

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: COMPUTACIÓN MOLECULAR BIOLÓGICA

1. INFORMACIÓN ACADÉMICA

Periodo académico:	2021 - A	
Escuela Profesional:	Ciencias de la Computación	
Código de la asignatura	1005155	
Nombre de la asignatura	Computación molecular biológica	
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. De DNA a proteínas
5. Estructura del DNA y replicación de DNA
6. Secuenciamiento de DNA

SEGUNDA UNIDAD : Alineamiento de Secuencias

Capítulo II.- Alineamiento de Secuencias

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

TERCERA UNIDAD : Árboles Filogenéticos

Capítulo III.- Árboles Filogenéticos

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

CUARTA UNIDAD : Ensamblaje de Secuencias

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

QUINTA 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, DUTIC, Google meet.
- c) **Formas de organización:** Clases teóricas, exposición de clases magistrales.
- d) **Programación de actividades que integren investigación formativa y responsabilidad social:** Desarrollo de talleres y exposición de entregables.
- 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