

**Facultad de Ingeniería y Ciencias Agropecuarias**  
**Ingeniería en Biotecnología**  
**IBT743/Bioinformática**  
**Período 2015-2**

**1. Identificación**

Número de sesiones: **48**

Número total de horas de aprendizaje: **120**

Créditos – malla actual: **48**

Profesor: **Fabio Marcelo Idrovo Espín.**

Correo electrónico del docente:

Coordinador: **Vivian Morera**

Campus: **Queri**

Pre-requisito: **IBT404**

Co-requisito:

Paralelo: **1 y 2**

Tipo de asignatura:

Optativa	
Obligatoria	<b>X</b>
Práctica	

Organización curricular:

Unidad 1: Formación Básica	
Unidad 2: Formación Profesional	<b>X</b>
Unidad 3: Titulación	

Campo de formación:

<b>Campo de formación</b>				
Fundamentos teóricos	Praxis profesional	Epistemología y metodología de la investigación	Integración de saberes, contextos y cultura	Comunicación y lenguajes
	<b>X</b>			

**2. Descripción del curso**

*La bioinformática es la aplicación de la tecnología informática para el estudio de la información biológica. Durante la última década los costos de secuenciación de genomas ha disminuido de forma importante, actualmente la información contenida en bases de datos genómicas de fácil acceso permite que la investigación bioinformática se desarrolle prácticamente sin límites, contribuyendo a una mejor comprensión de los procesos biológicos, reduciendo los costos y el tiempo de una investigación estrictamente experimental en laboratorio.*

*La asignatura se enfoca al estudio y análisis de las secuencias de nucleótidos y aminoácidos de diferentes organismos con la finalidad de predecir funciones biológicas de esas secuencias. Entre diferentes organismos en cambio puede encontrarse relaciones evolutivas entre los mismos.*

### 3. Objetivo del curso

*Analizar e interpretar información obtenida mediante biología molecular, a través de herramientas bioinformáticas.*

### 4. Resultados de aprendizaje deseados al finalizar el curso

Resultados de aprendizaje (RdA)	RdA perfil de egreso de carrera	Nivel de desa (carrera)
<b>1.</b> Utiliza bases de datos biológicas y de secuencias de ácidos nucleicos <b>2.</b> Aplica la base teórica de la bioinformática para el análisis de secuencias y filogenia de especies	<b>1.</b> Investiga, innova, crea productos y procedimientos enfocados en su aplicación, con pensamiento crítico, a través del uso de herramientas multidisciplinarias biotecnológicas.	<b>Inicial ( )</b> <b>Medio ( X )</b> <b>Final ( )</b>

### 5. Sistema de evaluación

De acuerdo al Modelo Educativo de la UDLA la evaluación busca evidenciar el logro de los resultados de aprendizaje (RdA) enunciados en cada carrera y asignatura, a través de mecanismos de evaluación (MdE). Por lo tanto la evaluación debe ser continua, formativa y sumativa. La UDLA estipula la siguiente distribución porcentual para los reportes de evaluaciones previstas en cada semestre de acuerdo al calendario académico:

Reporte de progreso 1	35%
Promedio de controles de lectura y pruebas 1	15%
Examen 1	20%
Reporte de progreso 2	35%
Promedio de controles de lectura y pruebas 2	15%
Examen 2	20%
Evaluación final	30%

Al finalizar el curso habrá un examen de recuperación para los estudiantes que, habiendo cumplido con más del 80% de asistencia presencial a clases, deseen reemplazar la nota de un examen anterior (ningún otro tipo de evaluación). Este examen debe integrar todos los conocimientos estudiados durante el periodo académico, por lo que será de alta exigencia y el estudiante necesitará prepararse con

rigurosidad. La nota de este examen reemplazará a la del examen que sustituye. Recordar que para rendir el EXAMEN DE RECUPERACIÓN, es requisito que el estudiante haya asistido por lo menos al 80% del total de las sesiones programadas de la materia. No se podrá sustituir la nota de un examen previo en el que el estudiante haya sido sancionado por una falta grave, como copia o deshonestidad académica.

## 6. Metodología del curso y de mecanismos de evaluación.

Las metodologías y mecanismos de evaluación son los siguientes:

### 6.1. Escenario de aprendizaje presencial.

Cada unidad se desarrollará mediante la exposición del tema de clase en Power Point. *Presentaciones en clase (P)*. Los estudiantes realizarán análisis bioinformáticos con los softwares indicados y las secuencias que se les asigne. *Análisis Bioinformáticos (AB)*.

### 6.2. Escenario de aprendizaje virtual.

Los artículos que se encuentran especificados en el presente sílabo y el aula virtual pueden ser descargados fácilmente por los estudiantes. Los estudiantes deben leer cada artículo correspondiente a cada unidad y responderán cuestionarios de cada artículo. *Lecturas (L)*

### 6.3. Escenario de aprendizaje autónomo.

Los estudiantes trabajarán en clase con los softwares indicados y las secuencias que se les asigne. *Ejercicios de análisis bioinformáticos (EB)*.

## 7. Temas y subtemas del curso

RdA	Temas	Subtemas
1	I Introducción a la Bioinformática básica	1.1 Introducción a la Bioinformática 1.2 Conceptos básicos 1.2.1 Codon usage bias 1.2.2 RSCU 1.2.3 Mapas genéticos 1.2.4 Homología, similitud, genes ortólogos y parálogos
2	II Formatos de bases de datos y softwares bioinformáticos	2.1 Formatos de bases de datos bioinformáticos y softwares bioinformáticos 2.2 Softwares bioinformáticos 2.2.1 Softwares útiles y plataformas bioinformáticas 2.2.1.1 GENEVESTIGATOR 2.2.1.2 WEBLOGO

		2.2.1.3 Mega6, ejercicios prácticos
<b>2</b>	<b>III</b> Bases de datos de secuencias	3.1 Bases de datos bioinformáticas 3.1.1 ENTREZ (GenBank) 3.1.2 Otras bases de datos importantes
<b>Progreso 1</b>		
<b>1, 2</b>	<b>IV</b> Alineamiento de secuencias	4.1 Principios de búsqueda de similitud en secuencias 4.1.1 Distancias evolutivas 4.1.1.1 Distancia p, ejercicios 4.1.1.2 Distribución de ND 4.1.1.3 Cálculo de p con MEGA 4.1.1.4 Matriz de porcentaje de identidad 4.1.1.5 Distancia Gamma 4.1.2 Modelos de substitución de nucleótidos 4.1.2.1 Cambios en el tiempo 4.1.3 Modelo de Jukes-Cantor 4.1.3.1 Distancia de Jukes-Cantor Alineamientos 4.1.4 Modelo de Kimura 4.1.5 Otros modelos 4.2 Matriz de substitución de amino ácidos 4.2.1 Alineamiento global, ejercicios 4.2.1.1 Programación dinámica: El algoritmo 4.2.2.2 Matriz de Substitución S 4.2.2.3 Matriz de Substitución PAM 4.2.2.4 Matriz BLOSUM 62 4.2.3 Algoritmo de secuencia de alineamiento múltiple 4.2.3.1 CLUSTAL W 4.2.3.2 MUSCLE Prueba escrita 4.2.3.3 CLUSTAL W vs. MUSCLE 4.2.4 Algoritmos de alineamiento de secuencias por pares 4.3 BLAST

		4.3.1 Valor E 4.3.2 Paquete BLAST 4.3.3 Ejercicio 4.4 PSY BLAST
<b>Progreso 2</b>		
<b>1, 2</b>	<b>V</b> Filogenética	5.1 Revisión de Evolución 5.1.1 Postulados de la evolución por selección natural 5.1.2 Especiación, gradualismo filético 5.1.3 Equilibrio puntual 5.1.4 Teoría de Evolución neutral 5.2 Evolución molecular 5.2.1 Reloj molecular 5.3 Filogenética 5.3.1 Jerarquía de Lineo 5.4 Árboles filogenéticos 5.4.1 Cambios evolutivos en secuencias 5.5 Selección del modelo de evolución 5.6 Inferencia filogenética 5.6.1 Métodos de distancia 5.6.1.1 UPGMA 5.6.1.2 NJ 5.6.2 Métodos de caracteres 5.6.2.1 MP 5.6.2.2 ML 5.6.3 Determinación de la confiabilidad del árbol filogenético
<b>1, 2</b>	<b>VI</b> Predicción de genes	6.1 Predicción de genes 6.1.1 Cadenas de Markov 6.1.1.1 Modelos ocultos de Markov 6.1.2 Augustus 6.1.3 GENESCAN ejercicios 6.1.4 FGenesh 6.1.5 Predicción de comparaciones 6.2 Notación de genes y proteínas, ejercicio
<b>1,2</b>	<b>VII</b> Datos estructurales	7.1 Bioinformática estructural 7.2 Revisión de conceptos 7.2.1 Proteínas Predictores de estructuras

		proteicas
1,2	VIII Aplicaciones	8. Aplicaciones bioinformáticas
<b>Evaluación final</b>		

## 8. Planificación secuencial del curso

Rd A	Tema	Sub tema	Actividad/ estrategia de clase	Tarea/ trabajo autónomo	MdE/Producto / fecha de entrega
<b>SEMANA 1</b>					
1	<b>I</b> Introducción a la Bioinformática básica	1.1 Introducción a la Bioinformática 1.2 Conceptos básicos 1.2.1 Codon usage bias	AB P L	<b>Lectura de artículo:</b> Kumar, S., Dudley, J. (2007). Bioinformatics software for biologists in the genomics era. Bioinformatics 23(14):1713-1717. doi:10.1093/bioinformatics/btm239	Control de lectura, prueba
<b>SEMANA 2</b>					
2		1.2.2 RSCU 1.2.3 Mapas genéticos 1.2.4 Homología, similitud, genes ortólogos y parálogos	AB P	AB EB	Prueba
<b>SEMANA 3</b>					
2		2.1 Formatos de bases de datos bioinformáticos y softwares bioinformáticos 2.2 Softwares bioinformáticos 2.2.1 Softwares útiles y plataformas bioinformáticas 2.2.1.1 GENEVESTIGATOR	AB P	AB	

		2.2.1.2 WEBLOGO			
<b>SEMANA 4</b>					
1		2.2.1.3 Mega6, ejercicios prácticos	AB P	EB	Prueba acumulativa de conocimientos
<b>SEMANA 5</b>					
2		3.1 Bases de datos bioinformáticas 3.1.1 ENTREZ (GenBank) 3.1.2 Otras bases de datos importantes	P L	<b>Lectura de artículo:</b> Narayanan, B., Westbrook, J., Ghosh, S., Petrov, A., Sweeney, B., Zirbel, C., Leontis, N., Berman, H. (2013). The Nucleic Acid Database: new features and Capabilities. Nucleic Acids Research 42: D114–D122. doi:10.1093/nar/gkt 980	Control de lectura, prueba
<b>SEMANA 6</b>					
1,2		4.1 Principios de búsqueda de similitud en secuencias 4.1.1 Distancias evolutivas 4.1.1.1 Distancia p, ejercicios 4.1.1.2 Distribución de ND 4.1.1.3 Cálculo de p con MEGA 4.1.1.4 Matriz de porcentaje de identidad 4.1.1.5 Distancia Gamma 4.1.2 Modelos de substitución de nucleótidos  4.1.2.1 Cambios en el tiempo 4.1.3 Modelo de	P L	<b>Lectura de artículo:</b> Daugelaite, J., O' Driscoll, A., Sleator, R. (2013). An Overview of Multiple Sequence Alignments and Cloud Computing in Bioinformatics.	Control de lectura, prueba

		Jukes-Cantor 4.1.3.1 Distancia de Jukes-Cantor Alineamientos			
<b>SEMANA 7</b>					
<b>Progreso 1</b>					
<b>SEMANA 8</b>					
1,2		4.1.4 Modelo de Kimura 4.1.5 Otros modelos 4.2 Matriz de sustitución de amino ácidos 4.2.1 Alineamiento global, ejercicios 4.2.1.1 Programación dinámica: El algoritmo 4.2.2.2 Matriz de Substitución S 4.2.2.3 Matriz de Substitución PAM	AB P	EB	
<b>SEMANA 9</b>					
1,2		4.2.2.4 Matriz BLOSUM 62 4.2.3 Algoritmo de secuencia de alineamiento múltiple 4.2.3.1 CLUSTAL W 4.2.3.2 MUSCLE Prueba escrita 4.2.3.3 CLUSTAL W vs. MUSCLE 4.2.4 Algoritmos de alineamiento de secuencias por pares 4.3 BLAST 4.3.1 Valor E 4.3.2 Paquete BLAST 4.3.3 Ejercicio	AB P	EB	



		4.4 PSY BLAST			
<b>SEMANA 10</b>					
1,2		5.1 Revisión de Evolución 5.1.1 Postulados de la evolución por selección natural 5.1.2 Especiación, gradualismo filético 5.1.3 Equilibrio puntual 5.1.4 Teoría de Evolución neutral 5.2 Evolución molecular 5.2.1 Reloj molecular	AB P	EB	
<b>SEMANA 11</b>					
1,2		5.3 Filogenética 5.3.1 Jerarquía de Lineo 5.4 Árboles filogenéticos 5.4.1 Cambios evolutivos en secuencias 5.5 Selección del modelo de evolución 5.6 Inferencia filogenética 5.6.1 Métodos de distancia 5.6.1.1 UPGMA 5.6.1.2 NJ 5.6.2 Métodos de caracteres 5.6.2.1 MP 5.6.2.2 ML	P L	<b>Lectura de artículo:</b> Yang, Z., Rannala, B. (2012). Molecular phylogenetics: principles and practice. Nature reviews. 13:303-314. doi:10.1038/nrg3186	Control de lectura, prueba
<b>SEMANA 12</b>					
1,2		5.6.3 Determinación de la confiabilidad del árbol filogenético	AB P	EB	

SEMANA 13					
Progreso 2					
SEMANA 14					
1,2		6.1 Predicción de genes 6.1.1 Cadenas de Markov 6.1.1.1 Modelos ocultos de Markov 6.1.2 Augustus 6.1.3 GENESCAN ejercicios 6.1.4 FGenesh 6.1.5 Predicción de comparaciones 6.2 Notación de genes y proteínas, ejercicio	P L	<b>Lectura de artículo:</b> Yandel, M., Ence, E. (2012). A beginner's guide to eukaryotic genome annotation. Nature reviews. 13:329-342. doi:10.1038/nrg3174	Control de lectura, prueba
SEMANA 15					
1,2		7.1 Bioinformática estructural 7.2 Revisión de conceptos 7.2.1 Proteínas 7.3 Predictores de estructuras proteicas 8. Aplicaciones bioinformáticas	P L	<b>Lectura de artículo:</b> Lahti, J., Tang, G., Capriotti, E., Liu, T., Altman, R. (2012). Bioinformatics and variability in drug response: a protein structural perspective. J. R. Soc. Interface. 9:1409-1437. doi:10.1098/rsif.2011.0843	Control de lectura, prueba
SEMANA 16					
Evaluación final					

## 9. Normas y procedimientos para el aula

- En base a lo establecido en el Reglamento del Estudiante se consideran faltas graves aquellas conductas que atentan contra los Principios y Valores de la Universidad, y de acuerdo con los Valores de la Universidad referidos a la Conducta ética (honestidad), la copia en alguna evaluación calificada se considerará un acto deshonesto. Se retirará la evaluación del alumno que sea sorprendido copiando, se le asignará la más baja calificación posible y se notificará a la Coordinación de Carrera y posteriormente a la Dirección de Servicios Estudiantiles para la sanción respectiva.

- Se permitirá el acceso al aula hasta 10 (diez) minutos del inicio de la hora de clase.
- Las inasistencias solo se justificarán cuando estén debidamente sustentadas en la Coordinación de Carrera.
- Las clases por cada paralelo son únicas, si un estudiante no puede asistir a una clase programada normalmente según el horario establecido, no podrá recuperarla luego en el otro paralelo y se considerará como inasistencia.
- Bajo ninguna circunstancia se aceptará tomar una evaluación de alumnos de un paralelo en otro que no les corresponde.
- No se concederán justificaciones previas para ausentarse a una clase programada normalmente según el horario establecido.
- Las tareas deben ser presentadas por los estudiantes en la fecha y hora que se hayan asignado previamente para su recepción. No habrá recepción extemporánea salvo justificación debidamente sustentada.
- El uso de celulares y tablets queda prohibido en clase.
- El alumno que interfiera el correcto desarrollo de la clase será amonestado verbalmente una única vez, si reincide se solicitará que el alumno abandone el aula.
- Cualquier novedad será registrada en el diario temático por parte del docente como constancia de la misma.
- Se informará a todos los alumnos el primer día de clase sobre estas observaciones generales, los estudiantes abajo firmantes las comprenden y acepta como constancia.

## 10. Referencias bibliográficas

### 10.1. Principales.

<sup>1</sup>Nei, M. & Kumar, S. (2000). Molecular Evolution and Phylogenetics. Oxford: Oxford University Press.

<sup>2</sup>Higgs, P. & Atwood, T. (2005). Bioinformatics and Molecular Evolution. Victoria: Blackwell Science Ltd.

<sup>3</sup>Lesk, A. (2008), Introduction to Bioinformatics, 3era edición. Oxford: Oxford University Press.

---

<sup>1</sup> LIBRO DE BIOINFORMÁTICA POR EXCELENCIA, no existe otra edición, está disponible en ebrary, se sugirió la adquisición en biblioteca, gran parte de la asignatura se basa en esta obra.

<sup>2</sup> Disponible en ebrary

## 10.2. Referencias complementarias.

<sup>2</sup>Mount, D. (2001). Bioinformatics, Sequence and Genome Analysis. Michigan: Cold Spring Harbor Laboratory Press.

Edwards, D., Stajich, J. & Hansen, D. (2009), Bioinformatics Tools and Applications. New York: Springer Science+Business Media.

Keith, J. (2008). Bioinformatics, Data, Sequence Analysis and Evolution. Volume I. New Jersey: Humana Press.

Keith, J. (2008). Bioinformatics, Structure, Function and Applications. Volume II. New Jersey: Humana Press.

Koonin, E. & Halperin, M. (2003). Sequence - evolution - function: Computational approaches in comparative genomics. Dordrecht: Springer Science+Business Media.

Lemey, P., Salemi, M. & Vandamme, A. (2009). The Phylogenetic Handbook. A Practical Approach to Phylogenetic Analysis and Hypothesis Testing, 2da edición. New York: Cambridge University Press.

Lesk, A. (2005). Database Annotation in Molecular Biology. Chichester: John Wiley & Sons Ltd.

Rigden, D. (2009). From Protein Structure to Function with Bioinformatics. Dordrecht: Springer Science+Business Media.

Pontarotti, P. (2010). Evolutionary Biology-Concepts, Molecular and Morphological Evolution. Berlin: Springer-Verlag.

## 11. Perfil del docente

Nombre del docente: Fabio Idrovo  
Químico, Universidad Central del Ecuador.  
Maestro en Ciencias en Biotecnología Agrícola. UACH, Texcoco Edo. México, México.  
Doctor en Ciencias Biológicas, Biotecnología. CICY, Mérida Edo. Yucatán, México.  
Biotecnología vegetal-bioinformática  
[f.idrovo@udlanet.ec](mailto:f.idrovo@udlanet.ec)  
3981000 ext.232  
Atención a estudiantes  
Lunes, Miércoles, Jueves y Viernes 7:00-8:00

---

<sup>3</sup> Disponible en la Biblioteca