

UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN AGUSTÍN DE AREQUIPA



VICERRECTORADO ACADÉMICO

FACULTAD DE INGENIERIA DE PRODUCCION Y SERVICIOS
DEPARTAMENTO ACADÉMICO DE INGENIERIA DE SISTEMAS E INFORMATICA

SÍLABO 2020 - A

ASIGNATURA: COMPUTACION MOLECULAR BIOLOGICA (E)

1. INFORMACIÓN ACADÉMICA

Periodo académico:	2020 - A	
Escuela Profesional:	CIENCIA DE LA COMPUTACIÓN	
Código de la asignatura:	1005155	
Nombre de la asignatura:	COMPUTACION MOLECULAR BIOLOGICA (E)	
Semestre:	IX (noveno)	
Duración:	17 semanas	
Número de horas (Semestral)	Teóricas:	2.0
	Prácticas:	2.0
	Seminarios:	0.0
	Laboratorio:	0.0
	Teórico-prácticas:	2.0
Número de créditos:	4	
Prerrequisitos:	ESTRUCTURA DE DATOS AVANZADAS (1003233)	

2. INFORMACIÓN DEL DOCENTE, INSTRUCTOR, COORDINADOR

DOCENTE	GRADO ACADÉMICO	DPTO. ACADÉMICO	HORAS	HORARIO
MACHACA ARCEDA, VICENTE	Magister	INGENIERIA DE SISTEMAS E INFORMATICA	0	Mar: 17:40-20:10

3. INFORMACIÓN ESPECIFICA DEL CURSO (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. COMPETENCIAS/OBJETIVOS DE LA ASIGNATURA

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).

5. CONTENIDO TEMATICO

PRIMERA UNIDAD

Capítulo I: Biología molecular

Tema 01: Introducción

Tema 02: Biología de la célula

Tema 03: Bases de datos en bioinformática

Tema 04: De DNA a proteínas

Tema 05: Estructura del DNA y replicación de DNA

Tema 06: Secuenciamiento de DNA

SEGUNDA UNIDAD

Capítulo II: Alineamiento de Secuencias

Tema 07: Alineamiento de secuencias de DNA y aminoácidos

Tema 08: Dot matrix

Tema 09: Programación dinámica

Tema 10: BLAST

TERCERA UNIDAD

Capítulo III: Árboles Filogenéticos

Tema 11: Introducción y relaciones filogenéticas

Tema 12: UPGMA

Tema 13: Neighbor joining

Tema 14: Métodos basados en caracteres

CUARTA UNIDAD

Capítulo IV: Ensamblaje de Secuencias

Tema 15: El problema np-hard de ensamblaje de secuencias de ADN

Tema 16: Técnicas basadas en grafos y k-mer

Tema 17: Técnicas basadas en heurísticas

QUINTA UNIDAD

Capítulo V: Tópicos en Bioinformática

Tema 18: Métodos para la clasificación de nuevas cepas de virus

Tema 19: Detección temprana de enfermedades en base al análisis del genoma

Tema 20: Farmacogenética y predicción a la respuesta a medicamentos

6. PROGRAMACIÓN DE ACTIVIDADES DE INVESTIG. FORMATIVA Y RESPONSABILIDAD SOCIAL

6.1. Métodos

Expositivo en clases teóricas y desarrollo de un trabajo práctico.

6.2. Medios

Classroom, DUTIC, Google meet.

6.3. Formas de organización

Clases teóricas, exposición de clases magistrales.

6.4. Programación de actividades de investigación formativa y responsabilidad social

Desarrollo de talleres y exposición de entregables.

7. CRONOGRAMA ACADÉMICO

SEMANA	TEMA	DOCENTE	%	ACUM.
	Introducción	V. Machaca	5	5.00
	Biología de la célula	V. Machaca	5	10.00
	Bases de datos en bioinformática	V. Machaca	5	15.00
	De DNA a proteínas	V. Machaca	5	20.00
	Estructura del DNA y replicación de DNA	V. Machaca	5	25.00
	Secuenciamiento de DNA	V. Machaca	5	30.00
	Alineamiento de secuencias de DNA y aminoácidos	V. Machaca	5	35.00
	Dot matrix	V. Machaca	5	40.00
	Programación dinámica	V. Machaca	5	45.00
	BLAST	V. Machaca	5	50.00
	Introducción y relaciones filogenéticas	V. Machaca	5	55.00
	UPGMA	V. Machaca	5	60.00
	Neighbor joining	V. Machaca	5	65.00
	Métodos basados en caracteres	V. Machaca	5	70.00
	El problema np-hard de ensamblaje de secuencias de ADN	V. Machaca	5	75.00
	Técnicas basadas en grafos y k-mer	V. Machaca	5	80.00
	Técnicas basadas en heurísticas	V. Machaca	5	85.00
	Métodos para la clasificación de nuevas cepas de virus	V. Machaca	5	90.00
	Detección temprana de enfermedades en base al análisis del genoma	V. Machaca	5	95.00
	Farmacogenética y predicción a la respuesta a medicamentos	V. Machaca	5	100.00

8. ESTRATEGIAS DE EVALUACIÓN

8.1. Evaluación del aprendizaje

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 consta en la revisión de un trabajo de implementación.

8.2. Cronograma de evaluación

EVALUACIÓN	FECHA DE EVALUACIÓN	EXAMEN TEORÍA	EVAL. CONTINUA	TOTAL (%)
Primera Evaluación Parcial		15%	15%	30%
Segunda Evaluación Parcial		15%	15%	30%
Tercera Evaluación Parcial		20%	20%	40%
TOTAL				100%

9. REQUISITOS DE APROBACIÓN DE LA ASIGNATURA

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.

10. BIBLIOGRAFIA: AUTOR, TÍTULO, AÑO, EDITORIAL

10.1. 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.

10.2. 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.

Arequipa, 08 de Junio del 2020

MACHACA ARCEDA, VICENTE