

1. Datos de identificación:

Nombre de la unidad de aprendizaje:	Introducción a la bioinformática
Total de tiempo guiado (teórico y práctico):	100 horas
Tiempo guiado por semana:	5 horas
Total de tiempo autónomo:	20 horas
Tipo de modalidad:	Escolarizada
Número y tipo de periodo académico:	5° semestre
Tipo de unidad de aprendizaje:	Obligatoria
Ciclo:	Segundo
Área curricular:	Formación Profesional Fundamental (ACFP-F)
Créditos UANL:	4
Fecha de elaboración:	31/01/2022
Responsable(s) de elaboración:	Dr. José María Viader Salvadó
Fecha de última actualización:	No aplica
Responsable(s) de actualización:	No aplica

2. Presentación

La unidad de aprendizaje de Introducción a la Bioinformática está dividida en tres fases en las que se integran conocimientos y habilidades interrelacionados con el fin de adquirir criterios globales y habilidades prácticas sobre el uso y aplicación de herramientas bioinformáticas. En la primera fase “Bases de datos de secuencias nucleotídicas y aminoacídicas” se adquieren habilidades para el manejo de la información contenida en las bases de datos de secuencias nucleotídicas y aminoacídicas, y se conocen los algoritmos aplicables al desarrollo de herramientas bioinformáticas. En la segunda fase “Herramientas bioinformáticas para el análisis de secuencias nucleotídicas y aminoacídicas” se adquiere conocimiento y se integran habilidades prácticas básicas para la comparación de secuencias nucleotídicas y aminoacídicas a través de alineamientos, en la generación de árboles y dendrogramas de similitud, el diseño e interpretación de experimentos de Ingeniería Genética y Biotecnología Molecular y en la predicción de estructura y/o función de secuencias nucleotídicas y aminoacídicas. En la tercera fase “Nuevas tendencias de la bioinformática” se adquiere conocimiento básico sobre las nuevas tendencias de la bioinformática.

En esta unidad de aprendizaje se han planificado y diseñado evidencias de aprendizaje que permiten la adquisición de competencias específicas, las cuales le servirán al estudiante para poder realizar el producto integrador de aprendizaje, el cual consiste en un proyecto en el que el estudiante tendrá que evaluar mediante herramientas bioinformáticas el uso de una posible estrategia de identificación de organismos con características fenotípicas similares, basada en la idea de “DNA barcoding”.

3. Propósito

La Unidad de Aprendizaje de Bioinformática tiene como finalidad examinar secuencias nucleotídicas y aminoacídicas mediante la comprensión de la estructura de las bases de datos bioinformáticas y los algoritmos aplicables al desarrollo de programas bioinformáticos, y el empleo de herramientas bioinformáticas. Es pertinente al evaluar estrategias de detección y/o modificación genética con fines biotecnológicos, esto aportando al estudiante las bases para su integración en el campo laboral.

Esta unidad de aprendizaje requiere de los conocimientos previos las UA antecedentes de Bioquímica Estructural de tercer semestre y Genética de cuarto semestre, en cuanto a la estructura y función del ADN y las proteínas. También sirve de apoyo a la UA paralela de Biología Molecular del mismo semestre respecto a la comprensión de la estructura de un gen y de los procesos de transcripción, traducción y modificaciones postraduccionales.

Además, proporciona las bases teóricas y prácticas básicas para muchas unidades de aprendizaje de semestres posteriores. De forma inmediata impacta en las unidades de aprendizaje sucesoras de Genómica Estructural y comparativa, Ingeniería Genética, y Bioinformática y simulaciones de sexto semestre, ya que en todas ellas se requiere la comprensión de la estructura de las bases de datos bioinformáticas, así como entender la información biológica almacenada en secuencias nucleotídicas y aminoacídicas.

Esta UA colabora con la adquisición de tres competencias generales de la UANL. Durante el desarrollo del curso, el estudiante realiza actividades en las que se manejan tecnologías de la información y la comunicación como herramienta para el acceso a la información y su transformación en conocimiento (3.1.3), practica los valores promovidos por la UANL obrando con rectitud en la elaboración de sus actividades académicas (11.1.2), y realiza trabajo colaborativo donde se estimula el liderazgo asumiendo el rol acorde a sus aptitudes (13.2.1), promoviendo el consenso entre los integrantes del equipo en el proyecto que colabora (13.1.3).

Esta UA impacta directamente a la adquisición de las competencias específicas que conforman el perfil de egreso de la carrera de LBG. Específicamente los conocimientos y competencias que se adquieren en esta UA ayudan a desarrollar diagnósticos moleculares aplicando técnicas de vanguardia (Esp. 2), y diseñar estrategias de detección, modificación y selección de genomas, mediante la identificación de genes y proteínas con el fin de desarrollar productos, procesos y servicios biotecnológicos de utilidad en los sectores salud, agrícola, pecuario, industrial y ambiental (Esp. 3).

4. Competencias del perfil de egreso

Competencias generales a las que contribuye esta unidad de aprendizaje:

Competencias instrumentales:

3. Manejar las Tecnologías de la Información, Comunicación, Conocimiento y Aprendizaje Digitales (TICCAD) como herramienta para el acceso a la información y su transformación en conocimiento, así como para el aprendizaje y trabajo colaborativo con técnicas de vanguardia que le permitan su participación constructiva en la sociedad.

Competencias personales y de interacción social:

11. Practicar los valores promovidos por la UANL: verdad, equidad, honestidad, libertad, solidaridad, respeto a la vida y a los demás, paz, respeto a la naturaleza, integridad, comportamiento ético y justicia, en su ámbito personal y profesional para contribuir a construir una sociedad sustentable.

Competencias integradoras:

13. Asumir el liderazgo comprometido con las necesidades sociales y profesionales para promover el cambio social pertinente.

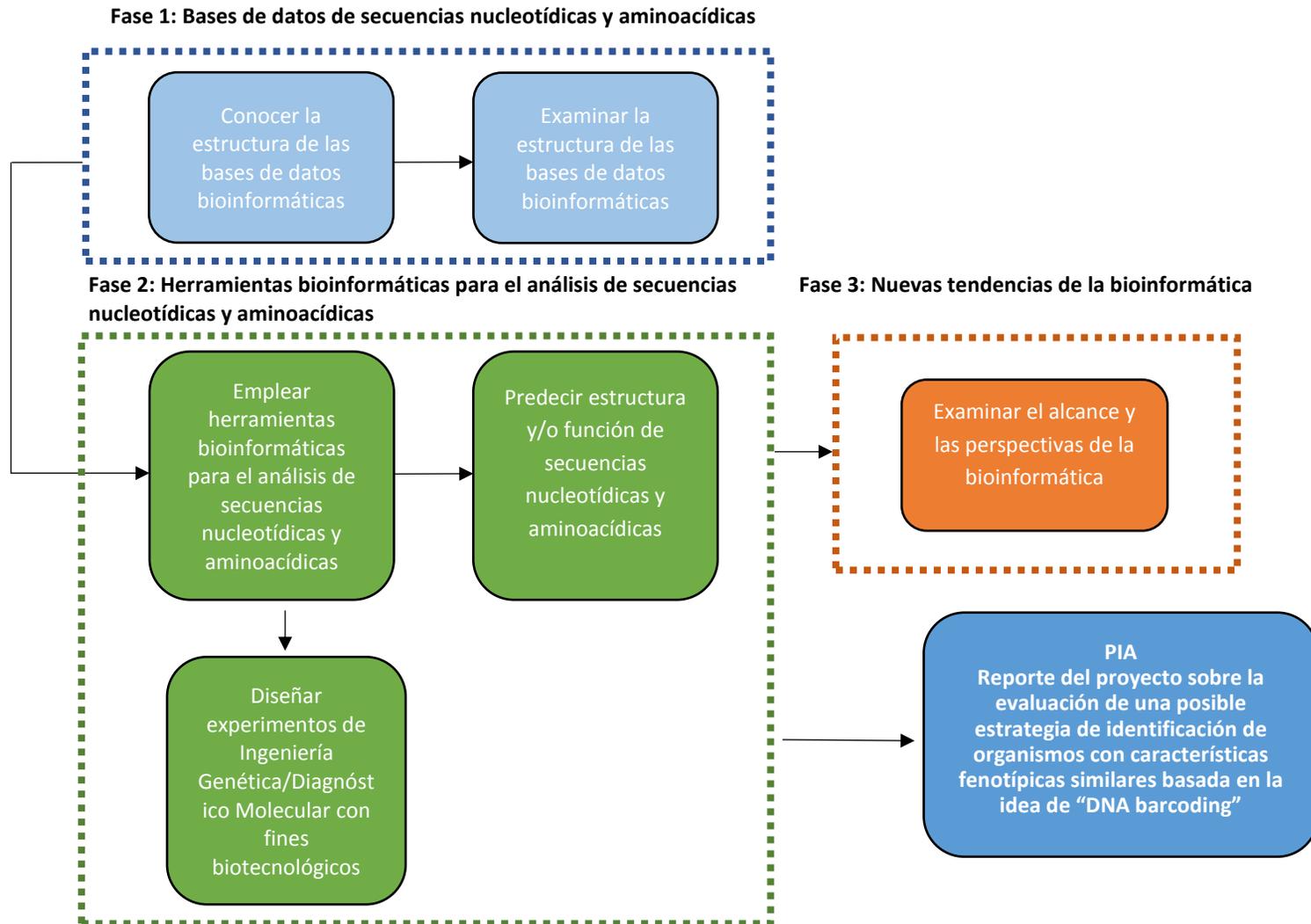
Competencias específicas a las que contribuye la unidad de aprendizaje:

2. Desarrollar diagnósticos moleculares a través de la identificación de organismos patógenos, aplicando técnicas

tradicionales y de vanguardia de manera eficaz, así como el uso de herramientas innovadoras en su detección, que le permitan el estudio y tratamiento de enfermedades genéticas en los ámbitos sanitario, económico y social.

3. Diseñar estrategias de detección, modificación y selección de genomas, mediante la identificación de genes, proteínas o componentes metabólicos celulares, siguiendo la normatividad vigente en materia de bioseguridad de Organismos Genéticamente Modificados (OGMs) y evaluando su ventaja competitiva al ser comparadas con lo utilizado tradicionalmente, con el fin de desarrollar productos, procesos y servicios biotecnológicos en los sectores salud, agrícola, pecuario, industrial y ambiental.

5. Representación gráfica



6. Estructuración en fases

Fase 1. Bases de datos de secuencias nucleotídicas y aminoacídicas

Elemento de competencia: Examinar la estructura de las bases de datos bioinformáticas mediante ejemplos modelo para comprender la información almacenada.

Evidencias de aprendizaje	Criterios de desempeño	Actividades de aprendizaje	Contenidos	Recursos
<ul style="list-style-type: none"> • Reporte de resolución de dos problemas a modo de casos prácticos <ol style="list-style-type: none"> 1. Análisis e interpretación de la estructura de archivos del GenBank. 2. Búsqueda de un grupo de secuencias en el GenBank. 	<ul style="list-style-type: none"> - Revisa las Guías Instruccionales para poder resolver los dos problemas de casos prácticos. - Entrega un archivo pdf por cada problema a través de la plataforma que se indique y en las fechas establecidas. - Cuando se indique, emplea el formato Mapa Mental, Evidencias e Interpretación de Resultados. 	<ul style="list-style-type: none"> - El estudiante lee la bibliografía y revisa los videos sugeridos. - El docente expone los temas. - El estudiante contesta las preguntas realizadas por parte del docente en el aula a modo de generar discusión de los temas expuestos. 	<p>Introducción a la Bioinformática</p> <ul style="list-style-type: none"> • Ubicación de la Bioinformática • Bases de datos, herramientas bioinformáticas e Institutos (Centros) de Bioinformática <p>Genes y proteínas</p> <ul style="list-style-type: none"> • Genes: estructura y función • Proteínas. Concepto de proteína: Funciones. Enzimas: Las seis clases. Modificaciones postraduccionales. Enzimas intracelulares, enzimas extracelulares (péptido señal) y zimógenos. Secuenciación aminoacídica: La degradación de Edman. <p>Bases de datos de secuencias nucleotídicas: El GenBank</p> <ul style="list-style-type: none"> • Estructura de un archivo del GenBank. • Búsquedas en el GenBank • El formato Fasta 	<ul style="list-style-type: none"> - Material bibliográfico relacionado con los temas de la fase. • Claverie, J.M., Notredame, C., (2007). Bioinformatics for Dummies. 2nd Ed. Hoboken, NJ, USA: Wiley Publishing, Inc. • Lesk, A.M., (2019). Introduction to Bioinformatics. 5th Ed. New York, USA: Oxford University Press. - Recursos de Internet. • National Center for Biotechnology Information (NCBI). http://www.ncbi.nlm.nih.gov/. - Plataforma educativa



				<p>-Vídeos realizados por el docente sobre el contenido de cada tema.</p> <ul style="list-style-type: none">•Viader-Salvadó, J.M. (2021). PIA-conceptos [Vídeo]. Microsoft Stream.•Viader-Salvadó, J.M. (2021). Terminología en Bioinformática [Podcast]. uanledu-my.sharepoint.com.•Viader-Salvadó, J.M. (2021). Audio [Vídeo]. Microsoft Stream.•Viader-Salvadó, J.M. (2021). El Dogma Central [Vídeo]. Microsoft Stream.•Viader-Salvadó, J.M. (2021). Dogma-Central-Genes-Ribosomales-Estadística-BasesdeDatos-Abreviaturas-Bioinfo-Dummies [Vídeo]. Microsoft Stream.•Viader-Salvadó, J.M. (2021). Estructura de un gen [Vídeo]. Microsoft Stream.•Viader-Salvadó, J.M. (2021). Proteínas-Pre-
--	--	--	--	--

				<p>Pro [Vídeo]. Microsoft Stream.</p> <ul style="list-style-type: none"> • Viader-Salvadó, J.M. (2021). Pre-Pro-Tripsina-GenBank [Vídeo]. Microsoft Stream. • Viader-Salvadó, J.M. (2021). GenBank-Parte1 [Vídeo]. Microsoft Stream. • Viader-Salvadó, J.M. (2021). GenBank-Parte2 [Vídeo]. Microsoft Stream. • Viader-Salvadó, J.M. (2021). EA1 [Vídeo]. Microsoft Stream. • Viader-Salvadó, J.M. (2021). GenBank-Parte3, Anotaciones importantes en archivos del GenBank y proteína madura [Vídeo]. Microsoft Stream. • Viader-Salvadó, J.M. (2021). GenBank-Parte4-Búsqueda Avanzada [Vídeo]. Microsoft Stream. • Viader-Salvadó, J.M. (2021). Courier-Fasta-extensiones [Vídeo]. Microsoft Stream.
--	--	--	--	---

				<ul style="list-style-type: none"> •Viader-Salvadó, J.M. (2021). Mapa-Mental: estrategia para la resolución de problemas bioinformáticos [Vídeo]. Microsoft Stream. •Viader-Salvadó, J.M. (2021). Dónde-estamos [Vídeo]. Microsoft Stream. •Viader-Salvadó, J.M. (2021). EA2 [Vídeo]. Microsoft Stream.
--	--	--	--	--

Fase 2. Herramientas bioinformáticas para el análisis de secuencias nucleotídicas y aminoacídicas

Elementos de competencia: Emplear herramientas bioinformáticas para el análisis de secuencias nucleotídicas y aminoacídicas. Predecir estructura y/o función de secuencias nucleotídicas y aminoacídicas. Diseñar experimentos de Ingeniería Genética/Diagnóstico Molecular con fines biotecnológicos.

Evidencias de aprendizaje	Criterios de desempeño	Actividades de aprendizaje	Contenidos	Recursos
<ul style="list-style-type: none"> •Reporte de resolución de seis problemas a modo de casos prácticos <ol style="list-style-type: none"> 1. Mapas de restricción y sus aplicaciones. 2. Uso de Blastn y PrimerBlast en 	<ul style="list-style-type: none"> -Revisa las Guías Instruccionales para poder resolver los seis problemas de casos prácticos. -Entrega un archivo pdf por cada problema a través de la plataforma que se 	<ul style="list-style-type: none"> -El estudiante lee la bibliografía y revisa los videos sugeridos. -El docente expone los temas. -El estudiante contesta las preguntas realizadas por parte 	<p>Programas útiles en Ingeniería Genética y Biotecnología Molecular</p> <ul style="list-style-type: none"> •Simulación de experimentos (in silico) •Mapas de restricción: Concepto y aplicaciones (caracterización de plásmidos y PCR-RFLP). Programas computacionales (WebCutter, NEBcutter, Bioedit) 	<ul style="list-style-type: none"> -Material bibliográfico relacionado con los temas de la fase. •Claverie, J.M., Notredame, C., (2007). Bioinformatics for Dummies. 2nd Ed. Hoboken, NJ, USA: Wiley Publishing, Inc.

<p>experimentos de PCR.</p> <p>3. Alineamiento múltiple y cálculo de índices- porcentajes de identidad.</p> <p>4. Dendrogramas por el método de UPGMA y NJ.</p> <p>5. Cálculo de peso molecular exacto y evaluación de la eficiencia de un programa de predicción de péptido señal.</p> <p>6. Archivo PDB, puentes disulfuro, sitios de N-glicosilación, secuencia del archivo PDB y residuos de aminoácidos que interactúan con un ligando.</p>	<p>indique y en las fechas establecidas.</p> <p>-Cuando se indique, emplea el formato Mapa Mental, Evidencias e Interpretación de Resultados.</p>	<p>del docente en el aula a modo de generar discusión de los temas expuestos.</p> <p>-El estudiante presenta el primer examen parcial teórico (Actividad ponderable 2.1).</p> <p>-El estudiante presenta el primer examen parcial práctico (Actividad ponderable 2.2).</p> <p>-El estudiante presenta el segundo examen parcial teórico (Actividad ponderable 2.3).</p> <p>-El estudiante presenta el segundo examen parcial práctico (Actividad ponderable 2.4).</p> <p>-El estudiante presenta la primera parte del Producto</p>	<p>Comparación de secuencias. Alineamientos</p> <ul style="list-style-type: none"> •Concepto de alineamiento de secuencias: alineamiento por pares global, pares local, y múltiple global •Puntaje (Score) de un alineamiento: Matrices de sustitución y Gap Penalty •Identidad/Similitud versus Homología. Índices-porcentajes de identidad/similitud. Homólogos ortólogos y parálogos •Búsqueda de secuencias similares: BLAST, tipos, aplicaciones y ejemplos •Matrices de sustitución: Matrices Unitarias, PAM, Gonnet y Blosum •Alineamiento de dos secuencias (Pairwise Sequence Alignment) global (Needleman-Wunsch Global Align Nucleotide or Protein Sequences) y local (BLAST2Sequences) •Alineamiento múltiple. Aplicaciones y programas (ClustalOmega y Bioedit) •La secuenciación nucleotídica: Secuenciación de Sanger cíclica con detección por fluorescencia. Electroferogramas: archivos abi y 	<ul style="list-style-type: none"> •Lesk, A.M., (2019). Introduction to Bioinformatics. 5th Ed. New York, USA: Oxford University Press. -Recursos Internet Programas útiles en Ingeniería Genética y Biotecnología Molecular •Max Heiman, 1997. Webcutter 2.0. http://heimanlab.com/cut2.html. •Vincze, T., Posfai, J., Roberts, R. J. (2003). NEBcutter: a program to cleave DNA with restriction enzymes. Nucleic acids research, 31(13), 3688-3691. http://nc2.neb.com/NEBcutter2/. •Hall, T. (2017). BioEdit version 7.2.5. http://bioedit.software.informer.com/. <p>Comparación de secuencias. Alineamientos</p> <ul style="list-style-type: none"> •Basic Local Alignment Search Tool.
--	---	--	--	---



		Integrador de Aprendizaje.	su interpretación (Bioedit y CAP). Secuenciación de genomas. Dendrogramas y árboles filogenéticos <ul style="list-style-type: none"> • Índices (matrices) de identidad – Índices (matrices) de distancias • Tipos de dendrogramas: con raíz, sin raíz, Cladogramas y Filogramas • Métodos de cálculo: Métodos Cladísticos (Máxima Parsimonia y Máxima Probabilidad) y Métodos Fenéticos o Clustering (UPGMA y Neighbour Joining) • Programas computacionales: ClustalOmega, Simple Phylogeny • El formato Newick. Bioedit, Phylodendron, Tree Explorer de MEGA. Bioinformática de Proteínas <ul style="list-style-type: none"> • Predicción propiedades-función por comparación con homólogos. Aminoácidos equivalentes • Predicción de propiedades físico-químicas y modificaciones postraduccionales: Expert Protein Analysis System (ExPASy), SignalP, Signal3L, NetNGlyc, DISULFIND, y DIANNA • Estructura tridimensional. Protein Data Bank (PDB) y estructura de 	https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi. • Clustal Omega. https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/ . • Hall, T. (2017). BioEdit version 7.2.5. http://bioedit.software.informer.com/ . • DNA Learning Center. Cold Spring Harbor Laboratory. (2020). Cycle Sequencing. https://content.dnalc.org/content/c15/15923/cycseq-canvas-720.html . Dendrogramas y árboles filogenéticos <ul style="list-style-type: none"> • Clustal Omega. https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/. • Simple Phylogeny. https://www.ebi.ac.uk/Tools/phylogeny/simple_phylogeny/ • Formato Newick. Wikipedia. https://es.wikipedia.org/wiki/Formato_Newick. • Hall, T. (2017). BioEdit version 7.2.5.
--	--	----------------------------	--	--

			<p>un archivo pdb. Visualización de una estructura tridimensional: DeepView, Chimera, etc. Análisis de una estructura tridimensional: DeepView, Chimera, PDBSum, etc. Comparación de estructuras tridimensionales: DeepView, Chimera, etc. Predicción de la estructura tridimensional: modelaje por homología (Swiss-Model), Threading y Ab initio. Herramientas mixtas (Phyre2, etc.)</p>	<p>http://bioedit.software.informer.com/.</p> <ul style="list-style-type: none"> •Gilber, D.G. Phylo dendron. Phylogenetic tree printer. http://iubioarchive.bio.net/treeapp/treeprint-form.html. •Tamura, K., Stecher, G., Kumar, S. (2021). MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11. Molecular Biology and Evolution, 38(7), 3022-3027. https://www.megasoftware.net/ <p>Bioinformática de proteínas</p> <ul style="list-style-type: none"> •ExPASy: SIB Bioinformatics Resource Portal – Home. https://www.expasy.org/. •DTU Health Tech, Technical University of Denmark. SignalP-5.0 Server. http://www.cbs.dtu.dk/services/SignalP/. •DTU Health Tech, Technical University of
--	--	--	--	---

				<p>Denmark. NetNGlyc 1.0 Server. http://www.cbs.dtu.dk/services/NetNGlyc/.</p> <ul style="list-style-type: none"> •Protein Data Bank. http://www.rcsb.org. •PDBsum. Pictorial database of 3D structures in the Protein Data Bank. http://www.ebi.ac.uk/thornton-srv/databases/cgi-bin/pdbsum/GetPage.pl?pdbcode=index.html. •SWISS-MODEL. https://swissmodel.expasy.org/. •Phyre2. Protein Fold Recognition Server. http://www.sbg.bio.ic.ac.uk/~phyre2/html/page.cgi?id=index. <p>-Plataforma educativa</p> <p>-Vídeos realizados por el docente sobre el contenido de cada tema.</p> <ul style="list-style-type: none"> •Viader-Salvadó, J.M. (2021). PCR-Bioinformática [Vídeo]. Microsoft Stream.
--	--	--	--	--



				<ul style="list-style-type: none">•Viader-Salvadó, J.M. (2021). 1er-Principio-PCR-RFLP-Parte1 [Vídeo]. Microsoft Stream.•Viader-Salvadó, J.M. (2021). PCR-RFLP-Parte2 [Vídeo]. Microsoft Stream.•Viader-Salvadó, J.M. (2021). Alineamientos-Introducción-score [Vídeo]. Microsoft Stream.•Viader-Salvadó, J.M. (2021). Alineamientos-Parte2 [Vídeo]. Microsoft Stream.•Viader-Salvadó, J.M. (2021). Alineamientos-Utilidades [Vídeo]. Microsoft Stream.•Viader-Salvadó, J.M. (2021). Alineamientos-Pares-Local-Blastn [Vídeo]. Microsoft Stream.•Viader-Salvadó, J.M. (2021). Blastp [Vídeo]. Microsoft Stream.•Viader-Salvadó, J.M. (2021). Primers-PCR
--	--	--	--	---



				<p>[Vídeo]. Microsoft Stream.</p> <ul style="list-style-type: none">• Viader-Salvadó, J.M. (2021). Blastn-y-PCR-UtilidadesBlast-GlobalAling [Vídeo]. Microsoft Stream.• Viader-Salvadó, J.M. (2021). PIA-descripción-archivo-información [Vídeo]. Microsoft Stream.• Viader-Salvadó, J.M. (2021). EA4-Blastn-PCR-PrimerBlast [Vídeo]. Microsoft Stream.• Viader-Salvadó, J.M. (2021). Matrices-de-sustitución-Unitaria-PAM-Gonet-Blosum [Vídeo]. Microsoft Stream.• Viader-Salvadó, J.M. (2021). Alineamientos--múltiples-ClustalOmega [Vídeo]. Microsoft Stream.• Viader-Salvadó, J.M. (2021). PIA-2da-explicación [Vídeo]. Microsoft Stream.• Viader-Salvadó, J.M. (2021). EA5-ClustalOmega-Variación-
--	--	--	--	--

				<p>intraespecie [Vídeo]. Microsoft Stream.</p> <ul style="list-style-type: none"> • Viader-Salvadó, J.M. (2021). ClustalOmega-Matriz-%Identidad-Excel [Vídeo]. Microsoft Stream. • Viader-Salvadó, J.M. (2021). BioEdit-secuencia-consenso [Vídeo]. Microsoft Stream. • Viader-Salvadó, J.M. (2021). Secuenciación-Tipos [Vídeo]. Microsoft Stream. • Viader-Salvadó, J.M. (2021). Forms-Secuenciación-Sanger-Parte1 [Vídeo]. Microsoft Stream. • Viader-Salvadó, J.M. (2021). Forms-Secuenciación-Sanger-Electroferogramas [Vídeo]. Microsoft Stream. • Viader-Salvadó, J.M. (2021). Electroferogramas-CAP [Vídeo]. Microsoft Stream.
--	--	--	--	--



				<ul style="list-style-type: none">•Viader-Salvadó, J.M. (2021). Contig [Vídeo]. Microsoft Stream.•Viader-Salvadó, J.M. (2021). Interpretación-Electroferogramas-Blastn- GenesRibosomales-ITS-PIA [Vídeo]. Microsoft Stream.•Viader-Salvadó, J.M. (2021). PIAs- Problemática-Temas 1-2-3-4 [Vídeo]. Microsoft Stream.•Viader-Salvadó, J.M. (2021). PIAs- Problemática-Temas-5-6 [Vídeo]. Microsoft Stream.•Viader-Salvadó, J.M. (2021). Dendrogramas-1 [Vídeo]. Microsoft Stream.•Viader-Salvadó, J.M. (2021). Dendrogramas-2 [Vídeo]. Microsoft Stream.•Viader-Salvadó, J.M. (2021). Dendrogramas-3 [Vídeo]. Microsoft Stream.
--	--	--	--	--

			<ul style="list-style-type: none"> •Viader-Salvadó, J.M. (2021). EA6 [Vídeo]. Microsoft Stream. •Viader-Salvadó, J.M. (2021). Bioinformática-Proteínas-Parte1 [Vídeo]. Microsoft Stream. •Viader-Salvadó, J.M. (2021). Bioinformática-de-proteínas-Parte2 [Vídeo]. Microsoft Stream. •Viader-Salvadó, J.M. (2021). El-Protein-Data-Bank [Vídeo]. Microsoft Stream. •Viader-Salvadó, J.M. (2021). Isoformas [Vídeo]. Microsoft Stream. •Viader-Salvadó, J.M. (2021). EA7 [Vídeo]. Microsoft Stream. •Viader-Salvadó, J.M. (2021). Archivos-PDB-visualizadores-estructura-3D [Vídeo]. Microsoft Stream. •Viader-Salvadó, J.M. (2021). PDBsum [Vídeo]. Microsoft Stream. •Viader-Salvadó, J.M. (2021). Prediccion-3D-
--	--	--	---

				introduccion [Vídeo]. Microsoft Stream. • Viader-Salvadó, J.M. (2021). EA8 [Vídeo]. Microsoft Stream. • Viader-Salvadó, J.M. (2021). Prediccion-Estructura-3D [Vídeo]. Microsoft Stream.
--	--	--	--	---

Fase 3. Nuevas tendencias de la bioinformática

Elemento de competencia: Examinar el alcance y las perspectivas de la bioinformática para vislumbrar sus aplicaciones presentes y futuras.

Evidencias de aprendizaje	Criterios de desempeño	Actividades de aprendizaje	Contenidos	Recursos
		-El estudiante el vídeo sugeridos. -El estudiante contesta las preguntas realizadas por parte del docente en el aula a modo de generar discusión del tema expuesto en el vídeo. -El estudiante presenta el tercer examen parcial	Bioinformática. Conclusión final • Panorama global de las fuentes de información de datos biológicos • ¿Qué es la Bioinformática? • Los retos de la Bioinformática • Nuevas áreas de la Bioinformática	-Recursos de Internet. Vídeo de YouTube https://youtu.be/vbgtYGWQdCY -Plataforma educativa

		<p>teórico (Actividad ponderable 3.1).</p> <p>-El estudiante presenta el tercer examen parcial práctico (Actividad ponderable 3.2).</p> <p>-El estudiante presenta la segunda parte del Producto Integrador de Aprendizaje.</p>		
--	--	---	--	--

7. Evaluación integral de procesos y productos.

	Campo	Ponderación (%)
1	Evidencia 1. Análisis e interpretación de la estructura de archivos del GenBank	2
	Evidencia 2. Búsqueda de un grupo de secuencias en el GenBank	2
2	Evidencia 3. Mapas de restricción y sus aplicaciones	3
	Evidencia 4. Uso de Blastn y PrimerBlast en experimentos de PCR	3
	Evidencia 5. Alineamiento múltiple y cálculo de índices-porcentajes de identidad	3
	Evidencia 6. Dendrogramas por el método de UPGMA y NJ	3
	Evidencia 7. Cálculo de peso molecular exacto y evaluación de la eficiencia de un programa de predicción de péptido señal	2
	Evidencia 8. Archivo PDB, puentes disulfuro, sitios de N-glicosilación, secuencia del archivo PDB y residuos de aminoácidos que interaccionan con un ligando	2
	Actividad ponderable 2.1. Primer examen parcial teórico	7
	Actividad ponderable 2.2. Primer examen parcial práctico	10

	Actividad ponderable 2.3. Segundo examen parcial teórico	7
	Actividad ponderable 2.4. Segundo examen parcial práctico	10
3	Actividad ponderable 3.1. Tercer examen parcial teórico	6
	Actividad ponderable 3.2. Tercer examen parcial práctico	10
	PIA. Primera parte	8
	PIA. Segunda parte	22
Total:	100 puntos	

8. Producto Integrador del Aprendizaje de la unidad de aprendizaje:

Reporte del proyecto sobre la evaluación de una posible estrategia de identificación de organismos con características fenotípicas similares basada en la idea de “DNA barcoding”.

Instrucciones:	Proyecto teórico donde se aplican herramientas bioinformáticas y se demuestra la adquisición de las competencias de la Unidad de Aprendizaje. Las instrucciones se detallan en la Guía Instruccional
Criterios de evaluación:	1) Explicación oral del proyecto, 2) Material de apoyo para explicar el proyecto, 3) Realización de las actividades solicitadas, y 4) Respuestas a preguntas realizadas por el facilitador y/o estudiantes.
Modalidad:	Dos presentaciones orales de forma colaborativa. Entrega de dos archivos ppt o pdf de las dos presentación con modificaciones después de la retroalimentación proporcionada

9. Fuentes de consulta:

Claverie, J.M., Notredame, C., (2007). Bioinformatics for Dummies. 2nd Ed. Hoboken, NJ, USA: Wiley Publishing, Inc. European Bioinformatics Institute - European Molecular Biology Laboratory (EBI-EMBL). <http://www.ebi.ac.uk/>. Accesado 21.09.2020.

Hodgman, C., French, A, Westhead, D., (2009). BIOS Instant Notes in Bioinformatics. 2nd Ed. London, UK: Taylor & Francis Ltd.

Lesk, A.M., (2019). Introduction to Bioinformatics. 5th Ed. New York, USA: Oxford University Press.

National Center for Biotechnology Information (NCBI). <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>. Accesado 21.09.2020.

Protein Data Bank (PDB). <http://www.rcsb.org>. Accesado 21.09.2020.