UNIVERSIDAD TÉCNICA DE AMBATO

FACULTAD DE: CIENCIAS E INGENIERÍA EN ALIMENTOS Y BIOTECNOLOGÍA

CARRERA DE: Biotecnología

MODALIDAD PRESENCIAL

SÍLABO

BIOINFORMATICA

NIVEL

SEXTO

AMBATO - ECUADOR
2026

I. INFORMACIÓN GENERAL

<table>
<tr><td colspan="3">Nombre de la asignatura
BIOINFORMATICA
Carrera
Biotecnología</td></tr>
<tr><td>Código UTA-FCIAB-BT-MP-UP-06-06</td><td colspan="2">PRERREQUISITOS</td></tr>
<tr><td>Modalidad
PRESENCIAL</td><td>Asignatura</td><td>Código</td></tr>
<tr><td colspan="3">Unidad organizacional curricular
PROFESIONAL</td></tr>
<tr><td rowspan="2">Créditos/Horas
2
Nivel
SEXTO</td><td colspan="2">CORREQUISITOS</td></tr>
<tr><td>Asignatura</td><td>Código</td></tr>
<tr><td colspan="3">CARGA HORARIA</td></tr>
<tr><td>Componente de aprendizaje en contacto con el docente por semana
2</td><td>Componente de aprendizaje en contacto con el docente por ciclo académico
32</td><td>Componente de aprendizaje práctico experimental, componente de aprendizaje autónomo
64</td></tr>
<tr><td>Horas de tutoría académica semanales
1</td><td>Horas de tutoría presenciales por ciclo académico
16</td><td>Horas de tutorías virtuales por ciclo académico
0</td></tr>
</table>

TOTAL DE HORAS DE APRENDIZAJE EN EL CICLO DE ESTUDIOS

Número de horas del componente de aprendizaje en contacto con el docente semanal	2
Número de horas del componente de aprendizaje en contacto con el docente semestral	32
Número de horas del componente de aprendizaje práctico experimental y componente de aprendizaje autónomo	64
TOTAL DE HORAS AL SEMESTRE (Número de horas del componente de aprendizaje en contacto con el docente semestral + Número de horas del componente de aprendizaje práctico experimental y componente de aprendizaje autónomo.)	96

III DESCRIPCIÓN Y OBJETIVOS DE LA ASIGNATURA

Propósito La asignatura de BIOINFORMÁTICA tiene la finalidad de introducir al alumno en el entorno de la Bioinformática, proporcionándole los conocimientos suficientes y necesarios para que basado en la evidencia biológica utilice herramientas tecnológicas y software bioinformático y los aplicaque en la solución de problemas biotecnológicos, Predecir la estructura de proteínas utilizando herramientas Bioinformáticas .

Descripción de la asignatura El Módulo de Bioinformática se ha estructurado de cuatro unidades curriculares: Comprender los algoritmos básicos y emplear los formatos estándar y fuentes de información genómica , Analizar la comparación y alineamiento de secuencias genéticas , Explicar el mapeo físico, secuenciación y ensamblaje de ADN, utilizando para este proceso principalmente el Método expositivo. Con estos contenidos y la aplicación de metodologías como método expositivo, aprendizaje basado en evidencias y proyectos se espera que el estudiantec omprenda el análisis e interpretación de secuencias genéticas, expresión de genes y modelación de proteínas

Objetivo general de la asignatura Comprender el análisis e interpretación de secuencias genéticas, expresión de genes y modelación de proteínas.

Objetivos específicos de la asignatura

1.-Comprender los algoritmos básicos y emplear los formatos estándar y fuentes de información genómica

2.-Analizar la comparación y alineamiento de secuencias genéticas

3.-Explicar el mapeo físico, secuenciación y ensamblaje de ADN.

4.-Predecir la estructura de proteínas utilizando herramientas Bioinformáticas

NOTA: Las horas de tutoría académica no se suman, por lo tanto no se incluyen dentro de las horas totales del semestre

IV PROGRAMA DE ESTUDIOS DE LA ASIGNATURA

U.1	Comprender los algoritmos básicos y emplear los formatos estándar y fuentes de información genómica			
Unidades temáticas	**Horas Clase / Componente de aprendizaje en contacto con el docente**	**Componente de aprendizaje práctico experimental.**	**Componente de aprendizaje autónomo incluidas las actividades de investigación y vinculación con la sociedad**	**Instrumentos de evaluación**
1.1.- Bioconductor y BioPython	2	2	2	Otros: Lectura crítica de textos, manejo de software
1.2.- Sistemas Operativos en Bioinformática: Shell Linux	2	2	2	Otros: Resolución de problemas prácticos, manejo de software
1.3.- Formatos básicos en Bioinformática	2	2	2	Otros: Lectura Crítica de textos, manejo de software
1.4.- Introducción a la Genómica Computacional	2	2	2	Otros: Taller, examen escrito por reactivos
SUBTOTAL HORAS	8	8	8	**TOTAL HORAS:** 24

Resultados de aprendizaje: Comprende los algoritmos básicos y emplea los formatos estándar y fuentes de información genómica.
Metodología de enseñanza : -
Estrategias educativas : Otros, Actividades académicas desarrolladas en escenarios experimentales o en laboratorios, Talleres, Lectura, análisis y comprensión de materiales bibliográficos y documentales: Clases Magistrales
Recursos didácticos : Otros, Marcadores, Proyector, Internet, Inteligencia Artificial, Tecnología del Aprendizaje y el Conocimiento: Plataforma Moodle, cualquier dispositivo informático, Software Estadístico R
Habilidades Blandas : Trabajo en equipo, Pensamiento crítico, Responsabilidad

IV PROGRAMA DE ESTUDIOS DE LA ASIGNATURA

U.2	Analizar la comparación y alineamiento de secuencias genéticas			
Unidades temáticas	**Horas Clase / Componente de aprendizaje en contacto con el docente**	**Componente de aprendizaje práctico experimental.**	**Componente de aprendizaje autónomo incluidas las actividades de investigación y vinculación con la sociedad**	**Instrumentos de evaluación**
2.1.- Introducción al alineamiento genómico	2	2	2	Otros: Lectura crítica de textos
2.2.- Principales algoritmos de alineamiento	2	2	2	Otros: Lectura crítica de textos, manejo de software
2.3.- Tipos de Alineamientos	2	2	2	Otros: Lectura crítica de textos, manejo de software.
2.4.- Identificación de motivos, árboles filogenéticos.	2	2	2	Otros: Taller, Examen escrito por reactivos
SUBTOTAL HORAS	8	8	8	**TOTAL HORAS:** 24

Resultados de aprendizaje: Analiza la comparación y alineamiento de secuencias genéticas
Metodología de enseñanza : -
Estrategias educativas : Otros, Actividades académicas desarrolladas en escenarios experimentales o en laboratorios, Talleres, Lectura, análisis y comprensión de materiales bibliográficos y documentales: Clases magistrales
Recursos didácticos : Otros, Marcadores, Proyector, Internet, Inteligencia Artificial, Tecnología del Aprendizaje y el Conocimiento: Plataforma Moodle, cualquier dispositivo informático, Software Estadístico R
Habilidades Blandas : Trabajo en equipo, Pensamiento crítico, Responsabilidad

IV PROGRAMA DE ESTUDIOS DE LA ASIGNATURA

U.3	Explicar el mapeo físico, secuenciación y ensamblaje de ADN.			
Unidades temáticas	**Horas Clase / Componente de aprendizaje en contacto con el docente**	**Componente de aprendizaje práctico experimental.**	**Componente de aprendizaje autónomo incluidas las actividades de investigación y vinculación con la sociedad**	**Instrumentos de evaluación**
3.1.- Técnicas de secuenciación y ensamblaje de secuencias.	2	2	2	Otros: Lectura crítica de textos
3.2.- Tipos de ensamblaje de secuencias: de novo, referencia.	2	2	2	Otros: Lectura crítica de textos, manejo de software.
3.3.- Anotación de secuencias: estructural y funcional	4	4	4	Otros: Taller, Examen escrito por reactivos.
SUBTOTAL HORAS	8	8	8	**TOTAL HORAS:** 24

Resultados de aprendizaje: Explica el mapeo físico, secuenciación y ensamblaje de ADN.
Metodología de enseñanza : -
Estrategias educativas : Otros, Actividades académicas desarrolladas en escenarios experimentales o en laboratorios, Talleres, Lectura, análisis y comprensión de materiales bibliográficos y documentales: Clases magistrales
Recursos didácticos : Otros, Marcadores, Proyector, Internet, Inteligencia Artificial, Tecnología del Aprendizaje y el Conocimiento: Plataforma Moodle, cualquier dispositivo informático, Software Estadístico R
Habilidades Blandas : Trabajo en equipo, Pensamiento crítico, Responsabilidad

IV PROGRAMA DE ESTUDIOS DE LA ASIGNATURA

U.4	Predecir la estructura de proteínas utilizando herramientas Bioinformáticas			
Unidades temáticas	**Horas Clase / Componente de aprendizaje en contacto con el docente**	**Componente de aprendizaje práctico experimental.**	**Componente de aprendizaje autónomo incluidas las actividades de investigación y vinculación con la sociedad**	**Instrumentos de evaluación**
4.1.- Introducción a la Proteómica.	2	2	2	Otros: Lectura crítica de textos
4.2.- Predicción y evaluación de proteínas utilizando IA.	2	2	2	Otros: Lectura crítica de textos, manejo de software.
4.3.- Docking Molecular	4	4	4	Otros: Taller, Examen escrito por reactivos.
SUBTOTAL HORAS	8	8	8	**TOTAL HORAS:** 24

Resultados de aprendizaje: Predice la estructura de proteínas utilizando herramientas Bioinformáticas
Metodología de enseñanza : -
Estrategias educativas : Otros, Actividades académicas desarrolladas en escenarios experimentales o en laboratorios, Talleres, Lectura, análisis y comprensión de materiales bibliográficos y documentales: Clases magistrales
Recursos didácticos : Otros, Marcadores, Proyector, Internet, Inteligencia Artificial, Tecnología del Aprendizaje y el Conocimiento: Plataforma Moodle, cualquier dispositivo informático, Software Estadístico R
Habilidades Blandas : Trabajo en equipo, Pensamiento crítico, Responsabilidad

V ESCENARIOS DE APRENDIZAJE (REAL, VIRTUAL, ÁULICO)

En la asignatura se utilizarÃ¡n tres tipos de ambientes de aprendizaje: Real, aulico y virtual. - Real, a travÃ©s del desarrollo de clases prÃ¡cticas y seminarios en un ambiente donde se puede constatar la aplicaciÃ³n de los conocimientos adquiridos, a travÃ©s del uso de herramientas bioinformÃ¡ticas. - Ã¡ulico s e desarrollarÃ¡ en el Laboratorio de TICs, espacio privilegiado con acceso a las recursos web, aquÃ se ponen en escena la interacciÃ³n entre el maestro y los estudiantes, este escenario ha de posibilitar el conocimiento de todas las personas del grupo y el acercamiento de unos hacia otros. - Virtual, mediante el uso de la tecnologÃa, concretados en la ejecuciÃ³n y funcionamiento del aula virtual de BioinformÃ¡tica con la finalidad de proporcionar a los estudiantes recursos que faciliten el aprendizaje.

Aprobado

VI CRITERIOS NORMATIVOS PARA LA EVALUACIÓN

Objetivos específicos	Evaluación diagnóstica (Conocimientos previos)	Evaluación formativa (Grado de logro de destrezas)	Evaluación sumativa (valorar los objetivos generales alcanzados y el logro de destrezas)
1.- Comprender los algoritmos básicos y emplear los formatos estándar y fuentes de información genómica	Preguntas de sondeo sobre la Unidad	RÚBRICA	Evaluación escrita con reactivos.
2.- Analizar la comparación y alineamiento de secuencias genéticas	Preguntas de sondeo sobre la Unidad	RÚBRICA	Evaluación escrita con reactivos.
3.- Explicar el mapeo físico, secuenciación y ensamblaje de ADN.	Preguntas de sondeo sobre la Unidad	RÚBRICA	Evaluación escrita con reactivos.
4.- Predecir la estructura de proteínas utilizando herramientas Bioinformáticas	Preguntas de sondeo sobre la Unidad	RÚBRICA	Evaluación escrita con reactivos.

VII BIBLIOGRAFÍA

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA

Autores	Año	Título	Nro Edición	Editorial	Pais o Ciudad	Nro Ejemplares	Nro Páginas	Tipo
Enrique Blanco García	2013	Genómica Computacional	1	Editorial UOC	España Barcelona	1	249	Digital
Código/Ubicación base de datos:								
Comentario:	Este libro clásico contiene información importante referente a las unidades 2, 3, 4, 5 del presente sílabo. Se puede encontrar información referente al manejo de formatos, navegadores genómicos, ensamblaje y alineamiento de secuencias genómicas,							
URL:	https://0x102pl19-y-https-elibro-net.itmsp.museknowledge.com/en/lc/uta/titulos/56698							

Autores	Año	Título	Nro Edición	Editorial	Pais o Ciudad	Nro Ejemplares	Nro Páginas	Tipo
Enrique Blanco garcía	2013	Fundamentos de informática en entornos bioinformáticos	1	Editorial UOC	España Barcelona	1	243	Virtual
Código/Ubicación base de datos:								
Comentario:	Libro clásico en el que el estudiante puede consultar los temas tratados en la unidad 2 y 3 del presente sílabo. En este libro el estudiante puede consultar teoría y ejemplos desarrollados sobre formatos y navegadores genómicos; alineamiento de secuencias							
URL:	https://0x102pmt7-y-https-elibro-net.itmsp.museknowledge.com/es/lc/uta/titulos/56749							

Autores	Año	Título	Nro Edición	Editorial	Pais o Ciudad	Nro Ejemplares	Nro Páginas	Tipo
Shaw, Zes A.	2018	Aprenda a programar con python 3	1a edición	Anaya Multimedia,	Madrid España	1	319 páginas,	Físico
Código/Ubicación base de datos:	BCIA01720							
Comentario:	Libro Contemporáneo: En el presente libro se puede consultar los temas correspondientes a la Unidad 1. Programación en Python para la Bioinformática. Manejo de datos en Python para Bioinformática.							
URL:								

Autores	Año	Título	Nro Edición	Editorial	Pais o Ciudad	Nro Ejemplares	Nro Páginas	Tipo
Roldán Martínez, David	2015	Bioinformática;	1a edición	Ediciones de la U,	Bogotá Colombia	1	261 páginas,	Físico
Código/Ubicación base de datos:	BCIA01733							

Comentario:	Libro Contemporáneo. En el presente libro se puede consultar temas relacionados a la Unidad 3, 4 y 5 del presente sílabo. Regulación genética. Formatos de ficheros. Bases de datos genómicas. Integración de bases de datos biológicas, entre otros.
URL:	

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA

Autores	Año	Título	Nro Edición	Editorial	Pais/Ciudad	Nro Ejemplares	Nro Páginas	Tipo
Nguyen, Ken Pan, Yi Xuan, Guo	2009	Bioinformática	1	El Cid Editor	México Ciudad de México	1	11	Virtual
Código/Ubicación base de datos:								
Comentario:	En este libro clásico, el estudiante puede consultar los temas tratados en la primera unidad, en el mismo se muestran ejemplos y teoría referente a la Bioinformática con R en el capítulo 4 de este ejemplar.							
URL:	https://0x102pl19-y-https-elibro-net.itmsp.museknowledge.com/en/lc/uta/titulos/28409							

Autores	Año	Título	Nro Edición	Editorial	Pais/Ciudad	Nro Ejemplares	Nro Páginas	Tipo
Fernando Juan Yuste Lisbona Juan Capel Salinas	2016	Manual de prácticas de Bioinformática	1	Editorial Universidad de Almería	Espana Almeria	1	112	Virtual
Código/Ubicación base de datos:								
Comentario:	Libro contemporáneo en el que se encuentran tópicos que se tratan en todas las unidades del presente sílabo, contiene teoría y ejemplos.							
URL:	https://0x102pexb-y-https-elibro-net.itmsp.museknowledge.com/es/lc/uta/titulos/44560?prev=as							