

**UNIVERSIDAD AUTÓNOMA
DE CHIHUAHUA**



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE
CHIHUAHUA

UNIDAD ACADÉMICA:
FACULTAD DE CIENCIAS
QUÍMICAS

PROGRAMA DEL CURSO:
Bioinformática

DES:	Ingeniería
Programa(s) académico(s)	Maestría en Biotecnología
Tipo de Materia: Obligatoria / Optativa	Optativa
Clave de la Materia:	MB503
Semestre:	Segundo o tercero
Área en plan de estudios (B, P, E, O):	Específica
Total de horas por semana:	4
Laboratorio o Taller:	0
h./semana trabajo presencial/virtual	0
h./semana laboratorio/taller	0
h. trabajo extra-clase:	0
Total de horas por semestre: Total de horas semana por 16 semanas	64
Créditos totales:	4
Fecha de actualización:	07 de noviembre de 2024
Responsable(s) del diseño del programa del curso:	Edward Alexander Espinoza Sánchez, Zilia Yanira Muñoz Ramírez, Quintín Rascón Cruz
Prerrequisito (s):	Ninguno

DESCRIPCIÓN DE LA UNIDAD DE APRENDIZAJE/ CURSO:

Esta Unidad de Aprendizaje, integrante del conjunto de materias optativas de la Maestría en Biotecnología, se distingue por su enfoque en bioinformática. Su propósito fundamental consiste en desarrollar en el estudiante la capacidad de analizar secuencias de ADN, ARN y proteínas. Para alcanzar este objetivo, se orienta a que el estudiante implemente estrategias que le permitan identificar patrones de construcción en dichas secuencias, analizar sus componentes y entender sus interacciones. Todo esto con el fin de posibilitar la predicción, comparación y manipulación de las secuencias para su aplicación en el modelado de sistemas biológicos complejos, permitiendo así el diseño y creación de organismos vivos con características específicas. Durante el curso se realizan evaluaciones del desempeño del estudiante al final de cada unidad de aprendizaje.

COMPETENCIA PRINCIPAL QUE SE DESARROLLA:

BT3. Bioprocesos. Genera, analiza y/o adapta rutas de procesamiento biotecnológico para el diseño y la producción de compuestos biológicos. Tiene como objetivo el mejoramiento y la optimización de bioprocesos.

OTRAS COMPETENCIAS A LAS QUE SE CONTRIBUYE CON EL DESARROLLO DE LA UNIDAD DE APRENDIZAJE/CURSO:

3. Eje transversal: Fronteras del conocimiento y liderazgo científico (excelencia y vanguardia). Se centra en el desarrollo del pensamiento crítico, el conocimiento de innovaciones científicas, tecnológicas, humanísticas y artísticas para resolver problemas. Resalta la importancia de habilidades digitales, la colaboración en propuestas innovadoras, y el discernimiento ético para asegurar soluciones solidarias, responsables y sostenibles, bajo criterios de equidad e inclusión. Enfatiza la participación en contextos culturales diversos, el desarrollo socioemocional, y la formación continua. Las acciones incluyen la difusión de conocimientos, saberes y la promoción de proyectos innovadores desde las distintas disciplinas o tecnológicamente avanzados. Se aplica una visión centrada en la excelencia y vanguardia, considerando aspectos clave como la formación integral del estudiante. Esto implica no solo enfocarse en habilidades técnicas y conocimientos especializados, sino también en el desarrollo de habilidades blandas.

DOMINIOS	OBJETOS DE ESTUDIO	RESULTADOS DE APRENDIZAJE	METODOLOGÍA	EVIDENCIAS DE DESEMPEÑO
----------	--------------------	---------------------------	-------------	-------------------------

<p>Utiliza o genera modelos teóricos para simular moléculas o bioprocesos.</p>	<p>OBJETO DE ESTUDIO I Bases Moleculares de la Genética y la Biología Molecular 1. Estructura y composición del ADN/ARN 2. Estructura y composición de proteínas 3. Código genético 4. Estructura de los genes (promotores, amplificadores, represores) 5. Marcos de lectura abiertos (ORF) 6. Mapas físicos y genéticos EST, STS</p>	<p>Interpreta y aplica el código genético, relacionándolo con la síntesis de proteínas y comprendiendo cómo las variaciones en el código afectan la diversidad biológica.</p> <p>Examina las estructuras de los genes, incluyendo promotores, amplificadores y represores, identificando su papel en la regulación génica y la expresión diferencial.</p> <p>Razona la determinación de marcos de lectura abierto y su importancia en el análisis de funcionalidad genética.</p>	<p>Se realiza una búsqueda y análisis de información referente a las bases moleculares de la genética y biología molecular utilizando recursos didácticos alojados en bases de datos.</p> <p>Se realiza una discusión en grupos de los resultados de las investigaciones de tareas individuales.</p> <p>El profesor expone el tema de estudio haciendo énfasis en la importancia del tema en diferentes áreas de la ciencia.</p>	<p>Presentación de reportes académicos de problemas aplicados.</p> <p>Evaluación práctica</p>
<p>Utiliza o genera modelos teóricos para simular moléculas o bioprocesos.</p> <p>Produce o diseña biomoléculas activas.</p>	<p>OBJETO DE ESTUDIO II Biología computacional 1. Introducción a la Bioinformática 2. Importancia de la bioinformática en la investigación biológica 3. Algoritmo y programa 4. Pseudocódigo, estructuras de datos y recursión 5. Cadenas, hashing, secuencias, árboles y grafos. 6. Complejidad de los algoritmos</p>	<p>Conoce los principios fundamentales de la Bioinformática y discute su importancia en la investigación biológica actual.</p> <p>Diferencia entre un algoritmo y un programa, identificando cómo los algoritmos son la base conceptual de los programas en Bioinformática.</p> <p>Evalúa la complejidad de los algoritmos utilizados en Bioinformática y comprender cómo esta complejidad afecta el rendimiento computacional.</p>	<p>El profesor expone el tema de estudio haciendo énfasis en la importancia de la bioinformática en la investigación biológica.</p> <p>Se realiza una búsqueda y análisis de información referente a algoritmos y programas utilizados en el estudio de fenómenos biológicos.</p> <p>Se realiza una discusión en grupos sobre resultados de las investigaciones de tareas individuales.</p>	<p>Presentación de reportes académicos de problemas aplicados.</p> <p>Lista de cotejo</p>
<p>Utiliza o genera modelos teóricos para simular moléculas o bioprocesos.</p> <p>Produce o diseña biomoléculas activas.</p>	<p>OBJETO DE ESTUDIO III Uso de bases de datos biológicas 1. Bases de datos primarias: GenBank, EMBL, ENA, DDBJ, dbEST, UNIPROT-KB 2. Bases de datos secundarias: PROSITE, PRINTS, PFAM 3. Estructura de los registros 4. Tabla de características y estrategias de búsqueda 5. Métodos de secuenciación de ADN</p>	<p>Examina la estructura y Funcionamiento de Bases de Datos Biológicas</p> <p>Utiliza las bases de datos primarias y secundarias para la obtención de información biológica relevante.</p> <p>Comprende los principios y procesos detrás de diferentes métodos de secuenciación de ADN determinando las ventajas y limitaciones</p>	<p>Se realizan prácticas con el uso de bases de datos biológicas que permitan comprender el funcionamiento y utilidad de estas.</p> <p>El profesor explica los principios y procesos detrás de los métodos de secuenciación.</p> <p>Se realizan trabajos extraclase enfocados a comprender los métodos de secuenciación.</p>	<p>Presentación de reportes académicos de problemas aplicados.</p> <p>Lista de cotejo</p> <p>Tareas</p>

		de cada método de secuenciación.		
<p>Utiliza o genera modelos teóricos para simular moléculas o bioprocesos.</p> <p>Produce o diseña biomoléculas activas.</p> <p>Emplea la estadística en la interpretación de resultados y construcción de conocimiento.</p>	<p>OBJETO DE ESTUDIO IV Programación dinámica y algoritmos heurísticos: comparación de secuencias</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Comparación de secuencias 2. Formato FASTA, HUPO-PSI 3. Homología y similitud 4. Matrices de puntos (dot plots). 5. Alineamiento global: algoritmos de programación dinámica 6. Alineamientos globales (Needleman-Wunsch) 7. Modelos Ocultos de Markov (HMM) 8. Alineamientos locales (Smith-Waterman) 9. Algoritmos heurísticos: FASTA y BLAST 10. Interpretación de los alineamientos y sus puntuaciones (Matrices de sustitución BLOSUM y PAM) 11. BLAST como herramienta de identificación de secuencias 12. Búsqueda avanzada 13. Alineamiento múltiple de secuencias (AMS) 14. Evaluación de la calidad de alineamientos múltiples 15. Algoritmos de programación dinámica. Algoritmos heurísticos (progresivos, iterativos y probabilísticos) 	<p>Comprende la diferencia entre formatos de secuencias.</p> <p>Diferencia entre homología y similitud en el contexto de comparación de secuencias.</p> <p>Aplica algoritmos de programación dinámica para comparar secuencias. Evalúa y comprende los resultados de los alineamientos, considerando las puntuaciones y la interpretación de las matrices de sustitución. Aplica métodos de alineamiento múltiple, distinguiendo entre progresivos, iterativos y basados en árboles. Evalúa los algoritmos heurísticos progresivos, iterativos y probabilísticos en el contexto de la bioinformática.</p>	<p>El profesor explica el funcionamiento de programación dinámica utilizando diapositivas.</p> <p>Se realizan prácticas de laboratorio para el análisis de secuencias utilizando programas y plataformas.</p> <p>Se realizan trabajos extraclase enfocados a comprender los alineamientos.</p>	<p>Presentación de reportes académicos de problemas aplicados.</p> <p>Lista de cotejo</p> <p>Examen práctico</p>
<p>Utiliza o genera modelos teóricos para simular moléculas o bioprocesos.</p> <p>Emplea la estadística en la interpretación de resultados y construcción de conocimiento.</p>	<p>OBJETO DE ESTUDIO V Identificación de genes ab initio, mapas de restricción y ensamblado de fragmentos de ADN</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Identificación de genes en procariotas (ORF) 2. Localización de elementos reguladores 3. Localización de exones e intrones en eucariotas 4. Mapas de restricción de ADN 5. Análisis de marcos de lectura 6. Mutaciones silenciosas para edición de genes 7. Diseño de vectores de clonación y expresión 	<p>Aplica métodos para la identificación de genes en eucariotas y procariotas mediante la identificación de marcos de lectura abiertos.</p> <p>Localiza elementos reguladores y distingue entre exones e intrones en eucariotas.</p> <p>Crea y analiza mapas de restricción de ADN para comprender la distribución de sitios de restricción.</p> <p>Realiza análisis detallados de marcos de lectura, identificando características relevantes.</p> <p>Diseña vectores de clonación y expresión considerando elementos necesarios para la inserción y expresión de genes en sistemas heterólogos.</p>	<p>El profesor explica mediante diapositivas las necesidades de identificación de genes a partir de secuencias de ADN.</p> <p>Se realizan ejercicios prácticos para la creación de mapas de restricción.</p> <p>Se realizan ejercicios prácticos utilizando plataformas y programas para la construcción de vectores utilizados en biología sintética.</p>	<p>Presentación de reportes académicos de problemas aplicados.</p> <p>Lista de cotejo</p>
<p>Utiliza o genera modelos teóricos</p>	<p>OBJETO DE ESTUDIO VI</p>	<p>Aplica técnicas de alineamiento de</p>	<p>Se realizan ejercicios prácticos enfocados en el</p>	<p>Presentación de reportes</p>

<p>para simular moléculas o bioprocesos.</p>	<p>Análisis de secuencia de proteínas</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Alineamiento de secuencias de proteínas 2. La herramienta BLAST para identificar proteínas en la base de datos 3. Determinación de la composición aminoacídica de proteínas 4. Identificación de Dominios 5. Determinación de estructuras tridimensionales 6. Predicción de la estructura secundaria y terciaria de las proteínas 7. Predicción de interacciones intermoleculares (docking) 8. Ingeniería de proteínas para mejora de funcionalidad enzimática 	<p>secuencias de proteínas para comparación y análisis.</p> <p>Emplea la herramienta BLAST para la identificación de proteínas en bases de datos, comprendiendo sus parámetros y resultados.</p> <p>Identifica dominios en secuencias proteicas y entiende su relevancia funcional.</p> <p>Aplica herramientas de predicción para la estructura secundaria y terciaria de proteínas.</p> <p>Realiza predicciones de interacciones intermoleculares.</p> <p>Comprende y aplica estrategias de ingeniería de proteínas para el diseño y mejora de proteínas con aplicaciones específicas.</p>	<p>alineamiento de secuencias de aminoácidos.</p> <p>Se utilizarán bases de datos para la búsqueda de dominios en proteínas.</p> <p>Se realizan ejercicios prácticos utilizando plataformas y programas para el análisis de interacción molecular.</p>	<p>académicos de problemas aplicados.</p> <p>Lista de cotejo</p>
<p>Utiliza o genera modelos teóricos para simular moléculas o bioprocesos.</p>	<p>OBJETO DE ESTUDIO VII Análisis de filogenia</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Filogenia y teoría de evolución molecular Significado biológico 2. Parsimonia y compatibilidad 3. Diversidad entre poblaciones y subpoblaciones 4. Grupos monofiléticos, parafiléticos y polifiléticos 5. Construcción de matrices binarias 6. Algoritmos DICE, Jaccard y Emparejamiento simple 7. Construcción de dendrogramas usando matrices binarias 8. Construcción de dendrogramas <ol style="list-style-type: none"> a) UPGMA b) Maximun Likelihood c) Neighbor-Joining d) Minimum Evolution e) Maximum Parsimony f) Dendrogramas basados en secuencia de nucleótidos g) Dendrogramas basados en secuencia de aminácidos (ClustalW/MUSCLE) h) Dendrogramas basados en marcación molecular (RFLPs, RAPDs, AFLPs, SRAPs) 9. Interpretación y evaluación de los árboles generados (Bootstrap). 	<p>Comprende el significado biológico de la filogenia y su relación con la teoría de evolución molecular.</p> <p>Evalúa la diversidad entre poblaciones y subpoblaciones.</p> <p>Diferencia entre grupos monofiléticos, parafiléticos y polifiléticos.</p> <p>Construye matrices binarias para representar relaciones.</p> <p>Comprende el principio de la construcción de dendrogramas y árboles filogenéticos</p> <p>Diferencia y aplica métodos de construcción de dendrogramas</p> <p>Genera dendrogramas basados en secuencias de nucleótidos, aminoácidos y</p>	<p>Se realizan ejercicios prácticos enfocados en análisis de filogenia utilizando programas y plataformas.</p> <p>Se realizan ejercicios prácticos utilizando programas para el desarrollo de dendrogramas y árboles filogenéticos.</p> <p>Se realizan trabajos extraclase enfocados a comprender la filogenia.</p>	<p>Presentación de reportes académicos de problemas aplicados.</p> <p>Lista de cotejo Examen práctico</p>

		<p>marcadores moleculares.</p> <p>Interpreta y evalúa la validez de los árboles generados, incluyendo el uso de Bootstrap.</p>		
<p>Utiliza o genera modelos teóricos para simular moléculas o bioprocesos.</p>	<p>OBJETO DE ESTUDIO VIII Aplicaciones de la Bioinformática</p> <p>2. Introducción a las ciencias ómicas. 3. Análisis de datos obtenidos por secuenciación de nueva generación 4. Análisis de amplicones y Metagenómica 5. Introducción a la genómica comparativa. 6. Uso del consorcio de referencia de genomas (GRC) 7. Uso del Archivo de Variación Estructural Genómica (dbVar) 8. Análisis de genomas completos 9. Proyecto Genoma Humano</p>	<p>Comprende las técnicas de análisis de datos transcriptómicos, permitiéndole interpretar la expresión génica a nivel de ARN.</p> <p>Desarrolla habilidades prácticas mediante la ejecución de análisis de datos transcriptómicos, integrando la información obtenida con los conceptos teóricos adquiridos.</p> <p>Se familiariza con el consorcio de referencia de genomas para acceder a información genómica.</p> <p>Se familiariza con el Proyecto Genoma Humano, comprendiendo su importancia histórica y sus implicaciones en la investigación genómica.</p>	<p>Se realizan ejercicios prácticos sobre el análisis de secuencias obtenidas utilizando información contenida en Trace.</p> <p>Se realizan ejercicios prácticos utilizando plataformas y programas para el análisis de filogenia.</p> <p>Se realizan trabajos extraclase enfocados a reforzar la utilidad de la bioinformática en la investigación biológica.</p>	<p>Presentación de reportes académicos de problemas aplicados.</p> <p>Portafolio</p>

FUENTES DE INFORMACIÓN	EVALUACIÓN DE LOS APRENDIZAJES
<p>Baxevanis, A. D., & Ouellette, F. (2004). Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins (2nd Edition ed.): Wiley.</p> <p>Gibas, C., & Jambeck, P. (2001). Developing bioinformatics computer skills: O'Reilly Media, Inc.</p> <p>Hasija, Y. (2023). All About Bioinformatics: From Beginner to Expert: Elsevier. https://doi.org/10.1016/C2022-0-01349-0</p> <p>Mount, D. (2004). Bioinformatics Sequences and Genome Analysis (2nd Edition ed.). USA: Cold Spring Harbor Laboratory Press.</p> <p>Pevsner, J. (2009). Functional Genomics. https://doi.org/10.1002/9780470451496.ch12</p> <p>http://bioinformatics.oxfordjournals.org/ http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ http://www.ebi.ac.uk/ http://www.ddbj.nig.ac.jp/ http://nar.oxfordjournals.org/ http://www.inab.org/ http://bioinformatics.org/</p>	<p>Portafolio de Evidencias (Autoevaluación, Coevaluación y Heteroevaluación): Los estudiantes mantendrán un portafolio de evidencias con las actividades realizadas en clase, así como las actividades extraclase.</p> <p>Listas de Cotejo: Se utilizarán listas de cotejo para evaluar la precisión en los resultados obtenidos en las prácticas.</p> <p>Pruebas prácticas: Se realizarán exámenes prácticos referentes a las unidades de aprendizaje.</p> <p>Portafolio de evidencias: 30% Pruebas prácticas: 60% Listas de cotejo: 10%</p>

Perfil del docente que imparte el curso

El docente deberá tener estudios de doctorado en ciencias con experiencia en ciencias moleculares: Bioquímica, Biología Molecular, Bioinformática, Genética o disciplinas afines, con conocimientos profundos de técnicas experimentales de biología molecular, biología sintética, secuenciación de ADN y análisis de expresión génica, con comprensión sólida de la estructura y función de los ácidos nucleicos, proteínas y procesos celulares. Deberá contar con experiencia en investigación que integre técnicas experimentales de biología molecular y análisis bioinformáticos, lo que permitirá la comunicación clara y efectiva de conceptos moleculares complejos a

estudiantes, asegurando que los estudiantes no sólo comprendan los conceptos teóricos, sino que también adquieran habilidades prácticas fundamentales en diferentes áreas de la biotecnología.

CRONOGRAMA DEL AVANCE PROGRAMÁTICO

Objetos de Estudio	Semanas															
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
OBJETO DE ESTUDIO 1	■															
OBJETO DE ESTUDIO 2	■															
OBJETO DE ESTUDIO 3		■	■													
OBJETO DE ESTUDIO 4				■	■											
OBJETO DE ESTUDIO 5						■	■	■								
OBJETO DE ESTUDIO 6									■	■	■					
OBJETO DE ESTUDIO 7												■	■			
OBJETO DE ESTUDIO 8														■	■	■