	90	4
18	Básico	Algoritmos	12	cuatr.	6	108	13
19	Básico	Taller de Trabajo Universitario	4	cuatr.	2	36	-
20	Básico	Estadística Avanzada	10	cuatr.	5	90	15
21	Básico	Ética y Legislación	10	cuatr.	5	90	-
		TOTALES	46		23	414	
TOTAL DIPLOMATURA			190			1710	





8.c- Tecnicatura Universitaria en Bioinformática

La Tecnicatura Universitaria en Bioinformática es un título de pregrado que otorga incumbencias laborales, posibilitando la participación idónea del Técnico en todo proceso que involucre el análisis y manipulación de datos biológicos con la finalidad de obtener bienes y servicios útiles para la sociedad y la industria.

Para obtener el título de Técnico Universitario en Bioinformática se deberán reunir **148 créditos académicos adicionales (1332 hs)** a los realizados en el ciclo introductorio y en el ciclo inicial, con una duración estimada de 1,5 años. Los créditos serán distribuidos de la siguiente manera:

- 126 créditos del Núcleo Básico
- Un mínimo de 22 créditos del Núcleo de Orientación

Para acceder al título de Técnico Universitario en Bioinformática, el estudiante deberá haber aprobado las asignaturas del núcleo básico y de orientación, reuniendo la cantidad de horas indicadas más arriba.

A continuación se listan las asignaturas que permiten avanzar hacia la Tecnicatura Universitaria en Bioinformática y la organización cuatrimestral.

Nº	Núcleo	Asignaturas	Créditos	Dedica- ción	Carga horaria semanal	Carga horaria total	Prerre- quisito
Sexto cuatrimestre							
22	Básico	Bioquímica II	16	cuatr.	8	144	14
23	Básico	Biología Molecular y Celular	16	cuatr.	8	144	6 y 14
24	Básico	Biofísica	10	cuatr.	5	90	14 y 17
25	Básico	Fundamentos de Inmunología	10	cuatr.	5	90	6 y 14
TOTALES			52		26	468	
Séptimo cuatrimestre							
26	Básico	Ingeniería Genética I	16	cuatr.	8	144	23
27	Básico	Bioinformática	12	cuatr.	6	108	23
28	Básico	Fisiología y Genética de Bacterias	12	cuatr.	6	108	14 y 23
29	Básico	Bases de Datos	12	cuatr.	6	108	13
TOTALES			52		26	468	





		Octavo cuatrimestre					
30	Básico	Algoritmos en Bioinformática	12	cuatr.	6	108	18 y 27
31	Básico	Bioinformática II	10	cuatr.	5	90	27
	Orientación	1 curso electivo A	10	cuatr.	5	90	-
	Orientación	1 curso electivo B	12	cuatr.	6	108	-
TOTALES			44		22	396	
TOTAL TECNICATURA			148			1332	

Los cursos del Núcleo de Orientación que se pueden elegir son:

Núcleo	Asignaturas	Créditos	Dedicación	Carga horaria semanal	Carga horaria total
Cursos electivos A					
Orientación	Genómica Funcional	10	cuatrimestral	5	90
Orientación	Biología de Sistemas	10	cuatrimestral	5	90
Orientación	Bases de Datos de Macromoléculas	10	cuatrimestral	5	90
Orientación	Seminario III (contenido variable)	10	cuatrimestral	5	90
Cursos electivos B					
Orientación	Procesamiento Digital de Imágenes	12	cuatrimestral	6	108
Orientación	Modelización de Sistemas Biológicos	12	cuatrimestral	6	108
Orientación	Sistemas operativos	12	cuatrimestral	6	108
Orientación	Programación concurrente	12	cuatrimestral	6	108

8.d- Ciclo superior de la Licenciatura en Bioinformática

Se denomina ciclo superior de la Licenciatura en Bioinformática al último ciclo de la carrera, donde se completa la formación en bioinformática con el objetivo primario de que el graduado pueda ejercer un rol protagónico en esta área laboral.

Para obtener el título de Licenciado en Bioinformática se deberán reunir **102 créditos académicos adicionales (918 hs)** a los ya realizados en los ciclos anteriores, con una duración estimada de 1 año. Los créditos serán distribuidos de la siguiente manera:



- 30 créditos del Núcleo Básico
- 72 créditos del Núcleo de Orientación

A continuación se listan las asignaturas del ciclo superior de la Licenciatura en Bioinformática y la organización cuatrimestral.

Nº	Núcleo	Asignaturas	Créditos	Dedica- ción	Carga horaria semanal	Carga horaria total	Prerre- quisito
Noveno cuatrimestre							
32	Básico	Formulación y Evaluación de Bioproyectos	10	cuatr.	5	90	-
33	Básico	Bioinformática III	10	cuatr.	5	90	31
34	Básico	Bioinformática IV	10	cuatr.	5	90	31
	Orientación	1 curso electivo A	10	cuatr.	5	90	-
	Orientación	1 curso electivo B	12	cuatr.	6	108	-
		TOTALES	52		26	468	
Décimo cuatrimestre							
	Orientación	1 curso electivo A	10	cuatr.	5	90	-
	Orientación	1 curso electivo B	12	cuatr.	6	108	-
	Orientación	1 curso electivo B	12	cuatr.	6	108	-
	Orientación	1 curso electivo C	8	cuatr.	4	72	-
	Orientación	1 curso electivo C	8	cuatr.	4	72	-
		TOTALES	50		25	450	
		TOTAL LICENCIATURA	102			918	

Los cursos del Núcleo de Orientación que se pueden elegir son:

Núcleo	Asignaturas	Créditos	Dedicación	Carga horaria semanal	Carga horaria total
Cursos electivos A					
Orientación	Genómica Funcional	10	cuatrimestral	5	90
Orientación	Biología de Sistemas	10	cuatrimestral	5	90





Orientación	Seminario III (contenido variable)	10	cuatrimestral	5	90
Orientación	Bases de Datos de Macromoléculas	10	cuatrimestral	5	90
Cursos electivos B					
Orientación	Seminario I: Procesamiento Digital de Imágenes	12	cuatrimestral	6	108
Orientación	Seminario II: Modelización de Sistemas Biológicos	12	cuatrimestral	6	108
Orientación	Sistemas operativos	12	cuatrimestral	6	108
Orientación	Pogramación concurrente	12	cuatrimestral	6	108
Cursos electivos C					
Orientación	Seminario I: Actualizaciones en Biología Molecular	8	cuatrimestral	4	72
Orientación	Seminario II (contenido variable)	8	cuatrimestral	4	72
Orientación	Características de Lenguajes de Programación	8	cuatrimestral	4	72
Orientación	Seminario IV (contenido variable)	8	cuatrimestral	4	72

Se podrán compensar 20 créditos (reemplazando a 1 curso electivo B + 1 curso electivo C) mediante la realización de un Seminario de Investigación, de acuerdo a la legislación vigente.

9- Obtención del título de grado

Para acceder al Título de Licenciado en Bioinformática, el estudiante deberá obtener **30 créditos (270 hs)** del Ciclo Introductorio, **190 créditos (1710 hs)** de la Diplomatura en Ciencias Básicas, más **148 créditos (1332 hs)** de la Tecnicatura Universitaria en Bioinformática, más **102 créditos (918 hs)** del ciclo superior de la Licenciatura en Bioinformática, lo cual asegura, **470 créditos** y un total de **4230 horas** en una duración estimada de 5 años, en asignaturas aprobadas según el



siguiente esquema:

Aprobar el Ciclo Introdutorio según lo establecido en el apartado 8.a

Aprobar el Diploma en Ciencias Básicas según lo establecido en el apartado 8.b

Todas las asignaturas del Núcleo Básico de la Tecnicatura Universitaria en Bioinformática y del ciclo superior de la Licenciatura en Bioinformática que corresponden a un total acumulado de 156 créditos.

Las asignaturas elegidas del Núcleo de Orientación de la Tecnicatura Universitaria en Bioinformática y del ciclo superior de la Licenciatura en Bioinformática que corresponden a un total acumulado de 94 créditos.

Se podrá acceder a un título de *Licenciado con mención*, acreditando un trabajo de seminario de investigación según el reglamento vigente.





Contenidos Mínimos

Curso: Lectura y escritura académica

Definición de enciclopedia. Reformulación (léxica y sintáctica). Consistencia en referencia, género, número y tiempos verbales. Nominalización. Notas periodísticas sobre temas disciplinares. Puntuación y subordinación. Unidades escritas: sección, párrafo, oración. Planteo de objetivos, preguntas, hipótesis y estructura. Organizadores del discurso. Pautas de lectura anotada. Mitigación y refuerzo. Argumentación y negociación oral. Consignas de parcial. Planificación, monitoreo y reescritura. Búsqueda, contraste y evaluación de fuentes. Incorporación y reformulación de citas. Verbos de cita. Organización de un informe. Informe de lectura. Presentación oral de informe.

Curso: Matemática

Números reales. Expresiones algebraicas: polinomios y expresiones algebraicas racionales. Ecuaciones e inecuaciones. Plano cartesiano bidimensional. Rectas: paralelismo y perpendicularidad. Circunferencia. Funciones. Transformaciones de funciones. Función lineal, proporcionalidad directa. Función cuadrática. Elementos de trigonometría. Función seno y coseno, identidades fundamentales, razones trigonométricas, resolución de triángulos rectángulos y oblicuángulos.

Curso: Elementos de programación y lógica

Representación de información. Utilización de lenguajes no naturales. Introducción a la lógica proposicional y de primer orden. Formalización de enunciados, y de situaciones que involucran varios enunciados, como forma de representar información usando lógica. Lenguaje de marcado: concepto, aplicaciones. Representación de información en lenguajes de marcado (posibles ejemplos: XML, JSON, LaTeX, OpenDocument, etc). Lenguajes de marcado para el desarrollo de páginas web: elementos básicos de HTML. Separación entre representación de información y de formato. Modelos de licenciamiento de software, impacto de los mismos en las dimensiones social, cultural y educativa. Software propietario vs software libre: ejemplos, comunidades, recursos.

Curso: Taller de Trabajo Intelectual

Sistematización de la información científico-técnica, económica y cultural. Bancos de datos. Acceso y métodos de búsqueda. Métodos de indexación y archivo de la información de interés. Técnicas de trabajo intelectual. Técnicas de comunicación oral y escrita (estilo y redacción de revisiones e informes, edición, audiovisuales).

Curso: Taller de Trabajo Universitario

Sistemas de cogobierno universitario. Ley de Educación Superior. Estatuto. Organigrama de la Universidad. Centros de Estudiantes. Reglamentaciones. Problemáticas Universitarias. Sistemas de Becas y Pasantías





Curso: Etica y legislación

Etica en la investigación y el desarrollo. Etica en la elaboración técnico-científica de proyectos que involucran seres vivos. Etica en procesos y desarrollos industriales. Genética y ética. Responsabilidad profesional y ética. Legislación en biotecnología y propiedad intelectual o industrial. Legislación en patentamiento internacional. Normativa regulatoria.

Curso: Formulación y evaluación de bioproyectos

Generación de ideas y desarrollo de proyectos científicos. Organismos nacionales, provinciales y privados que proveen financiamiento para la ciencia. Carrera científica. Herramientas de financiación en la ciencia. Armado y presentación para su evaluación de proyectos científicos. Evaluación crítica de proyectos científicos. Transferencia, de la idea al producto. Desarrollo de un microemprendimiento. Líneas de financiación. Patentamiento. ¿Qué es patentable?. Preclínica. Fases de evaluación clínica: Entes regulatorios nacionales e internacionales. Registro de producto. Comercialización.

Curso: Análisis Matemático I

Funciones. Límite. Continuidad. Derivada. Aplicaciones del teorema del valor medio. Integral definida. Métodos de integración. Regla de L'Hôpital. Polinomio de Taylor para funciones de una variable. Técnicas de derivación e integración numérica.

Curso: Análisis Matemático II

Derivada parcial. Derivada direccional. Gradiente. Derivada de funciones compuestas. Funciones implícitas. Extremos libres y condicionados. Multiplicadores de Lagrange. Teorema de Taylor. Ecuaciones diferenciales de primer orden. Ecuaciones diferenciales lineales de segundo orden. Integrales dobles.

Curso: Algebra y Geometría Analítica

Polinomios. Números complejos. Raíces de ecuaciones. Binomio de Newton. Ecuaciones lineales. Matrices y determinantes. Vectores. Rectas. Planos. Cónicas y cuádricas. Transformaciones de coordenadas

Curso: Cálculo Avanzado

Algebra lineal. Aplicaciones de las Series de Fourier. Aplicaciones de las sucesiones, series numéricas y de funciones. Transformadas de Fourier y Laplace. Aplicación a la resolución de ecuaciones diferenciales ordinarias y parciales. Aplicación al cálculo estadístico. Métodos numéricos.

Curso: Probabilidad y Estadística

Estadística descriptiva. Modelos determinísticos y estocásticos. Distribución de probabilidades sobre un espacio muestral. Variables aleatorias discretas y continuas. Distintos tipos de distribuciones. Inferencia estadística. Intervalos de confianza. Varianza. Regresión lineal. Coeficientes de correlación. Ensayos de hipótesis. Números aleatorios. Método de Monte Carlo.





Curso: Estadística Avanzada

Teoría de las probabilidades: una o varias variables aleatorias. Funciones de distribución. Generación de números aleatorios. Probabilidades condicionales. Teorema de Bayes. Razonamiento bayesiano. Los axiomas de Cox Jaynes. Probabilidades *a priori* y *a posteriori*. Introducción a la inferencia estadística. Procesos estocásticos, cadenas de Markov. Caminos aleatorios. Modelos ocultos de Markov.

Curso: Elementos de Física

Mecánica elemental: Cinemática del punto en una y dos dimensiones. Movimiento circular. Leyes de Newton, principales interacciones. Integración de las leyes de Newton. Movimiento oscilatorio. Trabajo y energía. Conservación de la energía, del momento lineal y del momento angular. Electricidad y Magnetismo: Carga eléctrica. Campo eléctrico. Distribuciones de carga. Ley de Coulomb y Ley de Gauss. Potencial eléctrico. Energía electrostática y capacidad. Corriente eléctrica y circuitos de corriente continua. Campo magnético. Fuentes del campo magnético. Inducción magnética. Ley de Ampere, Ecuaciones de Maxwell y ondas electromagnéticas. Ondas y óptica: Conceptos generales de ondas, frecuencia y longitud. Superposición. Tipos de ondas. La luz como onda electromagnética. Propagación de la luz: reflexión y refracción. Superposición de ondas coherentes: Interferencia y difracción.

Curso: Química I

Teoría atómica y molecular de la materia. Propiedades periódicas generales de los elementos. Metales y no metales. Uniones químicas. Estados de agregación de la materia. Leyes de los gases. Soluciones. Estequiometría y nociones de equilibrio químico. Cinética básica.

Curso: Química orgánica I

Estructura de los compuestos orgánicos. Nomenclatura. Hidrocarburos saturados e insaturados, acíclicos y cíclicos. Grupos funcionales. Propiedades químicas y físicas. Mecanismos de reacción. Estereoquímica. Isomería. Aspectos estructurales de compuestos polifuncionales y heterocíclicos. Obtención y caracterización de compuestos orgánicos.

Curso: Biología general

La ciencia de la biología. Características de los organismos vivos. Composición química de los sistemas biológicos. Teoría celular. Diferencias entre célula procarionte y eucarionte. Organelas celulares: estructura y función. Metabolismo celular. El DNA como portador de la información genética. El RNA y la expresión de la información genética. Cromosomas, genes. Mitosis y meiosis. Las bases de la herencia: leyes de Mendel. Taxonomía, sistema binomial de nomenclatura. Niveles taxonómicos: Reinos, Dominios. Criterios taxonómicos. Evolución. Ideas respecto de la evolución antes de Darwin. Darwin-Wallace. La teoría sintética de la evolución: genética de poblaciones. Evidencias moleculares de la evolución. Microevolución, macroevolución, especiación. Ecología. Poblaciones. Comunidades. Niveles tróficos.





Cadenas y redes tróficas. Relaciones interespecíficas. Sucesión. Ecosistemas: flujo de energía en los ecosistemas. Ciclos biogeoquímicos. Caracterización de los biomas.

Curso: Bioquímica I

Biomoléculas: Estructura, propiedades fisicoquímicas y funciones biológicas. Relación entre estructura y función biológica: aminoácidos, péptidos y proteínas; nucleótidos y ácidos nucleicos; hidratos de carbono y polisacáridos; lípidos y membranas. Enzimas, cinética enzimática, factores que modulan la actividad enzimática. Métodos de purificación y caracterización de biomoléculas.

Curso: Bioquímica II

Metabolismo de glúcidos, lípidos, aminoácidos y nucleótidos. Regulación e interrelación de vías metabólicas. Efectos hormonales sobre el metabolismo. Receptores y hormonas. Fosforilación y segundos mensajeros. Enzimología avanzada.

Curso: Biofísica

Tópicos en Biofísica. Fuerzas intermoleculares. Interacciones electrostáticas e hidrofóbicas. Modelos teóricos de estructura en biopolímeros. Modelos de plegamiento de proteínas. Técnicas de determinación de proteínas. Difracción de Rayos X. Dicroísmo circular.

Curso: Introducción a la programación

¿Qué es un programa?. Las herramientas del programador: entornos de ejecución y de desarrollo. Principios de la programación imperativa: acciones y comandos, valores y expresiones, tipos, estado. Terminación y parcialidad. Precondiciones como metodología para desarrollo de software robusto. Principios de la programación estructurada: funciones y procedimientos. Necesidad de darle una estructura a un programa no trivial. Resolución de pequeños problemas mediante programas. Estructuras de datos básicas: listas y registros.

Curso: Estructura de datos

Recursión sobre listas y árboles. Programas recursivos. Tipos algebraicos: maybe, either, enumerativos, listas, árboles binarios, árboles generales. Estructuras contenedoras: pilas, colas, diccionarios, heaps, árboles balanceados, contenedores basados en representaciones numéricas. Nociones de representación e invariante de representación y su utilidad en el diseño e implementación de estructuras de datos. Uso imperativo de estructuras de datos. Iteración en listas y árboles. Modelo de memoria imperativo: stack/heap, alocaión de memoria. Punteros. Variables por referencia. Listas encadenadas y sus variantes. Árboles implementados con punteros. Binary heaps implementadas con arrays. Hashing. Análisis de eficiencia e implementación. Algoritmos de ordenamiento. Clasificación e implementación. Nociones básicas de algoritmos sobre grafos.



Curso: Algoritmos

Noción de algoritmo, ejemplos de algoritmos (criba de Eratóstenes, mcd, etc). Criterios de selección de un algoritmo. Notación O y W. Análisis teórico del tiempo de ejecución de un algoritmo. Análisis práctico del tiempo de ejecución de un algoritmo. Algoritmos Divide y Vencerás. Análisis de procedimientos recursivos. Algoritmos Basados en Programación Dinámica. Algoritmos Greedy. Algoritmos de Precondicionamiento y Transformación del Dominio. Algoritmos de programación matemática y heurística. Algoritmos numéricos y propagación de errores. Casos: algoritmo de Huffman, encriptación, compresión, búsqueda, actualización, ordenamiento, estructuras de datos y algoritmos, árboles, matrices. Algoritmos sobre grafos (DFS, BFD, Prim, Kruskal, Dijkstra, Floyd, sort topológico, etc). Algoritmos básicos sobre cadenas: matching, alineamiento, sufijos.

Curso: Bases de datos

¿Qué es un modelo de datos? Modelos conceptuales, lógicos y físicos. Modelo de entidad-relación: conceptos básicos. Modelo relacional: tabla, atributo, dominio, valor, fila; restricciones de integridad; operaciones que se pueden hacer. SQL: concepto de lenguaje de consulta, sintaxis, concepto de join, agrupamientos, subqueries, joins parciales. Transacción: concepto, demarcación de transacciones.

Curso: Biología molecular y celular

Estructuras de las células eucarióticas, compartimientos y su interacción con el medio. Estructura del citoesqueleto. Matriz extracelular. Diferenciaciones de membrana. Transducción de señales. Tipos de células diferenciadas. Tejidos. Telómeros, senescencia y muerte celular. Apoptosis. Microevolución. Metodologías experimentales.

Curso: Ingeniería genética

Tecnología del DNA recombinante, clonado molecular, bancos genómicos y de cDNA, vectores. Sondas moleculares. Amplificación enzimática de ácidos nucleicos. Caracterización de ácidos nucleicos mediante técnicas de ingeniería genética. Tipificación de genomas y DNA mitocondrial. Expresión de genes clonados. Ingeniería de proteínas. Metodologías para la detección de organismos emergentes. Evaluación molecular de patógenos ambientales.

Curso: Bioinformática

Niveles de información. Acceso remoto a bancos de datos, algoritmos de búsqueda. Bancos de datos genéticos. Análisis de secuencias biológicas. Identidades y similitudes secuenciales y estructurales. Minería de datos (data mining): búsqueda de patrones y motivos. Teoría de la información y su aplicación al estudio de las secuencias biológicas. Aspectos composicionales en ácidos nucleicos y proteínas. Evolución molecular: filogenia y mecanismos de transferencia de material genético. Micro y Macroevolución. Predicción de la estructura secundaria en ácidos nucleicos. Predicción de la estructura secundaria en proteínas. Aproximaciones a la predicción de estructura terciaria en proteínas: modelado por homología (homology modelling). Metodologías relacionadas con proteómica.





Curso: Bioinformática II

Minería de datos: análisis automático de conjuntos de datos masivos. Recolección de datos: manual y automatizada. Principales fuentes de datos. Aplicación de técnicas de la inteligencia artificial. Aplicación de algoritmos de análisis de datos y descubrimiento. Selección, exploración y modelado de datos para descubrir patrones. Modelos descriptivos, reglas de asociación, clustering. Modelos predictivos, regresión, clasificación supervisada.

Curso: Bioinformática III

Bioinformática estructural de proteínas. Estructura proteica. Generalidades. Tipos de plegamiento. Clasificación estructural de plegamientos. Comparación estructural de proteínas. Búsquedas de similitud estructural. Métodos para determinar superficies y sus propiedades fisicoquímicas. Métodos para determinar cavidades. Predicción de estructura terciaria y cuaternaria. Métodos por homología y *ab initio*. Evaluación y refinamiento de los modelos. Modelado de la dinámica proteica. Modelado de la interacción proteína-ligando. Evolución estructural de proteínas.

Curso: Bioinformática IV

Introducción a la evolución biológica. Evolución molecular. Taxonomía molecular. Teorías evolutivas. Genética de poblaciones. Modelos moleculares de evolución. Tipos de filogenia y árboles evolutivos. Métodos de inferencia filogenética. Variación estadística de filogenias. Evolución de genomas. Velocidad de evolución. Detección de transferencia horizontal y mecanismos de recombinación. Análisis secuenciales y estructurales con base evolutiva.

Curso: Fundamentos de inmunología

Células, tejidos y órganos linfoides. Inmunidad innata. Sistema del complemento. Reconocimiento antigénico por los receptores de las células B y T. Procesamiento antigénico. Complejo mayor de histocompatibilidad. Inmunidad celular y células presentadoras de antígeno. Poblaciones de células T. Inmunidad humoral: activación de las células B y producción de anticuerpos. Anticuerpos policlonales y monoclonales.

Curso: Fisiología y genética de bacterias

Organización estructural y propiedades del crecimiento bacteriano. Métodos de análisis de la diversidad bacteriana. Almacenamiento, mantenimiento, manifestación y regulación del flujo de la información genética: replicación y transcripción del DNA, traducción del mRNA. Mecanismos regulatorios a nivel transcripcional y post-transcripcional. Secuenciación de genomas bacterianos. Plasticidad genética; elementos genéticos móviles y transferencia horizontal de la información genética. Plasticidad metabólica. Patrones fisiológicos y genéticos de respuestas a diferentes tipos de estrés. Mecanismos de transducción de señales, papel de los sistemas de dos componentes, proteína-quinasa, reguladores globales y sistemas de *quorum sensing* en las respuestas de las poblaciones bacterianas. Modelos de diferenciación celular. Las películas bacterianas (biofilms): estructura, desarrollo y relevancia en diferentes ambientes. La interacción bacteria-hospedador.





Curso: Genómica funcional

Introducción a la Genómica Funcional. Mapeo físico de genomas. Secuenciación genómica. Mapeo comparativo y sintenia evolutiva. Determinación de regiones génicas, codificantes para proteínas y codificantes para RNAs regulatorios. Determinación de regiones no codificantes. Identificación de firmas genómicas o proteómicas conservadas evolutivamente. Estudios de asociación genotipo-fenotipo. Metagenómica. Genética reversa, mutómica y caracterización funcional de genes. Genómica comparativa. Análisis de estudios de expresión de genes. Genómica estructural. Proteómica, Transcriptómica y otros niveles de estudio.

Curso: Biología de Sistemas

Introducción a la Biología de Sistemas. Estrategias empleadas. Técnicas experimentales y computacionales. Ejemplos de aplicaciones. Manejo, visualización y cálculos topológicos en redes biológicas. Teoría de grafos: Características topológicas y funcionales de las redes metabólicas. Redes de interacciones. Características topológicas y funcionales de las redes de regulación génica. Modelado de circuitos de regulación génica. Otras redes biológicas

Curso: Características de Lenguajes de Programación

Lenguajes según su modelo de cómputo: Modelos de cómputo imperativo, funcional, objetos, lógico. Realización de estructuras de datos en los diferentes paradigmas. Lenguajes según sus características: Lenguajes tipados y no tipados. Sistemas de tipos. Mecanismos de binding (estático y dinámico). Mecanismos de pasaje de parámetros (valor, referencia, nombre, otros). Formas de llevar a cabo la ejecución (compilación, interpretación, máquinas virtuales). Formas de administración de memoria (explícita y garbage collection). Lenguajes según su propósito: Lenguajes de propósitos generales. Lenguajes de dominio específico. Lenguajes de scripting. Aptitudes de diferentes lenguajes para diferentes tareas (claridad, eficiencia, modificabilidad). Lenguajes según la forma de asignarles significado. Herramientas de asignación de significado (semánticas operacional, denotacional, axiomática). Casos específicos de semántica operacional, ilustrando modelos de cómputo y características.

Curso: Sistemas operativos

Introducción a los sistemas operativos: función de abstracción del hardware; organización, estructura y servicios de los SO. Tipos de sistemas (Sistemas batch, Multiprogramación, Sistemas de tiempo real, Sistemas distribuidos, Sistemas paralelos, Sistemas operativos embebidos). Procesos y threads: Conceptos de proceso, thread y planificación. Comunicación y cooperación entre procesos. Deadlocks. Planificación: Algoritmos, criterios. Multiprocesamiento. Manejo de memoria: Espacio lógico vs físico, swapping, alocaación contigua, paginación, segmentación. Memoria virtual: Paginación bajo demanda, algoritmos de remplazo de pagina, thrashing. Sistemas de archivos: Manejo de archivos, manejo de directorios. Protección: objetivos, dominio de protección, matriz de acceso y sus implementaciones.

Curso: Programación concurrente





Los porqués de la concurrencia. Concurrencia vs paralelismo. Modelo de memoria compartida, atomicidad e independencia. Secciones críticas, locks y barriers, sem foros, monitores y condition variables, Rendezvous. Problemas de la concurrencia: Starvation, Deadlocks, Liveness y Progress, Safety, Race conditions, Fairness. Modelo de pasaje de mensajes: Comunicación sincrónica vs comunicación asincrónica, Modelo de transacciones. Modelos de interacción: Cliente/Servidor, Productor/Consumidor. Aplicación de los conceptos estudiados en lenguajes de programación concretos, mecanismos de sincronización.

Curso: Algoritmos en Bioinformática

Modularidad y rearrreglos macromoleculares: algoritmos de detección de rearrreglos macromoleculares, algoritmos de ensamblado de fragmentos nucleotídicos y aminoacídicos. Metagenómica y algoritmos de asignación de identidad. Ortología, el problema de la homología cercana y la homología remota: algoritmos para la detección y validación de ortología. Inferencias evolutivas de grandes colecciones de datos: algoritmos para la construcción de árboles y superárboles. Alineamientos de grandes colecciones de datos: algoritmos eficientes para su resolución y validación.

Curso: Bases de datos de macromoléculas

Bases de Datos de DNA y Proteínas. Búsqueda de motivos y homología en ácidos nucleicos y proteínas. Estructuras de proteínas. Otras bases de datos interesantes sobre campos diversos. Los genomas y sus bases de datos. Bases de datos de RNA. Bases de datos de mutaciones. Bases de datos de genomas mitocondriales. Herramientas actualizadas para el trabajo con estas bases de datos

Seminario I: Procesamiento Digital de Imágenes

Fundamentos de las imágenes digitales, en color y blanco y negro. Detección de bordes. Determinación de umbrales, metodologías básicas. Determinación de ruido, filtros lineales y no lineales. Aplicación de diferentes tipos de transformadas. Obtención de información de vínculos a partir del procesamiento digital de imágenes de microarrays, profiles y clustering. Modelos de normalización y error.

Seminario II: Modelización de Sistemas Biológicos

Consideraciones generales sobre la modelación matemática en la ciencia. Modelos de procesos biológicos elementales y construcción de modelos más complejos. Modelos de Lotka Volterra en ecología (competencia entre especies y presa depredador). Modelo de regulación génica (El operón Lactosa). Modelos SIR para la propagación de infecciones. Modelos matemáticos en Inmunología. Modelo simple de activación de células B. Modelo de la red idiotípica de Jerne. Modelos matemáticos de la activación de células T. Sinapsis inmunológica. Modelo de la supresión mediada por células T.

Seminario I: Actualizaciones en Biología Molecular

Mantenimiento de una flexibilidad curricular permitiendo ofertar una continua actualización de los avances tecnológicos y de conocimiento en Biología Molecular.



Universidad
Nacional
de Quilmes

Seminario II (contenido variable)

Mantenimiento de una flexibilidad curricular permitiendo ofertar contenidos variables acordes con la evolución del conocimiento y las metodologías de uso en Biotecnología, Bioinformática, Biología de Sistemas, y áreas temáticas afines.

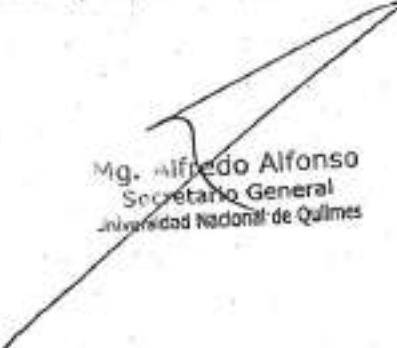
Seminario III (contenido variable)

Mantenimiento de una flexibilidad curricular permitiendo ofertar contenidos variables acordes con la evolución del conocimiento y las metodologías de uso en Biotecnología, Bioinformática, Biología de Sistemas, y áreas temáticas afines.

Seminario IV (contenido variable)

Mantenimiento de una flexibilidad curricular permitiendo ofertar contenidos variables acordes con la evolución del conocimiento y las metodologías de uso en Biotecnología, Bioinformática, Biología de Sistemas, y áreas temáticas afines.

RESOLUCIÓN (CS) N°: 466/15



Mg. Alfredo Alfonso
Secretario General
Universidad Nacional de Quilmes



Mario E. Lozano
Rector
Universidad Nacional de Quilmes