



INSTITUTO POLITÉCNICO NACIONAL
SECRETARÍA ACADÉMICA
DIRECCIÓN DE EDUCACIÓN SUPERIOR



PROGRAMA SINTÉTICO

UNIDAD ACADÉMICA: ESCUELA SUPERIOR DE CÓMPUTO (ESCOM), UNIDAD PROFESIONAL INTERDISCIPLINARIA DE INGENIERÍA, CAMPUS ZACATECAS (UPIIZ)	
PROGRAMA ACADÉMICO: Ingeniería en Sistemas Computacionales	
UNIDAD DE APRENDIZAJE: Bioinformatics	SEMESTRE: VII PLAN DE ESTUDIOS: 2020

PROPÓSITO DE LA UNIDAD DE APRENDIZAJE

Construye aplicaciones de bioinformática con base en el análisis de secuencias biológicas y la representación computacional del flujo de información de cadenas peptídicas a estructura tridimensional con función biológica y la simulación de su dinámica.

CONTENIDOS:	I. Bioinformática estructural II. Análisis de secuencias biológicas III. Bioinformática aplicada			
ORIENTACIÓN DIDÁCTICA:	Métodos de enseñanza		Estrategias de aprendizaje	
	a) Inductivo		a) Estudio de Casos	
	b) Deductivo	X	b) Aprendizaje Basado en Problemas	X
	c) Analógico		c) Aprendizaje Orientado a Proyectos	
	d) Heurístico	X	d)	
EVALUACIÓN Y ACREDITACIÓN:	Diagnóstica	X	Saberes Previamente Adquiridos	
	Solución de casos	X	Organizadores gráficos	
	Problemas resueltos	X	Problemarios	
	Reporte de proyectos		Exposiciones	X
	Reportes de indagación	X	Otras evidencias a evaluar:	
	Reportes de prácticas	X		
	Evaluación escrita	X		
BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:	Autor(es)	Año	Título del documento	Editorial / ISBN
	Baxevanis, A. D., Bader, G. D. y Wishart, D. S.	2020	Bioinformatics	John Wiley & Sons/ 978-1119335580
	Jensen, F.	2017	Introduction to Computational Chemistry	Wiley/ 978-1118825990
	Lesk, A.	2019	Introduction to Bioinformatics	Oxford university press/ 978-0198794141
	Lesk, A.	2017	Introduction to Genomics	Oxford university press/ 978-0198754831
	Singh, D. B.	2020	Computer-Aided Drug Design	Springer/ 978-9811568176



INSTITUTO POLITÉCNICO NACIONAL

SECRETARÍA ACADÉMICA

DIRECCIÓN DE EDUCACIÓN SUPERIOR



PROGRAMA DE ESTUDIOS

UNIDAD DE APRENDIZAJE: Bioinformatics

HOJA 2 DE 8

UNIDAD ACADÉMICA: ESCUELA SUPERIOR DE CÓMPUTO (ESCOM), UNIDAD PROFESIONAL INTERDISCIPLINARIA DE INGENIERÍA, CAMPUS ZACATECAS (UPIIZ)		
PROGRAMA ACADÉMICO: Ingeniería en Sistemas Computacionales		
SEMESTRE: VII PLAN DE ESTUDIOS: 2020	ÁREA DE FORMACIÓN: Profesional	MODALIDAD: Escolarizada
TIPO DE UNIDAD DE APRENDIZAJE: Teórica- práctica/ Optativa		
VIGENTE A PARTIR DE: Enero 2023	CRÉDITOS: TEPIC: 7.5 SATCA: 6.3	
INTENCIÓN EDUCATIVA La unidad de aprendizaje contribuye al perfil de egreso de la Ingeniería en Sistemas Computacionales proporcionando los conocimientos que le permitan solucionar problemas, analizar información obtenida de sistemas bióticos, comprender los modelos de flujo de información biológica y proponer un tratamiento computacional de las propiedades y la interacción entre moléculas con actividad biológica. Asimismo, fomenta habilidades transversales como el trabajo en equipo transdisciplinario, responsabilidad social, bioética, creatividad e ingenio. Esta unidad de aprendizaje se relaciona de manera antecedente con Compiladores, Matemáticas discretas, Álgebra lineal, Inteligencia artificial, Ingeniería, ética y sociedad, Probabilidad y estadística y Mecánica y electromagnetismo. No tiene relación lateral ni consecuente con otras unidades de aprendizaje.		
PROPÓSITO DE LA UNIDAD DE APRENDIZAJE Construye aplicaciones de bioinformática con base en el análisis de secuencias biológicas y la representación computacional del flujo de información de cadenas peptídicas a estructura tridimensional con función biológica y la simulación de su dinámica.		

TIEMPOS ASIGNADOS
HORAS TEORÍA/SEMANA: 3.0
HORAS PRÁCTICA/SEMANA: 1.5
HORAS TEORÍA/SEMESTRE: 54.0
HORAS PRÁCTICA/SEMESTRE: 27.0
HORAS APRENDIZAJE AUTÓNOMO: 24.0
HORAS TOTALES/SEMESTRE: 81.0

UNIDAD DE APRENDIZAJE REDISEÑADA POR: Academia de Ciencias de la Computación
REVISADA POR: M. en C. Iván Giovanni Mosso García Subdirector Académico ESCOM
APROBADA POR: Consejo Técnico Consultivo Escolar M. en C. Andrés Ortigoza Campos Presidente ESCOM 22/11/2022
 Dr. Fernando Flores Mejía Presidente del CTCE de UPIIZ 27/06/2022

APROBADO POR: Comisión de Programas Académicos del Consejo General Consultivo del IPN. 24/11/2022

AUTORIZADO Y VALIDADO POR: Mtro. Mauricio Igor Jasso Zaranda Secretario Académico



INSTITUTO POLITÉCNICO NACIONAL
SECRETARÍA ACADÉMICA
DIRECCIÓN DE EDUCACIÓN SUPERIOR



UNIDAD DE APRENDIZAJE: Bioinformatics

HOJA 3 DE 8

UNIDAD TEMÁTICA I Bioinformática estructural	CONTENIDO	HORAS CON DOCENTE		HRS AA
		T	P	
<p align="center">UNIDAD DE COMPETENCIA</p> <p>Explica la bioinformática estructural a partir de su historia, su contexto social y el estudio, modelado y simulación de proteínas.</p>	1.1. Bioinformática y sociedad 1.1.1. Conceptualización de bioinformática 1.1.2. Historia y actualidad de la bioinformática	1.5		1.0
	1.2. Proteínas 1.2.1. Aminoácidos y sus propiedades 1.2.2. Cadenas peptídicas 1.2.3. Funciones de las proteínas	3.0		1.0
	1.3. Plegamiento de proteínas 1.3.1. El experimento de Anfinsen 1.3.2. Relación entre plegamiento y función en las proteínas 1.3.3. Casos de plegamiento incorrecto de proteínas	1.5		1.0
	1.4. Representación computacional de la estructura tridimensional de las proteínas 1.4.1. Repositorios de archivos de coordenadas 1.4.2. Representaciones gráficas de proteínas	3.0	3.0	1.0
	1.5. Simulaciones de dinámica molecular de proteínas 1.5.1. Campos de fuerzas 1.5.2. Algoritmos para la integración de ecuaciones de movimiento 1.5.3. Análisis de los resultados de una simulación de dinámica molecular 1.5.4. Hipótesis ergódica y búsqueda de confórmeros	6.0	4.5	2.0
	1.6. Fronteras de la bioinformática estructural 1.6.1. Modelado y simulación <i>ab initio</i> 1.6.2. Campos de fuerzas obtenidos por aprendizaje automatizado 1.6.3. Dinámica molecular dirigida	3.0	1.5	2.0
	Subtotal	18.0	9.0	8.0



INSTITUTO POLITÉCNICO NACIONAL
SECRETARÍA ACADÉMICA
DIRECCIÓN DE EDUCACIÓN SUPERIOR



UNIDAD DE APRENDIZAJE: Bioinformatics

HOJA 4 DE 8

UNIDAD TEMÁTICA II Análisis de secuencias biológicas	CONTENIDO	HORAS CON DOCENTE		HRS AA
		T	P	
UNIDAD DE COMPETENCIA Estructura el análisis de secuencias biológicas a partir de los modelos de flujo de información entre ADN, ARN y proteínas y su representación como cadenas sobre un alfabeto.	2.1. Flujo de información entre secuencia biológicas 2.1.1. Replicación de ADN 2.1.2. Transcripción de ADN 2.1.3. El código genético y cadenas sobre los alfabetos de nucleótidos y aminoácidos 2.1.4. Traducción de ARN	3.0		1.0
	2.2. Conservación evolutiva de información biológica 2.2.1. Procesos de mutación del ADN 2.2.2. Proteínas homólogas 2.2.3. Proteínas parálogas 2.2.4. Proteínas ortólogas 2.2.5. Proteínas análogas	3.0		1.0
	2.3. Análisis de secuencias de proteínas 2.3.1. Repositorios de secuencias de proteínas 2.3.2. Alineamiento de secuencias 2.3.3. Matrices de sustitución 2.3.4. Algoritmos de alineamiento de secuencias 2.3.5. Búsqueda de secuencias homólogas	3.0	4.5	2.0
	2.4. Predicción de estructura de proteínas 2.4.1. El problema de plegamiento de proteínas 2.4.2. Paradoja de Levinthal 2.4.3. Predicción de estructura de proteínas por homología 2.4.4. Predicción de estructura de proteínas por enhebrado de pliegues 2.4.5. Métodos de predicción de estructura de proteínas Ab initio	3.0	1.5	2.0
	2.5. Genómica 2.5.1. Repositorios de secuencias de nucleótidos 2.5.2. Genomas y variantes genómicas 2.5.3. Genómica de poblaciones	3.0	1.5	1.0
	2.6. Fronteras del análisis de secuencias biológicas 2.6.1. Alineamiento de múltiples secuencias 2.6.2. Modelo hidrofóbico-polar para el plegamiento de proteínas 2.6.3. Caracterización automatizada de genomas	3.0	1.5	1.0
	Subtotal	18.0	9.0	8.0



INSTITUTO POLITÉCNICO NACIONAL
SECRETARÍA ACADÉMICA
DIRECCIÓN DE EDUCACIÓN SUPERIOR



UNIDAD DE APRENDIZAJE: Bioinformatics

HOJA 5 DE 8

UNIDAD TEMÁTICA III Bioinformática aplicada	CONTENIDO	HORAS CON DOCENTE		HRS AA
		T	P	
UNIDAD DE COMPETENCIA Implementa aplicaciones de vanguardia de la bioinformática a partir de repositorios de información biológica y los algoritmos más recientes en un contexto de responsabilidad social y bioética.	3.1. Interacciones entre moléculas con actividad biológica 3.1.1. Acoplamiento molecular 3.1.2. Predicción de interacciones entre moléculas 3.1.3. Reactividad química	4.5	3.0	2.0
	3.2. Diseño de fármacos asistido por computadora 3.2.1. Quimiotecas 3.2.2. Metabolómica 3.2.3. Relación cuantitativa entre estructura y actividad 3.2.4. Búsqueda de fármacos usando aprendizaje automatizado	6.0	3.0	2.0
	3.3. Redes de regulación génica 3.3.1. Repositorios de información transcriptómica 3.3.2. Algoritmos de predicción de redes de regulación génica	3.0	1.5	2.0
	3.4. Epigenética 3.4.1. Etiquetas epigenéticas y sus efectos 3.4.2. Análisis de epigenomas	3.0	1.5	1.0
	3.5. Bioética	1.5		1.0
	Subtotal		18.0	9.0



INSTITUTO POLITÉCNICO NACIONAL
SECRETARÍA ACADÉMICA
DIRECCIÓN DE EDUCACIÓN SUPERIOR



UNIDAD DE APRENDIZAJE: Bioinformatics

HOJA: 6 DE 8

ESTRATEGIAS DE APRENDIZAJE	EVALUACIÓN DE LOS APRENDIZAJES
<p>Estrategia de Aprendizaje Basado en Problemas</p> <p>El alumno desarrollará las siguientes actividades:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Indagación previa sobre temas revisados y sobre temas de frontera de la Bioinformática 2. Lectura de artículos de divulgación y/o investigación 3. Análisis de casos de aplicaciones de la Bioinformática y de problemas de Bioética 4. Resolución de problemas de forma individual y en equipo 5. Realización de prácticas de laboratorio 	<p>Evaluación diagnóstica</p> <p>Portafolio de evidencias:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Reportes de indagación 2. Presentaciones 3. Solución de casos y presentaciones 4. Problemas resueltos 5. Reportes de prácticas 6. Evaluación escrita

RELACIÓN DE PRÁCTICAS			
PRÁCTICA No.	NOMBRE DE LA PRÁCTICA	UNIDADES TEMÁTICAS	LUGAR DE REALIZACIÓN
1	Estructura 3D de las proteínas	I	Laboratorio de Cómputo
2	Dinámica molecular de proteínas	I	
3	Software de actualidad para bioinformática estructural	I	
4	Protocolos de análisis de secuencias de proteínas	II	
5	Protocolos de predicción de estructura de proteínas	II	
6	Obtención y análisis de información genómica	II	
7	Software de actualidad para análisis de secuencias biológicas	II	
8	Modelado de la interacción entre moléculas con actividad biológica	III	
9	Diseño computacional de un fármaco	III	
10	Inferencia de redes de regulación entre genes	III	
11	Obtención y análisis de información epigenética	III	
		TOTAL DE HORAS	27.0



INSTITUTO POLITÉCNICO NACIONAL
SECRETARÍA ACADÉMICA
DIRECCIÓN DE EDUCACIÓN SUPERIOR



UNIDAD DE APRENDIZAJE: Bioinformatics

HOJA: 7 DE 8

Bibliografía												
Tipo	Autor(es)	Año	Título del documento	Editorial/ ISBN	Documento							
					Libro	Antología	Otros					
B	Baxevanis, A. D., Bader, G. D. y Wishart, D. S.	2020	Bioinformatics	John Wiley & Sons/ 978-1119335580	X							
C	DeGrazia, D. y Millum, J.	2021	A Theory of Bioethics	Cambridge University Press/ 978-1009011747	X							
C	Gagniuc, P. A.	2021	Algorithms in Bioinformatics: Theory and implementation	Wiley/ 978-1119697961	X							
B	Jensen, F.	2017	Introduction to Computational Chemistry	Wiley/ 978-1118825990	X							
B	Lesk, A.	2019	Introduction to Bioinformatics	Oxford university press/ 978-0198794141	X							
B	Lesk, A.	2017	Introduction to Genomics	Oxford university press/ 978-0198754831	X							
C*	Schlick, T.	2010	Molecular modeling and simulation: An interdisciplinary guide	Springer/ 978-1441963505	X							
B	Singh, D. B.	2020	Computer-Aided Drug Design	Springer/ 978-9811568176	X							
Recursos digitales												
Autor, año, título y Dirección Electrónica					Texto	Simulador	Imagen	Tutorial	Vídeo	Presentación	Diccionario	Otro
Bertram, J. (2020). Evolution rapidly optimizes stability and aggregation in lattice proteins despite pervasive landscape valleys and mazes. Recuperado el 11 de abril de 2022, de: https://doi.org/10.1534/genetics.120.302815					X							
Harrell, R. (2017). Bioethical Considerations of Advancing the Application of Marine Biotechnology and Aquaculture. Recuperado el 11 de abril de 2022, de: https://doi.org/10.3390/md15070197					X							
Hogeweg, P. (2011). The Roots of Bioinformatics in Theoretical Biology. Recuperado el 11 de abril de 2022, de: https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1002021					X							
Unke, O. (2021). Machine Learning Force Fields. Recuperado el 11 de abril de 2022, de: https://doi.org/10.1021/acs.chemrev.0c01111					X							



INSTITUTO POLITÉCNICO NACIONAL
SECRETARÍA ACADÉMICA
DIRECCIÓN DE EDUCACIÓN SUPERIOR



UNIDAD DE APRENDIZAJE: Bioinformatics

HOJA: 8 DE 8

PERFIL DOCENTE: Ingeniería en Sistemas Computacionales Licenciatura y/o Ingeniería en Ciencias Físico- Matemáticas o Ciencias Médico-Biológicas con grado de Maestría en Ciencias Físico Matemáticas o en Ciencias Médico-Biológicas.

EXPERIENCIA PROFESIONAL	CONOCIMIENTOS	HABILIDADES DIDÁCTICAS	ACTITUDES
Un año en docencia a nivel superior Un año en desarrollo de proyectos de bioinformática	Compiladores Matemáticas discretas Álgebra lineal Inteligencia artificial Ética Probabilidad y estadística Mecánica y electromagnetismo Del Modelo Educativo Institucional	Coordinar grupos de aprendizaje Organizar equipos de aprendizaje Planificación de la enseñanza Manejo de estrategias didácticas centradas en el aprendizaje Manejo de TIC en la enseñanza y para el aprendizaje Comunicación multidireccional	Compromiso con la enseñanza Congruencia Disponibilidad al cambio Empatía Generosidad Honestidad Proactividad Respeto Responsabilidad Solidaridad Tolerancia Vocación de servicio Liderazgo Optimismo

ELABORÓ

REVISÓ

AUTORIZÓ

Dr. Jorge Luis Rosas Trigueros
Coordinador

Dra. Rosaura Palma Orozco
Participante

M. en C. Roberto Oswaldo Cruz
Lejía
Subdirector Académico UPIIZ

M. en C. Andrés Ortigoza Campos
Director ESCOM

M. en C. Miguel Sánchez Brito
Participante

M. en C. Iván Giovanni Mosso
García
Subdirector Académico ESCOM

Dr. Fernando Flores Mejía
Director UPIIZ