



Universidad Guadalajara  
Centro Universitario del Sur

### Programa de Estudio

#### 1. IDENTIFICACIÓN DE LA UNIDAD DE APRENDIZAJE

División

Ciencias Exactas, Naturales y Tecnológicas

Departamento

Ciencias Computacionales e Innovación Tecnológica

Academia

Academia de Informática Básica Aplicada

Programa(s) educativo(s)

Licenciatura de Agrobiotecnología

Denominación de la unidad de aprendizaje:

Bioinformática

Clave de la materia:	Horas de teoría:	Horas de práctica:	Carga horaria global:	Valor en créditos:
12066	40	60	100	9

Tipo de curso:		Nivel en que se ubica:	Prerrequisitos:
C = curso		Técnico Medio	Ingeniería genética, Biología Molecular, Bioquímica vegetal
CL = curso laboratorio		Técnico Superior	
L = laboratorio		Universitario	
P = práctica		Licenciatura	
T = taller		Especialidad	
CT = curso - taller		Maestría	
N = clínica		Doctorado	
M = módulo			
S = seminario			

Área de formación:

Básica particular obligatoria

Perfil docente:

Para el apoyo de esta unidad de aprendizaje se requiere un Lic. en Biología, Biotecnología, Químico Farmacobiólogo, Bioinformático o formación afín en el área biológica.

Elaborado por:

Dr. Juan Pablo Mojica Sánchez  
Dra. Laura Elena Iñiguez Muñoz

Actualizado por:

Dr. Juan Pablo Mojica Sánchez

Dr. Jorge Enrique Pliego Sandoval			
Fecha de elaboración:	Fecha de última actualización:	Fecha de última evaluación:	Fecha de aprobación por Colegio Departamental:
Julio 2019	Junio 2023		

## 1. PRESENTACIÓN DE LA UNIDAD DE APRENDIZAJE

La bioinformática es una disciplina que fusiona la biología y la informática para el análisis, interpretación y manejo de datos biológicos utilizando herramientas computacionales. En la era actual de la genómica y la biología de sistemas, la bioinformática desempeña un papel fundamental en la comprensión de los procesos biológicos a gran escala.

La bioinformática utiliza enfoques computacionales para estudiar y extraer información valiosa de diversas fuentes de datos biológicos, como secuencias de ADN, ARN y proteínas, estructuras moleculares, datos de expresión génica y más. Esta disciplina combina principios y técnicas de la biología, la estadística, la programación y la informática para analizar y comprender la complejidad de los organismos vivos.

El programa de la asignatura está diseñado para contribuir en el ejercicio profesional del estudiante en el área de biotecnología ya que se estudian las bases de datos biológicas, similitudes entre secuencias, alineamientos múltiples de secuencias, análisis filogenético y la interpretación de estructuras proteicas. Esta Unidad de Aprendizaje se relaciona principalmente con Biología Molecular, Ingeniería Genética y fundamentos de Bioquímica.

## 2. OBJETIVO GENERAL

Proporcionar a los estudiantes los conocimientos y habilidades necesarios para utilizar herramientas computacionales y técnicas analíticas en el análisis y la interpretación de datos biológicos.

## 3. CAMPO DE APLICACIÓN PROFESIONAL DE LOS CONOCIMIENTOS

1) La bioinformática es fundamental en el análisis de secuencias genómicas de plantas y cultivos agrícolas. Permite identificar genes de interés, caracterizar variaciones genéticas y facilitar el desarrollo de variedades mejoradas mediante técnicas de edición genética. Los conocimientos de bioinformática son esenciales para interpretar y utilizar los datos genómicos en el mejoramiento de cultivos.

2) La bioinformática desempeña un papel crucial en la mejora y desarrollo de microorganismos beneficiosos para la agricultura, como biofertilizantes y bioplaguicidas.

3) Los conocimientos de bioinformática permiten a los profesionales de la Agrobiotecnología participar en investigaciones científicas relacionadas con la genómica, la proteómica y la metabolómica de plantas y de interés agrícola. La bioinformática es una herramienta esencial para el análisis de grandes conjuntos de datos y el descubrimiento de nuevos conocimientos en el campo de la agrobiotecnología.

## 4. UNIDAD DE COMPETENCIA

Adquiere los conocimientos que le permitan comprender los fundamentos y aplicaciones de las herramientas bioinformáticas empleadas para el estudio, análisis e interpretación de bases de datos biológicas, con la finalidad de utilizar estos instrumentos para el conocimiento y aplicación en procesos biotecnológicos.

## 5. SABERES:

<b>Prácticos</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Comprende los aspectos generales en los que se desarrolla la Bioinformática.</li> <li>• Conoce los conceptos básicos de biología molecular en los cuales se fundamenta el desarrollo de la Bioinformática.</li> <li>• Utiliza las bases de datos primarias y secundarias necesarias para la búsqueda de secuencias de ácidos nucleicos y proteínas.</li> <li>• Domina las herramientas bioinformáticas para el alineamiento de secuencias.</li> <li>• Trabaja las herramientas para la construcción de árboles filogenéticos.</li> <li>• Conoce y utiliza las herramientas necesarias para diseñar iniciadores y sondas específicas para amplificar fragmentos de interés por PCR.</li> <li>• Realiza acoplamientos moleculares de ligandos con receptores.</li> </ul>
------------------	---

<b>Teóricos</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Conoce los fundamentos de la Bioinformática.</li> <li>• Comprende los conceptos básicos de biología molecular.</li> <li>• Conoce las bases de datos biológicas.</li> <li>• Conoce los algoritmos necesarios en la búsqueda de alineamientos para la comparación de secuencias.</li> <li>• Comprende los fundamentos del estudio evolutivo como base para la generación de árboles filogenéticos.</li> <li>• Conoce las diferentes estructuras de una proteína.</li> <li>• Comprende los conceptos básicos de PCR y los iniciadores necesarios para llevar a cabo la amplificación.</li> <li>• Comprende los conceptos básicos de acoplamiento ligando-receptor.</li> </ul>
<b>Formativos</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Se conduce con sustento científico y honestidad.</li> <li>• Muestra respeto a su profesor y compañeros.</li> <li>• Está dispuesto a trabajar en equipo.</li> <li>• Actúa con respeto, sensibilidad, criterio, disciplina y sentido ético.</li> </ul>

## 6. CONTENIDO TEMÁTICO (TEÓRICO-PRÁCTICO)

### UNIDAD I: INTRODUCCIÓN A LA BIOINFORMÁTICA

- 1.1 Conceptos de Bioinformática.
- 1.2 Áreas afines a la Bioinformática.
- 1.3 Reseña Histórica de la Bioinformática.

### UNIDAD II: CONCEPTOS BÁSICOS DE BIOLOGÍA MOLECULAR

- 2.1 Organización del genoma.
- 2.2 ADN, genes e información genética.
- 2.3 Características estructurales de los ácidos nucleicos.
- 2.4 Flujo de la información genética: el dogma central de la Biología Molecular.
- 2.5 Métodos de secuenciación y análisis de secuencias.

### UNIDAD III: INTRODUCCIÓN A LAS BASES DE DATOS BIOLÓGICAS

- 3.1 Descripción de formatos de secuencias.
- 3.2 Obtención de datos a partir de bases de datos primarias.
  - 3.2.1 Bases de datos de ácidos nucleicos.
  - 3.2.2 Bases de datos de proteínas.
- 3.3 Bases de datos especializadas.
- 3.4 Búsqueda de similitudes de secuencias en bases de datos.

### UNIDAD IV: ALINEAMIENTOS DE PARES DE SECUENCIAS.

- 4.1 Introducción al alineamiento de secuencias.
- 4.2 Alineamiento de pares de secuencias.
- 4.3 Gráfica de matriz de puntos.
- 4.4 Alineamientos globales y locales.
- 4.5 Puntuación y valores de expectación de alineamientos.

### UNIDAD V: ALINEAMIENTO MÚLTIPLE DE SECUENCIAS.

- 5.1 Introducción al alineamiento múltiple de secuencias.
- 5.2 Clasificación de las técnicas para la producción de alineamientos múltiples.
- 5.3 Métodos estadísticos para el alineamiento múltiple de secuencias.

- 5.4 Técnicas para evaluar la calidad de alineamientos múltiples.

### UNIDAD VI: ANÁLISIS FILOGENÉTICO DE DATOS MOLECULARES

- 6.1 Introducción y conceptos generales del análisis filogenético.
- 6.2 Relación entre alineamiento múltiple y análisis filogenético.
- 6.3 Árboles filogenéticos y modelos evolutivos.
- 6.4 Métodos filogenéticos basados en la medición de distancias.
- 6.5 Modelos para inferir la distancia evolutiva entre secuencias.

## UNIDAD VII: DISEÑO DE INICIADORES Y SONDAS DE HIBRIDACIÓN

7.1 Fundamentos sobre la función de los iniciadores y sondas en la PCR

7.2 Especificaciones para el diseño de iniciadores específicos

7.3 Especificaciones para el diseño de sondas de hibridación

7.4 Diseño de sondas sobre polimorfismos o marcadores moleculares

7.5 Aplicaciones de iniciadores y sondas en la PCR: determinación de presencia/ausencia, cuantificación de expresión génica.

## UNIDAD VIII. ACOPLAMIENTO MOLECULAR (DOCKING)

8.1 Introducción al acoplamiento molecular

8.2 Métodos de acoplamiento molecular

8.3 Preparación de ligandos y proteínas

8.4 Algoritmos y herramientas de acoplamiento molecular

8.5 Análisis de resultados

## 7. ESTRATEGIAS DE ENSEÑANZA-APRENDIZAJE

El curso se imparte de forma teórica y práctica. Las sesiones teóricas están diseñadas con actividades que promueven tanto la participación del estudiante como el aprendizaje autónomo y colaborativo, así como actividades que fortalezcan una integración de los conocimientos básicos de la bioinformática. La parte práctica permitirá adquirir la experiencia en el desarrollo de experimentos que correlacionan la teoría con la práctica.

El estudiante trabaja de acuerdo con los contenidos con:

- Preguntas guiadas
- Cuadros sinópticos
- Exposición
- Reporte de temas específicos
- Trabajo en equipo
- Dinámicas grupales
- Interpretación de resultados de las prácticas
- Proyecto de investigación

## 8. EVALUACIÓN DEL APRENDIZAJE

8.1. Evidencias de aprendizaje	8.2. Criterios de desempeño
<ul style="list-style-type: none"><li>• Realiza mapas y cuadros de los conceptos generales.</li><li>• Organiza y presenta temas de manera adecuada.</li><li>• Reporta resultados de prácticas realizadas en el laboratorio de computación.</li><li>• Resuelve de manera adecuada sus exámenes teóricos.</li><li>• Realiza un proyecto de investigación en el que aplique los conocimientos adquiridos.</li></ul>	<ul style="list-style-type: none"><li>• Se comunica mediante lenguaje técnico-científico propio de bioinformática.</li><li>• Realiza prácticas en el laboratorio de computación siguiendo indicaciones.</li><li>• Analiza resultados obtenidos.</li><li>• Entiende conceptos teóricos concretos.</li><li>• Investiga, argumenta y redacta.</li><li>• Presenta y ordena bibliografía.</li><li>• Desempeña actividades en el aula con responsabilidad, puntualidad, disciplina, ética y capacidad de autoformación.</li></ul>

## 9. CALIFICACIÓN

La calificación del curso de Lab. Bioinformática será la resultante del cumplimiento adecuado del alumno en las siguientes actividades:

- Exámenes 30 %
- Prácticas y Tareas 40 %
- Exposición 10 %
- Proyecto de investigación 20 %

## 10. ACREDITACIÓN

<p><b>Periodo ordinario.</b> De conformidad con el artículo 20 del Reglamento General de Evaluación y Promoción de Alumnos de la Universidad de Guadalajara, para que el alumno tenga derecho al registro del resultado final de la evaluación en el periodo ordinario, establecido en el calendario escolar aprobado por el Consejo General Universitario, se requiere: Estar inscrito en el plan de estudios y curso correspondiente, y Tener un mínimo de asistencia del 80% a clases y actividades registradas durante el curso. Para aprobar el curso, deberá obtener mínimo 60 de calificación, ya que la escala es de 0 a 100.</p>	<p><b>Periodo extraordinario.</b> De conformidad con el artículo 27 del Reglamento General de Evaluación y Promoción de Alumnos de la Universidad de Guadalajara, para que el alumno tenga derecho al registro de la calificación en el periodo extraordinario, se requiere: I. Estar inscrito en el plan de estudios y curso correspondiente. II. Haber pagado el arancel y presentar el comprobante correspondiente. III. Tener un mínimo de asistencia del 65% a clases y actividades registradas durante el curso. Se exceptúan de este caso las materias de orden práctico que requerirán la repetición del curso (Art. 23 RGEYPA).</p>
---	--

## 11. BIBLIOGRAFÍA

### BIBLIOGRAFÍA BÁSICA

Lesk A. M. (2014) Brock. Introduction to Bioinformatics. Reino Unido. Editorial Oxford University Press 4ta edición.  
Hodman T. C. et al. (2010) Bioinformátics. Reino Unido. Editorial Taylor & Francis 2da edición.  
Claverie J. M. et al. (2007) Bioinformatics for Dummies. USA. Editorial Wiley Publishing, Inc. 2da edition.

### BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA

Fenstermacher, D. (2005). Introduction to bioinformatics. Journal of the American Society for Information Science and Technology, 56(5), 440-446.  
Akalin, P. K. (2006). Introduction to bioinformatics. Molecular nutrition & food research, 50(7), 610-619.  
Ewens, W. J., & Grant, G. R. (2005). Statistical methods in bioinformatics: an Introduction (Vol. 2). New York: Springer.  
Barnes, M. R., & Gray, I. C. (Eds.). (2003). Bioinformatics for geneticists. John Wiley & Sons.

## 12. RECURSOS COMPLEMENTARIOS (páginas web, MOOCs, plataformas, objetos de aprendizaje, etc.)

-<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>  
-<https://www.ebi.ac.uk/>  
-<https://www.coursera.org/specializations/bioinformatics>  
-<https://www.coursera.org/learn/bioinformatics-methods-1>