



**UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE
CHIHUAHUA**
Clave: 08MSU0017H

FACULTAD DE ZOOTECNIA Y ECOLOGÍA
CLAVE: 08USU0637Y

PROGRAMA DEL CURSO:

BIOINFORMÁTICA II

DES:	AGROPECUARIA
Programa(s) Educativo(s):	DOCTORADO
Tipo de materia:	ESTADÍSTICA
Clave de la materia:	EE-608
Semestre:	
Área en plan de estudios:	REPRODUCCIÓN Y GENÉTICA
Créditos	8
Total de horas por semana:	4
Total de horas semestre:	64
Fecha de actualización:	FEBRERO DE 2013
Frecuencia con que ese ofrece:	BASE A DEMANDA
Materia requisito:	BIOINFORMÁTICA I

Descripción:

Dado el avance y evolución en las metodologías y equipos de secuenciación ha permitido secuenciar el genoma de gran cantidad de individuos en especies de interés zootécnico, generando una demanda de procedimientos estadísticos y capacidades de cómputo para el análisis de la gran cantidad de información biológica generada. En el presente curso, la parte relacionada a la capacidad de cómputo se aborda a través de plataformas web con programas de cómputo especializados que permiten analizar y comparar los genomas en todo su contexto. Con relación a los procedimientos estadísticos se utilizan y contrastan metodologías de minería de datos y redes neuronales, incorporando el programa para análisis estadístico R. Se abordan aplicaciones bioinformáticas en cuatro vertientes: 1) análisis y comparación de genomas; 2) epigenética; 3) expresión génica con base en ARN; y, 4) meta genómica.

Propósito

General:

Desarrollar en el alumno los dominios relativos al conocimiento y aplicaciones de herramientas de bioinformática en el análisis de información biológica producto de las nuevas tecnologías de secuenciación masiva en especies de interés zootécnico, en el marco de las competencias de mejoramiento genético y biología de la reproducción.

Específicos:

- 1) Conocimiento y uso de herramientas estadísticas de uso en bioinformática para el análisis y comparación de genomas.
- 2) Conocimiento y uso de herramientas de cómputo especializado de uso en bioinformática para el análisis y comparación de genomas.

COMPETENCIAS (Tipo, nombre y componentes de la competencia)	CONTENIDOS (Unidades, Temas y Subtemas)	RESULTADOS DE APRENDIZAJE (Por Unidad)
<p>Genéricas:</p> <ul style="list-style-type: none"> Síntesis del conocimiento. Generación del conocimiento. <p>Especialidad:</p> <ul style="list-style-type: none"> Biología de la reproducción. Mejoramiento genético. 	<p>A. Análisis <i>In silico</i>.</p> <ol style="list-style-type: none"> Antecedentes y definición del análisis <i>In silico</i> Componentes y desarrollo de un análisis <i>In silico</i>. <p>B. Herramientas de cómputo para bioinformática.</p> <ol style="list-style-type: none"> Minería de datos. Software R. Lenguaje Perl. Redes neuronales artificiales <p>C. Evolución y avances en la secuenciación de genomas</p> <ol style="list-style-type: none"> Evolución y características de las metodologías de secuenciación. Software para ensamblado de ADN. Usos y aplicación del procedimiento BLAT 	<ul style="list-style-type: none"> Conoce los principios, fundamentos, desarrollos y aplicaciones de un análisis <i>In silico</i>. Conoce, analiza y compara los procedimientos de minería de datos y redes neuronales para el análisis de información biológica Conoce y utiliza las aplicaciones de los programas de cómputo R y Perls para el análisis de información biológica Conocimiento, comprensión y análisis de los avances y evolución de los equipos y procedimientos utilizados en la secuenciación de genomas
	<p>4. Análisis de genomas.</p> <ol style="list-style-type: none"> Tamaño, dimensión y contenido de información polimórfica Usos y aplicaciones de BioMart en la plataforma Web de Emsembl Usos y aplicaciones de Genome Browsers en la plataforma Web de UCSC Genome Bioinformatics Usos y aplicaciones de la plataforma Web GATK (The Genome Analysis ToolKilt). Usos y aplicaciones de la plataforma Web SAMtools (Sequence Alignment Map tools) 	<ul style="list-style-type: none"> Conoce, analiza y compara las herramientas de cómputo disponibles para el análisis y comparación de genomas en especies de interés zootécnico
	<p>5. Aplicaciones bioinformáticas para el estudio de la Epigenética</p>	<ul style="list-style-type: none"> Integra conocimientos para conocer, comprender, comparar y aplicar herramientas estadísticas y de cómputo en el análisis de información biológica en el ámbito de Epigenética

COMPETENCIAS (Tipo, nombre y componentes de la competencia)	CONTENIDOS (Unidades, Temas y Subtemas)	RESULTADOS DE APRENDIZAJE (Por Unidad)
	6. Aplicaciones bioinformáticas para el estudio de RNA y microRNA	<ul style="list-style-type: none"> Integra conocimientos para conocer, comprender, comparar y aplicar herramientas estadísticas y de cómputo en el análisis de información biológica a nivel de expresión genética a través del ARN
	7. Aplicaciones bioinformáticas para el análisis de meta genómica	<ul style="list-style-type: none"> Integra conocimientos para conocer, comprender, comparar y aplicar herramientas estadísticas y de computo en el análisis de información biológica a nivel de meta genómica

UNIDAD TEMÁTICA	METODOLOGÍA (estrategias, secuencias, recursos didácticos)	TIEMPO ESTIMADO (h)
A	Presentación del tema por el maestro, revisión del contexto y contenido de un análisis <i>In silico</i> . Por parte del alumno, debe plantear y desarrollar un análisis <i>In silico</i> relativo a su área de especialización	10
B	Presentación por el maestro de los principales comandos y aplicaciones del Software R; de igual modo, presentación de los análisis, metodologías y procedimientos en minera de datos, redes neuronales y lenguaje Perls. Por parte del alumno, desarrollo y presentación de un ejemplo de caso aplicado, así como ejercicios de los temas abordados	9
C	Presentación de los temas por el maestro sobre el desarrollo y evolución de las metodologías y equipos de secuenciación, así como de los procedimientos de análisis. El alumno desarrollará y presentará un ejemplo de caso aplicado	9
D	Presentación de los temas por el maestro sobre las plataformas web y metodologías disponibles para el análisis y comparación de genomas. Desarrollo de ejercicios teóricos y prácticos en genomas de interés zootécnico. El alumno desarrollará ejercicios y presentará un ejemplo de caso aplicado a su área de especialización	9
E	Presentación de los temas por el maestro y desarrollo de ejercicios teóricos y prácticos para el estudio de la Epigenética. El alumno desarrollará ejercicios y presentará un ejemplo de caso aplicado a su área de especialización	9
F	Presentación de los temas por el maestro y desarrollo de ejercicios teóricos y prácticos para el estudio de la expresión genética a nivel de ARN. El alumno desarrollará ejercicios y presentará un ejemplo de caso aplicado a su área de especialización	9

UNIDAD TEMÁTICA	METODOLOGÍA (estrategias, secuencias, recursos didácticos)	TIEMPO ESTIMADO (h)
G	Presentación de los temas por el maestro y desarrollo de ejercicios teóricos y prácticos relativos al análisis a nivel meta genómica. El alumno desarrollará ejercicios y presentará un ejemplo de caso aplicado a su área de especialización	9

EVIDENCIAS DE DESEMPEÑO	CRITERIOS DE DESEMPEÑO
<ol style="list-style-type: none"> 1) Resultados en los exámenes parciales 2) Desarrollo de los ejercicios teóricos y prácticos y presentación de un documento final que contenga todos los ejercicios realizados 3) Planteamiento y desarrollo de estudios de casos aplicados al área de interés en investigación 4) De manera individual y/o grupal, presentar un documento con formato de reporte técnico o de posible publicación, de un tema de revisión o de un estudio de caso abordado 	<ol style="list-style-type: none"> 1) Calificación promedio mínima de 8.0 (ocho punto cero) en los exámenes parciales 2) Capacidad del estudiante para analizar e implementar las herramientas de bioinformática en información biológica de especies de interés zootécnico 3) Capacidad del estudiante para implementar las herramientas de bioinformática en estudios de casos aplicados al área de interés en investigación 4) Capacidad de análisis y síntesis para el desarrollo y elaboración de ensayos técnico-científicos que sean coherentes y sustantivos

FUENTES DE INFORMACIÓN (Bibliografía/Lecturas por unidad)	EVALUACIÓN DE LOS APRENDIZAJES (Criterios e instrumentos)
<p>Azuaje, F. y J. Dopazo. 2005. Data analysis and visualization in genomics and proteomics. Edit Wiley.</p> <p>Bandyopadhyay, S., U. Maulik and J. T. Wang. 2007. Analysis of biological data, a soft computing approach. Edit World Scientific. 355 p.</p> <p>Chowdhary, B. 2003. Animal Genomics. Edit Karger. 370 p.</p> <p>Gómez Merino, F. C., H. V. Silva Rojas y P. Pérez Rodríguez. 2010. Bioinformática. Aplicaciones a la genómica y proteómica. Colegio de Posgraduados. 160 p.</p> <p>Khatib, Hasan. 2011. Livestock Epigenetics. Edit Wiley – Blackwell. 276 p.</p>	<ul style="list-style-type: none"> • La evaluación de los aprendizajes se basará en los productos generados por el estudiante y su presentación verbal y escrita • Se aplicarán tres exámenes ordinarios con un valor del 50% de la calificación final del curso • El estudiante desarrollará aproximadamente 25 ejercicios y 4 estudios de casos aplicados a su área de especialización durante el curso y tendrán un valor del 25% de la calificación final del curso • El estudiante desarrollará y presentará al final del curso un análisis <i>In silico</i> relacionado a su área de especialización, donde muestre sus habilidades para seleccionar y aplicar las técnicas tratadas en el curso. La evaluación de este trabajo tendrá un valor del 15% de la calificación final

FUENTES DE INFORMACIÓN (Bibliografía/Lecturas por unidad)	EVALUACIÓN DE LOS APRENDIZAJES (Criterios e instrumentos)
<p>Konopka, A. K. and M. J. C. Crabbe. Compact handbook of computational biology. Edit Marcel Dekker. 570 p.</p> <p>Mitra, S. and T. Acharya. 2003. Data Mining: multimedia, soft computing and bioinformatics. Edit Wiley – Interscience. 430 p.</p>	<ul style="list-style-type: none"> El reporte final como publicación y en colaboración con el grupo será considerado con un 10% de la calificación final

Cronograma del Avance Programático

S e m a n a s

Unidades de aprendizaje	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
A. Análisis <i>In silico</i> .	x	x	x													
B. Herramientas de cómputo para bioinformática.				x	x											
C. Evolución y avances en la secuenciación de genomas.						x	x									
D. Aplicaciones de bioinformática en genómica.								x	x							
E. Aplicaciones bioinformáticas para el estudio de la Epigenética.										x	x					
F. Aplicaciones bioinformáticas para el estudio de RNA y microRNA.												x	x			
G. Aplicaciones bioinformáticas para el análisis de meta genómica.														x	x	x