

PROGRAMA EDUCATIVO
LICENCIATURA EN INGENIERÍA EN BIOTECNOLOGÍA
EN COMPETENCIAS PROFESIONALES

PROGRAMA DE ASIGNATURA: BIOINFORMÁTICA

CLAVE: E-BIIN-3

Propósito de aprendizaje de la Asignatura		El estudiante analizará las características funcionales y estructurales de secuencias proteicas, de ácidos nucleicos y de datos a obtenidos a escala genómica utilizando herramientas bioinformáticas para verificar la calidad de productos biotecnológicos e identificar biomoléculas con potencial biotecnológico.			
Competencia a la que contribuye la asignatura		Integrar el conocimiento para el desarrollo, la optimización e innovación de bioprocesos a través de la gestión y el manejo sostenible de los recursos para contribuir a la consolidación de la competitividad que permita generar bienes y servicios biotecnológicos con impacto regional, nacional e internacional.			
Tipo de competencia	Cuatrimestre	Créditos	Modalidad	Horas por semana	Horas Totales
ESPECÍFICA	8	4.68	ESCOLARIZADA	5	75

Unidades de Aprendizaje	Horas del Saber	Horas del Saber Hacer	Horas Totales
	I. Bases de datos bioinformáticas, genes y recuperación de secuencias.	5	15
II. Herramientas para el análisis bioinformático de secuencias nucleotídicas y proteicas.	5	15	20
III. Análisis de datos de secuenciación genómica, transcriptómica y metagenómica.	5	30	35
Totales	15	60	75

ELABORÓ:	DGUTYP	REVISÓ:	DGUTYP	F-DA-01-PA-LIC-42.1
APROBÓ:	DGUTYP	VIGENTE A PARTIR DE:	SEPTIEMBRE DE 2024	

Funciones	Capacidades	Criterios de Desempeño
Optimizar la eficiencia de los bioprocesos mediante la integración del conocimiento para generar bienes y servicios biotecnológicos.	Examinar el bioproceso mediante la determinación de los parámetros de operación y rendimientos para mejorar los bienes y servicios biotecnológicos generados.	Genera evidencias que demuestran el análisis de la factibilidad para la innovación del bioproceso.
	Establecer los parámetros de operación y rendimientos del bioproceso mediante el análisis de datos para mejorar los bienes y servicios biotecnológicos generados.	Genera evidencias que demuestran la implementación del proyecto, recolección y evaluación de datos, así como un análisis para evaluar el impacto de la innovación.

UNIDADES DE APRENDIZAJE

Unidad de Aprendizaje	I. Bases de datos bioinformáticas, genes y recuperación de secuencias.					
Propósito esperado	El estudiante identificará bases de datos bioinformáticas para descargar y anotar secuencias nucleotídicas y proteicas.					
Tiempo Asignado	Horas del Saber	5	Horas del Saber Hacer	15	Horas Totales	20

Temas	Saber Dimensión Conceptual	Saber Hacer Dimensión Actuacional	Ser y Convivir Dimensión Socioafectiva
Secuencias nucleotídicas y estructura básica de un gen.	Describir los elementos de un gen.	Descargar secuencias nucleotídicas de bases de datos bioinformáticas. Esquematizar la estructura básica de un gen y los elementos	El estudiante desarrollará el pensamiento analítico al aplicar conceptos básicos durante el estudio de

ELABORÓ:	DGUTYP	REVISÓ:	DGUTYP	F-DA-01-PA-LIC-42.1
APROBÓ:	DGUTYP	VIGENTE A PARTIR DE:	SEPTIEMBRE DE 2024	

		asociados usando herramientas bioinformáticas.	secuencias biológicas, para interpretar adecuadamente los resultados obtenidos. El estudiante desarrollará la capacidad creativa al analizar secuencias biológicas, para obtener información novedosa de interés biotecnológico.
	Distinguir los distintos esquemas de clasificación de los genes, y comprender las diferencias entre los distintos tipos de genes.	Traducir secuencias en los seis potenciales marcos de lectura, identificando potenciales ORFs funcionales usando herramientas bioinformáticas.	
	Describir el proceso de traducción, y los efectos de mutaciones puntuales.	Generar una secuencia nucleotídica en formato fasta, y abrirla en un programa bioinformático.	
Proteínas: estructuras primaria a cuaternaria; proteínas transmembranales y solubles, péptido señal; antígenos y anticuerpos, antígenos lineales y conformacionales; mutaciones.	Distinguir entre secuencias proteicas y secuencias nucleotídicas.	Descargar secuencias proteicas de bases de datos bioinformáticas, especializadas y no especializadas en proteínas.	El estudiante comunicará de manera efectiva los hallazgos obtenidos al utilizar herramientas bioinformáticas, tanto de forma oral como escrita, para coadyuvar en la toma de decisiones en proyectos de investigación o en procesos industriales. El estudiante será ordenado en el proceso de análisis de secuencias biológicas, para obtener documentos que contengan los hallazgos, organizados de manera sistemática y entendible.
	Explicar las diferencias entre estructuras primaria, secundaria, terciaria y cuaternaria.	Mostrar los dominios y la estructura tridimensional de proteínas de interés, utilizando herramientas bioinformáticas.	
	Distinguir entre antígenos y anticuerpo.	Generar una secuencia proteica en formato fasta, y abrirla en un programa bioinformático.	
	Distinguir los diferentes tipos de mutaciones puntuales.	Esquematizar la estructura de un aminoácido. Esquematizar el funcionamiento de pruebas que usan antígenos y anticuerpos.	
Bases de datos: Organización; búsqueda de genes, descarga de secuencias nucleotídicas, proteicas, de genomas, en formatos fasta y Genbank y	Enlistar bases de datos bioinformáticas: NCBI, ENSEMBL, UNIPROT.	Acceder e interpretar la información que ofrecen las diferentes bases de datos de secuencias biológicas.	

ELABORÓ:	DGUTYP	REVISÓ:	DGUTYP	F-DA-01-PA-LIC-42.1
APROBÓ:	DGUTYP	VIGENTE A PARTIR DE:	SEPTIEMBRE DE 2024	

de datos de secuenciación masiva.			
-----------------------------------	--	--	--

Proceso Enseñanza-Aprendizaje			
Métodos y técnicas de enseñanza	Medios y materiales didácticos	Espacio Formativo	
		Aula	X
Análisis de casos Simulaciones Equipos colaborativos	Laboratorio de cómputo con acceso adecuado a internet, que permita a cada estudiante acceder a una computadora para utilizar las herramientas bioinformáticas a revisar durante el curso. Proyector. Pintarrón. Plumones para pintarrón.	Laboratorio / Taller	X
		Empresa	

Proceso de Evaluación		
Resultado de Aprendizaje	Evidencia de Aprendizaje	Instrumentos de evaluación
El estudiante utiliza herramientas bioinformáticas para analizar, anotar y manipular secuencias nucleotídicas de interés biotecnológico.	A partir de la asignación de dos genes específicos (procariota y eucariota), realizar una exposición de las características de las secuencias nucleotídicas de los genes, obtenidas con el uso de bases de datos.	Guía de observación
	A partir de la asignación de dos genes específicos (procariota y eucariota), entregar una primera parte de avances de un reporte global que se entregará al final del cuatrimestre, el cual deberá tener una estructura definida de manera colegiada. Esta primera parte estará enfocada al análisis de secuencias nucleotídicas. El título del reporte puede ser "Análisis	Rúbrica

ELABORÓ:	DGUTYP	REVISÓ:	DGUTYP	F-DA-01-PA-LIC-42.1
APROBÓ:	DGUTYP	VIGENTE A PARTIR DE:	SEPTIEMBRE DE 2024	

	bioinformático del gen eucariota X y del gen procariota Z”.	
	A partir de los conceptos y herramientas revisadas en esta unidad, resolver un examen de conocimientos asociado a la unidad 1.	Examen.
El estudiante utiliza herramientas bioinformáticas para analizar, anotar y manipular secuencias proteicas de interés biotecnológico.	A partir de la asignación de dos genes específicos (procariota y eucariota), realizar una exposición, continuar enriqueciendo el reporte global, y realizar un examen de conocimientos, de las características de las secuencias proteicas asociadas a los genes asignados, obtenidas con el uso de bases de datos.	Guía de observación.
		Rúbrica.

Unidad de Aprendizaje	II. Herramientas para el análisis bioinformático de secuencias nucleotídicas y proteicas.				
Propósito esperado	El estudiante utilizará software y otras herramientas bioinformáticas para analizar las características estructurales y funcionales de secuencias nucleotídicas y proteicas.				
Tiempo Asignado	Horas del Saber	5	Horas del Saber Hacer	15	Horas Totales 20

Temas	Saber Dimensión Conceptual	Saber Hacer Dimensión Actuacional	Ser y Convivir Dimensión Socioafectiva
Análisis y Anotación de secuencias nucleotídicas: diseño de oligonucleótidos para PCR, PCR Virtual, Interpretación de electroferogramas,	Explicar el proceso de amplificación de ácidos nucleicos usando la técnica de PCR y aplicar herramientas bioinformáticas para realizar PCR virtuales.	Utilizar herramientas bioinformáticas (ej. SnapGene, UGene, VectorNTI) para anotar secuencias proteicas y nucleotídicas, diseñar oligonucleótidos para PCR tiempo	El estudiante desarrollará el pensamiento analítico al aplicar conceptos básicos durante el estudio de secuencias biológicas, para

ELABORÓ:	DGUTYP	REVISÓ:	DGUTYP	F-DA-01-PA-LIC-42.1
APROBÓ:	DGUTYP	VIGENTE A PARTIR DE:	SEPTIEMBRE DE 2024	

alineamientos múltiples y árboles filogenéticos.		real y PCR punto final, realizar PCR y electroforesis virtuales, interpretar electroferogramas, realizar e interpretar alineamientos simples y múltiples, elaborar e interpretar alineamientos y árboles filogenéticos.	interpretar adecuadamente los resultados obtenidos. El estudiante desarrollará la capacidad creativa al analizar secuencias biológicas, para obtener información novedosa de interés biotecnológico.
	Explicar cómo se realiza un alineamiento y la generación de diagramas tipo dot plot, distinguiendo entre similitud, identidad y homología.	Utilizar herramientas bioinformáticas para el análisis de secuencias proteicas, identificando péptido señal, regiones transmembranales en una proteína, dominios proteicos, asignación de posible función a una secuencia proteica, obtención de parámetros fisicoquímicos de una proteína (pI, peso molecular, número y composición de aminoácidos, etc.), uso preferencial de codones de un marco de lectura.	El estudiante comunicará de manera efectiva los hallazgos obtenidos al utilizar herramientas bioinformáticas, tanto de forma oral como escrita, para coadyuvar en la toma de decisiones en proyectos de investigación o en procesos industriales. El estudiante será ordenado en el proceso de análisis de secuencias biológicas, para obtener documentos que contengan los hallazgos, organizados de manera sistemática y entendible.
Proteómica: bases datos, Identificación de péptido señal y regiones transmembranales, identificación de dominios proteicos, parámetros fisicoquímicos de una proteína, traducción, uso preferencial de codones, análisis de restricción, análisis de similitud.	Explicar qué son las rutas metabólicas, la función del péptido señal y de las regiones transmembranales, la identificación de “dominios proteicos”, “punto isoeléctrico”, “codón”, y el uso preferencial de codones.	Realizar análisis de restricción de secuencias nucleotídicas.	
	Explicar cómo se realizar un análisis de restricción.		

ELABORÓ:	DGUTYP	REVISÓ:	DGUTYP	F-DA-01-PA-LIC-42.1
APROBÓ:	DGUTYP	VIGENTE A PARTIR DE:	SEPTIEMBRE DE 2024	

--	--	--	--

Proceso Enseñanza-Aprendizaje			
Métodos y técnicas de enseñanza	Medios y materiales didácticos	Espacio Formativo	
		Aula	
Análisis de casos Simulaciones Equipos colaborativos	Laboratorio de cómputo con acceso adecuado a internet, que permita a cada estudiante acceder a una computadora para utilizar las herramientas bioinformáticas a revisar durante el curso. Proyector. Pintarrón. Plumones para pintarrón.	Laboratorio / Taller	X
		Empresa	

Proceso de Evaluación		
Resultado de Aprendizaje	Evidencia de Aprendizaje	Instrumentos de evaluación
Los estudiantes son capaces de proponer programas para la amplificación por PCR de un segmento genómico de interés.	A partir de la asignación de dos genes específicos (procariota y eucariota), realizar una exposición que aborde el análisis de las secuencias, aplicando las herramientas bioinformáticas revisadas en la Unidad 2.	Guía de observación
Los estudiantes analizan de forma integral secuencias nucleotídicas y proteicas, para identificar características funcionales y evolutivas de genes de interés biotecnológico.	A partir de los genes específicos (procariota y eucariota) asignados, se incorporan al reporte global, nuevos análisis en donde el alumno aplica las herramientas bioinformáticas revisadas en la unidad 2.	Rúbrica.
Los estudiantes analizan de forma integral secuencias nucleotídicas y proteicas, para identificar características funcionales y evolutivas de genes de interés biotecnológico.	A partir de los conceptos y herramientas revisadas en esta unidad, resolver un examen de conocimientos asociado a la unidad 2.	Examen.

ELABORÓ:	DGUTYP	REVISÓ:	DGUTYP	F-DA-01-PA-LIC-42.1
APROBÓ:	DGUTYP	VIGENTE A PARTIR DE:	SEPTIEMBRE DE 2024	

Unidad de Aprendizaje	III. Análisis de datos de secuenciación genómica, transcriptómica y metagenómica.					
Propósito esperado	El estudiante utilizará software y otras herramientas bioinformáticas para analizar, comparar y discriminar organismos de interés biotecnológico, e identificar secuencias nucleotídicas y proteicas con potencial biotecnológico.					
Tiempo Asignado	Horas del Saber	5	Horas del Saber Hacer	30	Horas Totales	35

Temas	Saber Dimensión Conceptual	Saber Hacer Dimensión Actuacional	Ser y Convivir Dimensión Socioafectiva
Evaluación de la calidad de archivos de secuenciación masiva.	Describir los parámetros de calidad de un proceso de secuenciación masiva (L50, N50, etc.).	Obtener las estadísticas básicas de un archivo de secuenciación masiva utilizando herramientas bioinformáticas.	El estudiante desarrollará el pensamiento analítico al aplicar conceptos básicos durante el estudio de secuencias biológicas, para interpretar adecuadamente los resultados obtenidos. El estudiante desarrollará la capacidad creativa al analizar secuencias biológicas, para obtener información novedosa de interés biotecnológico. El estudiante comunicará de manera efectiva los hallazgos obtenidos al utilizar herramientas bioinformáticas, tanto de forma oral como escrita, para coadyuvar en la toma
Depuración de archivos de secuenciación masiva.	Explicar el proceso de depuración de archivos de secuenciación masiva.	Realizar la depuración de archivos de secuenciación masiva utilizando herramientas bioinformáticas.	
Ensamblaje de archivos de secuenciación masiva.	Describir el proceso de ensamblaje de archivos de secuenciación masiva.	Realizar el ensamblaje de datos genómicos obtenidos por secuenciación masiva, compararlos y evaluarlos, utilizando herramientas bioinformáticas.	
Anotación de genomas obtenidos por secuenciación masiva.	Explicar en qué consiste el proceso de anotación de genomas.	Anotar y comparar genomas bacterianos identificando diferencia entre ellos.	

ELABORÓ:	DGUTYP	REVISÓ:	DGUTYP	F-DA-01-PA-LIC-42.1
APROBÓ:	DGUTYP	VIGENTE A PARTIR DE:	SEPTIEMBRE DE 2024	

			<p>de decisiones en proyectos de investigación o en procesos industriales.</p> <p>El estudiante será ordenado en el proceso de análisis de secuencias biológicas, para obtener documentos que contengan los hallazgos, organizados de manera sistemática y entendible.</p>
--	--	--	--

Proceso Enseñanza-Aprendizaje			
Métodos y técnicas de enseñanza	Medios y materiales didácticos	Espacio Formativo	
		Aula	
Análisis de casos Simulaciones Equipos colaborativos	Laboratorio de cómputo con acceso adecuado a internet, que permita a cada estudiante acceder a una computadora para utilizar las herramientas bioinformáticas a revisar durante el curso. Proyector. Pintarrón. Plumones para pintarrón.	Laboratorio / Taller	X
		Empresa	

Proceso de Evaluación		
Resultado de Aprendizaje	Evidencia de Aprendizaje	Instrumentos de evaluación
Los estudiantes son capaces de utilizar herramientas bioinformáticas para manipular y analizar archivos de secuenciación masiva, extrayendo de ellos información biológica de interés.	A partir de datos de secuenciación masiva, los estudiantes identifican información relacionadas con los genes específicos (procariota y eucariota), asignados, para	Guía de observación

ELABORÓ:	DGUTYP	REVISÓ:	DGUTYP	F-DA-01-PA-LIC-42.1
APROBÓ:	DGUTYP	VIGENTE A PARTIR DE:	SEPTIEMBRE DE 2024	

	integrarla en el reporte global en su versión final.	
	A partir de los conceptos y herramientas revisadas en esta unidad, resolver un examen de conocimientos asociado a la unidad 3.	Rúbrica

Perfil idóneo del docente		
Formación académica	Formación Pedagógica	Experiencia Profesional
Licenciatura en el área biológica o informática, con maestría o (preferentemente) doctorado, desarrollando proyectos asociados con análisis bioinformáticos.	Conocimiento del sistema de Educación Basada en Competencias. Constancia de haber tomado cursos de formación docente, preferentemente asociados con el modelo basado en competencias.	Al menos un año de experiencia en docencia a nivel universitario, impartiendo asignaturas del área biológica.

Referencias bibliográficas					
Autor	Año	Título del documento	Lugar de publicación	Editorial	ISBN
Baxevanis, A. D., Bader, G. D., & Wishart, D. S. (Eds.)	2020	Bioinformatics: a practical guide to the analysis of genes and proteins.		John Wiley & Sons	978-1119335580
Dandekar, T., & Kunz, M.	2023	Bioinformatics: an introductory textbook.		Springer Nature	978-3-662-65035-6
Hasija, Y.	2023	All About Bioinformatics: From Beginner to Expert.		Elsevier	978-0443152504
Christensen, H. (Ed.)	2023	Introduction to bioinformatics in microbiology (2nd ed)	Cham, Switzerland	Springer International Publishing.	978-3-031-45292-5

ELABORÓ:	DGUTYP	REVISÓ:	DGUTYP	F-DA-01-PA-LIC-42.1
APROBÓ:	DGUTYP	VIGENTE A PARTIR DE:	SEPTIEMBRE DE 2024	

Pevsner, J.	2015	Bioinformatics and functional genomics		John Wiley & Sons.	978-1118581780
Momand, J., McCurdy, A., Heubach, S., & Warter-Perez, N.	2016	Concepts in bioinformatics and genomics.		Oxford University Press, Inc.	978-0199936991
Lloyd Low, Martti Tammi (eds)	2017	Bioinformatics. A Practical Handbook of Next Generation Sequencing and Its Applications.		World Scientific Publishing.	978-9813144743

Referencias digitales			
Autor	Fecha de recuperación	Título del documento	Vínculo
	Junio 2024	Galaxy is a scientific workflow, data integration, and data and analysis persistence and publishing platform that aims to make computational biology accessible to research scientists that do not have computer programming experience.	https://training.galaxyproject.org/
Scilico, LLC.	Junio 2024	Bioinformatics.org is a valuable professional network for career development and research resources. The site was created in 1998 and currently has more than 35,000 members, making it one of the oldest and largest affiliations in the field.	https://www.bioinformatics.org/

ELABORÓ:	DGUTYP	REVISÓ:	DGUTYP	F-DA-01-PA-LIC-42.1
APROBÓ:	DGUTYP	VIGENTE A PARTIR DE:	SEPTIEMBRE DE 2024	