

**Universidad Autónoma de Baja California**  
Coordinación General de Investigación y Posgrado



**UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE BAJA CALIFORNIA**  
**COORDINACIÓN GENERAL DE INVESTIGACIÓN Y POSGRADO**  
**PROGRAMA DE UNIDAD DE APRENDIZAJE**

**Datos de identificación**

Unidad académica: Facultad de Ciencias Marinas e Instituto de Investigaciones Oceanológicas

Programa: Maestría en Ciencias en Oceanografía Costera

Plan de estudios: 2021-1

Nombre de la unidad de aprendizaje: Bioinformática

Clave de la unidad de aprendizaje:

Tipo de unidad de aprendizaje: Optativa

Horas clase (HC):

2

Horas prácticas de campo (HPC):

0

Horas taller (HT):

3

Horas clínicas (HCL):

0

Horas laboratorio (HL):

0

Horas extra clase (HE):

2

Créditos (CR): 7

Requisitos:

**Perfil de egreso del programa**

El egresado del Programa de Maestría en Ciencias en Oceanografía Costera, tendrá una formación que le permita desarrollar una alta capacidad técnica y metodológica para la práctica de la investigación en las ciencias del mar. Su formación le permitirá contribuir a la solución de problemas específicos, al desarrollo científico y a la protección del medio ambiente marino. El egresado del Programa de Maestría en Ciencias en Oceanografía Costera será capaz de:

Analizar el comportamiento de las condiciones oceanográficas y climatológicas, mediante la aplicación profesional del método científico incluyendo el trabajo multidisciplinario y su análisis crítico, para el desarrollo y la difusión del conocimiento que contribuya a la implementación de estrategias adecuadas a las condiciones regionales y globales para el aprovechamiento y protección de la zona costera, con honestidad, responsabilidad social y respeto al medio ambiente.

Analizar los efectos de las variaciones físicas y climatológicas en las variables químico-biológicas que ocurren en la zona costera, mediante la comprensión de conceptos y la aplicación multidisciplinaria de metodologías y técnicas de análisis biogeoquímicos, para proponer acciones integrales de mitigación que permitan la protección y uso sostenible de los recursos naturales marinos, con una actitud propositiva e innovadora y de responsabilidad social y respeto al medio ambiente.

Analizar los componentes biológicos de un ecosistema, su relación y adaptación a las variables fisicoquímicas del ambiente y sus variaciones antrópicas, mediante la participación en equipos multidisciplinarios y el uso de herramientas biotecnológicas, para contribuir al desarrollo de medidas de conservación y manejo de los recursos marinos fundamentadas en el valor de los servicios ambientales que brindan a los ecosistemas, con una actitud propositiva e innovadora y de responsabilidad social y respeto al medio ambiente.

**Definiciones generales de la unidad de aprendizaje**

**Propósito general de esta unidad de aprendizaje:**

La unidad de aprendizaje de Bioinformática tiene como propósito que el alumno sea capaz de analizar y proponer soluciones computacionales a problemas biológicos y, de igual manera, desarrollar habilidades en el uso de bases de

**Universidad Autónoma de Baja California**  
 Coordinación General de Investigación y Posgrado

	datos biológicas, herramientas de análisis de datos masivos obtenidas con las plataformas de secuenciación de nueva generación, algoritmos disponibles y nociones básicas de programación. Al ser una unidad de aprendizaje optativa y de nivel medio es recomendado que el alumno tenga conocimientos previos sobre Biología Molecular. La unidad de aprendizaje de Bioinformática apoya a las unidades de aprendizaje obligatorias y optativas de la línea de Ecología Marina y Biotecnología y reforzará el perfil del egresado en proveer las bases para el uso de herramientas bioinformáticas.
<b>Competencia de la unidad de aprendizaje:</b>	Seleccionar las estrategias de análisis de datos masivos relacionados con las ciencias ómicas, a partir de referentes teóricos y herramientas bioinformáticas, para resolver cuestiones biológicas desde una perspectiva computacional, con responsabilidad social, honestidad y respeto al medio ambiente.
<b>Evidencia de aprendizaje (desempeño o producto a evaluar) de la unidad de aprendizaje:</b>	Reporte de investigación final escrito donde se resuelva algún problema biológico utilizando las herramientas bioinformáticas abordadas en la unidad de aprendizaje. El reporte debe contener marco teórico o introducción, métodos, resultados, discusión, conclusiones y referencias.

<b>Temario</b>	
<b>I. Nombre de la unidad:</b> Introducción a la bioinformática	<b>Horas: 3</b>
<b>Competencia de la unidad:</b> Analizar el origen e historia de la bioinformática, mediante referentes teóricos y revisión de lecturas, para asociar los conceptos básicos a las aplicaciones prácticas actuales, con actitud responsable, reflexiva y colaborativa.	
<b>Tema y subtemas:</b>	
1.1. Introducción a la bioinformática	
1.1.1. ¿Qué es la bioinformática?	
1.1.2. ¿Cómo y cuándo aparece?	
1.2. Aplicaciones de la bioinformática	
<b>Prácticas (taller):</b>	<b>Horas: 4</b>
1. Elaboración de resumen de lecturas relacionadas con los temas vistos en la unidad I.	
2. Discusión grupal de los conceptos presentados en las lecturas, donde se analicen aspectos históricos y aplicaciones de la bioinformática.	

<b>II. Nombre de la unidad:</b> Bases de datos	<b>Horas: 3</b>
<b>Competencia de la unidad:</b> Analizar las bases de datos moleculares, a través del uso de herramientas bioinformáticas, para realizar consultas adecuadas, con actitud responsable, reflexiva y colaborativa.	
<b>Tema y subtemas:</b>	
2.1. Bases de datos biológicas	
2.2. Introducción a las bases de datos en bioinformática (por ejemplo: PDB, Uniprot, EMBL, Kegg)	
2.3. Explorando bases de datos (por ejemplo: NCBI, Genbank, Pubmed, Taxonomy, Unigene, Expasy)	
<b>Prácticas (taller):</b>	<b>Horas: 4</b>
1. Discusión grupal de los conceptos presentados en lecturas, donde se contextualicen bases de datos biológicas.	

**Universidad Autónoma de Baja California**  
 Coordinación General de Investigación y Posgrado

2. Realización de ejercicios prácticos, donde se exploren y analicen las diferentes bases de datos biológicas.	
--	--

<b>III. Nombre de la unidad:</b> Secuencias simples de DNA	<b>Horas: 3</b>
--	-----------------

**Competencia de la unidad:** Examinar los métodos de análisis de secuencias de DNA, a través del uso de herramientas bioinformáticas, para identificar y predecir la estructura y función de secuencias desconocidas, con actitud responsable, reflexiva y colaborativa.

**Tema y subtemas:**

**3.1.** Análisis de secuencias en busca de errores y contaminaciones

**3.2.** Diseño de *primers* y pruebas in silico

**3.3.** Análisis de la composición de la secuencia de DNA

**3.4.** Búsqueda de regiones codificantes

**3.5.** Ensamble de fragmentos de secuencias (*contigs*)

<b>Prácticas (taller):</b>	<b>Horas: 4</b>
1. Discusión grupal de los conceptos presentados en lecturas, donde se contextualicen los temas vistos en la unidad III.	
2. Realización de ejercicios prácticos, donde se exploren y examinen los métodos de análisis de secuencias de DNA.	

<b>IV. Nombre de la unidad:</b> Secuencias de proteínas	<b>Horas: 3</b>
---	-----------------

**Competencia de la unidad:** Examinar los principios de traducción del RNA, a través del uso de algoritmos de análisis de proteínas, para predecir la estructura de las proteínas con base en su secuencia, con actitud responsable, reflexiva y colaborativa.

**Tema y subtemas:**

**4.1.** Bioquímica computacional de las proteínas

**4.2.** Predicción y análisis de estructuras primarias

**4.3.** Predicción de modificaciones postraduccionales

**4.4.** Búsqueda de dominios

<b>Prácticas (taller):</b>	<b>Horas: 6</b>
1. Discusión grupal de los conceptos presentados en lecturas, donde se aborden los temas vistos en la unidad IV.	
2. Realización de ejercicios prácticos, donde se exploren los métodos de análisis de secuencias de proteínas.	

<b>V. Nombre de la unidad:</b> Búsqueda de similitudes en bases de datos	<b>Horas: 4</b>
--	-----------------

**Competencia de la unidad:** Analizar la función de la búsqueda por similitud, a través del uso de los algoritmos pertinentes, para realizar búsquedas personalizadas de manera eficiente y sin errores, con actitud responsable, reflexiva y colaborativa.

**Universidad Autónoma de Baja California**  
 Coordinación General de Investigación y Posgrado

<b>Tema y subtemas:</b>	
5.1. Herramientas para la búsqueda de similitud de secuencias en la web	
5.2. Búsquedas personalizadas de similitudes (controlando el BLAST)	
5.3. Evitando posibles errores en la realización de una búsqueda de similitud	
5.4. Utilizando otras opciones de búsquedas	
<b>Prácticas (taller):</b>	<b>Horas: 6</b>
1. Discusión grupal de los conceptos presentados en lecturas, donde se aborden los temas vistos en la unidad V.	
2. Realización de ejercicios prácticos, donde se exploren las diferentes herramientas de búsqueda de similitud de secuencias en bases de datos.	

<b>VI. Nombre de la unidad:</b> Alineamiento múltiple de secuencias	<b>Horas: 4</b>
<b>Competencia de la unidad:</b> Analizar las aproximaciones bioinformáticas de alineamiento múltiple de secuencias, a través del uso de programas computacionales, para generar información resumida sobre un conjunto de secuencias relacionadas, con actitud responsable, reflexiva y colaborativa.	
<b>Tema y subtemas:</b>	
6.1. Introducción al análisis de secuencias	
6.2. Búsqueda de secuencias de DNA	
6.3. Herramientas para alineamiento de secuencias	
6.4. Alineamientos múltiples	
6.5. Regiones conservadas y variables	
<b>Prácticas (taller):</b>	<b>Horas: 6</b>
1. Discusión grupal de los conceptos presentados en lecturas, donde se aborden los temas vistos en la unidad VI.	
2. Realización de ejercicios prácticos, donde se exploren las diferentes herramientas de para el alineamiento múltiple de secuencias.	

<b>VII. Nombre de la unidad:</b> Análisis de genomas	<b>Horas: 4</b>
<b>Competencia de la unidad:</b> Analizar los fundamentos del alineamiento, algoritmos de ensamblaje y reconstrucción de genomas, con base en referentes teóricos, revisión de lecturas y herramientas bioinformáticas, para adquirir información adicional sobre las relaciones genéticas, origen y otras características específicas del organismo, con actitud responsable, reflexiva y colaborativa.	
<b>Tema y subtemas:</b>	
7.1. Introducción al lenguaje UNIX	
7.2. Manejo del sistema de repartición de tareas	
7.3. Genomas procariotas	
7.3.1. Predicción de genes	
7.3.2. Estructura génica	

<b>7.4. Genomas eucariotas</b>  <b>7.4.1.</b> Estructura del gen  <b>7.4.2.</b> Base de datos ENSEMBL  <b>7.4.3.</b> SNPs  <b>7.4.4.</b> DNA fingerprinting	
<b>Prácticas (taller):</b> 1. Discusión grupal de los conceptos presentados en lecturas, donde se aborden los temas vistos en la unidad VII. 2. Realización de ejercicios prácticos, donde se exploren los métodos de alineamiento, ensamblaje y reconstrucción de genomas bacterianos.	<b>Horas: 6</b>

<b>VIII. Nombre de la unidad:</b> Construcción de árboles filogenéticos		<b>Horas: 4</b>
<b>Competencia de la unidad:</b> Construir árboles filogenéticos moleculares, a través del uso de algoritmos y programas computacionales, para mostrar las relaciones evolutivas que existen entre las especies, con responsabilidad y actitud reflexiva y colaborativa.		
<b>Tema y subtemas:</b> <b>8.1.</b> Introducción a la filogenia  <b>8.2.</b> Preparación de datos y secuencias  <b>8.3.</b> Construcción de árboles filogenéticos <i>in silico</i>  <b>8.4.</b> Herramientas para la construcción de árboles filogenéticos		
<b>Prácticas (taller):</b> 1. Discusión grupal de los conceptos presentados en las lecturas correspondientes a los temas vistos en la unidad VIII. 2. Realización de ejercicios prácticos, donde se construya un árbol filogenético utilizando alguno de los métodos vistos en clase.	<b>Horas: 6</b>	

<b>IX. Nombre de la unidad:</b> Metagenómica y transcriptómica		<b>Horas: 4</b>
<b>Competencia de la unidad:</b> Analizar el material genético obtenido de muestras ambientales, a través de las secuencias o expresión de genes y mediante herramientas bioinformáticas, para comprender las relaciones complejas de comunidades bacterianas y víricas, con una actitud reflexiva, colaborativa y de respeto al medio ambiente.		
<b>Tema y subtemas:</b> <b>9.1.</b> Introducción a los datos de secuenciación masiva  <b>9.2.</b> Ventajas y limitaciones  <b>9.3.</b> Estudios metagenómicos  <b>9.4.</b> Expresión génica  <b>9.5.</b> RNAseq		

**9.6.** Anotación de genes

**9.7.** Genotipificación

**Prácticas (taller):**

1. Discusión grupal de los conceptos presentados en las lecturas correspondientes a los temas vistos en la unidad IX.
2. Realización de ejercicios prácticos, donde se analicen secuencias obtenidas de una muestra ambiental real utilizando métodos metagenómicos o de expresión génica.

**Horas: 6**

**Estrategias de aprendizaje utilizadas:**

Análisis de lecturas correspondientes a los temas vistos en clase, mediante la participación activa en discusiones, para fortalecer los conceptos tratados.

Desarrollo a lo largo del semestre, de reporte de investigación final escrito, que permita resolver algún problema biológico utilizando métodos computacionales.

Resolución de ejercicios prácticos que permitan aplicar los métodos y conceptos vistos en teoría.

**Criterios de evaluación:**

Dos exámenes: 20%

Participación en discusiones de lecturas: 20%

Entrega de reportes de ejercicios prácticos: 30%

Reporte de investigación: 30%

Total: 100%

**Criterios de acreditación:**

- El estudiante debe cumplir con lo estipulado en el Estatuto Escolar vigente u otra normatividad aplicable.
- Calificación en escala de 0 al 100, con un mínimo aprobatorio de 70.

**Bibliografía:**

Abdurakhmonov, I.Y. (ed.). (2016). *Bioinformatics: Updated Features and Applications*. Germany: BoD.  
<https://www.intechopen.com/books/bioinformatics-updated-features-and-applications>

Chojnacki, S., Cowley, A., Lee, J., Foix, A. & Lopez, R. (2017). Programmatic access to bioinformatics tools from EMBL-EBI update: 2017. *Nucleic Acids Research*, 45, 550–553.

Gauthier, J., Vincent A.T., Charette, S.J. & Derome, N. (2019). A brief history of bioinformatics. *Briefings in Bioinformatics*, 20, 1981–1996.

Tramontano, A. (2007). *Introduction to bioinformatics*. USA: Chapman & Hall/CRC. [clásico] QH324.2 T73 2007.

Ranganathan, S., Nakai, K. & Schonbach, C. (eds.). (2018). *Encyclopedia of Bioinformatics and Computational Biology*. USA: Elsevier. (Adquirir)

**Fecha de elaboración / actualización:** Agosto, 2020.

**Perfil del profesor:** El docente que imparta la unidad de aprendizaje de Bioinformática debe contar con grado de Maestría o superior en el área de Ciencias Naturales y Exactas o afín, con conocimientos en desarrollo de software/pipelines de análisis de datos ómicos y bases de datos, programación en Perl/Python y R, entorno Linux.

**Universidad Autónoma de Baja California**  
Coordinación General de Investigación y Posgrado

Nombre(s) y firma(s) de quién(es) diseñó(aron) el Programa de Unidad de Aprendizaje:

Dra. Alicia Abadía Cardoso  
Profesor de Tiempo Completo  
FCM, CA Recursos Genéticos Acuáticos

Dra. Natalie Millán Aguiñaga  
Profesor de Tiempo Completo  
FCM, CA de Nanobiotecnología Marina

Nombre y firma de quién autorizó el Programa de Unidad de Aprendizaje:

Dra. Lus Mercedes López Acuña  
Directora de la Facultad de Ciencias Marinas  
Profesor de Tiempo Completo  
FCM, CA de Biotecnología Acuícola Animal

Dr. Alejandro Cabello Pasini  
Director del Instituto de Investigaciones Oceanológicas  
Investigador de Tiempo Completo  
IIO, CA de Botánica Marina

Nombre(s) y firma(s) de quién(es) evaluó/revisó(evaluaron/ revisaron) de manera colegiada el Programa de Unidad de Aprendizaje:

Dr. Dante Alberto Magdaleno Moncayo  
Profesor de Tiempo Completo  
UABC, Facultad de Ingeniería Arquitectura y Diseño

Dr. Luis Manuel Enríquez Paredes  
Profesor de Tiempo Completo  
FCM, CA de Ecología Molecular

Dra. Raquel Muñiz Salazar  
Profesor de Tiempo Completo  
UABC, Escuela de Ciencias de la Salud