

### Datos de identificación

Nombre del EE: <b>Bioinformática</b>		Área Formativa: <b>Básica</b>	
Departamento que da el servicio: <b>Matemáticas</b>			
Clave: <b>34012</b>	Modalidad: <b>Presencial y Virtual</b>	Idioma: <b>Español</b>	
Horas totales al semestre: <b>75</b>	Valor en créditos: <b>3</b>	Semestre en que se cursa: <b>Tercero</b>	
Carácter: <b>Obligatorio</b>	Antecedente: <b>Programación de Computadoras en Ingeniería</b>	EE subsecuente: <b>N/A</b>	
Opciones de promoción: <b>Calificación</b>		Mecanismos alternativos de promoción: <b>Equivalencia</b>	

### Presentación

Este curso es una introducción a la aplicación de métodos computacionales al análisis de datos biológicos y al descubrimiento. La atención se centrará en los métodos computacionales en Genómica. Los métodos computacionales incluirán secuenciación de ADN y ensamblaje de fragmentos, identificación de genes en el ADN, regulación y expresión de genes, consulta de bases de datos, así como métodos para estudiar la diversidad genética.

Se asume que el estudiante está familiarizado con conceptos de algoritmos y conceptos básicos de computación, biología elemental (particularmente ADN, proteínas y genes) y nociones básicas de la teoría de la probabilidad. El curso sienta las bases para otras materias, en particular bioinformática avanzada, así como otras contenidas en el programa que requieren del uso o creación de soluciones computacionales para su estudio.

### Competencias

<i>Genéricas que se ejercitan:</i>	<i>Resultados de aprendizaje:</i>
<p>G1. Interpreta de manera integral el mundo natural y social contemporáneo, mediante esquemas científicos de generación y aplicación del conocimiento.</p> <p>G2. Utiliza con eficiencia las tecnologías digitales para la comunicación y la gestión de información académica y profesional, en un entorno de trabajo colaborativo.</p>	<p>R1. Se familiarizarán con una variedad de métodos genómicos disponibles actualmente y bases de datos proteómicas. La evaluación se basará en el desempeño en tareas de computadora y preguntas de exámenes.</p> <p>R2. Podrán buscar y recuperar información de bases de datos genómicas y proteómicas (por ejemplo: <i>GenBank</i>, <i>Swiss-Prot</i>, <i>etc</i>), y para analizar sus resultados de búsqueda utilizando software disponible en Internet (por ejemplo, <i>BLAST</i>, <i>ClustalW</i>). La evaluación se basará en el desempeño en tareas de computadora y preguntas de exámenes.</p> <p>R3. Aprenderán a comparar y analizar secuencias biológicas y cómo interpretar los resultados de sus análisis. La evaluación se basará en el desempeño en las tareas de computadora y las preguntas del examen.</p> <p>R4. Aprenderán a construir árboles filogenéticos basados sobre datos de secuencia biológica. La evaluación se basará en el desempeño en tareas de computadora y preguntas de exámenes.</p> <p>R5. Podrán localizar secuencias de consenso, genes y marcos de lectura abiertos dentro de secuencias biológicas. La evaluación se basará en el desempeño en las tareas de computadora y las preguntas del examen.</p> <p>R6. Se familiarizarán con los principios y aplicaciones de microarreglos. La evaluación se basará en el desempeño en las preguntas del examen.</p>

R7 Podrán realizar predicciones elementales de la estructura y función de las proteínas. La evaluación se basará en rendimiento en tareas de computadora y preguntas de exámenes.

R8. Podrán realizar análisis genómico comparativo elemental.

### Orientación didáctica

#### Tipo didáctico y modalidad de la interacción

Durante este curso, el estudiante tendrá 4 horas a la semana de clases en el aula, en las cuales el profesor utilizará estrategias didácticas de elaboración conjunta y enseñanza por medio de la resolución de problemas. Se propondrán actividades que movilicen los saberes de los estudiantes, promoviendo su participación activa, y en la medida de lo posible, se buscará que los conocimientos emerjan, producto de las acciones realizadas para resolver las situaciones problemáticas propuestas por el profesor. Se procurará que los contextos en donde estén ubicadas las situaciones problemáticas que se trabajen, provengan de las áreas de las diferentes ingenierías, o sean cercanas a ella.

Los propósitos formativos de las actividades de aprendizaje serán conceptuales, procedimentales y de estrecha vinculación con el campo de la ciencia genómica. Esto último se traducirá mediante la realización de actividades que impliquen la construcción de flujos de análisis de datos ómicos.

Se espera entonces que el curso proporcionará al estudiante las herramientas básicas para que pueda resolver preguntas básicas de bioinformática, estableciendo métodos y haciendo uso de algoritmos y herramientas disponibles, así como de bases de datos genómicas.

Además de las horas presenciales en aula, el estudiante deberá realizar trabajos y tareas, ya sea escritos o en línea, solicitados por el profesor. Semanalmente se tendrá también oportunidad de tener asesorías académicas por parte de pares, las cuales serán supervisadas por el profesor.

#### Actividades del estudiante

#### Actividades del profesor

Tipo	Horas/semestre	Actividades	Lugar:	Tipo	Horas/semestre	Actividades	Lugar
Independientes	11	Uso de plataforma y/o recursos sugeridos por el profesor	Elección del estudiante	Tutoría	11	Integrar las evidencias del trabajo independiente del estudiante a la carpeta de seguimiento del alumno.	Elección del profesor
Supervisadas	16	Asistencia a asesorías de pares	Aula Asesoría	Supervisión	16	Integrar evidencias de asistencia a asesorías a carpeta de seguimiento del estudiante.	Cubículo
Dirigidas	48	Asistencia y participación en clase	Aula	Enseñanza	48	Atender clases presencialmente	Aula

#### Evaluación del aprendizaje

Criterios de cumplimiento	Evidencias de desempeño	Evidencias de conocimiento
<ul style="list-style-type: none"> <li>Asistencia regular al menos al 90% de las clases.</li> <li>Presentación de todos los exámenes calendarizados.</li> <li>Entrega de al menos 90% de las tareas y trabajos asignados.</li> <li>Entrega y presentación grupal de proyecto realizado en equipo.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Examen.</li> <li>Registro del trabajo en línea.</li> <li>Resolución de problemas individualmente y por equipo.</li> <li>Participación activa en clase.</li> <li>Elaboración de proyectos.</li> <li>Registro de haber realizado trabajo independiente.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Comprender y elegir las herramientas y bases de datos bioinformáticas adecuadas para su investigación.</li> <li>Comprender la parte computacional detrás de las herramientas bioinformáticas.</li> <li>Realizar análisis secuencial, estructural y funcional de biomoléculas.</li> <li>Analizar e interpretar datos ómicos.</li> </ul>

<i>Técnicas e instrumentos de evaluación</i>	Listas de cotejo, rúbricas, exámenes (en línea, escritos y orales), reporte de proyectos, registro del seguimiento personalizado de las actividades del estudiante.
<b>Recursos para la formación</b>	
<i>Contenidos básicos</i>	<i>Materiales</i>
<p>Organización de contenido (por semana):</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. Introducción, Revisión de la replicación, transcripción y traducción del ADN, organización genómica.</li> <li>2. Revisión de métodos de biología molecular.</li> <li>3. Introducción a bases de datos de ADN y proteínas, datos almacenamiento, formatos de archivo, recuperación de información.</li> <li>4. Consultas de bases de datos, recuperación de secuencias, creación de mapas de endonucleasas de restricción.</li> <li>5. Gráficas de matriz de puntos, alineación de secuencia, alineación local, alineación global, y alineaciones múltiples.</li> <li>6. Continuación de alineaciones de secuencias, métricas estadísticas contenidas en resultados de búsquedas en bases de datos.</li> <li>7. Distancias genéticas, filogenias basadas en la distancia, construcción de árboles filogenéticos.</li> <li>8. Continuación de la construcción de árboles filogenéticos, filogenias basadas en caracteres.</li> <li>9. Secuencias de consenso, búsqueda de genes y lectura abierta cuadros en secuencias de ADN.</li> <li>10. Microarreglos y el transcriptoma.</li> <li>11. Análisis de microarreglos y sus aplicaciones.</li> <li>12. Revisión de conceptos básicos de proteómica.</li> <li>13. Predicción de la estructura y función de las proteínas.</li> <li>14. Continuación de la predicción de la estructura y función de las proteínas, genómica comparativa.</li> <li>15. Continuación de la genómica comparativa, direcciones futuras de la bioinformática.</li> </ol>	<ul style="list-style-type: none"> <li>● Plataforma institucional para materiales en línea (Moodle, Teams).</li> <li>● Equipo de cómputo.</li> <li>● Proyector.</li> <li>● Software libre para el análisis de datos ómicos (Python, Jupyter, Biopython)</li> <li>● Acceso a internet de banda ancha.</li> <li>● Libros de texto y otras referencias: <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Lesk, Arthur. Introduction to bioinformatics. Oxford University Press, 2019.</li> <li>○ Jones, Neil C., Pavel A. Pevzner, and Pavel Pevzner. An introduction to bioinformatics algorithms. MIT press, 2004.</li> <li>○ Cock, Peter JA, et al. "Biopython: freely available Python tools for computational molecular biology and bioinformatics." Bioinformatics 25.11 (2009): 1422-1423.</li> <li>○ Pevsner, J. Bioinformatics and functional genomics, Wiley Blackwell, 3rd Edition, (2015).</li> </ul> </li> </ul>
<b>Perfil deseable del profesor que lo conduce o lo coordina</b>	
Grado académico: Licenciatura o posgrado	Área de formación: Computación, Ingeniería biomolecular o área afín
Experiencia docente: al menos 1 año	Experiencia profesional en el campo: al menos 1 año
Elaboró: Ivo Jiménez, Juan Pablo Soto Barrera	Fecha: 10 de noviembre de 2020