



UNIVERSIDAD AUTONOMA DE CHIHUAHUA

FACULTAD DE CIENCIAS QUÍMICAS

PROGRAMA DEL CURSO:

Bioinformática

DES: INGENIERIA Y CIENCIAS

Programa Educativo:

Maestría en Ciencias en Biotecnología

Clave: (OA):

Tipo de materia: Optativa

Clave de la materia: 201 MB

Semestre y Área en plan de estudios: Segundo o Tercer

Semestre

Créditos: 6

Total de Horas por Semana: 6

➤ Teoría: 3

➤ Taller:

➤ Laboratorio: 3

➤ Prácticas Complementarias:

➤ Trabajo extra-clase:

➤ Total de horas en el Semestre: 96

Fecha última de actualización Curricular:

Clave y Materia requisito:

Propósito del Curso:

Aplica modelos informáticos para la obtención de información a partir de modelos biológicos, a través del análisis de datos obtenidos previamente, mediante modelos matemáticos y estadísticos, considerando los fundamentos biológicos.

COMPETENCIAS (Tipo y Nombre de las competencias)	CONTENIDOS (Unidades, temas y subtemas)	RESULTADOS DE APRENDIZAJE (Por unidad)
CG2 Gestión del conocimiento CG4 Investigación BT2 Biodiversidad y Ambiente BT4 Biología molecular	1. Bioinformática: Conceptos fundamentales. 1.1 Definición. 1.2 Historia de la bioinformática. 1.3 Manejo básico de computadoras.	Identifica los usos de la Bioinformática
	2. Bases de Datos. 2.1 Bases de datos nucleotídicos. 2.2 Bases de datos aminoacídicos. 2.3 Bases de datos específicos.	Selecciona y relaciona la forma de obtener información a través de la internet
	3. Programas computacionales. 3.1 Bases de programas computacionales. 3.2 Obtención de programas computacionales. 3.3 Adaptación de programas computacionales.	Evalúa, Selecciona y Transforma los programas computacionales de acuerdo a sus necesidades y herramientas disponibles
	4. Secuencias de Ácidos Nucleicos. 4.1 Obtención de secuencias nucleotídicas. 4.2 Selección de secuencias nucleotídicas. 4.3 Análisis de secuencias nucleotídicas.	Selecciona los datos nucleotídicos de acuerdo a sus necesidades y herramientas disponibles
	5. Secuencias de Aminoácidos 5.1 Obtención de secuencias aminoácidos. 5.2 Selección de secuencias aminoácidos. 5.3 Análisis de secuencias aminoácidos.	Evalúa los datos aminoacídicos de acuerdo a sus necesidades y herramientas disponibles
	6. Comparación de secuencias (Alineamiento). 6.1 Teoría biológica. 6.2 Tipos de alineamiento. 6.3 Secuencias y alineamientos. 6.4 Alineamientos para filogenia	Identifica el tipo de alineamiento acorde a un planteamiento biológico.

	7. Bioinformática y Biología 7.1 Bioinformática y técnicas moleculares. 7.2 Bioinformática y comunidades. 7.3 Bioinformática y datos numéricos. 7.4 Bioinformática y datos de presencia /ausencia.	Analiza y propone herramientas computacionales de acuerdo a problemas biológicos.
	8. Proteínas. 8.1 Motivos, Dominios e Identidades. 8.2 Propiedades fisicoquímicas. 8.3 Propiedades biológicas.	Identifica características de proteínas de acuerdo a los datos que pudiera obtener previamente de ellas
	9. Análisis de genomas completos 9.1 Genómica. 9.2 Proteómica. 9.3 Transcriptómica. 9.4 Metabólica.	Explica qué tipos de análisis podría realizar con las secuencias completas de uno o varios organismos
	10. Filogenias Moleculares. 10.1 Teoría Biológica. 10.2 Taxonomía numérica. 10.3 Cladismo 10.4 Máxima Verosimilitud 10.5 Teorema de Bayes	Propone relaciones biológicas o no mediante herramientas computacionales.

OBJETO DE APRENDIZAJE	METODOLOGIA (Estrategias, secuencias, recursos didácticos)	EVIDENCIAS DE APRENDIZAJE
Bioinformática: Conceptos fundamentales. Bases de Datos. Programas computacionales. Secuencias de Ácidos Nucleicos. Secuencias de Aminoácidos Comparación de secuencias (Alineamiento). Bioinformática y Biología Proteínas. Análisis de genomas completos Filogenias Moleculares.	Clase Magistral exponiendo los temas del curso por parte del profesor. Resolución de ejercicios en clase. Uso de software especializado para el análisis bioinformático	Examen escrito de los diferentes temas Exposición sobre artículos científicos relacionados con el tema de la materia Trabajo en equipo de desarrollo de temas del curso, incluyendo resolución de ejercicios.

FUENTES DE INFORMACIÓN (Bibliografía/Lecturas)	EVALUACION DE LOS APRENDIZAJES (Criterios y Evidencias integradoras del desempeño)
Aluru, Srinivas, ed. 2006 Handbook of Computational Molecular Biology. Chapman & Hall/CRC Baxevanis, A.D. and Ouellette, B.F.F., eds., 2005. Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins, third edition. Wiley. Claverie, J. M. and C. Notredame, 2003. Bioinformatics for dummies. Wiley. Durbin, R., S. Eddy, A. Krogh and G. Mitchison, 1998. Biological sequence analysis. Cambridge University Press. Felsestein J., 2003. Inferring phylogenies, second edition. Sinauer associates. Graur, D. and Li, W.H. 2000. Fundamentals of Molecular Evolution, second edition. Sinauer associates. Lemey, P., Salemi, M., and Vandamme A.M., eds. 2009. The Phylogenetic handbook: A practical Approach to phylogenetic analysis and hypothesis testing, second	Tareas Individuales y/o grupales después de un tema. Seminarios optativos de temas finales del programa Trabajo final Individual con datos reales propuestos por el alumno o el docente indicara el grado de manejo de la materia

edition. Cambridge University Press. http://bioinformatics.oxfordjournals.org/ http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ http://www.ebi.ac.uk/ http://www.ddbj.nig.ac.jp/ http://nar.oxfordjournals.org/ http://www.inab.org/ http://bioinformatics.org/	
Elaboración: Dr. Francisco Javier Díaz de la Serna	Noviembre de 2015