



**Universidad Nacional de San
Agustín de Arequipa**

**Escuela Profesional de Ciencia de la
Computación**

**Bioinformática
(Código: 1705164)**

Semestre 2021-A

Indice

1	Curriculum Vitae en Formato ICACIT	4
2	Sílabo del Curso en Formato DUFA	5
3	Sílabo del Curso en Formato ICACIT	11
4	Mapeo del Resultado del Estudiante	14
5	Material del Curso	16
6	Prueba de Entrada	18
6.1	Prueba de Entrada entregada a los estudiantes	19
6.2	Resolución de la Prueba de Entrada	21
6.3	Informe	23
6.4	Evidencias	27
7	Evaluación Primer Parcial	29
7.1	Examen 1: Teórico/Oral/Investigaciones/Proyectos	30
7.2	Resolución de la Examen 1	32
7.3	Evidencias	34
7.4	Informe Estadístico del mapeo del resultado del estudiante	36
7.5	Lista de Cotejos del proceso de Evaluación Parcial	40

7.6	Porcentaje de avance y último contenido desarrollado de acuerdo a silabo	42
8	Evaluación Continua Fase 1	44
8.1	Consolidación de evaluaciones de práctica y/o laboratorio	45
8.2	Guías de práctica y/o laboratorio	49
8.3	Lista de Cotejos del proceso de Evaluación Continua	51



1. Curriculum Vitae en Formato ICACIT



2. Sílabo del Curso en Formato DUFA

UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN AGUSTÍN DE AREQUIPA



VICERRECTORADO ACADÉMICO

**FACULTAD DE INGENIERÍA DE PRODUCCIÓN Y SERVICIOS
DEPARTAMENTO ACADÉMICO DE INGENIERÍA DE SISTEMAS E INFORMÁTICA**

SILABO 2021 A

ASIGNATURA: BIOINFORMÁTICA

1. INFORMACIÓN ACADÉMICA

Periodo académico:	2021 - A	
Escuela Profesional:	Ciencias de la Computación	
Código de la asignatura	1705164	
Nombre de la asignatura	Bioinformática	
Semestre:	VII	
Características:	Semestral	
Duración:	17 semanas	
Número de horas (Semestral)	Teóricas	2
	Teórico-práctico	2
	Prácticas	2
	Laboratorio	-
Número de Créditos:	6	
Prerrequisitos:	1003233	Estructuras de Datos Avanzadas

2. INFORMACIÓN ADMINISTRATIVA

PROFESOR: Vicente Machaca Arceda					
GRADO ACADÉMICO: Maestro en Ciencias Informática, con mención en Tecnologías de Información					
DEPARTAMENTO ACADÉMICO: Ingeniería de Sistemas e Informática					
HORARIO	Lunes	Martes	Miércoles	Jueves	Viernes
Total Semanal: Hrs.		14:00 a 15:40	10:40 a 12:20	14:00 a 15:40	
Tipo de clase		Teoría	Práctica	Laboratorio	
Grupo		A	A	A	

3. FUNDAMENTACIÓN (JUSTIFICACIÓN)

El uso de métodos computacionales en las ciencias biológicas se ha convertido en una de las herramientas claves para el campo de la biología molecular, siendo parte fundamental en las investigaciones de esta área. En Biología Molecular, existen diversas aplicaciones que involucran tanto al ADN, al análisis de proteínas o al secuenciamiento del genoma humano, que dependen de métodos computacionales. Muchos de estos problemas son realmente complejos y tratan con grandes conjuntos de datos. Este curso puede ser aprovechado para ver casos de uso concretos de varias áreas de conocimiento de Ciencia de la Computación como: Lenguajes de Programación (PL), Algoritmos y Complejidad (AL), Probabilidades y Estadística, Manejo de Información (IM), Sistemas Inteligentes (IS).

4. SUMILLA DEL CURSO

El curso tiene como objetivo que el alumno tenga un conocimiento sólido de los problemas biológicos moleculares que desafía la computación y que el alumno sea capaz de abstraer la esencia de los diversos problemas biológicos para plantear soluciones usando sus conocimientos de Ciencia de la Computación.

5. COMPETENCIAS

- La comprensión intelectual y la capacidad de aplicar las bases matemáticas y la teoría de la informática (Resultado [a] nivel 2).
- Analiza, diseña y propone soluciones frente a problemas bioinformáticos. (Resultado [b] nivel 1, Resultado [c] nivel 1, Resultado [d] nivel 1).
- Sabe cómo utilizar y conoce las bases computacionales de herramientas modernas de secuenciamiento, alineamiento, árboles filogenéticos y mapeo de genomas. (Resultado [a] nivel 2 y Resultado [h] nivel 2).

6. CONTENIDOS DE LA ASIGNATURA

PRIMERA UNIDAD: Introducción a la Biología Molecular

Capítulo I.- Biología molecular

1. Introducción
2. Biología de la célula
3. Bases de datos en bioinformática
4. Transcripción y traducción
5. Estructura del DNA y replicación de DNA
6. Secuenciamiento de DNA

SEGUNDA UNIDAD : Algoritmos en Bioinformática

Capítulo II.- Alineamiento de Secuencias

1. Alineamiento de secuencias de DNA y aminoácidos.
2. Dot matrix
3. Programación dinámica
4. BLAST

Capítulo III.- Árboles Filogenéticos

1. Introducción y relaciones filogenéticas
2. UPGMA
3. Neighbor joining
4. Métodos basados en caracteres

Capítulo IV.- Ensamblaje de Secuencias

1. El problema np-hard de ensamblaje de secuencias de ADN
2. Técnicas basadas en grafos y k-mer
3. Técnicas basadas en heurísticas

TERCERA UNIDAD : Tópicos en Bioinformática

Capítulo V.- Tópicos en Bioinformática

1. Métodos de clasificación *alignment-free*
2. Predicción de estructura de proteínas y función biológica de proteínas
3. *Drug discovery*
4. *Cancer genomics*

7. ESTRATEGIAS DE ENSEÑANZA

- a) **Métodos:** Expositivo en clases teóricas y desarrollo de un trabajo práctico.
- b) **Medios:** Classroom, Google meet.
- c) **Formas de organización:** Clases teóricas, exposición de clases magistrales.
- d) **Programación de actividades que integren investigación formativa y responsabilidad social:** Difusión del Pensamiento Computacional en la Región Arequipa.
- e) **Seguimiento del aprendizaje:** Desarrollo de los trabajos en el taller.

8. CRONOGRAMA ACADÉMICO

Semana	Tema / Evaluación	Docente	Avance
1	Tema 1	Vicente Machaca Arceda	6%
2	Tema 2	Vicente Machaca Arceda	12%
3	Tema 3	Vicente Machaca Arceda	20%
4	Tema 4	Vicente Machaca Arceda	25%
5	Examen parcial 1	Vicente Machaca Arceda	35%
6	Tema 5	Vicente Machaca Arceda	40%
7	Tema 6	Vicente Machaca Arceda	46%
8	Tema 7	Vicente Machaca Arceda	52%
9	Tema 8	Vicente Machaca Arceda	58%
10	Tema 9	Vicente Machaca Arceda	60%
11	Examen parcial 2	Vicente Machaca Arceda	65%
12	Tema 10	Vicente Machaca Arceda	71%
13	Tema 11	Vicente Machaca Arceda	80%
14	Tema 12	Vicente Machaca Arceda	86%
15	Tema 13	Vicente Machaca Arceda	92%
16	Tema 14	Vicente Machaca Arceda	95%
17	Examen final	Vicente Machaca Arceda	100%

9. ESTRATEGIAS DE EVALUACIÓN

Evaluación Continua.

Práctica y Laboratorios en cada clase sobre los temas realizados, tanto para el primer parcial (EC1), segundo parcial (EC2) y tercer parcial (EC3).

Evaluación Periódica.

Al ser un curso basado en lenguajes de programación, la evaluación periódica representa el promedio de las prácticas desarrolladas en clase.

Cronograma

Evaluación	Fecha de Evaluación	Examen Teoría	Evaluación Continua	Ponderación porcentual
Evaluación parcial	13/05/2021	15%	15%	30%
Evaluación parcial	17/06/2021	15%	15%	30%
Evaluación final	29/07/2021	20%	20%	40%

Tipo de evaluación

Heteroevaluación, es la evaluación que realiza una persona sobre otra respecto de su trabajo, rendimiento.

Instrumentos de evaluación

Exámenes, proyecto de curso, prácticas y exposiciones.

10. REQUISITOS DE APROBACIÓN

Para aprobar el curso se deberá haber presentado todos sus trabajos. Los trabajos o tareas deberán ser originales, la copia o plagio a cualquier tipo de nivel, o cualquier tipo de actitud deshonestas, será castigado con cero en todo el componente donde se haya detectado la copia.


11. BIBLIOGRAFÍA

Bibliografía básica obligatoria

- [1] Aluru, S., editor (2006). Handbook of Computational Molecular Biology. Computer and Information Science Series. Chapman & Hall, CRC, Boca Raton, FL.
- [2] Archibald, John M. *Genomics: A Very Short Introduction*. Vol. 559. Oxford University Press, 2018.
- [3] Xiong, Jin. *Essential bioinformatics*. Cambridge University Press, 2006.

Bibliografía de consulta

- [4] Korpelainen E, Tuimala J, Somervuo P, Huss M, Wong G. RNA-seq data analysis: a practical approach. CRC press; 2014 Sep 19.
- [5] Kim IJ, editor. Cancer Genetics and Genomics for Personalized Medicine. CRC Press; 2017 Apr 11.



Vicente Machaca Arceda



3. Sílabo del Curso en Formato ICACIT

Sílabos del Curso

ESCUELA PROFESIONAL DE CIENCIA DE LA COMPUTACIÓN

1. Nombre del curso:

Código	Nombre	Semestre
1005155	Bioinformática	2021-A

2. Créditos y horas semanales:

Nº créditos	H. Teoría	H. Práctica	H. T-P	H. Lab	T. Horas
6	2	2	2		6

3. Nombre del instructor o coordinador del curso:

MSc. Vicente Machaca Arceda

4. Libro texto: Título, autor y año:

a. Obligatoria

Título	Autor	Año
Essential bioinformatics	Essential bioinformatics	2006

b. Otros materiales suplementarios

Título	Autor	Año
A Very Short Introduction	Archibald, John M	2018



UNSA
UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN AGUSTÍN DE AREQUIPA

UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN AGUSTÍN DE AREQUIPA
FACULTAD DE INGENIERÍA DE PRODUCCIÓN Y SERVICIOS

5. Información específica del curso:

a. Breve descripción del contenido del curso:

El curso tiene como objetivo que el alumno tenga un conocimiento sólido de los problemas biológicos moleculares que desafía la computación y que el alumno sea capaz de abstraer la esencia de los diversos problemas biológicos para plantear soluciones usando sus conocimientos de Ciencia de la Computación.

b. Requisitos previos o correquisitos:

1703238 - Estructuras de datos avanzadas

c. Obligatorio o Electivo:

Obligatorio		Electivo	X
-------------	--	----------	---

6. Objetivos específicos del curso:

La comprensión intelectual y la capacidad de aplicar las bases matemáticas y la teoría de la informática (Resultado [a] nivel 2).
Analiza, diseña y propone soluciones frente a problemas bioinformáticos. (Resultado [b] nivel 1, Resultado [c] nivel 1, Resultado [d] nivel 1).
Sabe cómo utilizar y conoce las bases computacionales de herramientas modernas de secuenciamiento, alineamiento, árboles filogenéticos y mapeo de genomas. (Resultado [a] nivel 2 y Resultado [h] nivel 2).

7. Breve lista de temas a ser abordados en el curso:

Biología molecular
Alineamiento de Secuencias
Árboles Filogenéticos
Ensamblaje de Secuencias
Tópicos en Bioinformática



4. Mapeo del Resultado del Estudiante

UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN AGUSTÍN DE AREQUIPA



ESCUELA PROFESIONAL DE CIENCIA DE LA COMPUTACIÓN
FACULTAD DE INGENIERÍA DE PRODUCCIÓN Y SERVICIOS
DEPARTAMENTO ACADÉMICO DE INGENIERÍA DE SISTEMAS E INFORMÁTICA

ASIGNATURA: BIOINFORMÁTICA

MAPEO DE RESULTADOS DEL ESTUDIANTE

[A]	Conocimientos en computación	Nivel 2
[B]	Análisis de problemas	Nivel 1
[C]	Diseño y desarrollo de soluciones	Nivel 1
[D]	Trabajo individual y en equipo	Nivel 1
[H]	Uso de herramientas modernas	Nivel 2

ESCALA PARA MOSTRAR LOS NIVELES

Escala para mostrar el nivel de desarrollo:

- = No se desarrolla

0 = Conoce

1 = Comprende

2 = Aplica en un nivel intermedio

3 = Logra el Resultado del Estudiante



5. Material del Curso

UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN AGUSTÍN DE AREQUIPA



ESCUELA PROFESIONAL DE CIENCIA DE LA COMPUTACIÓN
FACULTAD DE INGENIERÍA DE PRODUCCIÓN Y SERVICIOS
DEPARTAMENTO ACADÉMICO DE INGENIERÍA DE SISTEMAS E INFORMÁTICA

MATERIAL DEL CURSO

Las presentaciones utilizadas en el desarrollo del curso se encuentran en la siguiente tabla:

Tabla 5.1: Material del Curso

Descripción	Enlace
Material	Drive



6. Prueba de Entrada

6.1 Prueba de Entrada entregada a los estudiantes

Examen de entrada

MSc. Vicente Machaca Arceda
13 de abril de 2021

Nombre:
Apellidos:
CUI:

Preguntas

1. Explique qué es el ADN. **(4 puntos)**
2. Explique qué son los genes y proteínas. **(4 puntos)**
3. ¿A que cree que se deban las mutaciones en el ADN?. **(4 puntos)**
4. Explique como es el proceso de aprendizaje de los modelos de *machine learning*. **(4 puntos)**
5. Implementar un programa en el lenguaje de su preferencia que reciba como entrada dos cadenas de texto y retorne un valor numérico indicando el grado de similitud entre dichas cadenas. Usted puede definir qué criterios tomar para retornar el grado de similitud. **(4 puntos)**

Ejemplos de cadenas similares:

- cadena_1: ACGT
- cadena_2: ACGGT

- cadena_1: GTAACGT
- cadena_2: GTAAGT

- cadena_1: ACGT
- cadena_2: AGGT

6.2 Resolución de la Prueba de Entrada

Examen de entrada

MSc. Vicente Machaca Arceda
13 de abril de 2021

Nombre:
Apellidos:
CUI:

Preguntas

1. Explique qué es el ADN. **(4 puntos)**

Solución: Cadena de moléculas basadas en Adenine, Cytosine, Guanine y Tyamine. Dicha cadena forma una doble helice, y son el sustrato para la creación de proteínas.

2. Explique qué son los genes y proteínas. **(4 puntos)**

Solución: Los genes son segmentos del ADN y cada gen forma entre una a más proteínas (isomorfos)

3. ¿A que cree que se deban las mutaciones en el ADN?. **(4 puntos)**

Solución: Las mutaciones son cambios en las bases nitrogenadas del ADN, estos cambios originan proteínas malformadas y funciones deterioradas. Algunas causas de su origen son los hábitos de fumar, exposición a radiación y algunas sustancias químicas.

4. Explique como es el proceso de aprendizaje de los modelos de *machine learning*. **(4 puntos)**

Solución: Mediante la gradiente descendiente, en este proceso el error va reduciendo mediante iteraciones sobre la función costo hasta llegar a un minimo local.

5. Implementar un programa en el lenguaje de su preferencia que reciba como entrada dos cadenas de texto y retorne un valor numérico indicando el grado de similitud entre dichas cadenas. Usted puede definir qué criterios tomar para retornar el grado de similitud. **(4 puntos)**

Ejemplos de cadenas similares:

- cadena_1: ACGT
- cadena_2: ACGGT

- cadena_1: GTAACGT
- cadena_2: GTAAGT

- cadena_1: ACGT
- cadena_2: AGGT

Solución:

```
index = 0
similitud = 0
for c in cadena_1:
    if index < len(cadena_2) and c == cadena_2[index]:
        similitud += 1
    index += 1
return similitud
```

6.3 Informe

UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN AGUSTÍN DE AREQUIPA



ESCUELA PROFESIONAL DE CIENCIA DE LA COMPUTACIÓN
FACULTAD DE INGENIERÍA DE PRODUCCIÓN Y SERVICIOS
DEPARTAMENTO ACADÉMICO DE INGENIERÍA DE SISTEMAS E INFORMÁTICA

INFORME DE RESULTADOS

Nota máxima	20
Nota mínima	15
Nota promedio	19

En la Figura 6.1, detallamos el histograma de frecuencias de las notas por grupo y en la Figura 6.2, mostramos el consolidado.

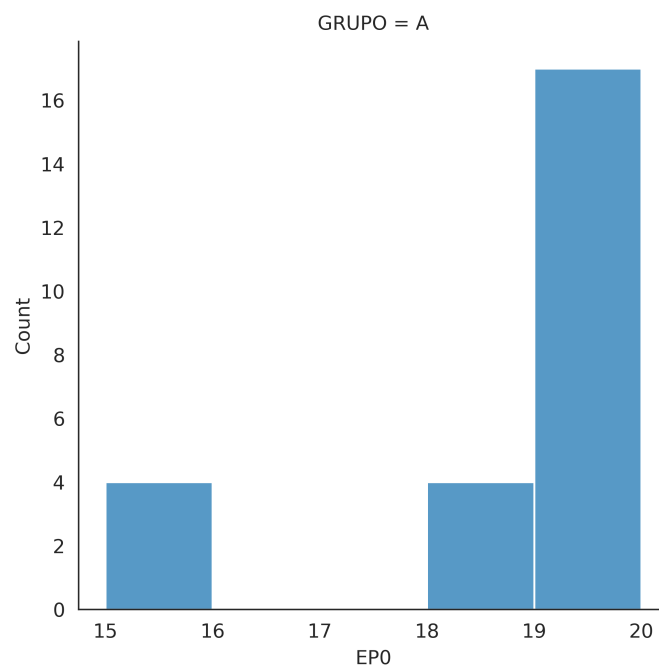


Figura 6.1: Histograma de notas.

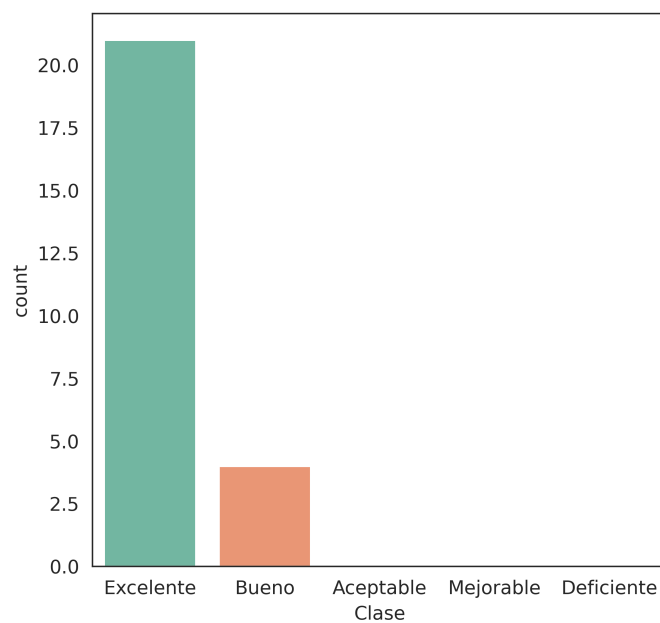


Figura 6.2: Histograma de notas (consolidado). Excelente ($\text{nota} \geq 17$), Bueno ($14 \leq \text{nota} \leq 16$), Aceptable ($11 \leq \text{nota} \leq 13$), Mejorable ($07 \leq \text{nota} \leq 10$), Deficiente ($\text{nota} \leq 06$)

Tabla 6.1: Notas del grupo A.

CUI	ALUMNO	NOTA
20153695	APAZA CHAVEZ MARIA LOURDES	19
20143484	AZA/MAMANI NICOLL DEL ROSARIO	20
20123493	BARRIOS/CORNEJO SELENE	19
20123377	BUSTINZA/CORNEJO ALEJANDRA PAMELA	15
20160748	CESPEDES/FUENTES RENATO GONZALO	19
20143490	CHUCTAYA/ELME MILAGROS	20
20132402	CRUZ/MAMANI MILAGROS CELIA	20
20163436	CUEVA/FLORES JONATHAN BRANDON	18
20052826	ESPINEL QUISPE INGRID SALLY	20
20170734	FERNANDEZ/MAMANI BRAYAN GINO	18
20173462	GARCIA/DIAZ GERMAN FLAVIO	18
20163427	GOMEZ/CONTRERAS JUNIOR VALENTIN	19
20143482	GUTIERREZ/GUTIERREZ DIEGO ANTONY	20
20170732	HERMOZA/LOAYZA MIGUEL ANGEL	19
20170735	HERRERA/COOPER MIGUEL ALEXANDER	20
20160746	INCA/CHIPANA GUSTAVO HERNAN	19
20151124	NIFLA/CATASI WILLIAMS FIDEL	15
20160759	OXA/CACYA SHIRLEY MICHELLE	15
20160750	PANIBRA/MAMANI THALES GONZALO	15
20041749	PILCO/PANCCA LUZ MARINA	19
20173453	QUISPE/MENOR HERMOGENES	18
20153709	QUISPE/QUISPE YARA JEANETTE	20
20110202	TACORA/CRUZ RICHARD JAVIER	20
20173449	TORRES/RODRIGUEZ JAIME FRANCISCO	19
20170737	VICENTE/CASTRO RENZO OMAR	19

6.4 Evidencias

UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN AGUSTÍN DE AREQUIPA



ESCUELA PROFESIONAL DE CIENCIA DE LA COMPUTACIÓN
FACULTAD DE INGENIERÍA DE PRODUCCIÓN Y SERVICIOS
DEPARTAMENTO ACADÉMICO DE INGENIERÍA DE SISTEMAS E INFORMÁTICA

EVIDENCIAS

Los exámenes fueron tomados utilizando la plataforma Classroom, es así que estas evidencias están guardadas en Google Drive. En la siguiente tabla presentamos dicho enlace.

Tabla 6.2: Evidencias de los exámenes.

Descripción	Enlace
Exámenes	Drive



7. Evaluación Primer Parcial

7.1 Examen 1: Teórico/Oral/Investigaciones/Proyectos

Primer examen parcial

MSc. Vicente Machaca Arceda

8 de junio de 2020

DOCENTE	CARRERA	CURSO
MSc. Vicente Machaca Arceda	Escuela Profesional de Ciencia de la Computación	Computación Molecular Biológica

1. Preguntas

1. ¿En que lugar de las celulas, NO esta presente el DNA?
2. ¿Cuáles son las bases nitrogenadas presentes en el RNA?
3. ¿Cuáles son las bases nitrogenadas presentes en el DNA?
4. What is bioinformatics?
5. ¿Qué carbono del azucar ribosa es utilizado para la unión de los nucleotidos durante la replicación de DNA?
6. ¿Qué son los codons" durante la transcripción?
7. ¿Qué es un dNTP?
8. ¿Qué es un ddNTP?
9. ¿Cuáles son correctas respecto a gel electrophoresis y capillar electrophoresis
10. ¿Cuál es la característica del cDNA durante RNA sequencing?

7.2 Resolución de la Examen 1

Primer examen parcial - Solución

MSc. Vicente Machaca Arceda

8 de junio de 2020

DOCENTE	CARRERA	CURSO
MSc. Vicente Machaca Arceda	Escuela Profesional de Ciencia de la Computación	Computación Molecular Biológica

1. Preguntas

1. ¿En que lugar de las células, NO está presente el DNA?
Núcleo, mitocondrias y cloroplasto.
2. ¿Cuáles son las bases nitrogenadas presentes en el RNA?
Adenine (A), uracil (U), guanine (G), and cytosine (C)
3. ¿Cuáles son las bases nitrogenadas presentes en el DNA?
Adenine (A), guanine (G), thymine (T), and cytosine (C)
4. What is bioinformatics?
Bioinformatics involves the technology that uses computers for storage, retrieval, manipulation, and distribution of information related to biological macromolecules such as DNA, RNA, and proteins. Is limited to sequence, structural, and functional analysis of genes and its products. It is the same as Computational molecular biology
5. ¿Qué carbono del azúcar ribosa es utilizado para la unión de los nucleótidos durante la replicación de DNA?
Carbono 3
6. ¿Qué son los "codons" durante la transcripción?
Son conjuntos de 3 nucleótidos y son utilizados para sintetizar aminoácidos en los ribosomas
7. ¿Qué es un dNTP?
Es el nucleótido de DNA sin grupo hidroxyl en el carbono 2 de su ribosa. Es el sustrato utilizado por DNA polimerasa durante la replicación de DNA. Significa: deoxy Nucleoside triphosphate
8. ¿Qué es un ddNTP?
Es el nucleótido de DNA sin grupo hidroxyl en el carbono 3 de su ribosa. Significa: dideoxy Nucleoside triphosphate
9. ¿Cuáles son correctas respecto a gel electrophoresis y capillary electrophoresis?
Capillary electrophoresis utiliza unos tubos por donde pasan los fragmentos y son captados con un laser. Gel electrophoresis utiliza una lamina de rayos X para leer los fragmentos
10. ¿Cuál es la característica del cDNA durante RNA sequencing?
Es un DNA sin intrones

7.3 Evidencias

UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN AGUSTÍN DE AREQUIPA



ESCUELA PROFESIONAL DE CIENCIA DE LA COMPUTACIÓN
FACULTAD DE INGENIERÍA DE PRODUCCIÓN Y SERVICIOS
DEPARTAMENTO ACADÉMICO DE INGENIERÍA DE SISTEMAS E INFORMÁTICA

EVIDENCIAS

Los exámenes fueron tomados utilizando la plataforma Classroom, es así que estas evidencias están guardadas en Google Drive. En la siguiente tabla presentamos dicho enlace.

Tabla 7.1: Evidencias de los exámenes.

Descripción	Enlace	Nota	CUI
Exámenes	Drive	-	-
Nota promedio	Drive	13	-
Mayor nota	Drive	18	20160748
Menor nota	Drive	2	20110202

7.4 Informe Estadístico del mapeo del resultado del estudiante

UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN AGUSTÍN DE AREQUIPA



ESCUELA PROFESIONAL DE CIENCIA DE LA COMPUTACIÓN
FACULTAD DE INGENIERÍA DE PRODUCCIÓN Y SERVICIOS
DEPARTAMENTO ACADÉMICO DE INGENIERÍA DE SISTEMAS E INFORMÁTICA

INFORME DE RESULTADOS

Nota máxima	18
Nota mínima	2
Nota promedio	13

En la Figura 7.1, detallamos el histograma de frecuencias de las notas por grupo y en la Figura 7.2, mostramos el consolidado.

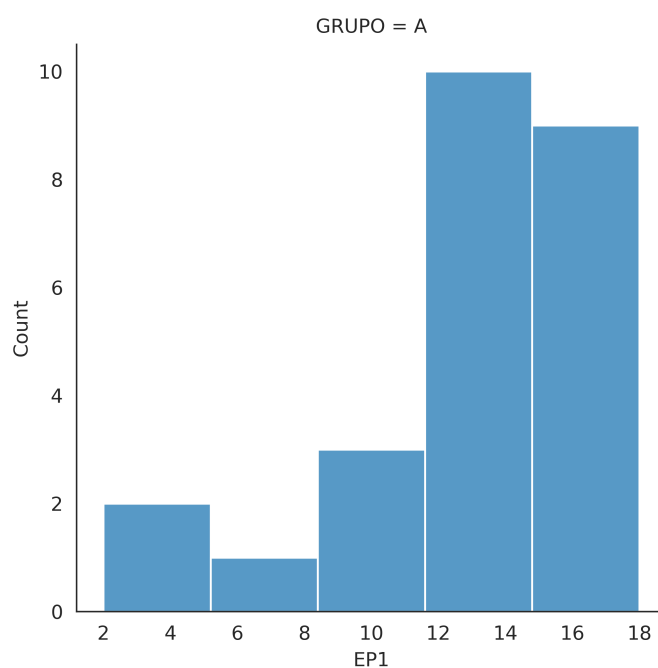


Figura 7.1: Histograma de notas.

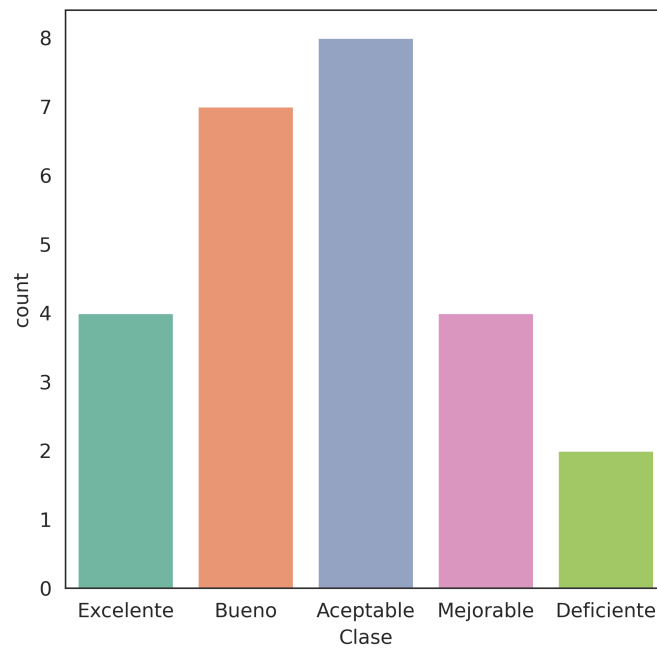


Figura 7.2: Histograma de notas (consolidado). Excelente ($\text{nota} \geq 17$), Bueno ($14 \leq \text{nota} \leq 16$), Aceptable ($11 \leq \text{nota} \leq 13$), Mejorable ($07 \leq \text{nota} \leq 10$), Deficiente ($\text{nota} \leq 06$)

Tabla 7.2: Notas del grupo A.

CUI	ALUMNO	NOTA
20153695	APAZA CHAVEZ MARIA LOURDES	15
20143484	AZA/MAMANI NICOLL DEL ROSARIO	4
20123493	BARRIOS/CORNEJO SELENE	14
20123377	BUSTINZA/CORNEJO ALEJANDRA PAMELA	12
20160748	CESPEDES/FUENTES RENATO GONZALO	18
20143490	CHUCTAYA/ELME MILAGROS	9
20132402	CRUZ/MAMANI MILAGROS CELIA	10
20163436	CUEVA/FLORES JONATHAN BRANDON	12
20052826	ESPINEL QUISPE INGRID SALLY	12
20170734	FERNANDEZ/MAMANI BRAYAN GINO	14
20173462	GARCIA/DIAZ GERMAN FLAVIO	16
20163427	GOMEZ/CONTRERAS JUNIOR VALENTIN	8
20143482	GUTIERREZ/GUTIERREZ DIEGO ANTONY	12
20170732	HERMOZA/LOAYZA MIGUEL ANGEL	18
20170735	HERRERA/COOPER MIGUEL ALEXANDER	13
20160746	INCA/CHIPANA GUSTAVO HERNAN	10
20151124	NIFLA/CATASI WILLIAMS FIDEL	13
20160759	OXA/CACYA SHIRLEY MICHELLE	17
20160750	PANIBRA/MAMANI THALES GONZALO	12
20041749	PILCO/PANCCA LUZ MARINA	17
20173453	QUISPE/MENOR HERMOGENES	16
20153709	QUISPE/QUISPE YARA JEANETTE	12
20110202	TACORA/CRUZ RICHARD JAVIER	2
20173449	TORRES/RODRIGUEZ JAIME FRANCISCO	16
20170737	VICENTE/CASTRO RENZO OMAR	16

7.5 Lista de Cotejos del proceso de Evaluación Parcial

UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN AGUSTÍN DE AREQUIPA



ESCUELA PROFESIONAL DE CIENCIA DE LA COMPUTACIÓN
FACULTAD DE INGENIERÍA DE PRODUCCIÓN Y SERVICIOS
DEPARTAMENTO ACADÉMICO DE INGENIERÍA DE SISTEMAS E INFORMÁTICA

ASIGNATURA: BIOINFORMÁTICA**LISTA DE COTEJO Y PROCESO DE EVALUACIÓN**

Docente	MSc. Vicente Machaca Arceda
Categoría/Regimen	Auxiliar/ TP20
Semestre	2021-A
Fecha	26 de Mayo

N°	Examen	Puntaje	Comentario	Porcentaje
1	Examen de conocimientos	20	Opción multiple y respuestas cortas	15%
TOTAL				20
TOTAL PORCENTAJE				15%

7.6 Porcentaje de avance y último contenido desarrollado de acuerdo a silabo

UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN AGUSTÍN DE AREQUIPA



ESCUELA PROFESIONAL DE CIENCIA DE LA COMPUTACIÓN
FACULTAD DE INGENIERÍA DE PRODUCCIÓN Y SERVICIOS
DEPARTAMENTO ACADÉMICO DE INGENIERÍA DE SISTEMAS E INFORMÁTICA

ASIGNATURA: BIOINFORMÁTICA

PORCENTAJE DE AVANCE Y ÚLTIMO CONTENIDO DESARROLLADO

Docente	MSc. Vicente Machaca Arceda
Categoría/Regimen	Auxiliar/ TP20
Semestre	2021-A
Fecha	26 de Mayo

N°	Fecha	Porcentaje	Contenido
1	13 de Mayo	30%	Alineamiento de secuencias



8. Evaluación Continua Fase 1

8.1 Consolidación de evaluaciones de práctica y/o laboratorio

UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN AGUSTÍN DE AREQUIPA



ESCUELA PROFESIONAL DE CIENCIA DE LA COMPUTACIÓN
FACULTAD DE INGENIERÍA DE PRODUCCIÓN Y SERVICIOS
DEPARTAMENTO ACADÉMICO DE INGENIERÍA DE SISTEMAS E INFORMÁTICA

INFORME DE RESULTADOS

Nota máxima	20
Nota mínima	14
Nota promedio	18

En la Figura 8.1, detallamos el histograma de frecuencias de las notas por grupo y en la Figura 8.2, mostramos el consolidado.

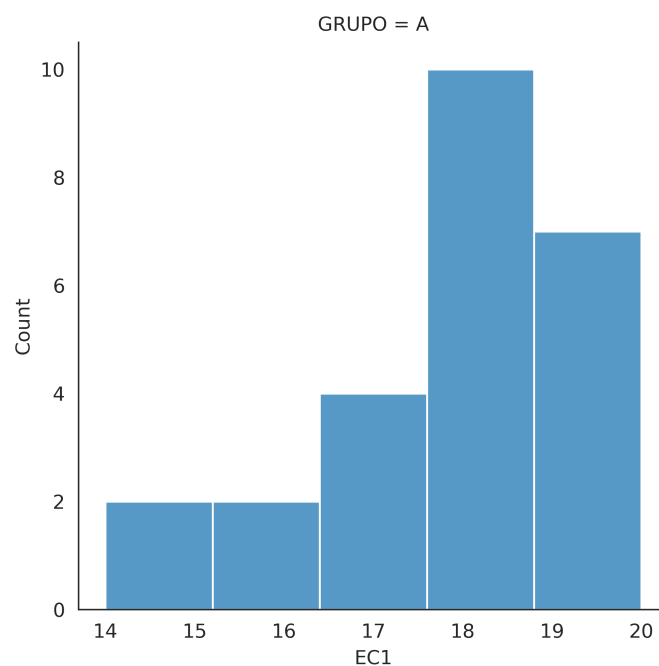


Figura 8.1: Histograma de notas.

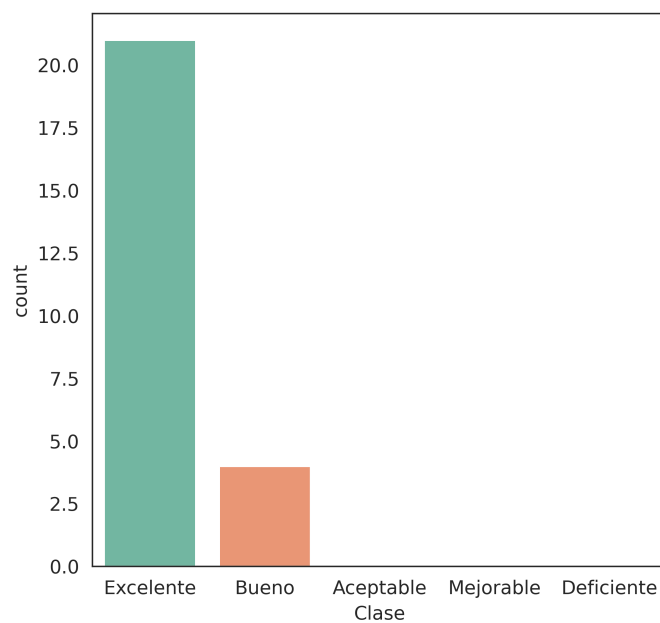


Figura 8.2: Histograma de notas (consolidado). Excelente ($\text{nota} \geq 17$), Bueno ($14 \leq \text{nota} \leq 16$), Aceptable ($11 \leq \text{nota} \leq 13$), Mejorable ($07 \leq \text{nota} \leq 10$), Deficiente ($\text{nota} \leq 06$)

Tabla 8.1: Notas del grupo A.

CUI	ALUMNO	NOTA
20153695	APAZA CHAVEZ MARIA LOURDES	19
20143484	AZA/MAMANI NICOLL DEL ROSARIO	14
20123493	BARRIOS/CORNEJO SELENE	19
20123377	BUSTINZA/CORNEJO ALEJANDRA PAMELA	18
20160748	CESPEDES/FUENTES RENATO GONZALO	18
20143490	CHUCTAYA/ELME MILAGROS	16
20132402	CRUZ/MAMANI MILAGROS CELIA	17
20163436	CUEVA/FLORES JONATHAN BRANDON	18
20052826	ESPINEL QUISPE INGRID SALLY	18
20170734	FERNANDEZ/MAMANI BRAYAN GINO	18
20173462	GARCIA/DIAZ GERMAN FLAVIO	19
20163427	GOMEZ/CONTRERAS JUNIOR VALENTIN	17
20143482	GUTIERREZ/GUTIERREZ DIEGO ANTONY	17
20170732	HERMOZA/LOAYZA MIGUEL ANGEL	18
20170735	HERRERA/COOPER MIGUEL ALEXANDER	18
20160746	INCA/CHIPANA GUSTAVO HERNAN	16
20151124	NIFLA/CATASI WILLIAMS FIDEL	19
20160759	OXA/CACYA SHIRLEY MICHELLE	20
20160750	PANIBRA/MAMANI THALES GONZALO	18
20041749	PILCO/PANCCA LUZ MARINA	20
20173453	QUISPE/MENOR HERMOGENES	19
20153709	QUISPE/QUISPE YARA JEANETTE	17
20110202	TACORA/CRUZ RICHARD JAVIER	14
20173449	TORRES/RODRIGUEZ JAIME FRANCISCO	18
20170737	VICENTE/CASTRO RENZO OMAR	18

8.2 Guías de práctica y/o laboratorio

UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN AGUSTÍN DE AREQUIPA



ESCUELA PROFESIONAL DE CIENCIA DE LA COMPUTACIÓN
FACULTAD DE INGENIERÍA DE PRODUCCIÓN Y SERVICIOS
DEPARTAMENTO ACADÉMICO DE INGENIERÍA DE SISTEMAS E INFORMÁTICA

GUÍAS DE PRÁCTICA Y/O LABORATORIO

Las prácticas utilizadas en el desarrollo del curso se encuentran en la siguiente tabla:

Tabla 8.2: Guías de práctica y/o laboratorio.

Laboratorio	Evidencia
Laboratorio 1	Link
Laboratorio 2	Link
Laboratorio 3	Link
Laboratorio 4	Link

8.3 Lista de Cotejos del proceso de Evaluación Continua

UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN AGUSTÍN DE AREQUIPA



ESCUELA PROFESIONAL DE CIENCIA DE LA COMPUTACIÓN
FACULTAD DE INGENIERÍA DE PRODUCCIÓN Y SERVICIOS
DEPARTAMENTO ACADÉMICO DE INGENIERÍA DE SISTEMAS E INFORMÁTICA

ASIGNATURA: BIOINFORMÁTICA

LISTA DE COTEJO Y PROCESO DE EVALUACIÓN

Docente	MSc. Vicente Machaca Arceda
Categoría/Regimen	Auxiliar/ TP20
Semestre	2021-A
Fecha	26 de Mayo

N°	Examen	Puntaje	Comentario	Porcentaje
1	Evaluación de conocimientos teóricos	10	Rúbrica	7.5%
2	Implementación de la solución a un problema	10	Rúbrica	7.5%
TOTAL				20
TOTAL PORCENTAJE				15%

