

FORMATO DE SYLLABUS	Código: AA-FR-003		
Macroproceso: Direccionamiento Estratégico	Versión: 01		
Proceso: Autoevaluación y Acreditación	Fecha de Aprobación: 27/07/2023		



FACULTAD:		Tecnológica						
PROYECTO CUR	RRICULAR:		Tecnología en El	ectrónica Industrial		CÓDIGO PLAN DE ESTUDIOS:		
	I. IDENTIFICACIÓN DEL ESPACIO ACADÉMICO							
NOMBRE DEL ESPACIO ACADÉMICO: BIOINFORMÁTICA								
Código del espacio académico:		7426	Número de créditos académicos:			2		
Distribución horas de trabajo:			HTD	2	нтс	2	НТА	2
Tipo de espacio académico:		Asignatura	х	Cátedra				
NATURALEZA DEL ESPACIO ACADÉMICO:								
Obligatorio Básico		Obligatorio Complementario			Electivo Intrínseco	х	Electivo Extrínseco	
CARÁCTER DEL ESPACIO ACADÉMICO:								
Teórico		Práctico		Teórico-Práctico	x	Otros:		Cuál:
	MODALIDAD DE OFERTA DEL ESPACIO ACADÉMICO:							
Presencial	х	Presencial con incorporación de TIC		Virtual		Otros:		Cuál:
II. SUGERENCIAS DE SABERES Y CONOCIMIENTOS PREVIOS								

Se recomienda que los estudiantes hayan cursado cursos relacionados con programación (preferiblemente en Python o R), estructuras de datos, fundamentos de estadística y bases de datos. Además, es deseable una comprensión básica de conceptos en biología molecular y genética, lo cual facilitará la comprensión de los datos biológicos y las técnicas computacionales aplicadas a ellos.

III. JUSTIFICACIÓN DEL ESPACIO ACADÉMICO

La bioinformática es una disciplina fundamental para el manejo, análisis y visualización de grandes volúmenes de datos biológicos, especialmente en el contexto de la medicina personalizada, la ingeniería genética y las ciencias óhmicas. En el campo de las telecomunicaciones, la intersección entre bioinformática y ciencia de datos ofrece nuevas oportunidades en ciberseguridad biológica, biotelemetría, y en la aplicación de algoritmos distribuidos para el análisis genómico a gran escala. Esta asignatura permite al ingeniero en telecomunicaciones acceder a un campo interdisciplinar de gran impacto social y científico

IV. OBJETIVOS DEL ESPACIO ACADÉMICO (GENERAL Y ESPECÍFICOS)

Objetivo General:

Brindar al estudiante una formación integral sobre los principios de la bioinformática, desde su base biológica hasta sus herramientas computacionales, con énfasis en la aplicación de algoritmos, minería de datos y modelos de aprendizaje en el análisis de información biológica.

Específicos:

Comprender los fundamentos biológicos y moleculares necesarios para el estudio computacional de sistemas biológicos.

Manejar bases de datos genómicas y proteicas usando herramientas bioinformáticas actuales.

Implementar algoritmos de alineamiento, clasificación y anotación de secuencias biológicas.

Aplicar modelos de aprendizaje automático al reconocimiento de patrones biológicos.

Diseñar soluciones bioinformáticas para problemas reales en salud, agricultura o ambiente.

V. PROPÓSITOS DE FORMACIÓN Y DE APRENDIZAJE (PFA) DEL ESPACIO ACADÉMICO

Propósitos de formación:

Desarrollar capacidades para integrar conocimiento biológico con tecnologías de información.

Promover una visión interdisciplinar en la resolución de problemas biológicos complejos.

Fomentar el pensamiento crítico y la innovación en la aplicación de TIC a la bioinformática.

Potenciar la investigación formativa en el área de las ciencias de la vida asistidas por computadores.

Resultados de aprendizaje:

Reconoce y describe los fundamentos de la bioinformática y sus ámbitos de aplicación.

Accede, consulta y organiza bases de datos biológicas.

Desarrolla e implementa algoritmos de alineamiento de secuencias.

Utiliza herramientas bioinformáticas para el análisis estructural de moléculas biológicas.

Interpreta resultados de simulaciones bioinformáticas y propone aplicaciones en el ámbito de la ingeniería.

VI. CONTENIDOS TEMÁTICOS

1. Fundamentos de bioinformática (3 semanas)

Introducción a la bioinformática, aplicaciones y desarrollo histórico.

Bases biológicas: ADN, ARN, proteínas, genoma, codificación genética.

Bases computacionales: estructuras de datos, algoritmos, programación.

2. Bases de datos biológicas (3 semanas)

Tipos de bases de datos: secuencias, estructuras, funciones.

Entrez, NCBI, PDB, UniProt.

Acceso a datos, formatos FASTA, GenBank, anotación biológica.

3. Algoritmos y alineamiento de secuencias (4 semanas)

Algoritmos de alineamiento: Needleman-Wunsch, Smith-Waterman.

Herramientas BLAST y ClustalW.

Programación dinámica y matrices de sustitución (PAM, BLOSUM).

4. Análisis estructural y proteómica (3 semanas)

Estructura de proteínas: niveles estructurales.

Modelado molecular, visualización 3D.

Bases de datos estructurales: SCOP, CATH.

Predicción de plegamiento y motivos funcionales.

5. Bioinformática avanzada (2 semanas)

Machine learning en bioinformática.

Bioinformática en salud y medicina personalizada.

Integración de datos ómicos.

Seguridad de datos genómicos y bioética computacional.

VII. ESTRATEGIAS DE ENSEÑANZA QUE FAVORECEN EL APRENDIZAJE

Se usarán metodologías activas de enseñanza-aprendizaje, como aprendizaje basado en proyectos, programación orientada a la resolución de problemas, simulaciones, y el uso de bases de datos y plataformas reales. Se promoverá la participación en seminarios de lectura, laboratorios de análisis bioinformático, y el trabajo colaborativo mediante bitácoras digitales y repositorios compartidos.

VIII. EVALUACIÓN

De acuerdo con el estatuto estudiantil vigente (Acuerdo No. 027 de 1993 expedido por el Consejo Superior Universitario y en su Artículo No. 42 y al Artículo No. 3, Literal d) el profesor al presentar el programa presenta una propuesta de evaluación como parte de su propuesta metodológica.

Para dar cumplimiento a lo dispuesto en el estatuto estudiantil, los porcentajes por corte se definen como se indica a continuación, con base en las fechas establecidos por el Consejo Académico en el respectivo calendario académico.

Primer corte (hasta la semana 8) à 35%

Segundo corte (hasta la semana 16) à 35%

Proyecto final (hasta la semana 18) à 30%

En todo caso, la evaluación será continua e integral, teniendo en cuenta los avances del estudiante en los siguientes aspectos: i) comprensión conceptual (pruebas escritas, talleres); ii) aplicación práctica (laboratorios, informes técnicos); iii) proyecto integrador final (análisis, diseño, montaje y presentación); y iv) participación y trabajo en equipo. Asimismo, se debe valorar el desarrollo de competencias comunicativas, resolución de problemas, uso de instrumentos, pensamiento lógico y creatividad. Las pruebas se concertarán con el grupo y se ajustarán a las fechas establecidas en el respectivo calendario académico.

IX. MEDIOS Y RECURSOS EDUCATIVOS

Para el adecuado desarrollo de este espacio académico, se requiere el uso de medios institucionales y recursos individuales que faciliten los procesos de enseñanza y aprendizaje, tanto en ambientes presenciales como virtuales. Las actividades teóricas se apoyarán en aulas de clase dotadas de medios audiovisuales (tablero, videobeam, sillas) y plataformas virtuales institucionales como Microsoft Teams o Google Meet. Además, será fundamental el acceso a presentaciones digitales, textos base, hojas de datos, artículos técnicos y bibliotecas digitales.

X. PRÁCTICAS ACADÉMICAS - SALIDAS DE CAMPO

Se contempla la realización de visitas académicas a centros de investigación en biotecnología y salud, laboratorios de genómica o bioinformática, y la participación en eventos de divulgación científica. Se incentivará la vinculación de los estudiantes a semilleros de investigación interdisciplinaria.

XI. BIBLIOGRAFÍA

Lesk, A. M. (2013). Introduction to Bioinformatics. Oxford University Press. Mount, D. W. (2004). Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis. Cold Spring Harbor Laboratory Press. Higgs, P. G., & Attwood, T. K. (2005). Bioinformatics and Molecular Evolution. Wiley-Blackwell. PDB, NCBI, UniProt, Bioconductor (acceso libre en línea).							
XII. SEGUIMIENTO Y ACTUALIZACIÓN DEL SYLLABUS							
Fecha revisión por Consejo Curricular							

Número de acta:

Attwood, T. K., & Parry-Smith, D. J. (2002). Introducción a la bioinformática. Pearson Educación. Claverie, J. M., & Notredame, C. (2006). Bioinformatics For Dummies. 2nd Edition. Dummies.

Fecha aprobación por Consejo Curricular: