

Facultad de Ingeniería y Ciencias Agropecuarias
Ingeniería en Biotecnología
IBT743-Bioinformática
Período 2016-2

1. Identificación

Número de sesiones: 48

Número total de horas de aprendizaje: 120 = 48h presenciales + 72h trabajo autónomo

Créditos – malla actual: 4.5

Profesor: Fabio Marcelo Idrovo Espín

Correo electrónico del docente: f.idrovo@udlanet.ec

Coordinador: Vivian Morera

Campus: Queri

Pre-requisito: IBT404

Co-requisito:

Paralelo: 1 y 2

1

Tipo de asignatura:

| | |
|-------------|---|
| Optativa | |
| Obligatoria | X |
| Práctica | |

Organización curricular:

| | |
|---------------------------------|---|
| Unidad 1: Formación Básica | |
| Unidad 2: Formación Profesional | X |
| Unidad 3: Titulación | |

Campo de formación:

| Campo de formación | | | | |
|----------------------|--------------------|---|---|--------------------------|
| Fundamentos teóricos | Praxis profesional | Epistemología y metodología de la investigación | Integración de saberes, contextos y cultura | Comunicación y lenguajes |
| | X | | | |

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 desarrollo (carrera) |
|--|--|---------------------------------------|
| 1. Examina bases de datos biológicas y de secuencias de ácidos nucleicos | 1. Investiga, innova, crea productos y procedimientos enfocados en su aplicación, con pensamiento crítico, a través del uso de herramientas multidisciplinarias biotecnológicas. | Inicial () Medio () Final (X) |
| 2. Expresa la base teórica de la bioinformática en el análisis de secuencias y filogenia de especies | 4.- Demuestra pericia en la aplicación de técnicas de laboratorio para análisis, diagnóstico e investigación | |

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 pruebas 1 | 10% |
| Lecturas | 3% |
| Análisis bioinformáticos en clase | 2 % |
| Examen 1 | 20% |
| Reporte de progreso 2 | 35% |
| Promedio de controles de lectura y pruebas 2 | 10% |
| Lecturas | 3% |
| Análisis bioinformáticos en clase | 2 % |
| 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 deben explicarse en los siguientes escenarios de aprendizaje:

6.1. Escenario de aprendizaje presencial.

Cada unidad se desarrollará mediante la clase magistral del tema de clase en Power Point. Presentaciones en clase. Los estudiantes realizarán análisis bioinformáticos con los softwares indicados y las secuencias que se les asigne. Los estudiantes rendirán al menos una prueba en cada parcial (10%) y exámenes parciales y un final (20%)

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 (3%).

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 (2%)

7. Temas y subtemas del curso

| RdA | Temas | Subtemas |
|---|--|---|
| 1. Examina bases de datos biológicas y de secuencias de ácidos nucleicos. | 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. Expresa la base teórica de la bioinformática en el análisis de secuencias y filogenia de especies | 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 |
| 2. Expresa la base teórica de la bioinformática en el análisis de secuencias y filogenia de especies | III Bases de datos de secuencias | 3.1 Bases de datos bioinformáticas 3.1.1 ENTREZ (GenBank) 3.1.2 Otras bases de datos importantes |
| Progreso 1 | | |
| 1. Examina bases de datos biológicas y de secuencias de ácidos nucleicos 2. Expresa la base teórica de la bioinformática en el análisis de secuencias y filogenia de especies | IV 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 |

| | | |
|---|---|---|
| | | <p>4.2.2.4 Matriz BLOSUM 62</p> <p>4.2.3 Algoritmo de secuencia de alineamiento múltiple</p> <p>4.2.3.1 CLUSTAL W</p> <p>4.2.3.2 MUSCLE</p> <p>Prueba escrita</p> <p>4.2.3.3 CLUSTAL W vs. MUSCLE</p> <p>4.2.4 Algoritmos de alineamiento de secuencias por pares</p> <p>4.3 BLAST</p> <p>4.3.1 Valor E</p> <p>4.3.2 Paquete BLAST</p> <p>4.3.3 Ejercicio</p> <p>4.4 PSY BLAST</p> |
| Progreso 2 | | |
| <p>1. Examina bases de datos biológicas y de secuencias de ácidos nucleicos</p> <p>2. Expresa la base teórica de la bioinformática en el análisis de secuencias y filogenia de especies</p> | <p>V</p> <p>Filogenética</p> | <p>5.1 Revisión de Evolución</p> <p>5.1.1 Postulados de la evolución por selección natural</p> <p>5.1.2 Especiación, gradualismo filético</p> <p>5.1.3 Equilibrio puntual</p> <p>5.1.4 Teoría de Evolución neutral</p> <p>5.2 Evolución molecular</p> <p>5.2.1 Reloj molecular</p> <p>5.3 Filogenética</p> <p>5.3.1 Jerarquía de Lineo</p> <p>5.4 Árboles filogenéticos</p> <p>5.4.1 Cambios evolutivos en secuencias</p> <p>5.5 Selección del modelo de evolución</p> <p>5.6 Inferencia filogenética</p> <p>5.6.1 Métodos de distancia</p> <p>5.6.1.1 UPGMA</p> <p>5.6.1.2 NJ</p> <p>5.6.2 Métodos de caracteres</p> <p>5.6.2.1 MP</p> <p>5.6.2.2 ML</p> <p>5.6.3 Determinación de la confiabilidad del árbol filogenético</p> |
| <p>1. Examina bases de datos biológicas y de secuencias de ácidos nucleicos</p> | <p>VI</p> <p>Predicción de genes</p> | <p>6.1 Predicción de genes</p> <p>6.1.1 Cadenas de Markov</p> |

| | | |
|--|-----------------------------------|--|
| 2. Expresa la base teórica de la bioinformática en el análisis de secuencias y filogenia de especies | | 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 |
| 1. Examina bases de datos biológicas y de secuencias de ácidos nucleicos 2. Expresa la base teórica de la bioinformática en el análisis de secuencias y filogenia de especies | VII Datos estructurales | 7.1 Bioinformática estructural 7.2 Revisión de conceptos 7.2.1 Proteínas Predictores de estructuras proteicas |
| 1. Examina bases de datos biológicas y de secuencias de ácidos nucleicos 2. Expresa la base teórica de la bioinformática en el análisis de secuencias y filogenia de especies | VIII Aplicaciones | 8. Aplicaciones bioinformáticas |
| Evaluación final | | |

8. Planificación secuencial del curso

| Semana 1-7 | | | | | |
|------------|--|---|---|--|--|
| # Rd A | Tema | Sub tema | Actividad/ metodología/clase | Tarea/ trabajo autónomo | MdE/Producto/ fecha de entrega |
| 1 | I Introducción a la Bioinformática básica | <p>1.1 Introducción a la Bioinformática</p> <p>1.2 Conceptos básicos</p> <p>1.2.1 Codon usage bias</p> <p>1.2.2 RSCU</p> <p>1.2.3 Mapas genéticos</p> <p>1.2.4 Homología, similitud, genes ortólogos y parálogos</p> <p>2.1 Formatos de bases de datos bioinformáticos y softwares bioinformáticos</p> <p>2.2 Softwares bioinformáticos</p> <p>2.2.1 Softwares útiles y plataformas bioinformáticas</p> | <p>(1) Clase magistral</p> <p>(2) Lectura aula virtual</p> <p>(1) Análisis bioinformático</p> <p>(1) Prueba</p> | <p>Lectura de artículo: Kumar, S., Dudley, J. (2007). Bioinformatics software for biologists in the genomics era. Bioinformatics 23(14):1713-1717. doi:10.1093/bioinformatics/btm239</p> <p>Lectura de artículo: 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/gkt980</p> <p>Lectura de artículo: Daugelaite, J., O' Driscoll, A., Sleator, R. (2013). An Overview of Multiple Sequence Alignments and Cloud Computing in Bioinformatics.</p> | <p>Lectura de artículos</p> <p>L1: Cuestionario/Rúbrica/Semana1</p> <p>L2: Cuestionario/Rúbrica/Semana5</p> <p>L3: Cuestionario/Rúbrica/Semana6</p> <p>Análisis bioinformáticos</p> <p>Análisis/Rúbrica/Semana 5</p> <p>Prueba</p> <p>Cuestionario/Rúbrica/Semana2</p> <p>Examen Parcial</p> <p>Cuestionario/Calificación directa/semana 7</p> |

Sílabo 2016-1 (Pre-grado)

| | | | | | |
|--|--|---|--|--|--|
| | | <p>2.2.1.1 GENEVESTI-GATOR</p> <p>2.2.1.2 WEBLOGO</p> <p>2.2.1.3 Mega6, ejercicios prácticos</p> <p>3.1 Bases de datos bioinformáticas</p> <p>3.1.1 ENTREZ (GenBank)</p> <p>3.1.2 Otras bases de datos importantes</p> <p>4.1 Principios de búsqueda de similitud en secuencias</p> <p>4.1.1 Distancias evolutivas</p> <p>4.1.1.1 Distancia p, ejercicios</p> <p>4.1.1.2 Distribución de ND</p> <p>4.1.1.3 Cálculo de p con MEGA</p> <p>4.1.1.4 Matriz de porcentaje de identidad</p> | | | |
|--|--|---|--|--|--|

Sílabo 2016-1 (Pre-grado)

| | | 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 | | | |
|--------------------|------|---|--|--|---|
| Semana 8-14 | | | | | |
| # Rd A | Tema | Sub tema | Actividad/ metodología/clase | Tarea/ trabajo autónomo | MdE/Producto/ fecha de entrega |
| 1 y 2 | | 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 | (1) Clase magistral (2) Lectura aula virtual (1) Análisis bioinformático (1) Prueba | Lectura de artículo: Yang, Z., Rannala, B. (2012). Molecular phylogenetics: principles and practice. Nature reviews. 13:303-314. doi:10.1038/nrg3186 | L4: Cuestionario/Rúbrica/Semana11 Análisis/Rúbrica/Semana 9 Análisis/Rúbrica/Semana 12 Cuestionario/Calificación directa/semana 14 |

Sílabo 2016-1 (Pre-grado)

| | | | | | |
|--|--|--|--|--|--|
| | | <p>4.2.2.4 Matriz BLOSUM 62</p> <p>4.2.3 Algoritmo de secuencia de alineamiento múltiple</p> <p>4.2.3.1 CLUSTAL W</p> <p>4.2.3.2 MUSCLE</p> <p>Prueba escrita</p> <p>4.2.3.3 CLUSTAL W vs. MUSCLE</p> <p>4.2.4 Algoritmos de alineamiento de secuencias por pares</p> <p>4.3 BLAST</p> <p>4.3.1 Valor E</p> <p>4.3.2 Paquete BLAST</p> <p>4.3.3 Ejercicio</p> <p>4.4 PSY BLAST</p> <p>5.1 Revisión de Evolución</p> <p>5.1.1 Postulados de la evolución por selección natural</p> <p>5.1.2 Especiación, gradualismo filético</p> <p>5.1.3 Equilibrio puntual</p> | | | |
|--|--|--|--|--|--|

Sílabo 2016-1 (Pre-grado)

| | | | | | |
|--|--|---|--|--|--|
| | | <p>5.1.4 Teoría de Evolución neutral</p> <p>5.2 Evolución molecular</p> <p>5.2.1 Reloj molecular</p> <p>5.3 Filogenética</p> <p>5.3.1 Jerarquía de Lineo</p> <p>5.4 Árboles filogenéticos</p> <p>5.4.1 Cambios evolutivos en secuencias</p> <p>5.5 Selección del modelo de evolución</p> <p>5.6 Inferencia filogenética</p> <p>5.6.1 Métodos de distancia</p> <p>5.6.1.1 UPGMA</p> <p>5.6.1.2 NJ</p> <p>5.6.2 Métodos de caracteres</p> <p>5.6.2.1 MP</p> <p>5.6.2.2 ML</p> <p>5.6.3 Determinación de la confiabilidad del árbol filogenético</p> | | | |
|--|--|---|--|--|--|

| Semana 15-16 | | | | | |
|--------------|------|--|---|---|--|
| # Rd A | Tema | Sub tema | Actividad/ metodología/clase | Tarea/ trabajo autónomo | MdE/Producto/ fecha de entrega |
| 1 y 2 | | <p>6.1 Predicción de genes</p> <p>6.1.1 Cadenas de Markov</p> <p>6.1.1.1 Modelos ocultos de Markov</p> <p>6.1.2 Augustus</p> <p>6.1.3 GENESCAN ejercicios</p> <p>6.1.4 FGenesh</p> <p>6.1.5 Predicción de comparaciones</p> <p>6.2 Notación de genes y proteínas, ejercicio</p> <p>7.1 Bioinformática estructural</p> <p>7.2 Revisión de conceptos</p> <p>7.2.1 Proteínas</p> <p>7.3 Predictores de estructuras proteicas</p> <p>8. Aplicaciones bioinformáticas</p> | <p>(1) Clase magistral</p> <p>(2) Lectura aula virtual</p> <p>(1) Análisis bioinformático</p> <p>(1) Examen final</p> | <p>Lectura de artículo: Yandel, M., Ence, E. (2012). A beginner's guide to eukaryotic genome annotation. Nature reviews. 13:329-342. doi:10.1038/nrg3174</p> <p>Lectura de artículo: 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</p> | <p>L5: Cuestionario/Rúbrica/Semana15</p> <p>L6: Cuestionario/Rúbrica/Semana16</p> <p>Examen final</p> <p>Cuestionario/Calificación directa/semana 16</p> |

Sílabo 2016-1 (Pre-grado)



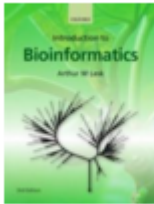

9. Normas y procedimientos para el aula

- 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.

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

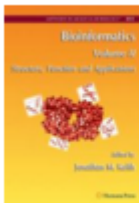

1.  **Introduction to bioinformatics**
por Lesk, Arthur M.
Formato: 
Extracto: Introduction to bioinformatics Lesk, Arthur M.
Disponible: 1
-

10.2. Referencias complementarias.

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

2.  **Bioinformatics: Data, sequence analysis and evolution**
por Keith, Jonathan M., ed.
Formato: 
Extracto: Bioinformatics: Data, sequence analysis and evolution Keith, Jonathan M., ed.
Disponible: 1

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

5.  **Bioinformatics: structure, function and applications**
por Keith, Jonathan M. ed.
Formato: 
Extracto: Bioinformatics: structure, function and applications Keith, Jonathan M. ed.
Disponible: 2

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

3981000 ext.232

Atención a estudiantes

Días por definir, horario de 7:00 a 8:00