

<p><b>UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE CHIHUAHUA</b></p>  <p>UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE CHIHUAHUA</p> <p><b>UNIDAD ACADÉMICA:</b> FACULTAD DE CIENCIAS QUÍMICAS</p> <p><b>PROGRAMA DEL CURSO:</b> BIOINFORMÁTICA</p>	<b>DES:</b>	Ingeniería y Ciencias
	<b>Programa(s) académico(s)</b>	Químico Bacteriólogo Parasitólogo
	<b>Tipo de Materia:</b> <i>Obligatoria / Optativa</i>	Optativa
	<b>Clave de la Materia:</b>	BIO711
	<b>Semestre:</b>	Séptimo
	<b>Área en plan de estudios (B,P,E,O):</b>	Optativa
	<b>Total de horas por semana:</b>	4
	<b>h./semana trabajo presencial/virtual:</b>	0
	<b>h./semana laboratorio/taller:</b>	3
	<b>h./trabajo extra-clase:</b>	1
	<b>Total de horas por semestre:</b> <i>Total de horas semana por 16 semanas</i>	64
	<b>Créditos totales:</b>	4
	<b>Fecha de actualización:</b>	Octubre 2024
	<b>Responsable(s) del diseño del programa del curso:</b>	Zilia Yanira Muñoz Ramírez Edward Alexander Espinoza Quintín Rascón Cruz
<b>Prerrequisito (s):</b>	230 créditos + QBD612	
<b>DESCRIPCIÓN DE LA UNIDAD DE APRENDIZAJE/CURSO:</b>		
<p>La bioinformática aborda las herramientas computacionales esenciales para el análisis de datos biológicos, lo que es fundamental para la biología moderna debido a la gran cantidad de información genética que se genera hoy en día. A lo largo del curso, se estudiará cómo utilizar programas especializados y bases de datos biológicas para identificar y analizar secuencias de ADN y proteínas. Este conocimiento permitirá a los estudiantes comprender mejor los procesos biológicos a nivel molecular y aplicar sus habilidades en proyectos de investigación y diagnósticos básicos.</p> <p>El curso promoverá el desarrollo de habilidades en la búsqueda, manejo y análisis de información biológica, además de la capacidad crítica para interpretar datos complejos. A lo largo de la materia, los estudiantes aprenderán a utilizar herramientas bioinformáticas para resolver problemas específicos, fortaleciendo su capacidad para llevar a cabo análisis que impacten tanto en la investigación académica como en la práctica profesional. Competencias clave incluyen la capacidad de trabajo colaborativo, la interpretación de resultados biológicos a través de técnicas computacionales y la presentación de conclusiones científicas de manera clara y precisa.</p> <p>El ambiente de aprendizaje será presencial, combinando aspectos teóricos, prácticas de laboratorio computacional, estudio de casos clínicos y actividades estratégicas que permitan reforzar y brindar a los estudiantes una comprensión integral de la bioinformática y su relevancia en la investigación biológica actual.</p>		

## COMPETENCIA PRINCIPAL QUE DESARROLLA:

### PI1. CIENCIAS E INGENIERÍA

Aplica conocimientos avanzados y metodologías de ciencias biológicas y la ingeniería en la resolución de problemas complejos, utilizando herramientas computacionales e informáticas para explorar, interpretar y resolver desafíos científicos y técnicos para el análisis de datos biológicos.

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

#### B1. EXCELENCIA Y DESARROLLO HUMANO

La excelencia educativa promueve el desarrollo humano integral con resultados tangibles obtenidos en la formación de profesionales con conciencia ética y solidaria, pensamiento crítico y creativo, así como una capacidad innovadora, productiva y emprendedora. Se puntualiza en los aprendizajes, como referente para construir nuevas propuestas y soluciones en el marco de la innovación y pertinencia social, con matices éticos y de valores, que desde su particularidad cultural le permitan respetar la diversidad, promover la inclusión, valorar la interculturalidad.

#### DB.3 HERRAMIENTAS MATEMÁTICAS

Implementa ecuaciones, análisis numéricos y métodos estadísticos para resolver problemas complejos en el análisis de secuencias de ADN/ARN y proteínas.

### PI3. INVESTIGACIÓN EN CIENCIAS E INGENIERÍA

Desarrolla la formulación de preguntas de investigación, el planteamiento de hipótesis, el diseño de experimentos *in silico*, el análisis e interpretación de datos.

<b>DOMINIOS</b> (Se toman de las competencias)	<b>OBJETOS DE ESTUDIO</b> (Contenidos necesarios para desarrollar cada uno de los dominios, temas y subtemas)	<b>RESULTADOS DE APRENDIZAJE</b> (Se plantean de los dominios y contenidos)	<b>METODOLOGÍA</b> (Estrategias, secuencias, recursos didácticos)	<b>EVIDENCIAS DE DESEMPEÑO</b> (Productos tangibles que permiten valorar los resultados de aprendizaje)
PI3.1. Aplica los principios básicos de las ciencias o la ingeniería a través de la formulación de preguntas, planteamiento de hipótesis, escenarios, diseño de experimentos y análisis e interpretación de datos con base en el juicio científico o ingenieril.	<b>Objeto de Estudio 1</b> <b>Introducción a la bioinformática.</b> 1.1. Historia y evolución de la bioinformática. 1.2. Importancia de la bioinformática en la investigación biológica. 1.3. Métodos de secuenciación nucleotídicas y protéicas. 1.3.1. Secuenciación de Sanger. 1.3.2. Secuenciación de nueva generación.	Aplica conocimientos interdisciplinarios para entender la evolución de la bioinformática y su impacto en la investigación biológica.	Estudio Individual Exposiciones del profesor Tareas individuales	Exámenes escritos Cuadro sinóptico

	<p>1.3.3. Secuenciación de moléculas individuales en tiempo real.</p> <p>1.3.4. Secuenciación de proteínas por el método de Edman y espectrometría de masas.</p> <p>1.4. Conceptos básicos de evolución molecular.</p> <p>1.4.1. Estructura y composición del ADN/ARN y proteínas.</p> <p>1.4.2. Marcos de lectura abiertos (ORF).</p> <p>1.4.3. Tipo de mutaciones.</p> <p>1.4.4. Genes homólogos: ortólogos y parálogos.</p> <p>1.4.5. Homología de secuencia y estructural en proteínas.</p>			
--	---	--	--	--

<p>PI3.3. Utiliza recursos y herramientas de ciencias o ingeniería para elaborar estrategias que permitan plantear posibles soluciones a problemas complejos del campo profesional en el desarrollo sostenible.</p>	<p><b>Objeto de Estudio 2</b> <b>Bases de datos de secuencias.</b></p> <p>2.1 Bases de datos de ácidos nucleicos (EMBL, GenBank, DDBJ).</p> <p>2.2 Bases de datos de secuencias de proteínas (Uniprot/SwissProt y Uniprot/TrEMBL).</p> <p>2.3 Bases de datos de secuencias especializadas, de referencia y de genomas.</p> <p>2.4 Herramientas de búsqueda: Entrez.</p> <p>2.5 Visualización de genomas.</p> <p>2.6 Formatos de archivos más utilizados en la bioinformática (fasta, gbk, etc).</p>	<p>Implementa conocimientos de biología para el uso y análisis de bases de datos biológicas.</p>	<p>Tareas individuales</p> <p>Exposiciones del profesor y el estudiante</p> <p>Práctica de laboratorio</p>	<p>Exámenes escritos</p> <p>Elaboración de reportes de prácticas de laboratorio</p>
<p>DB3.2. Resuelve mediante el uso de herramientas matemáticas, problemas inherentes a las áreas científicas.</p>	<p><b>Objeto de Estudio 3</b> <b>Alineamientos de secuencias.</b></p> <p>3.1 Introducción a los alineamientos de secuencias.</p> <p>3.1.1 Definición de identidad, homología y similitud.</p> <p>3.2 Métodos de alineamiento.</p> <p>3.2.1 Alineamiento local (Smith-Waterman).</p> <p>3.2.2 Alineamiento global (Needleman-Wunsch).</p>	<p>Aplica estrategias, algoritmos y métodos matemáticos para buscar, comparar, evaluar y analizar secuencias biológicas utilizando herramientas bioinformáticas.</p>	<p>Exposiciones del profesor y el estudiante</p> <p>Práctica de laboratorio</p>	<p>Exposición</p> <p>Elaboración de reportes de prácticas de laboratorio</p>

	<p>3.3 Alineamientos pareados.</p> <p>3.3.1 Programación dinámica.</p> <p>3.3.2 Dot plots</p> <p>3.4 Uso de matrices de puntuación (BLOSUM y PAM) y penalizaciones (Gap y Extensión).</p> <p>3.5 Puntuaciones de alineamientos (P-value, Z-score, E-value y Bit-score).</p> <p>3.6 Búsqueda de secuencias homólogas con BLAST y FASTA.</p> <p>3.7 Alineamientos múltiples.</p> <p>3.7.1 Progresivos (Clustal).</p> <p>3.7.2 Iterativos (MUSCLE).</p> <p>3.7.3 Basados en árboles (T-Coffee).</p> <p>3.7.4 Evaluación de alineamientos.</p> <p>3.7.5 Edición y visualización de resultados de alineamiento múltiples.</p>			
--	--	--	--	--

<p>DB3.3. Utiliza herramientas estadísticas y software para el tratamiento, análisis y predicción de datos tanto teóricos como experimentales.</p> <p><b>B1.1 Desarrolla el pensamiento crítico a partir de la libertad, el análisis, la reflexión y la argumentación.</b></p>	<p><b>Objeto de Estudio 4</b> <b>Análisis filogenético.</b></p> <p>4.1 Introducción a la filogenia.</p> <p>4.2 Estructura y tipos de árboles filogenéticos.</p> <p>4.3 Modelos evolutivos</p> <p>4.3.1 Selección de modelo evolutivo: likelihood ratio test (hLRT), Akaike Information Criterion (AIC) y Bayesian Information Criterion (BIC).</p> <p>4.4 Análisis filogenético utilizando el método de distancia.</p> <p>4.4.1 UPGMA</p> <p>4.4.2 Neighbor-joining</p> <p>4.4.3 Mínima evolución.</p> <p>4.4.4 Otros métodos de distancias.</p> <p>4.4.5 Evaluación de árboles (Bootstrap).</p> <p>4.5 Análisis filogenético utilizando el método de máxima verosimilitud.</p> <p>4.6 Análisis filogenético utilizando el método Bayesiano.</p> <p>4.7 Análisis filogenético utilizando el método de parsimonia.</p> <p>4.8 Análisis filogenético utilizando secuencias proteicas.</p>	<p>Diseña y ejecuta estudios filogenéticos para explorar relaciones evolutivas, utilizando modelos matemáticos y estadísticos para la construcción y evaluación de árboles filogenéticos.</p>	<p>Exposiciones del profesor y el estudiante</p> <p>Búsqueda y análisis de información</p> <p><b>Dispositivo de aprendizaje:</b> <b>¿Pueden los árboles filogenéticos realmente identificar la diversidad microbiana?</b></p>	<p>Presentación oral y escrita</p> <p>Presentación escrita y debate del proyecto</p> <p>Reporte escrito del proyecto</p>
--	---	---	---	--

## LABORATORIO DE CÓMPUTO

<b>PRÁCTICA</b> (Nombre de la práctica)	<b>DOMINIO PROCEDIMENTAL</b>	<b>OBJETIVO DE LA PRÁCTICA</b>	<b>TIPO DE PRÁCTICA</b>	<b>EVIDENCIAS DE DESEMPEÑO</b> (Productos tangibles que permiten valorar los resultados de la práctica)
Práctica 1: Base de datos biológicas.	Registrar, procesar y concentrar datos para información de estadística.	Conocer y utilizar las bases de datos que se utilizan en bioinformática.	Tipo 2: Cerrada	Documento o archivo digital
Práctica 2: Alineamientos por programación dinámica.	Registrar, procesar y concentrar datos para información de estadística.	Comprender los métodos de alineamiento de pares de secuencias de ADN y proteínas utilizando programación dinámica.	Tipo 2: Cerrada	Documento o archivo digital
Práctica 3: Alineamiento por métodos heurísticos (BLAST) y análisis estadístico.	Registrar, procesar y concentrar datos para información de estadística. Registrar, procesar y concentrar datos para información de estadística.	Conocer y aplicar las técnicas de alineamiento heurístico y estadísticas que permiten interpretar el significado biológico de los alineamientos.	Tipo 2: Cerrada	Documento o archivo digital
Práctica 4: Búsqueda de similitudes en bases de datos.	Registrar, procesar y concentrar datos para información de estadística.	Conocer el fundamento de los programas BLAST y FASTA, y utilizarlos para la búsqueda de similitudes de secuencias en bases de datos.	Tipo 2: Cerrada	Documento o archivo digital
Práctica 5: Alineamiento múltiple de secuencias y su evaluación.	Registrar, procesar y concentrar datos para información de estadística.	Comprender los fundamentos de las técnicas de alineamiento múltiple progresivas e iterativas y sus métodos de evaluación.	Tipo 2: Cerrada	Documento o archivo digital
Práctica 4: Selección de modelos evolutivos y análisis filogenético por el criterio de distancias.	Registrar, procesar y concentrar datos para información de estadística.	Emplear diferentes criterios para la selección de modelo evolutivo para el análisis filogenético por el criterio de distancias.	Tipo 2: Cerrada	Documento o archivo digital

Práctica 5: Análisis filogenético por el criterio de Máxima Verosimilitud.	Registrar, procesar y concentrar datos para información de estadística.	Construir un árbol filogenético a partir de un alineamiento de secuencias utilizando criterio de Máxima Verosimilitud.	Tipo 2: Cerrada	Documento o archivo digital
Práctica 6: Análisis filogenético por métodos bayesianos.	Registrar, procesar y concentrar datos para información de estadística.	Construir un árbol filogenético a partir de un alineamiento de secuencias utilizando métodos bayesianos.	Tipo 2: Cerrada	Documento o archivo digital
Práctica 7: Construcción de árboles filogenéticos por métodos de máxima parsimonia.	Registrar, procesar y concentrar datos para información de estadística.	Construir un árbol filogenético a partir de un alineamiento de secuencias utilizando el método de la máxima parsimonia.	Tipo 2: Cerrada	Documento o archivo digital
Práctica 8: Alineamiento por traducción inversa y análisis filogenético por el método de distancia.	Registrar, procesar y concentrar datos para información de estadística.	Aplicar las técnicas de alineamiento para el análisis filogenético de secuencias de codificantes utilizando el método de distancia.	Tipo 2: Cerrada	Documento o archivo digital Documento o archivo digital
Práctica 9: Análisis de una secuencia	Registrar, procesar y concentrar datos para información de estadística.		Tipo 3: Semiabierta o Semicerrada	Documento o archivo digital



FUENTES DE INFORMACIÓN (Bibliografía, direcciones electrónicas)	EVALUACIÓN DE LOS APRENDIZAJES (Criterios, ponderación e instrumentos)
<ul style="list-style-type: none"> <li>● Lemey, P., Salemi, M., &amp; Vandamme, A. M. (Eds.). (2009). <i>The phylogenetic handbook: a practical approach to phylogenetic analysis and hypothesis testing</i>. Cambridge University Press.</li> <li>● Choudhuri, S. (2014). <i>Bioinformatics for beginners: genes, genomes, molecular evolution, databases and analytical tools</i>. Elsevier.</li> <li>● Sehn, J. (2013). Review of " Next-generation DNA sequencing informatics" by Stuart M. Brown (Editor). <i>Journal of Pathology Informatics</i>, 4(1), 25-25.</li> <li>● Gibas, C., &amp; Jambeck, P. (2001). <i>Developing bioinformatics computer skills</i>: O'Reilly Media, Inc.</li> <li>● Hasija, Y. (2023). <i>All About Bioinformatics: From Beginner to Expert</i>: Elsevier. <a href="https://doi.org/10.1016/C2022-0-01349-0">https://doi.org/10.1016/C2022-0-01349-0</a></li> <li>● <a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/</a></li> <li>● <a href="https://embooss.sourceforge.net/">https://embooss.sourceforge.net/</a></li> </ul> <p><b>Nota.</b> Las fuentes de información que se indican son las ediciones más actuales y son fundamentales para la revisión de los contenidos de la materia.</p>	<p>En los cuatros objetos la evaluación se realizará por heteroevaluación y coevaluación.</p> <p><b>OBJETO 1</b>  <b>20%</b> Actividades  <b>80%</b> Exámenes escritos</p> <p><b>OBJETO 2</b>  <b>10%</b> Actividades  <b>20%</b> Exámenes escritos  <b>70%</b> Reportes de práctica de laboratorio</p> <p><b>OBJETO 3</b>  <b>10%</b> Actividades  <b>20%</b> Exámenes escritos  <b>70%</b> Reportes de práctica de laboratorio</p> <p><b>OBJETO 4</b>  <b>90%</b> Actividades del dispositivo de aprendizaje  <b>10%</b> Presentación oral y escrita</p> <p><b>INSTRUMENTOS</b>  Reportes de prácticas, se emplea rúbrica.  Lista de cotejo.</p>

**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																	