

IDENTIFICACIÓN DE LA UNIDAD DE APRENDIZAJE

Unidad académica: Centro de Investigación en Dinámica Celular (CIDC) Instituto de Investigación en Ciencias Básicas y Aplicadas (IICBA)							
Plan de estudios: Licenciatura en Ciencias Área Terminal en Bioquímica y Biología Molecular							
Unidad de aprendizaje: Bioinformática				Ciclo de formación: Profesional Eje general de formación: Teórico-técnica Área de conocimiento: Físico Matemáticas Semestre: 6			
Elaborada por: Dr. Armando Hernández Mendoza Dra. Sonia Dávila Ramos				Fecha de elaboración: enero 2021			
Clave:	Horas teóricas	Horas prácticas	Horas totales	Créditos	Tipo de unidad de aprendizaje	Carácter de la unidad de aprendizaje:	Modalidad
BF36CP04 0109	4	1	5	9	Obligatoria	Teórico-práctica	Escolarizada
Plan (es) de estudio en los que se imparte: Licenciatura en Ciencias Área Terminal Bioquímica y Biología Molecular							

ESTRUCTURA DE LA UNIDAD DE APRENDIZAJE

Presentación: Esta unidad de aprendizaje provee al estudiantado la capacidad de explorar y establecer áreas de interdisciplina que le permitan usar, ajustar y diseñar métodos computacionales para la resolución de problemas en biología estructural, evolutiva y funcional. Se promueve la valoración de estrategias bioinformáticas como enfoques auxiliares, complementarios o imprescindibles, sus requerimientos y alcances.
Propósito: Comprenda las bases y el uso de las principales herramientas bioinformáticas existentes que le permita discernir entre ellas y pueda utilizarlas en la resolución de problemas biológicos con eficacia y comprensión de los resultados obtenidos, con una actitud responsable y ética.
Competencias que contribuyen al perfil de egreso.
Competencias genéricas:
<ul style="list-style-type: none">● CG2 Capacidad del pensamiento crítico y reflexivo.● CG5 Capacidad de aprender y actualizarse permanentemente.● CG10 Habilidades en el uso de la tecnología de la información y de la comunicación.
Competencias específicas:

- CE11 Utiliza herramientas bioinformáticas mediante ejercicios teóricos y adaptación de programas computacionales para analizar, interpretar y resolver problemas biológicos contribuyendo a la generación y aplicación del conocimiento, con un enfoque transdisciplinar y de colaboración ética.
- CE12 Aplica bases teóricas adquiridas mediante el estudio de la literatura científica especializada para la ejecución de proyectos de investigación encaminados a generar conocimientos en el área de la bioquímica, biología molecular y celular, así como en áreas de aplicación del conocimiento, con carácter colaborativo y transdisciplinar.
- CE14 Comprende conceptos computacionales y biológicos básicos mediante la lectura y su actualización teórica para manejar y analizar la información proveniente de bases de datos de manera científica y socialmente responsable.

CONTENIDOS

Bloques:	Temas:
1 Introducción.	1.1 Introducción a la bioinformática. 1.2 Las bases de datos. 1.3 Índices de recursos en línea. PubMed/NCBI; EBI/EMBL 1.4 Secuencias de nucleótidos: EMBL y Genbank. 1.5 Secuencias de aminoácidos: SWISSPROT. 1.6 Estructuras de proteínas: PDB.
2. Alineamientos.	2.1 Alineamientos de secuencias. 2.2 Las matrices de calificación: BLOSUM, PAM, y matrices basadas en clasificaciones de aminoácidos. 2.3 Alineamientos múltiples. 2.4 Alineamiento locales y globales. Alineamiento progresivo. 2.5 Análisis de alineamientos múltiples. 2.6 Inferencia de filogenias.
3. Análisis filogenéticos.	3.1 Modelos evolutivos. 3.2 Métodos de distancia. 3.3 Parsimonia. 3.4 Máxima Verosimilitud. 3.5 Reconstrucción de ancestros.
4. Predicción de genes.	4.1 Categorías de programas de predicción.

	4.2 Predicción genética en procariontes. 4.3 Predicción genética en eucariontes.
5. Predicción de promotores y regiones reguladoras.	5.1 Algoritmos de predicción. 5.2 Herramientas de predicción en procariontes. 5.3 Herramientas de predicción en eucariontes. 5.4 Señales de puntuación transcripcional y traduccional. 5.5 Predicción de estructura de ARNs. 5.6 Búsqueda de motivos y dominios en proteínas y ácidos nucleicos.
6. Estructura de proteínas.	6.1 Propiedades fisicoquímicas de los aminoácidos Estructura secundaria y predicción. 6.2 Métodos de predicción de estructura terciaria. 6.3 Introducción al modelado por homología. 6.4 Modelado automático de estructura terciaria. 6.5 Visualización y comparación de estructura de proteínas.
7. Introducción a la Genómica Estructural y Comparativa.	7.1 Tecnologías de Secuenciación Masiva de DNA y RNA. 7.2 Ensamble de genomas. 7.3 Anotación automática de Genomas. 7.4 Comparación de Genomas.

ESTRATEGIAS DE ENSEÑANZA - APRENDIZAJE

Estrategias de aprendizaje sugeridas (Marque X)			
Aprendizaje basado en problemas	(X)	Nemotecnia	()
Estudios de caso	(X)	Análisis de textos	()
Trabajo colaborativo	(X)	Seminarios	()
Plenaria	()	Debate	()
Ensayo	()	Taller	()
Mapas conceptuales	()	Ponencia científica	()
Diseño de proyectos	(X)	Elaboración de síntesis	(X)
Mapa mental	(X)	Monografía	()
Práctica reflexiva	(X)	Reporte de lectura	()

Trípticos	()	Exposición oral	(X)
Otros			
Estrategias de enseñanza sugeridas (Marque X)			
Presentación oral (conferencia o exposición) por parte del docente	(X)	Experimentación (prácticas)	(X)
Debate o Panel	()	Trabajos de investigación documental	(X)
Lectura comentada	()	Anteproyectos de investigación	()
Seminario de investigación	()	Discusión guiada	(X)
Estudio de Casos	(X)	Organizadores gráficos (Diagramas, etc.)	(X)
Foro	()	Actividad focal	()
Demostraciones	()	Analogías	()
Ejercicios prácticos (series de problemas)	(X)	Método de proyectos	(X)
Interacción con la realidad (a través de videos, fotografías, dibujos y software especialmente diseñado).	(X)	Actividades generadoras de información previa	(X)
Organizadores previos	()	Exploración de la web	(X)
Archivo	()	Portafolio de evidencias	()
Ambiente virtual (foros, chat, correos, ligas a otros sitios web, otros)	(X)	Enunciado de objetivo o intenciones	()
Otra, especifique (lluvia de ideas, mesa redonda, textos programados, cine, teatro, juego de roles, experiencia estructurada, diario reflexivo, entre otras):			

CRITERIOS DE EVALUACIÓN

Criterios	Porcentaje
Exámenes parciales	50%
Participación en clase con ejercicios	25%
Evaluación de actividades en línea	25 %
Total	100%

PERFIL DEL PROFESORADO

Maestría o doctorado en Biología, Matemáticas o áreas afines Uso de herramientas bioinformáticas actualizadas
--

REFERENCIAS

Básicas:

Bernhard Haubold B., Börsch-Haubold A.

Bioinformatics for Evolutionary Biologists. A Problems Approach. Springer,. 2018

Paul M. Selzer, Richard J. Marhöfer, Oliver Koch

Applied Bioinformatics. An Introduction. Springer 2nd Ed. 2018

Pevsner, J.

Bioinformatics and functional genomics, 4th Edition Ed. Wiley-Blackwell, 2020

Complementarias:

Manuales y páginas con acceso en línea de los programas utilizados durante el curso

Páginas en línea:

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

<https://www.ebi.ac.uk/>

<https://usegalaxy.org/>

<https://cytoscape.org/>

<https://www.metaboanalyst.ca/MetaboAnalyst/>

Gil, S.I., y Zárate de Lara, P. 1984. Métodos estadísticos un enfoque interdisciplinario.: Ed. Trillas, México