



Programa de la asignatura:

Bioinformática



Información general de la asignatura





Información general de la asignatura

Nombre de la asignatura	Semestre	Bloque	Módulo
Bioinformática	Séptimo	1	4

Claves de la asignatura

BIIN

Clasificación de horas

Nombre	Horas por semestre
Horas con docente	64
Horas de estudio independiente	40
Horas presenciales	0
Total de horas de estudio	104

Créditos SATCA

Créditos por asignatura	6
-------------------------	---



Índice

Presentación.....	3
Propósito	5
Competencias a desarrollar	6
Temario	7
Metodología de trabajo.....	9
Evaluación	12
Fuentes de consulta	14



Presentación



Las células son las unidades de construcción de todos los seres vivos. Dentro de cada célula existen dos macromoléculas fundamentales que contienen la información necesaria para definir las características biológicas de los organismos, llamadas por lo tanto, macromoléculas informacionales. Estas macromoléculas son los ácidos nucleicos y las proteínas, los cuales contienen información genética e información funcional, respectivamente. Dicha información está reunida en forma de secuencias de nucleótidos o de aminoácidos en un código determinado. El avance científico permitió descifrar estos códigos, así como dilucidar la estructura de las macromoléculas, con lo cual, la caracterización y manipulación de estas fue posible, surgiendo la ingeniería genética o metodología del ADN recombinante. Entre las metodologías que sustentan a la ingeniería genética destaca la técnica de secuenciación de ácidos nucleicos, que ha permitido conocer la secuencia de genomas completos en un periodo de tiempo relativamente corto. Debido al gran número de datos biológicos que la secuenciación masiva provee, se ha vuelto necesario el perfeccionamiento y uso de operaciones y sistemas basados en tecnologías de la información para almacenar, acceder y analizar este gran cúmulo de información. Así, de la necesidad de operar la gran cantidad de datos biológicos que estaban siendo generados por el avance científico y tecnológico de la biología molecular y la genética en las últimas décadas, surge la Bioinformática. En términos generales, la Bioinformática es un área interdisciplinaria de reciente creación que se encarga del análisis computacional de datos biológicos.

La asignatura de Bioinformática se imparte en el Décimo Semestre del Módulo de Formación Profesional de la carrera de Ingeniería en Biotecnología. Está precedida de las asignaturas de Biología molecular I y II, en las cuales se sentaron las bases teóricas del



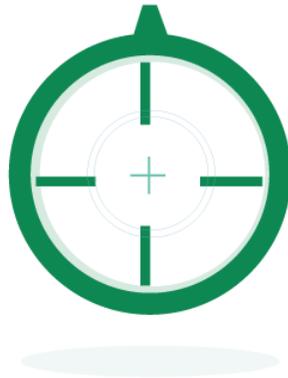
procesamiento de las macromoléculas informacionales, es decir, su replicación, transcripción y traducción en el contexto de la célula. En esta asignatura, se aprovecharán las bases teóricas adquiridas previamente por el estudiante, para relacionar dichos procesos, con la información contenida en las secuencias tanto genéticas, como de proteínas.

Los conocimientos adquiridos en esta asignatura, le permitirán al estudiante hacer uso de software basado en algoritmos que permite buscar, comparar y manipular secuencias, así como deducir algunas de sus características moleculares (con tenido de G-C, estructura, peso molecular, punto isoeléctrico, función, entre otros) para obtener y analizar secuencias de nucleótidos y de aminoácidos y convertir estos datos en información biológica, generando herramientas que podrá aplicar en diversas situaciones prácticas, como sería la producción masiva de metabolitos o proteínas con potencial biotecnológico o la obtención de organismos genéticamente modificados. Cabe mencionar que dicho software se encuentran disponible de manera gratuita en la red. Así, se proporcionará un enfoque práctico de algunos de los programas bioinformáticos más comúnmente usados y cómo aplicarlos en problemas biotecnológicos específicos.

- En la **Unidad 1** se brindará el marco histórico que llevó al surgimiento y desarrollo de la Bioinformática, así como la naturaleza de los datos generados, obligando a la creación de bases datos, cuyo concepto y utilidad también serán establecidos en esta unidad.
- En la **Unidad 2** se utilizarán softwares disponibles en internet para obtener y analizar secuencias de nucleótidos, haciendo énfasis en el uso de estos programas para el diseño e interpretación de datos experimentales.
- Finalmente, en la **Unidad 3**, se utilizarán diversos softwares disponibles de manera gratuita en la red para analizar y manipular secuencias de aminoácidos con el fin de deducir distintas características biológicas. En resumen, los conocimientos obtenidos le permitirán al egresado, convertir datos bioinformáticos en datos biológicos para la resolución de problemas prácticos enfocados a la biotecnología.



Propósito



El propósito general de la asignatura es proveer al estudiante de los conocimientos que le permitan hacer uso de distintas herramientas bioinformáticas para extraer, interpretar y analizar información biológica. Se pretende que adquiera un enfoque funcional acerca de los distintos softwares disponibles en internet para el análisis de secuencias, tanto de nucleótidos como de aminoácidos. Al final del curso, el estudiante será capaz de obtener información biológica relevante a partir de secuencias que pueda aplicar en el diseño y planeación de experimentos.



Competencias a desarrollar



Competencia General

Desarrollar las técnicas de adquisición, manipulación, comparación y análisis de secuencias de nucleótidos y de proteínas mediante el empleo de software basado en algoritmos de búsqueda y comparación, con el fin de interpretar la información biológica y aplicarla en la producción de proteínas o metabolitos con potencial biotecnológico.

Competencias específicas de Unidad

Unidad 1

Analizar la utilidad del uso de recursos informáticos actuales para almacenar, acceder y obtener información biológica del gran número de datos generados en los últimos años, a partir del estudio del contexto histórico.

Unidad 2

Interpretar el contenido de secuencias de nucleótidos para su utilización en procesos moleculares específicos mediante el uso de software especializado en el diseño de herramientas moleculares.

Unidad 3

Interpretar el contenido de secuencias de aminoácidos para determinar la aplicación práctica de las herramientas moleculares a través del empleo de software.



Temario

Unidad 1. Introducción a la bioinformática

- 1.1. Genómica funcional
 - 1.1.1. Dogma central de la Biología Molecular
 - 1.1.2. Secuenciación genómica masiva
 - 1.1.3. La era de las “Omicas”
 - 1.1.4. Concepto de Bioinformática
- 1.2. Recursos disponibles en internet
 - 1.2.1. Bases de datos: utilidad, concepto y clasificación
 - 1.2.2. Secuencias de ADN o de proteínas como datos biológicos
 - 1.2.3. La base de datos del NCBI

Unidad 2. Análisis computacional de secuencias de ADN

- 2.1. Búsqueda de secuencias de ADN
 - 2.1.1. Formatos de secuencias
 - 2.1.2. El caso específico de algunas bases de datos
 - 2.1.3. Parámetros de búsqueda
- 2.2. Alineamiento de secuencias
 - 2.2.1. Concepto de alineamiento de secuencias
 - 2.2.2. Fundamentos teóricos del alineamiento de secuencias
 - 2.2.3. Similitud, identidad y homología
 - 2.2.4. Alineamiento de un par de secuencias
 - 2.2.5. Alineamiento múltiple de secuencias
- 2.3. Aplicaciones prácticas del análisis de las secuencias de ADN
 - 2.3.1. Contenido GC
 - 2.3.2. Diseño de cebadores
 - 2.3.3. Diseño de plásmidos y patrón de restricción
- 2.4. Transcriptómica

Unidad 3. Análisis de secuencias de aminoácidos

- 3.1. Conversión de la información del ADN a aminoácidos
- 3.2. Análisis de secuencias de aminoácidos



- 3.2.1. Alineamiento de secuencias de aminoácidos
 - 3.2.2. Predicción de la estructura de proteínas
 - 3.2.3. Relación de la secuencia de aminoácidos con la función biológica de la proteína
 - 3.2.4. Análisis de secuencias específicas
- 3.3. Aplicaciones prácticas del análisis de secuencias de aminoácidos
- 3.3.1 Determinación de propiedades fisicoquímicas de las proteínas
 - 3.3.2. Acoplamiento molecular para el estudio de proteínas



Metodología de trabajo



A continuación, se describe la metodología de trabajo y se dan los lineamientos generales bajo los cuales se trabajará la asignatura.

La metodología de enseñanza y evaluación será el Aprendizaje Basado en Problemas (ABP), así como la realización de prácticas teóricas y ejercicios, enfatizando la necesidad de la participación y cumplimiento del estudiante de forma ordenada y coordinada con el docente en línea para el logro de las competencias establecidas en la asignatura.

El uso del Aprendizaje Basado en Problemas, la realización de prácticas teóricas y ejercicios le permitirán al estudiante adquirir habilidades y conocimientos que propicien aprendizajes significativos que le permitan enfrentar situaciones de su entorno en un contexto real, aplicando el conocimiento y conceptos que se van obteniendo a lo largo de la asignatura, además de propiciar el interés por el desarrollo sustentable de su medio y la preservación de los recursos naturales.

Durante el semestre se realizarán diversas actividades cuya finalidad es reforzar y aplicar los conocimientos revisados a lo largo del curso, lo cual le permitirá desarrollar las competencias señaladas en el programa. Es importante que las prácticas y ejercicios se realicen en su totalidad y en el momento señalado para que los estudiantes puedan evaluar sus avances o deficiencias con respecto a los temas indicados.

A lo largo del curso se trabajará con problemas prototípicos, mismos que serán orientados por el docente en línea.



Foro de dudas y consultas



En él podrás plasmar todas las inquietudes y cuestionamientos que te vayan surgiendo al momento de consultar los contenidos nucleares (materiales por unidad), así como al realizar las actividades y evidencia de aprendizaje. Tu docente en línea también podrá realizarte un diagnóstico de todos los conocimientos, relacionados con la asignatura, con los que cuentas, o bien, organizar equipos de trabajo si se requiere realizar una actividad en equipo con tus compañeros(as).

Planeación didáctica del docente en línea



Este espacio fue diseñado para que el docente en línea pueda plasmar y comunicar tanto las actividades determinadas para esta asignatura como las complementarias; éstas últimas te aportarán elementos para alcanzar la competencia específica, es decir, tu objetivo por unidad.

Es importante mencionar que deberás estar al pendiente de este espacio, porque el docente en línea puede comunicarse contigo y atender contingencias o problemáticas que vayan surgiendo en el semestre. Asimismo, te comunicará el diseño de cada una de las actividades que contribuirán a tu aprendizaje y asignar fechas de entrega, y que finalmente autogestiones tú tiempo requerido para esta asignatura, otra de las funciones de este espacio es que también te puede enviar material extra de consulta.

Autorreflexiones



Por otro lado, cuentas con la actividad Autorreflexiones, misma que podrás realizar mediante dos herramientas en el aula, un foro de consulta y una tarea. El docente en línea te formulará preguntas detonadoras en el foro para generarte una reflexión respecto a lo revisado en cada unidad, reflexión que podrás plasmar a través de un documento que, a su vez, podrás subir en la herramienta de tarea con el mismo nombre.

Asignación a cargo del docente en línea

Asimismo, cuentas con la pestaña de Asignación a cargo del docente en línea, en la cual podrás encontrar, debidamente configuradas, herramientas de tareas, cuyo



número corresponderá al número de unidades determinadas por esta asignatura. En estas herramientas deberás subir las respuestas de las actividades complementarias determinadas y comunicadas por tu docente en línea mediante el foro de Planeación didáctica del docente en línea, y te permitirán abarcar conocimientos y habilidades para alcanzar las competencias establecidas en la asignatura.

Contenidos nucleares



Por último, no olvides consultar los contenidos nucleares que fueron seleccionados, determinados y desarrollados por un equipo docente para cada unidad, ya que estos contenidos nucleares son el conocimiento mínimo que debes aprender para poder realizar las actividades mencionadas anteriormente y así concluir con éxito la asignatura. ¡No dejes de hacerlo!



Evaluación



Para acreditar la asignatura se espera la participación responsable y activa del estudiante, contando con el acompañamiento y comunicación estrecha con su docente en línea, quien a través de la retroalimentación permanente evaluará de manera objetiva su desempeño.

En este contexto, la retroalimentación permanente es fundamental para promover el aprendizaje significativo y reconocer el esfuerzo. Es requisito indispensable la entrega oportuna de cada una de las tareas, actividades y evidencias, así como la participación en foros y demás actividades programadas en cada una de las unidades y conforme a las indicaciones dadas. Las rúbricas establecidas para cada actividad contienen los criterios y lineamientos para realizarlas, por lo que es importante que el (la) estudiante las revise antes de elaborar sus actividades.

Para este semestre, la evaluación se hará con base en las siguientes categorías:

Foro de presentación y dudas

En este espacio el grupo se integrará, se resolverán las dudas respecto a la asignatura y su evaluación.

Planeación didáctica del docente en línea

La planeación didáctica del docente en línea muestra de forma organizada, y en un solo momento, el diseño de las actividades e intervenciones que realizará el docente durante el desarrollo del curso en cada una de las unidades temáticas.

Foro holístico

En este espacio se espera que socialices y desarrolles tu objeto de investigación bajo el eje de problema prototípico, apoyándote en el contenido, así como en los recursos que se proponen.



Producto del foro holístico

Será el docente en línea quien diseñe los criterios generales del documento a entregar, el cual derivará de las ideas fuerza detectadas en el Foro holístico.

Evidencia de aprendizaje – EA

Dentro de la Planeación didáctica el docente en línea explicará la delimitación del problema prototípico y describirá, de forma general, sobre qué tratará la Evidencia de aprendizaje; así como el problema que se abordará. El docente proporcionará las instrucciones precisas sobre el formato en que entregarás dicho documento.

Autorreflexiones

En este espacio el docente es libre de proponer una actividad con el propósito de cubrir aquellos puntos que requieran de mayor profundidad. Es posible que se lancen algunas preguntas detonadoras o alguna actividad complementaria.

A continuación, se presenta el esquema general de evaluación.

Esquema de evaluación		
Evaluación continua	Actividades colaborativas	10 %
	Actividades individuales	30 %
E-portafolio	Evidencia de aprendizaje	40 %
	Autorreflexiones	10 %
Asignación a cargo del docente	Instrumentos y técnicas de evaluación propuestas por el docente en línea	10 %
CALIFICACIÓN FINAL		100 %



Fuentes de consulta



Bibliografía básica

- Attwood, T. K. & Parry-Smith, D. J. (2002). *Introducción a la Bioinformática*. Madrid: Prentice Hall D. L. ISBN: 84-205-3551-6.
- Baxevanis, A. E. & Ouellette, B. F. F. (Eds.). (2001). *Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins*. Second Edition. New York: John Wiley & Sons, Inc.
- ISBNs: 0-471-38390-2 (Hardback); 0-471-38391-0 (Paper).
- Lesk, A. M. (2008). *Introduction to Bioinformatics*. Third Edition. New York: Oxford University Press Inc. ISBN: 978-0-19-920804-3.

Bibliografía complementaria

- Posada, D. (2009). *Bioinformatics for DNA sequence analysis*. New York: Humana Press.
e-ISBN 978-1-59745-251-9. DOI 10.1007/978-1-59745-251-9.