



MODELO DE SÍLABO
(Para el retorno a la Presencialidad)
Facultad de Ciencias Biológicas
Escuela Profesional de Biología
SÍLABO 2025-I

I. DATOS ADMINISTRATIVOS

1.	Asignatura	: Bioinformática
2.	Código	: CB-1063
3.	Naturaleza	: Teórico-práctica
4.	Condición	: Obligatorio
5.	Requisitos	: Genética Cuantitativa
6.	Nro. Créditos	: 3
7.	Nro de horas	: 4
8.	Semestre Académico	: X
9.	Docente	: Roberto Pineda Chavarria
	Correo Institucional	: roberto.pineda@urp.edu.pe

II. SUMILLA

Es un taller obligatorio del área de formación profesional complementaria. Tiene como propósito que el estudiante comprenda los fundamentos y aplicaciones de la bioinformática.

El taller consiste en tres unidades de aprendizaje:

1. Herramientas de bioinformática.
2. Bases de datos que contienen información biológica.
3. Diseño de experimentos dirigidos a partir del análisis computacional de secuencias.

III. COMPETENCIAS GENÉRICAS A LAS QUE CONTRIBUYE LA ASIGNATURA

- Pensamiento crítico y creativo.
- Liderazgo compartido.
- Investigación científica y tecnológica.

IV. COMPETENCIAS ESPECÍFICAS A LAS QUE CONTRIBUYE LA ASIGNATURA

- Transforma la biodiversidad, usando organismos o sus partes, en estricto apego a las normas y principios de la bioética
- Realiza investigación básica y aplicada en cualquier área de las ciencias biológicas y difunde los resultados de sus investigaciones y el estado del arte a diferentes sectores de la sociedad.
- Desarrolla y propone soluciones alternativas a los problemas derivados del manejo de recursos biológicos, el deterioro ambiental y la incorporación de nuevas tecnologías y sus derivados al mundo biológico.
- Posee habilidades y destrezas para participar, organizar y, eventualmente, dirigir proyectos, grupos e instituciones de investigación, enseñanza y gestión dentro del dominio de las ciencias biológicas.

V. DESARROLLA EL COMPONENTE DE: INVESTIGACIÓN (x) RESPONSABILIDAD SOCIAL (x)

V. LOGRO DE LA ASIGNATURA

- Conocer el estado del arte de la bioinformática y la biología computacional con énfasis en las principales herramientas bioinformáticas que sirven de apoyo en ciencias biológicas
- Aplicar herramientas de alineamiento de secuencias y simulación molecular a la solución de problemas biológicos
- Conocer la historia de la bioinformática y la biología computacional con énfasis en el origen de las principales bases de datos de información biológica.
- Aprender a manipular, gestionar y diseñar distintos tipos de bases de datos biológicas.
- Evaluar diferentes herramientas bioinformáticas y elegir la más adecuada para el problema a resolver.
- Diseñar y planificar proyectos bioinformáticos para solucionar problemas biológicos relevantes.

VII. PROGRAMACIÓN DE CONTENIDOS



UNIDAD I: Herramientas de bioinformática.	
LOGRO 1: Conocer el estado del arte de la bioinformática y la biología computacional con énfasis en las principales herramientas bioinformáticas que sirven de apoyo en ciencias biológicas	
LOGRO 2: Aplicar herramientas de alineamiento de secuencias y simulación molecular a la solución de problemas biológicos	
Semana	Contenido
1	Clase introductoria: hardware y software usado en biología.
2	Bioinformática y Biología Computacional
3	Herramientas Bioinformáticas 1: Alineamiento de secuencias
4	Herramientas Bioinformáticas 2: Simulación Molecular

UNIDAD II: Bases de datos que contienen información biológica.	
LOGRO 3: Conocer la historia de la bioinformática y la biología computacional con énfasis en el origen de las principales bases de datos de información biológica.	
LOGRO 4: Aprender a manipular, gestionar y diseñar distintos tipos de bases de datos biológicas.	
Semana	Contenido
5	Bases de datos de Biodiversidad (Darwin Core, Scope y GBIF)
6	Bases de datos genómicas (NCBI-genebank, EMBL-EBI, DDBJ)
7	Bases de datos de proteínas y estructuras (RCSB-PDB, UNIPROT, Pfam, PROSITE, SCOP y CATH)
8	Monitoreo y Retroalimentación. Evaluación del Logro

UNIDAD III: Diseño de experimentos dirigidos a partir del análisis computacional de secuencias.	
LOGRO 5: Evaluar diferentes herramientas bioinformáticas y elegir la más adecuada para el problema a resolver.	
LOGRO 6: Diseñar y planificar proyectos bioinformáticos para solucionar problemas biológicos relevantes	
Semana	Contenido
9	Ciencias de la Complejidad (Teoría de juegos, modelos basados en agentes)
10	Network Science (conectómica, ontologías, metabolómica y redes de interacción proteína proteína)
11	Aplicaciones bioinformáticas a la salud

12	Aplicaciones bioinformáticas a la Biotecnología Animal
13	Aplicaciones bioinformáticas a la Biotecnología Vegetal
14	Aplicaciones bioinformáticas a la Biotecnología Ambiental
15	Aplicaciones bioinformáticas a la Neurociencia
16	Monitoreo y Retroalimentación. Evaluación del Logro
17	EVALUACIÓN SUSTITUTORIA CON PRODUCTO FINAL: RÚBRICA



VIII. ESTRATEGIAS DIDÁCTICAS

Aula invertida, Aprendizaje Colaborativo, Disertación

IX. MOMENTOS DE LA SESIÓN DE APRENDIZAJE VIRTUAL

La modalidad no presencial desarrollará actividades sincrónicas (que los estudiantes realizarán al mismo tiempo con el docente) y asincrónicas (que los estudiantes realizarán independientemente fortaleciendo su aprendizaje autónomo. La metodología del aula invertida organizará las actividades de la siguiente manera:

Antes de la sesión

Exploración: preguntas de reflexión vinculada con el contexto, otros.

Problematización: conflicto cognitivo de la unidad, otros.

Durante la sesión

Motivación: bienvenida y presentación del curso, otros.

Presentación: PPT en forma colaborativa, otros.

Práctica: resolución individual de un problema, resolución colectiva de un problema, otros.

Después de la sesión

Evaluación de la unidad: presentación del producto.

Extensión / Transferencia: presentación en digital de la resolución individual de un problema.

IX. EVALUACIÓN

La modalidad no presencial se evaluará a través de productos que el estudiante presentará al final de cada unidad. Los productos son las evidencias del logro de los aprendizajes y serán evaluados a través de rúbricas cuyo objetivo es calificar el desempeño de los estudiantes de manera objetiva y precisa.

Retroalimentación. En esta modalidad no presencial, la retroalimentación se convierte en aspecto primordial para el logro de aprendizaje. El docente devolverá los productos de la unidad revisados y realizará la retroalimentación respectiva.

UNIDAD	INSTRUMENTOS	PORCENTAJE
I y II	Rúbrica	50%
III	Rúbrica	50%

X. RECURSOS

- Equipos: computadora, laptop, Tablet, celular
- Materiales: apuntes de clase del Docente, separatas de problemas, lecturas, videos.
- Uso de las plataformas: Swiss Model, Swidock, Phyre, Robetta, Hex y otras de modelamiento y docking.
- Software CYTOCAPE y GENEMANIA para modelamiento de redes de interaccion proteica
- Serviciod de healthtech GTU para determinaciones de fosforilaciones (Netphos), acetilaciones (Netacet) y glicosidaciones (Glyc)
- Software UCSF Chimera para visualización y análisis estructural de proteínas
- Software Putty y WinSCP para conectar con el cluster computacional de la URP
- Software mafft e iqtree para análisis filogenéticos de alta performance.
- Software Gromacs para simulaciones moleculares de alta performance

XI. REFERENCIAS

Bibliografía Básica

- Kauffman, S. A. (1993). The origins of order: Self-organization and selection in evolution. New York: Oxford University Press.
- Letovsky, S. (1999). Bioinformatics: Databases and systems. Boston: Kluwer Academic.
- Mount, D. W. (2001). Bioinformatics: Sequence and genome analysis. Cold Spring Harbor, NY: Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- Pham, T. D. (2009). Computational biology: Issues and applications in oncology. New York: Springer.
- Ridley, M. (1999). Genome: The autobiography of a species in 23 chapters. New York: HarperCollins.
- Xiong, J. (2006). Essential bioinformatics. Cambridge: Cambridge University Press.
- Baxevanis, A. D., & Ouellette, B. F. (2001). Bioinformatics: A practical guide to the analysis of genes and proteins. New York: Wiley-Interscience.