



Universidad
Nacional
de Quilmes

Bernal, 2 de mayo de 2011

VISTO: El expediente N° 827-0626/2011, y

CONSIDERANDO:

Que por el mismo se tramita la creación de la Maestría en Bioinformática y Biología de Sistemas.

Que la Bioinformática es una disciplina científica emergente, necesariamente multidisciplinaria, que puede ser caracterizada como una conjunción entre Biología, Bioquímica, Biofísica, Biotecnología, Matemáticas, Tecnologías de la Información y Comunicación, etc.

Que la Bioinformática se orienta a la resolución de problemas complejos utilizando herramientas computacionales, así como también al diseño y mantenimiento de bases de datos a partir de la colección, organización y almacenamiento estructurado de la información biológica, de manera tal que se posibilite una recuperación adecuada de la información biológica que se encuentra almacenada en esas bases.

Que esta propuesta deriva del trabajo conjunto de 5 Instituciones Universitarias, 3 argentinas: la Universidad Nacional de Quilmes (UNQ), la Universidad Nacional del Noroeste Bonaerense (UNNOBA) y la Universidad Nacional de La Plata (UNLP) y 2 cubanas: la Universidad Central de Las Villas (UCLV) y la Universidad de Ciencias de la Computación (UCI), en el marco de una cooperación interinstitucional e internacional que ha dado lugar a la Red Internacional de Bioinformática y Biología de Sistemas Iberoamericana, creada en el año 2007.

Que se ha acordado entre las Instituciones participantes en la creación de dos Maestrías prácticamente idénticas, una en cada país y que serán Co-Tituladas entre las distintas Instituciones de cada uno.

Que es importante la existencia de un marco curricular y conceptual común que facilite el intercambio de docentes y alumnos.

Que es importante destacar que el diseño de la Maestría en Bioinformática y Biología de Sistemas ha sido el producto del trabajo conjunto, interdisciplinario e interinstitucional, coordinado los representantes de cada Institución ante la Red Internacional de Bioinformática y Biología de Sistemas Iberoamericana: Dr. Pablo Daniel Ghiringhelli por la UNQ, Dr. Rolando Rivera Pomar por la UNNOBA, Dr. Luis Diambra por la UNLP, Dr. Ricardo Grau por la UCLV y Dr. Ramon Carrasco por la UCI.

Que la Comisión de Asuntos Académicos Posgrado y Extensión ha emitido despacho favorable.

Por ello,

EL CONSEJO DEPARTAMENTAL DE CIENCIA Y TECNOLOGIA

RESUELVE:

ARTÍCULO 1º: Proponer al Consejo Superior la creación de la Maestría en Bioinformática y Biología de Sistemas, que se detalla en el Anexo I que forma parte de la presente resolución.

ARTÍCULO 2º: Regístrese, practíquense las comunicaciones de estilo y archívese.

Res. CD CyT 070/11

FIRMADA POR : Dr. Pablo Daniel Ghiringhelli Director Dpto. Ciencia y Tecnología

ANEXO
MAESTRÍA EN BIOINFORMÁTICA Y BIOLOGÍA DE SISTEMAS

CONSORCIO DE UNIVERSIDADES:
UNIVERSIDAD NACIONAL DE QUILMES (UNQ),
UNIVERSIDAD NACIONAL DEL NOROESTE BONAERENSE (UNNOBA)
Y UNIVERSIDAD NACIONAL DE LA PLATA (UNLP)

TÍTULO QUE OTORGA LA CARRERA

Magister en Bioinformática y Biología de Sistemas

UNIDAD ACADÉMICA/DEPENDENCIA

Departamento de Ciencia y Tecnología

AÑO DE INICIO

Marzo 2012

CARÁCTER DE LA CARRERA

Continuo

Fundamentación

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 *high-throughput* en todas las áreas y la disminución de costos relativos de diversas metodologías que hacen factible la obtención de secuencias genómicas completas.

Una paradoja derivada de lo anterior es que hoy disponemos de más de 1 millón de secuencias aminoacídicas, más de 200 secuencias genómicas, más de 20000 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, Computación, 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.

En función de lo anterior, actualmente no existe proceso biotecnológico que no involucre etapas previas y/o posteriores de análisis bioinformático. Siendo, por tanto, un conocimiento imprescindible en la actualidad.

Estado actual del conocimiento y función de la universidad

El conocimiento generado cotidianamente crece de manera exponencial, haciendo imposible que un individuo pueda abarcarlo en su totalidad. Actualmente, el conocimiento individual es reemplazado gradualmente por el conocimiento colectivo e interdisciplinario. Cualquier política académica que apunte a la excelencia debería promover la interrelación entre diferentes disciplinas, de manera que se aporten distintas visiones y se propongan soluciones novedosas.

La Universidad es un ámbito ideal para promover una integración de este tipo. En este sentido, en la Universidad Nacional de Quilmes, la estructura Departamental favorece la interacción académica entre carreras tales como Licenciatura en Biotecnología, Ingeniería en Automatización y Control Industrial y Tecnicatura en Programación Informática, posibilitando el inicio de actividades verdaderamente multidisciplinarias. Además, las actividades centralizadas de la Secretaría de Investigaciones y la Secretaría de Postgrado, permiten un accionar conjunto que facilita la generación de nuevas combinaciones de conocimientos y saberes, con relativa independencia de las carreras de origen.

Por otra parte, la Biotecnología, en todas sus expresiones, es una de las áreas prioritarias para el desarrollo del país. Y, especialmente, dentro de la Biotecnología, uno de los aspectos importantes es el relacionado con la genética y la bioinformática. Entre los temas de interés están los enfoques genómicos sobre sistemas virales y bacterianos, la metagenómica, el análisis de sistemas biológicos complejos, la biotecnología del cáncer, etc. En todas estas áreas es necesaria la interacción entre matemáticos, físicos, biólogos, químicos, físicos, informáticos, etc. Es por eso que se ha diseñado una maestría con una fuerte base de ciencias básicas, en particular en matemática y biología, que permitirá la abstracción y el modelado.

El desarrollo de las técnicas genómicas ha avanzado en los últimos años a una velocidad sorprendente. 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 1 genoma humano por tan solo U\$S 1.000. De conseguirse esto, se produciría una revolución en la vida humana. La medicina personalizada, por ejemplo, será un salto cualitativo enorme, aunque en el mediano plazo solo tendrá un impacto sensible en un reducido sector social. La medicina es costosa y la genómica aplicada a la medicina no tendrá en un primer momento, efectos en toda la población, sino en una fracción menor, con alto poder adquisitivo. Esto implica que el beneficio de esta revolución para el desarrollo de las naciones y sus sociedades será menor. Y tendrá necesariamente problemas éticos que deberán ser resueltos.

De manera más directa, la revolución más impactante se llevará a cabo en los procesos de mejora de la producción de alimentos, un mejor análisis del suelo unido a métodos innovadores de agricultura de precisión, proveerá una mejor comprensión y diagnóstico acerca de que cultivar y donde. La revolución operará también en una más rápida selección de variedades de organismos de interés agropecuario que, eventualmente, podrán derivar en la eliminación de los organismos transgénicos como única forma de mejora, especialmente porque serán más costosos de producir. Así, podremos realizar verdaderos análisis de campo en el que los organismos podrán ser estudiados genéticamente en detalle. El uso de marcadores moleculares podrá ser reemplazado por el análisis de los genomas, brindando así información directa de los cambios relacionados con genes específicos. Los tediosos y largos análisis de grupos de ligamiento que se requieren actualmente podrán ser reemplazados por precisos mapeos de SNPs de todo el genoma. Asimismo, la genómica tendrá impacto en el diseño de nuevas estrategias para el control de plagas, las que podrán ser indudablemente más efectivas y ambientalmente apropiadas, atacando puntos débiles de vías metabólicas particulares del ciclo de vía de un patógeno con productos de alta especificidad diseñados a partir de la química combinatoria. Sin embargo, esto requiere la formación de recursos humanos capaces de conocer el procesamiento de enormes cantidades de datos y proveer una interpretación de los mismos.

Actualmente, el manejo de los datos y la información derivada son un cuello de botella para la Biotecnología. La enorme cantidad de datos generados deben ser procesados e interpretados, por lo que la genómica como rama de la genética solo puede ser aprovechada con un desarrollo paralelo de los métodos de análisis y almacenamiento de datos. En este sentido, la Bioinformática tendrá un papel fundamental. Se deben desarrollar nuevos algoritmos para poder realizar el análisis exhaustivo de una enorme cantidad de datos en un tiempo razonable y sin requerimientos excesivos de hardware. Si bien los datos lineales de un genoma pueden guardarse en unos pocos Megabytes, las comparaciones de genomas y la interpretación de los cambios génicos implican Terabytes.

El genoma de una bacteria pequeña, *Escherichia coli*, tiene unas 4.500.000 letras (bases), lo que equivale a un documento de word de 1300 paginas en letra Times 12 y simple espacio. Guardado sin compresión ocupa 8 Mb. El genoma de la mosca de la fruta, *Drosophila melanogaster*, de 170.000.000 letras ocuparía 640 Mbytes, un CD. El genoma humano ocuparía unos 12 Gbytes, un DVD doble y comprimido. La información crece

exponencialmente pero aún no sabemos como funcionan todos los genes de ninguna bacteria.

Es así que asoma hoy una nueva rama de la biología, que combina la informática con la genómica: la biología de sistemas; donde la biología pasa a ser el estudio de la información en forma de seres vivos. Este concepto, acuñado por Leroy Hood, implica no solo estudiar el genoma sino poder predecir y establecer las relaciones entre los genes. En síntesis, poder predecir, a partir de la información unidimensional de una secuencia, como es el fenotipo, la forma de un organismo y que organismo es. Esto ha sido descrito de una forma muy didáctica por uno de los pioneros de la biología de sistemas, Eric Davidson “El mecanismo que causa que los gatos sean gatos y los peces sean peces está establecido en el ADN genómico, porque la especificidad del plan morfológico de cada especie es una propiedad heredable cardinal.” (*Science* [2002], 295, 1669). Pero, aún cuando hoy conocemos el genoma del gato y el genoma de algunos peces, aún no sabemos como esa información determina la identidad de cada uno.

Por otro lado, la computación es una de las ramas de la ciencia con mayor velocidad de desarrollo, siendo, cada vez más, parte ineludible de la vida del hombre, tanto en los procesos científicos como en las tareas domésticas. Esto deriva en una creciente necesidad de personal altamente preparado que sea capaz de asimilar, aplicar y adaptar los nuevos avances de esta ciencia.

Ventajas comparativas de la UNQ en el área

La UNQ tiene por misión la producción, enseñanza y difusión de conocimientos del más alto nivel en un clima de igualdad y pluralidad. En este contexto, las funciones básicas de la Universidad son la docencia, la investigación, la extensión, la formación de recursos humanos, el desarrollo tecnológico, la innovación productiva y la promoción de la cultura. Dichas funciones se plasman, en parte, a través de la Licenciatura en Biotecnología, teniendo como propósito la aplicación de la tecnología en microorganismos, células animales o vegetales, o sus derivados, para la producción de bienes y servicios. La Universidad pone especial énfasis en relacionar y orientar los estudios hacia el mundo de la producción biológica (industria, agricultura, etc.) u otros sectores que utilicen la biotecnología (biorremediación, industrias químicas, farmacéuticas, etc.), tanto desde los aspectos experimentales puros (ingeniería genética, producción de insumos, etc.) como desde los aspectos analíticos y predictivos (bioinformática, etc.). Desde este último punto de vista es necesario destacar que la UNQ es la única Universidad Nacional que cuenta con una asignatura de grado, electiva para la Licenciatura en Biotecnología, denominada Bioinformática desde julio de 1999. Además, en 2002 se dictó un curso CABBIO de posgrado (en conjunto con la UNLP) respecto de la misma temática. A partir de 2006, se comenzó a dictar regularmente, una vez al año, un curso de posgrado en Bioinformática en forma local, y que ha recibido alumnos provenientes de muchas de las Universidades del país. Por otro lado, la UNQ presenta la oferta de dos carreras cercanas a este proyecto: la Licenciatura en Biotecnología y la Tecnicatura en Programación Informática, del Departamento de Ciencia y Tecnología.

Como complemento de esto, la UNQ participa desde 2008 de la “Red Universitaria de

Bioinformática y Biología de Sistemas”, la cual tiene como objetivo el desarrollo y afianzamiento de actividades académicas de grado y postgrado e investigación, transfiriendo conocimientos referidos a Bioinformática y Biología de Sistemas en Iberoamérica. Esta Red, coordinada en la Argentina por la Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (UNNOBA), está integrada, además, por las Universidades Nacionales de Río Cuarto (UNRC), Quilmes (UNQ) y La Plata (UNLP). Por parte de Cuba, la Red cuenta con la participación de la Universidad de Granma y la Universidad Central de las Villas “Marta Abreu”. Dentro de los objetivos de la Red se ha propuesto la creación de sendas Maestrías vinculadas con Biología y Bioinformática en ambos países. Recientemente, en 2009, los participantes cubanos han presentado la Maestría en Biología Computacional, incorporando en ella muchas de las ideas discutidas en el contexto de la red.

En este sentido, hay una necesidad social de desarrollar una maestría que tiene como objetivo central proporcionar a los graduados universitarios una amplia cultura científica y conocimientos avanzados en un campo específico y muy actual del saber, permitiendo el desarrollo de habilidades, tanto para el trabajo investigativo como para el quehacer Biotecnológico en general.

Por ello, la **MAESTRÍA EN BIOINFORMÁTICA Y BIOLOGÍA DE SISTEMAS** ha sido pensada por docentes e investigadores provenientes de diversas áreas disciplinares de la Universidad Nacional de Quilmes (UNQ), la Universidad Nacional del Noroeste Bonaerense (UNNOBA), la Universidad Nacional de La Plata (UNLP) y la Universidad Central de las Villas, dentro del contexto de la Red Argentino-Cubana de Bioinformática y Biología de Sistemas. Su enfoque es necesariamente multidisciplinario.

Es en este contexto que la Maestría profundiza los fundamentos científico-técnicos de los métodos y prácticas que integran el conocimiento Bioinformático y de Biología de Sistemas actual. Esto se plasma en la selección de núcleos de contenidos básicos y electivos que avanzan en el dominio de nuevos conocimientos que permiten actualizar y ampliar los paradigmas del abordaje de las situaciones problema desde la Bioinformática y la Biología de Sistemas.

PLAN DE ESTUDIOS

Objetivos Generales

- Posibilitar a los graduados la actualización académica y profesional a partir de los conocimientos y enfoques teóricos, metodológicos y técnicos multidisciplinarios, relativos al quehacer de la Bioinformática y la Biología de Sistemas.
- Revisar y brindar los criterios elementales concernientes al manejo de la información biológica, tanto para el relevamiento, como para el procesamiento y el análisis de los datos.
- Ofrecer una formación especializada con una sólida base teórico-conceptual que brinde a profesionales de diversas ramas las herramientas necesarias para identificar y solucionar situaciones, generar proyectos y prácticas adecuadas.
- Estimular, a través de las actividades conjuntas de investigadores en "áreas biológicas", "áreas informáticas", y otras áreas vinculadas a la Maestría, la formación de grupos de investigación multidisciplinarios, que se oriente a la realización de trabajos científicos en Bioinformática y Biología de Sistemas.

Objetivos Específicos

Proveer herramientas teóricas y prácticas que permitan:

- Realizar investigación científica en el área de las biociencias
- Realizar desarrollos tecnológicos en el área de la bioinformática
- Aplicar métodos computacionales para el análisis genético
- Desarrollar modelos biológicos complejos
- Desarrollar sistemas de simulación de procesos biológicos
- Evaluar modelos y sistemas

Perfil del egresado

Marco general

Entre los candidatos a alumnos podemos distinguir dos perfiles diferenciales:

- El usuario de métodos computacionales para resolver problemas generales y/o específicos. Probablemente con una formación más sólida en las "áreas biológicas".
- El desarrollador de métodos computacionales para resolver problemas generales y/o específicos. Probablemente con una formación más sólida en las "áreas informáticas".

Frente a estas formaciones de base diferenciales, es deseable alcanzar un superlativo grado de conocimiento en ambas áreas disciplinares. En la maestría se tratará de alcanzar un óptimo entre los dos conjuntos mediante la combinación de cursos orientados (en función de la formación de origen), en conjunto con cursos generales y cursos electivos que permitan completar la formación obligatoria con alternativas temáticas y/o metodológicas.

Marco particular

Al finalizar el plan de estudios, los maestrandos habrán incorporado una serie de saberes de las Cs. Biológicas y la Informática que los habilitarán para la comprensión, interpretación e investigación en problemáticas de Bioinformática y Biología de Sistemas, tanto en el ámbito académico, como en el campo profesional (a nivel nacional e internacional). Como resultado primario, habrán fortalecido y actualizado su formación académica inicial para desempeñarse como usuarios y/o desarrolladores expertos, profesionales independientes, docentes o investigadores en las temáticas del manejo y análisis de datos biológicos.

El perfil del egresado se traducirá en las siguientes competencias y capacidades:

- Formular, asesorar y diseñar, con una sólida base teórica y metodológica, proyectos, estudios o diagnósticos relacionados con la Bioinformática y la Biología de Sistemas.
- Participar como especialista o liderar equipos profesionales multidisciplinarios de envergadura mediana o grande en proyectos de análisis de datos biológicos.
- Realizar y evaluar trabajos de investigación en el campo del análisis de datos biológicos desde la óptica de la Bioinformática y la Biología de Sistemas.
- Promover competencias profesionales para responder a las demandas crecientes del manejo y análisis de grandes volúmenes de datos biológicos, con una perspectiva multidisciplinaria e innovadora.

Destinatarios

La Maestría está dirigida a profesionales que provengan de diversas disciplinas tales como: Biotecnología, Biología, Bioquímica, Biofísica, Veterinaria, Agronomía, Medicina, Física, Matemática, Informática, Computación, entre otros.

Metodología

La metodología de enseñanza de la maestría será de tipo mixto: Presencial y a distancia. Para ello se aprovechará que las universidades participantes cuentan con un sistema de videoconferencias que permite el trabajo simultáneo en distintas sedes (Bernal, La Plata, Pergamino, Junín), no solo para el desarrollo de las clases teóricas, sino para la realización de trabajos prácticos simultáneos *on line*. El carácter de las materias permiten tomar ventaja de estos medios educativos para la optimización del plantel docente. Asimismo, las evaluaciones serán presenciales o en forma virtual a través de un sistema vinculado a la página web de la Red Argentino-Cubana de Bioinformática. Esto, por otra parte, implica un cabal conocimiento de los métodos informáticos y de TICs aplicados a la educación implícitos en el área de estudio.

Condiciones de admisión

Para ser admitido el aspirante deberá:

a) Poseer título de grado universitario de al menos 4 años de duración. En caso de poseer título no universitario de 4 años y demostrar antecedentes suficientes, el Consejo de Maestría podrá eventualmente aprobar el ingreso, proponiendo un plan de cursos complementarios.

b) Ser aceptado por el Consejo de Maestría. Para este proceso se tendrán en cuenta los antecedentes académicos y profesionales del aspirante, estableciéndose recorridos personalizados.

Organización. Autoridades y funciones

Cada universidad designará a un Director de la Maestría. De manera rotativa anual, uno de los tres Directores será el Coordinador General de la Maestría Conjunta.

Cada Director de la Maestría tendrá como funciones:

- Ejercer la Dirección de la carrera.
- Gestionar la oferta académica anual en las tres Universidades, en combinación con los Directores de las otras Universidades y el Coordinador.
- Representar a la Maestría en las diferentes instancias institucionales, internas o externas al Consorcio de Universidades.
- Controlar el adecuado desarrollo académico de la carrera a su cargo.
- Resolver dentro de sus atribuciones, cualquier cuestión urgente vinculada al desarrollo académico de la carrera.

Consejo de Maestría, formado por el Director de la Maestría, dos representantes docentes (uno por cada una de las otras Universidades del Consorcio), un representante de la Secretaría de Posgrado de la Universidad de origen del Director de la Maestría. Son sus funciones:

- Analizar los antecedentes de los aspirantes.
- Definir los recorridos curriculares y los perfiles de los maestrandos.
- Aprobar la lista de cursos especiales realizados o a realizar por el maestrando.
- Designar a los Directores y/o Codirectores de Tesis de cada aspirante y definir la Universidad donde se desarrollará y/o defenderá.
- **Proponer al Consejo Superior correspondiente los jurados *ad hoc* que dictaminarán sobre las tesis en examen.**
- Expedirse sobre todas las tramitaciones de excepción.

De la conducción y administración en la UNQ

Para su funcionamiento, la Maestría en Bioinformática y Biología de Sistemas contará con un Director, un Consejo de Maestría y el correspondiente cuerpo de docentes pertenecientes a la UNQ, a otras Universidades, profesores visitantes y extranjeros.

El Director debe contar con el título de doctor, o formación equivalente, y poseer experiencia en temas relacionados con la Maestría. Será el responsable de asesorar, dirigir y evaluar el desarrollo de las actividades de formación de los estudiantes. Ejercerá un contralor en el desarrollo de los proyectos de Tesis de Maestría. Realizará el seguimiento correspondiente al cumplimiento de los objetivos de la Carrera y de los contenidos de las distintas áreas disciplinares involucradas.

El Director presentará el cronograma correspondiente a las actividades programadas, preparará informes y/o evaluaciones solicitadas por instituciones u organismos, entregará la información para el sistema de gestión de los docentes e intervendrá ante el Consejo de Maestría para la aprobación de las tesis finales.

El Consejo de Maestría, integrado como ya se mencionó anteriormente, aprobará las propuestas de designación de Directores y Codirectores de Tesis de Maestría y gestionará la constitución de los jurados para la evaluación de las mismas. Los jurados estarán constituidos por un miembro docente del Consejo de Maestría y dos miembros adicionales *ad hoc*, que deberán ser profesores del campo del conocimiento de la carrera de posgrado. El jurado será designado por el Consejo Superior.

Estructura curricular del Plan de Estudios

El Plan de Estudios posee varios ejes temáticos fundamentales que reúnen las asignaturas según su implicancia y orientación en el proceso formativo. Así, todas las asignaturas se reúnen en tres núcleos elementales: un **núcleo biológico**, un **núcleo matemático** y un **núcleo informático**.

Los distintos núcleos proveen de las asignaturas que conforman los conjuntos de los **cursos orientados**, los **cursos generales** y los **cursos electivos**.

Los **cursos orientados**, son cursos obligatorios que están destinados a complementar la formación de los maestrandos según su perfil de origen. Así, aquellos maestrandos de origen informático, ingenieril, matemático, etc., deberán complementar su formación con conocimientos y herramientas biológicas, bioquímicas y biotecnológicas; mientras que los maestrandos de origen biológico, bioquímico, agronómico, médico, etc., deberán complementar su formación con conocimientos y herramientas matemáticas, informáticas y computacionales básicas. En todos los casos, la formación debe ser la necesaria para el cabal desarrollo de la Maestría y el alcance del perfil del egresado postulado.

Los **cursos generales**, son cursos obligatorios que constituyen el eje central de la Maestría de Bioinformática y Biología de Sistemas, otorgando a los maestrandos los saberes específicos para abordar las problemáticas de la recolección, manejo y análisis de

información de índole biológica. Tanto desde el aspecto tecnológico, como desde el aspecto del almacenamiento de grandes volúmenes de datos, la recuperación y el análisis.

Los **cursos electivos** proveen al maestrando la posibilidad de incorporar flexibilidad en su formación, posibilitando el direccionamiento a diferentes perfiles de especialización.

Como última instancia, los estudiantes deben cursar una asignatura extracurricular: Metodología de la Investigación Científica, y realizar la Tesis de Maestría.

Por otra parte, la Maestría está organizada de manera tal que las diferencias de formación inicial, según el perfil "Biológico" o "Informático" se compensan con los **cursos orientados** que deben tomar en las primeras etapas.

En síntesis, el siguiente diagrama resume la estructura general de la Maestría:

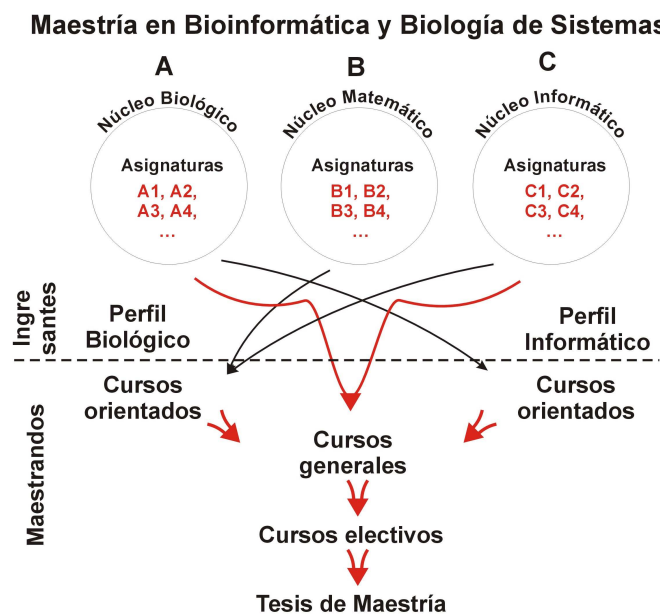


Diagrama general de la Maestría en Bioinformática y Biología de Sistemas. Se indican los tres núcleos fundamentales y el flujo natural a través de los tres tipos de cursos (flechas rojas). Se señala, además, la necesidad de complementación inicial mediante cursos orientados, según el perfil del ingresante (flechas negras).

Requisitos para la obtención del título

Para obtener el título de Magíster en Bioinformática y Biología de Sistemas el maestrando deberá haber desarrollado la carrera con un mínimo de 780 hs, de acuerdo a los siguientes esquemas generales:

Esquema general de la Maestría (ingresante con perfil biológico)	
Formación obligatoria (orientada, general y electiva)	Formación en investigación
- 3 Cursos Orientados, total 144 hs - 9 Cursos Generales, total 324 hs - 3 Cursos Electivos, total 108 hs ¹	- Tesis de Maestría
1 curso de 72 hs y 14 cursos de 36 hs; total 576 horas	Mínimo: 164 horas
Asignatura extracurricular 40 hs	

¹ Serán aprobados por el Consejo de Maestría

Esquema general de la Maestría (ingresante con perfil informático)	
Formación obligatoria (orientada, general y electiva)	Formación en investigación
- 4 Cursos Orientados, total 144 hs - 9 Cursos Generales, total 324 hs - 3 Cursos Electivos, total 108 hs ¹	- Tesis de Maestría
16 cursos de 36 horas cada uno; total: 576 horas	Mínimo: 164 horas
Asignatura extracurricular 40 hs	

¹ Serán aprobados por el Consejo de Maestría

Tesis de Maestría

- El Director de Tesis (y Codirector, si lo hay) será/n propuesto/s por el Maestrando al finalizar la cursada de la Asignatura Extracurricular y será/n aprobado/s por el Consejo de Maestría.
- Para la realización del trabajo de tesis, los alumnos tienen un plazo máximo de 4 años desde la fecha de inscripción en la Maestría.
- Sólo excepcionalmente, y por razones fundadas, se autorizará una prórroga de hasta un año adicional al plazo establecido.
- La presentación y defensa de la Tesis se realizará de acuerdo con las reglamentaciones de la Universidad de origen.
- La defensa de la Tesis será presencial y ante el jurado oportunamente designado.

Núcleos y asignaturas correspondientes

A continuación se presenta el listado de asignaturas, con las respectivas categorías: **CO**, curso orientado; **CG**, curso general y **CE**, curso electivo; y códigos para cada una.

Categoría	Códig	Núcleo Biológico	Horas
CO	A1	Introducción a la Biología Celular y Molecular	36
CO	A2	Introducción a la Bioquímica	36
CO	A3	Introducción a la Biología de Macromoléculas	36
CO	A4	Introducción a la Genética y Genómica	36
CG	A5	Tecnologías biológicas de <i>high-throughput</i>	36
CG	A6	Biología de Sistemas	36
CE	A7	Genética poblacional	36

Categoría	Códig	Núcleo Matemático	Horas
CO	B1	Introducción a la Matemática Computacional	36
CO	B2	Probabilidad y Estadística aplicada a la Bioinformática	72
CO	B3	Ecuaciones diferenciales	36
CG	B4	Análisis de datos cualitativos	36
CG	B5	La Teoría de la Información en Biología	36
CE	B6	Modelos estadísticos de aprendizaje supervisado y no supervisado	36
CE	B7	Estadística bayesiana aplicada a la Bioinformática	36
CE	B8	Estructuras algebraicas del código genético	36
CE	B9	Métodos avanzados en Biología de Sistemas. Estudio de sistemas complejos	36

Categoría	Códig	Núcleo Informático	Horas
CG	C1	Introducción general a la Bioinformática	36
CG	C2	Técnicas de optimización aplicadas a la Bioinformática	36
CG	C3	Bases de datos de secuencias genómicas. Herramientas bioinformáticas en Internet	36
CG	C4	Minería de datos y limpieza en bases de datos bioinformáticas	36
CG	C5	Reconocimiento de patrones	36
CE	C6	Procesamiento digital de señales. Aplicaciones en genomas	36
CE	C7	Sistemas Avanzados de Bases de Datos	36
CE	C8	La Bioinformática en el plano de la Metagenómica	36
CE	C9	Agrupación y clasificación de textos	36
CE	C10	Conceptos básicos de inteligencia artificial	36
CE	C11	Tópicos especiales de Aprendizaje computarizado	36
CE	C12	Redes neuronales artificiales	36
CE	C13	Sistemas basados en el conocimiento	36

CE	C14	Computación paralela	36
----	-----	----------------------	----

Asignatura Extracurricular: Metodología de la Investigación Científica

Una vez acreditadas las asignaturas de los CO y CG, el maestrando puede ingresar a la fase de cursado de la Asignatura Extracurricular y comenzar la realización de la Tesis de Maestría:

Recorridos curriculares según los perfiles de los ingresantes

Los siguientes recorridos son generales. El Consejo de Maestría puede modificarlos en función de la formación académica del maestrando.

Formación previa del Maestrando; de origen Biológico

1- Materias

	Cursos Orientados (del Núcleo Matemático)
Códigos	B1, B2, B3 ¹

¹ Obligatorios

	Cursos Generales
Códigos	A5, A6, B4, B5, C1, C2, C3, C4, C5 ²

² Obligatorios

	Cursos Electivos
Códigos	A7, B6, B7, B8, C6, C7, C8, C9, C10, C11, C12, C13, C14 ³

³ Aprobados por el Consejo de Maestría

2- Asignatura Extracurricular: Metodología de la Investigación Científica

3- Tesis de Maestría

Formación previa del Maestrando; de origen Informático

1- Materias

	Cursos Orientados (del Núcleo Biológico)
Códigos	A1, A2, A3, A4 ¹

¹ Obligatorios

	Cursos Generales
Códigos	A5, A6, B4, B5, C1, C2, C3, C4, C5 ²

² Obligatorios

Cursos Electivos	
Códigos	A7, B6, B7, B8, C6, C7, C8, C9, C10, C11, C12, C13, C14 ³

³ Aprobados por el Consejo de Maestría

2- Asignatura Extracurricular: Metodología de la Investigación Científica

3- Tesis de Maestría

Contenidos mínimos, carga horaria y evaluación

A - Núcleo Biológico

Introducción a la Biología Celular y Molecular (A1)

Objetivos

Acceder a conocimientos básicos de Biología Celular y Molecular

Contenidos mínimos

Las células, como unidades fundamentales de la Biología. Células procariotas y eucariotas. Organismos multicelulares. Axioma principal de la genética molecular. Replicación, transcripción y traducción. Genes y organización genómica. El código genético. Mecanismos generales de regulación de la expresión génica, en procariotas y eucariotas. Mutaciones.

Total de horas lectivas: 36 horas

Formas de Evaluación: Exámenes teórico y práctico integradores al término del curso, apuntando a evaluar el dominio de los conceptos básicos del mismo.

Introducción a la Bioquímica (A2)

Objetivos

Adquirir conocimientos básicos acerca de las proteínas, y de flujos y redes metabólicas, tanto en procariotas como en eucariotas

Contenidos mínimos

Proteínas estructurales y enzimáticas. Estructuras primaria, secundaria, terciaria y cuaternaria. Aminoácidos hidrofílicos e hidrofóbicos. Actividad enzimática. Rutas y caminos metabólicos, en procariotas y eucariotas.

Total de horas lectivas: 36 horas

Formas de Evaluación: Exámenes teórico y práctico integradores al término del curso, apuntando a evaluar el dominio de los conceptos básicos del mismo.

Introducción a la Biología de Macromoléculas (A3)

Objetivos

Alcanzar conocimientos elementales vinculados con cuestiones topológicas y estructurales de las principales macromoléculas de importancia biológica

Contenidos mínimos

La topología y su relación con funciones biológicas definidas; estructura secundaria de RNA [funciones estructurales y regulatorias]; topología del DNA [*DNA bending, transiciones de estado: condensado-relajado, etc.*]; estructura secundaria y/o terciaria de proteínas [análisis de periodicidad de propiedades fisicoquímicas y/o biofísicas, influencia sobre la topología, predicciones de estructuras secundarias, predicciones de estructuras terciarias].

Total de horas lectivas: 36 horas

Formas de Evaluación: Exámenes teórico y práctico integradores al término del curso, apuntando a evaluar el dominio de los conceptos básicos del mismo.

Introducción a la Genética y Genómica (A4)

Objetivos

Acceder a conocimientos generales de genética y genómica

Contenidos mínimos

El fenómeno genético. Genotipo y fenotipo. La diferencia entre expresión y transmisión del genotipo. Genética clásica. Genética molecular. Genética de poblaciones y evolución. El flujo básico de la información genética. Genes y ambientes. El análisis genético. La Genómica. Mapeo físico de genomas. Secuenciación genómica. Proyectos de secuenciación genómica. Mapeo comparativo y sintenia evolutiva. Evaluación de recursos genéticos y diversidad funcional. Metagenómica. Genética reversa, mutómica y caracterización funcional de genes. Biología de sistemas. La relevancia de la genética y la genómica en la investigación científica básica, medicina, agricultura, biotecnología y pensamiento.

Total de horas lectivas: 36 horas

Formas de Evaluación: Exámenes teórico y práctico integradores al término del curso, apuntando a evaluar el dominio de los conceptos básicos del mismo.

Tecnologías biológicas de *high-throughput* (A5)

Objetivos

Adquirir conocimiento de las tecnologías de *high-throughput* vinculadas con el universo de las -ómicas

Contenidos mínimos

Sistemas de generación de datos simultáneos: microarrays de ADN y proteínas. Secuenciación paralela. Sistemas de secuenciación de segunda y tercera generación. Proteómica (cromatografía líquida multidimensional y espectrometría de masas). Métodos de automatización en proteómica.

Total de horas lectivas: 36 horas

Formas de Evaluación: Exámenes teórico y práctico integradores al término del curso, apuntando a evaluar el dominio de los conceptos básicos del mismo.

Biología de Sistemas (A6)

Objetivos

Conocer las principales formas de manejo, visualización y cálculo en redes biológicas, particularmente en redes metabólicas, redes de interacciones y de regulación génica.

Contenidos mínimos

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

Total de horas lectivas: 36 horas

Formas de Evaluación: Proyecto de curso. Promediando el curso, se entregarán problemáticas a resolver, en forma individual o grupal. Los mismos serán entregados para su evaluación usando un formato general publicación científica.

Genética poblacional (A7)

Objetivos

Describir la variación y la distribución biológica, con el objetivo de dar explicación a fenómenos evolutivos.

Contenidos mínimos

Introducción a la genética poblacional. Objetivo de su estudio. La diversidad humana. La genealogía. Estudio de las migraciones. Diversidad genotípica y fenotípica.

Total de horas lectivas: 36 horas

Forma de Evaluación: Exámenes teórico y práctico integradores al término del curso, apuntando a evaluar el dominio de los conceptos básicos del mismo.

B - Núcleo Matemático

Introducción a la Matemática Computacional (B1)

Objetivo

Introducir conocimientos básicos de matemática discreta, especialmente combinatoria y tema de grafos, sus aplicaciones a la construcción de algoritmos y su implementación en sistemas de software.

Contenidos mínimos

Nociones de Lógica Matemática. Algebra de Boole. Cálculo de predicados. Teoría de conjuntos. Introducción al estudio de la teoría de grafos. Uso del paquete Mathematica.

Total de horas lectivas: 36 horas

Formas de evaluación: Exámenes teórico y práctico integradores al término del curso, apuntando a evaluar el dominio de los conceptos básicos del mismo.

Probabilidad y Estadística aplicadas a la Bioinformática (B2)

Objetivos

Conocer los conceptos básicos de la teoría de las probabilidades.

Saber resolver problemas prácticos sencillos utilizando la teoría de Bayes.

Saber modelar problemas utilizando cadenas de Markov.

Seleccionar la prueba estadística adecuada en base a la formulación del problema.

Contenidos mínimos

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*. Ejemplo de modelación de secuencias de ADN con tetra-dados. Introducción a la inferencia estadística. Procesos estocásticos, cadenas de Markov. BLAST: Suma de scores normalizados. Análisis de una o varias secuencias de ADN o de proteínas. Caminos aleatorios. Estimación y dócima de hipótesis clásicas. Modelos ocultos de Markov. Métodos computacionales intensivos.

Total de horas lectivas: 72 horas

Formas de Evaluación: Proyecto de curso

Ecuaciones diferenciales (B3)

Objetivos

Enriquecer los conocimientos de grado con el estudio de los distintos tipos de ecuaciones diferenciales

Contenidos mínimos

Campos direccionales. Ecuaciones diferenciales de primer orden. Integración directa. Ecuaciones separables. Ecuaciones lineales. Ecuaciones exactas. Ecuaciones de Bernoulli. Ecuaciones homogéneas. Ecuaciones diferenciales lineales de segundo orden o de orden superior.

Total de horas lectivas: 36 horas

Forma de evaluación: Proyecto de curso. Promediando el curso, se entregarán problemáticas a resolver, en forma individual o grupal. Los mismos serán entregados para su evaluación usando un formato general publicación científica.

Análisis de datos cualitativos (B4)

Objetivos

Complementar los conocimientos de estadística de pregrado con el estudio de técnicas de análisis no paramétrico, otras técnicas de carácter topológico o gráficas para el análisis de datos cualitativos, y su relación con la inteligencia artificial.

Contenidos mínimos

Medidas de asociación entre variables con nivel de medición nominal u ordinal. Tablas de contingencia de dos o más dimensiones. Comparación de dos o más poblaciones con variables no paramétricas. Regresión logística. Reducción de datos, análisis de correspondencia. Técnicas topológicas de agrupación (*clustering*) jerárquicas y lineales. Alternativas no paramétricas del análisis discriminante. Modelos Log-lineales. Técnicas de

segmentación (CHAID). Árboles de decisión. Relación con redes neuronales y bayesianas. Detección de aglomerados. Mapeo. Sistemas de Información Geográfica (GIS).

Total de horas lectivas: 36 horas

Forma de evaluación: Proyecto de curso. Promediando el curso, se entregarán problemáticas a resolver, en forma individual o grupal. Los mismos serán entregados para su evaluación usando un formato general publicación científica.

La Teoría de la Información en Biología (B5)

Objetivos

Adquirir el manejo de los aspectos básicos de la teoría de la información y su empleo en la biología

Contenidos mínimos

El concepto de Información. La Teoría de la Información de Shannon: conceptos básicos. La teoría de la información y el análisis de secuencias. Complejidad informativa (entropía) global y local. Análisis de secuencias basado en aspectos informativos. Herramientas para el análisis individual y múltiple. Aplicaciones prácticas: logos de secuencias, otras aplicaciones.

Total de horas lectivas: 36 horas

Forma de evaluación: Proyecto de curso. Promediando el curso, se entregarán problemáticas a resolver, en forma individual o grupal. Los mismos serán entregados para su evaluación usando un formato general publicación científica.

Modelos estadísticos de aprendizaje supervisado y no supervisado (B6)

Objetivos

Aplicar correctamente métodos estadísticos de aprendizaje supervisado y no supervisado.

Contenidos mínimos

La regresión, como técnica básica de aprendizaje supervisado. El análisis discriminante con dos o varios grupos. La regresión logística, como alternativa no paramétrica para el estudio de datos biológicos. Los árboles de decisión: CHAID y otras técnicas de construcción de árboles. Modelos gráfico-probabilísticos: las redes bayesianas. Comparación de modelos de clasificación: las curvas ROC y técnicas estadísticas no paramétricas de comparación. Técnicas de aprendizaje no supervisado de carácter jerárquico. Relación con el alineamiento múltiple de proteínas. Técnicas lineales de agrupación: *K-means*. Importancia de las distancias en el análisis de secuencias. Técnicas de agrupación en dos etapas.

Total de horas lectivas: 36 horas

Formas de Evaluación: Proyecto de curso. Promediando el curso, se entregarán problemáticas a resolver, en forma individual o grupal. Los mismos serán entregados para su evaluación usando un formato general publicación científica.

Estadística bayesiana aplicada a la Bioinformática (B7)

Objetivos

Saber utilizar correctamente las redes bayesianas para la solución de diversos problemas de bioinformática.

Contenidos mínimos

Teorema de Bayes. Redes bayesianas. Aprendizaje estructural y aprendizaje paramétrico en redes bayesianas. Diferentes métodos de aprendizaje estructural en redes bayesianas. Criterios de decisión para la elección del método en dependencia del dominio de aplicación (bioinformática) y de las particularidades del problema que se quiere resolver. Evidencias. Propagación de evidencias. Las redes bayesianas como clasificadores. Productos de software disponibles.

Total de horas lectivas: 36 horas

Forma de evaluación: Proyecto de curso. Promediando el curso, se entregarán problemáticas a resolver, en forma individual o grupal. Los mismos serán entregados para su evaluación usando un formato general publicación científica.

Estructuras algebraicas del código genético (B8)

Objetivos

Conocer las diferentes estructuras algebraicas del código genético y su importancia bioinformática.

Codificar secuencias de ADN utilizando cualquiera de las estructuras algebraicas estudiadas.

Contenidos mínimos

Las moléculas principales de la vida y las diferentes posibilidades de codificación. Intentos anteriores de codificar el código genético sin estructuras algebraicas. Álgebras de Boole del Código Genético. Su enfoque como Sistema de Información. Grupos aditivos, módulos y álgebras sobre bases cíclicas. Espacios vectoriales de secuencias sobre campos de Galois. Álgebras de Lie. Diversos enfoques algebraicos para el estudio computacional de mutaciones. Posibilidades de investigaciones futuras suponiendo más de 4 bases nucleotídicas.

Total de horas lectivas: 36 horas

Formas de Evaluación: Exámenes teórico y práctico integradores al término del curso, apuntando a evaluar el dominio de los conceptos básicos del mismo.

Métodos avanzados en Biología de Sistemas. Estudio de sist. complejos (B9)

Objetivo

Conocer las distintas formas de estudio de sistemas con tiempo discreto y continuo y los principales conceptos asociados a ellos

Conocer la definición de complejidad y de sistemas complejos

Ejemplificar la modelación matemática de problemas en biología e inmunología

Contenidos mínimos

Mapas iterativos: estudio de sistemas con tiempo discreto. Mapa iterativo lineal (atractores y su estabilidad). Mapa iterativo no-lineal, mapa logístico (bifurcaciones, caos y fractales) Ecuaciones diferenciales: estudio de sistemas en tiempo continuo. Sistema dinámico lineal (espacio de fases, *nullclines* y atractores). Tipos de atractores existentes en sistemas lineales. Sistemas dinámicos no lineales (diferencias con el sistema lineal). Sistemas complejos. Termodinámica de los Sistemas Complejos. Autómatas celulares. Redes

complejas Consideraciones generales sobre la modelación matemática en la ciencia. Modelos de procesos biológicos elementales y cómo de ellos se pueden construir 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.

Total de horas lectivas: 36 horas

Forma de evaluación: Proyecto de curso

C - Núcleo Informático

Introducción general a la Bioinformática (C1)

Objetivos

Conocer qué es la bioinformática y cuáles son sus líneas de trabajo actuales

Contenidos mínimos

El incremento de datos de secuencias biológicas. Crecimiento del GenBank. Definiciones de la Bioinformática. La Biología computacional. Ciencias relacionadas. Diferentes niveles de adquisición y manejo de datos. Tópicos especiales en Bioinformática. Genómica comparativa. Análisis de estudios de expresión de genes. Genómica funcional. Genómica estructural. La proteómica, la transcriptómica y otros niveles de estudio. La bioinformática en la práctica. El paquete GCG para Bioinformática. El EMBOSS. Alternativas via servidores gratuitos en la Web. Necesidad de bioinformáticos de amplio espectro.

Total de horas lectivas: 36 horas

Formas de Evaluación: Proyecto de curso. Promediando el curso, se entregarán problemáticas a resolver, en forma individual o grupal. Los mismos serán entregados para su evaluación usando un formato general publicación científica.

Técnicas de optimización aplicadas a la Bioinformática (C2)

Objetivos

Comprender los valores y las limitaciones de las técnicas de alineamiento múltiple de secuencias como herramienta básica fundamental de la Bioinformática

Resolver problemas simples de bioinformática utilizando elementos de programación dinámica.

Aprender a utilizar técnicas alternativas como solución a la complejidad computacional.

Contenidos mínimos

Ideas generales de la Teoría de Optimización. La Programación dinámica. Método del gradiente descendente. Aplicaciones al alineamiento múltiple. Algoritmos EM/GEM. Cadenas de Markov y Métodos de Monte Carlo. Recocido simulado. Aprendizaje reforzado. Algoritmos evolutivos y genéticos. Aspectos generales de optimización en Bioinformática.

Total de horas lectivas: 36 horas

Formas de Evaluación: Proyecto de curso. Promediando el curso, se entregarán problemáticas a resolver, en forma individual o grupal. Los mismos serán entregados para su evaluación usando un formato general publicación científica.

Bases de datos de secuencias genómicas. Herramientas bioinformáticas en Internet (C3)

Objetivos

Conocer las principales bases de datos de secuencias genómicas y las herramientas bioinformáticas para el trabajo con ellas.

Contenidos mínimos

Bases de Datos de ADN y Proteínas. Búsqueda de Motivos y Homologías de proteínas. Estructuras de proteínas. Otras bases de datos interesantes sobre campos diversos. Los genomas y sus bases de datos. Bases de datos de ARN. Bases de datos de mutaciones.. Bases de datos de genomas mitocondriales. Herramientas actualizadas para el trabajo con estas bases de datos

Total de horas lectivas: 36 horas

Formas de Evaluación: Proyecto de curso. Promediando el curso, se entregarán problemáticas a resolver, en forma individual o grupal. Los mismos serán entregados para su evaluación usando un formato general publicación científica.

Minería de datos y limpieza en bases de datos bioinformáticos (C4)

Objetivos

Disponer de las herramientas básicas para extraer información y conocimiento a partir de colecciones de datos

Contenidos mínimos

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. Intersección entre el aprendizaje computacional, la estadística y las bases de datos. Selección, exploración y modelado de datos para descubrir patrones. Modelos descriptivos, reglas de asociación, *clustering*. Modelos predictivos, regresión, clasificación supervisada. Limpieza en las bases de datos Bioinformáticos. Problemas para la minería de datos.

Total de horas lectivas: 36 horas

Formas de Evaluación: Proyecto de curso. Promediando el curso, se entregarán problemáticas a resolver, en forma individual o grupal. Los mismos serán entregados para su evaluación usando un formato general publicación científica.

Reconocimiento de Patrones (C5)

Objetivos

Conocer los tipos de problemas que se enmarcan dentro del reconocimiento de patrones, así como algunos modelos y métodos que le permitan resolverlos.

Contenidos mínimos

Caracterización de los problemas de reconocimiento de patrones. Ejemplos. Formas de resolverlos. Planteamiento conjuntual y formal de un problema de reconocimiento de patrones. El problema de la selección de variables. Resultados básicos de la Teoría de Testores. Algoritmos para el cálculo de testores típicos. Importancia de los rasgos y objetos en función de los testores. Clasificación con aprendizaje, algoritmos. Clasificación sin aprendizaje y con aprendizaje parcial. Algoritmos. Modelo sintáctico estructural de reconocimiento de patrones.

Total de horas lectivas: 36 horas

Forma de Evaluación: Exámenes teórico y práctico integradores al término del curso, apuntando a evaluar el dominio de los conceptos básicos del mismo.

Procesamiento digital de señales. Aplicaciones en genomas (C6)

Objetivos

Conocer las posibilidades del procesamiento digital de señales en el análisis de secuencias genómicas, vistas como secuencias simuladas temporales a lo largo de un espacio.

Contenidos mínimos

El procesamiento digital de señales (DSP). Conceptos básicos y específicos. Sus posibilidades de aplicación en Bioinformática como nuevos métodos para el análisis de secuencias genómicas, en particular detección de periodicidades y regiones codificantes. Uso de adecuadas representaciones de bases nucleotídicas para convertirlas en series análogas a series temporales. Utilización consecuente de las herramientas de DSP en la solución de problemas bioinformáticos. Nuevas perspectivas que se deslumbran a partir de las estructuras algebraicas del código genético y de genomas.

Total de horas lectivas: 36 horas

Formas de Evaluación: Proyecto de Curso

Sistemas Avanzados de Base de Datos (C7)

Objetivos

Conocer el modelo de datos orientado a objetos.

Conocer propuestas para Lenguajes de Definición de Datos y lenguajes de solicitud para el paradigma Orientado a Objeto en Base de Datos.

Conocer los formalismos de las Bases de datos deductivos para representar hechos, restricciones de integridad, reglas de inferencias y consultas.

Conocer particularidades de avanzada de SQL3.

Contenidos mínimos

Modelos de datos orientados a objetos. Tendencias para lenguajes de definición de datos y lenguajes de solicitud orientados a objetos. Sistemas de Base de Datos orientados a objetos. Particularidades. Sistemas de base de Datos Deductivos. Lenguajes lógicos. Procesamiento recursivo de consultas. Características de avanzada en SQL3, colecciones de objetos y recursión. Nuevas tendencias en el desarrollo de Base de Datos.

Total de horas lectivas: 36 horas

Formas de evaluación: Seminarios evaluados.

La Bioinformática en el plano de la Metagenómica (C8)

Objetivos

Conocer los métodos de estudio de genomas desconocidos de muestras ambientales
Conocer las limitaciones del sistema de análisis de datos de metagenomas y el modo de resolverlas usando diferentes bases de datos

Contenidos mínimos

Concepto de metagenómica y genomas ambientales. Ensamblado de datos genómicos con secuenciadores de segunda generación. Limpieza de bases de datos metagenómicas y asignación de funciones e identidades.

Total de horas lectivas: 36 horas

Formas de Evaluación: Proyecto de curso. Promediando el curso, se entregarán problemáticas a resolver, en forma individual o grupal. Los mismos serán entregados para su evaluación usando un formato general publicación científica.

Agrupación y clasificación de textos (C9)

Objetivos

Acceder al manejo de la tipificación de datos contextuales y de las metodologías básicas de agrupación y clasificación

Contenidos mínimos

Tipología de textos y clasificación automatizada. Distintos tipos de clasificadores (algoritmos). Métodos de clasificación paramétrica y no paramétrica. Técnicas de clasificación jerárquica y no jerárquica. Clasificadores Bayesianos. Sistemas de Máquina de Vectores de Soporte.

Total de horas lectivas: 36 horas

Formas de Evaluación: Proyecto de curso. Promediando el curso, se entregarán problemáticas a resolver, en forma individual o grupal. Los mismos serán entregados para su evaluación usando un formato general publicación científica.

Conceptos básicos de inteligencia artificial (C10)

Objetivos

Conoce diversas técnicas de inteligencia artificial y saber utilizarlas.
Resolver problemas simples de bioinformática utilizando elementos de programación dinámica.

Contenidos mínimos

La teoría de las redes neuronales. Propiedades de la aproximación universal. *Priors* y Verosimilitud. Algoritmos de aprendizaje: propagación hacia atrás. Codificación de secuencias e interpretación de salidas. Correlaciones entre secuencias y redes neuronales. Predicción de estructura secundaria de proteínas. Otras predicciones con ayuda de redes neuronales. Evaluación del desempeño de las predicciones. Diferentes medidas de desempeño. Modelos ocultos de Markov. Información a priori e inicialización. Verosimilitud y algoritmos básicos. Aplicaciones de los modelos ocultos de Markov en proteínas y secuencias de ADN y ARN. Ventajas y limitaciones de estos modelos.

Total de horas lectivas: 36 horas

Formas de Evaluación: Proyecto de curso. Promediando el curso, se entregarán problemáticas a resolver, en forma individual o grupal. Los mismos serán entregados para su evaluación usando un formato general publicación científica.

Tópicos especiales de aprendizaje computarizado (C11)

Objetivos

Profundizar en los modelos gráficos, los modelos híbridos y la parametrización
Conocer la importancia del uso de los multclasificadores en problemas de bioinformática
Resolver problemas simples de bioinformática utilizando elementos de programación dinámica.

Contenidos mínimos

Modelos gráficos en Bioinformática. Redes bayesianas. Modelos de Markov y Simetrías del ADN. Modelos híbridos y parametrización con redes neuronales de los modelos gráficos. Redes neuronales recurrentes. Multclasificadores. Su aplicación a la predicción de estructura secundaria de secuencias y la predicción de antivirales. Problemas de aprendizaje computarizado bien planteados. Diseño del sistema de aprendizaje. Hipótesis de aprendizaje inductivo. Búsqueda de una hipótesis máximamente específica. Espacios de versión y algoritmo de eliminación de candidatos. Sesgo inductivo. Aprendizaje basado en instancias. K-vecinos más cercanos. Regresión localmente ponderada. Razonamiento basado en casos.

Total de horas lectivas: 36 horas

Forma de Evaluación: Proyecto de curso. Promediando el curso, se entregarán problemáticas a resolver, en forma individual o grupal. Los mismos serán entregados para su evaluación usando un formato general publicación científica.

Redes Neuronales Artificiales (C12)

Objetivos

Preparar a los estudiantes en el empleo de las Redes Neuronales Artificiales (ReNeAr) en la solución de problemas de clasificación, agrupamiento y búsqueda asociativa de información.

Contenidos mínimos

Redes neuronales naturales y artificiales. Estructura de los modelos de ReNeAr. Métodos para entrenar ReNeAr: aprendizaje supervisado y no supervisado. Modelos de ReNeAr. Heurísticas para construir ReNeAr.

Total de horas lectivas: 36 horas

Forma de Evaluación: Seminarios evaluados, Proyecto de curso. Promediando el curso, se entregarán problemáticas a resolver, en forma individual o grupal. Los mismos serán entregados para su evaluación usando un formato general publicación científica.

Sistemas Basados en el Conocimiento (C13)

Objetivos

Profundizar en las técnicas de Ingeniería para la construcción de Sistemas basados en el Conocimiento (SBC).

Desarrollar y/o modificar *shells* para los diferentes tipos de SBC.

Contenidos mínimos

Resumen de las técnicas de Representación del Conocimiento y los métodos de Solución de Problemas. Estudio de los mecanismos de funcionamiento de los SBC. Casos de estudio: Prolog, Sistemas basados en reglas (SBR), Sistemas basados en casos (SBCasos), Solución cooperativa de problemas (SCP). Ingeniería del conocimiento para los SBC: validación y verificación.

Total de horas lectivas: 36 horas

Forma de evaluación: Seminarios evaluados, Proyecto de curso. Promediando el curso, se entregarán problemáticas a resolver, en forma individual o grupal. Los mismos serán entregados para su evaluación usando un formato general publicación científica.

Computación Paralela (C14)

Objetivos

Conocer técnicas para el uso de la programación paralela en el desarrollo de herramientas.

Estudiar los elementos básicos de las arquitecturas y modelos paralelos.

Dominar las técnicas básicas para el diseño y análisis de algoritmos paralelos.

Estudiar algún LP paralelo o con facilidades en la implementación de algoritmos paralelos.

Contenidos mínimos

Introducción a la Computación Paralela: arquitecturas paralelas, modelos paralelos, paradigmas de software paralelo. Técnicas básicas. Diseño y Análisis de algoritmos paralelos. Un LP con facilidades para la programación paralela: características. Aplicaciones de los algoritmos paralelos.

Total de horas lectivas: 36 horas

Forma de Evaluación: Exámenes teórico y práctico integradores al término del curso, apuntando a evaluar el dominio de los conceptos básicos del mismo.

Asignatura extracurricular

Metodología de la Investigación (O3)

Objetivos

Conocer los principios fundamentales de la metodología de la investigación, así como las etapas del proceso de investigación.

Adquirir hábitos para proyectar, diseñar y redactar proyectos de investigación.

Conocer los lineamientos establecidos para elaborar proyectos e informes finales de investigación.

Contenidos mínimos

Principios básicos del proceso de investigación. Las etapas del proceso de investigación. Planteamientos del problema de investigación. Objetivos. Preguntas de investigación. Justificación de la investigación. El marco teórico. Detectar, localizar, obtener y consultar la bibliografía. Construcción del marco teórico. Clasificación de la investigación por su carácter. Formulación de las hipótesis. Tipos y nivel de hipótesis. Las hipótesis estadísticas. Su verificación. Diseño de la Investigación. Investigaciones con experimentos: Diseño pre experimentales, para experimentos verdaderos y cuasi experimentos. Diseño para

investigaciones no experimentales. Selección de la muestra. Tipos de muestreo. Análisis de datos obtenidos. Interpretación de los resultados. Guías para elaborar proyectos de investigación así como informes finales de investigación.

Total de horas lectivas: 36 horas

Forma de Evaluación: Proyecto de curso. Promediando el curso, se entregarán problemáticas a resolver, en forma individual o grupal. Los mismos serán entregados para su evaluación usando un formato general publicación científica.