



POSGRADOS

I. DATOS GENERALES DE LA ASIGNATURA

Programa Educativo		Modalidad		Duración del periodo lectivo		
Maestría y Doctorado en Ciencias en Innovación Biotecnológica		Escolarizada		Semestre		
Clave	Nombre de la Asignatura			Fecha de Elaboración	Fecha de Aprobación	Fecha de Revisión
BS11	Bioinformática			1/08/2013	16/10/2013	02/09/2021
Distribución de horas formativas						
Horas de trabajo				Total de Créditos		8
Horas Teóricas	Horas Prácticas	Trabajo independiente	Asesoría	Asignatura precedente:	Ninguna	
48	32	10	0			

II. ESTRUCTURA BÁSICA DEL PROGRAMA

OBJETIVO (S)
El o la estudiante obtendrá un conjunto de conocimientos sobre fundamentos básicos en bioinformática para que adquiera la capacidad de utilizar diversas herramientas para análisis de datos de secuencias génicas y de proteínas.
CONTENIDO TEMÁTICO
UNIDAD 1. INTRODUCCIÓN A LAS BASES DE DATOS BIOLÓGICAS. <ol style="list-style-type: none"> 1.1 Descripción de formatos de secuencias. 1.2 Obtención de datos a partir de bases de datos primarias. 1.3 Edición y editores de secuencias. 1.4 Diferentes tipos de formatos de datos de datos moleculares y convertidores de formatos. 1.5 Bases de datos especializadas.

UNIDAD 2. ALINEAMIENTO DE PARES DE SECUENCIAS.

- 2.1 Introducción al alineamiento de secuencias.
- 2.2 Alineamiento de pares de secuencias.
- 2.3 Gráficas de matriz de puntos.
- 2.4 Alineamientos globales y locales.
- 2.5 Alineamiento de genomas.
- 2.6 Alineamiento de pares de secuencias por métodos bayesianos.
- 2.7 Puntuación y valores de expectación de alineamientos.
- 2.8 Criterios para la elección del algoritmo de alineamiento.

UNIDAD 3. BÚSQUEDA DE SIMILITUDES DE SECUENCIAS EN BASES DE DATOS.

- 3.1 Introducción a la búsqueda de similitudes en bases de datos.
- 3.2 Búsqueda de similitudes en bases de datos con fasta y blast.
- 3.3 Interpretación de los resultados de búsquedas en bases de datos.

UNIDAD 4. ALINEAMIENTO MÚLTIPLE DE SECUENCIAS.

- 4.1 Introducción al alineamiento múltiple de secuencias.
- 4.2 Clasificación de las técnicas para la producción de alineamientos múltiples.
- 4.3 Métodos reiterativos para el alineamiento múltiple.
- 4.4 Métodos estadísticos para el alineamiento múltiple de secuencias.
- 4.5 Editores de alineamientos.
- 4.6 Técnicas para evaluar la calidad de alineamientos múltiples.

UNIDAD 5. ANÁLISIS FILOGENÉTICO DE DATOS MOLECULARES.

- 5.1 Introducción y conceptos generales del análisis filogenético.
- 5.2 Relación entre el alineamiento múltiple y el análisis filogenético.
- 5.3 Árboles filogenéticos, modelos evolutivos.
- 5.4 Métodos filogenéticos basados en la medición de distancias.
- 5.5 Modelos para inferir la distancia evolutiva entre secuencias.
- 5.6 Reconstrucción filogenética basadas en máxima parsimonia. Concepto de homoplacia.
- 5.7 Reconstrucción filogenética basada en la máxima probabilidad o máxima verosimilitud.
- 5.8 Métodos para seleccionar el modelo evolutivo más apropiado.

UNIDAD 6. PREDICCIÓN DE ESTRUCTURA DE ÁCIDOS NUCLEICOS.

- 6.1 Principios de la predicción de estructura secundaria de ácidos nucleicos.
- 6.2 Componentes estructurales del RNA y el DNA.
- 6.3 Modelo del vecino más cercano.
- 6.4 Predicciones a partir de alineamientos.

6.5 Diseño de iniciadores para PCR

UNIDAD 7. PREDICCIÓN DE LA ESTRUCTURA DE PROTEÍNAS.

- 7.1 Introducción a la predicción de la estructura de proteínas.
- 7.2 Bases de datos de clasificación de estructuras.
- 7.3 Introducción a los métodos de predicción de estructura de proteínas. Métodos 1d, 2d y 3d.
- 7.4 Métodos para la predicción de estructura secundaria de proteínas.
- 7.5 Predicción de la estructura 3d modelación por homología.
- 7.6 Predicción 3d por la técnica de enrollamiento (threading).
- 7.7 Predicciones ab-initio de la estructura 3d. Métodos de la rosetta y robetta.
- 7.8 Métodos para la confiabilidad de las predicciones de estructura de proteínas.

UNIDAD 8. INTRODUCCIÓN AL ESTUDIO DEL MODELAJE DE INTERACCIÓN ENTRE MOLÉCULAS (DOCKING)

- 8.1 Introducción a la simulación de interacción entre macromoléculas y ligandos
- 8.2 Herramientas para el estudio de simulación de interacción
- 8.3 Estrategias para estimar la afinidad entre moléculas.

UNIDAD 9. ESTRATEGIAS BIOINFORMÁTICAS PARA EL ENSAMBLAJE DE GENOMAS

- 9.1. Herramientas de secuenciación
- 9.2. Bases y principios del ensamblaje
- 9.3. Estrategias de ensamblajes

UNIDAD 10. ANÁLISIS DE SECUENCIAS CODIFICANTES Y BÚSQUEDA DE GENES.

- 10.1 Introducción a la predicción de genes.
- 10.2 Comparación de la estructura de genes procarióticos y eucarióticos.
- 10.3 Identificación de marcos de lectura abierta.
- 10.4 Regiones de control.
- 10.5 Descripción de los métodos empleados para la predicción de genes en organismos procarióticos.
- 10.6 Búsqueda de promotores y otras regiones de control.

UNIDAD 11. DISEÑO DE EXPERIMENTOS EN BIOLOGÍA MOLECULAR E INTRODUCCIÓN AL ANÁLISIS CON MICROARREGLOS.

- 11.1 Diseño de iniciadores para PCR y sondas.
- 11.2 Análisis con enzimas de restricción.
- 11.3 Introducción al análisis de expresión diferencial mediante microarreglos de DNA.
- 11.4 Diseño de sondas para microarreglos.
- 11.5 Herramientas para la interpretación de resultados del análisis de expresión con microarreglos.
- 11.6 Aplicaciones de la bioinformática en la biología sintética

III.EVALUACIÓN Y ACREDITACIÓN

MÉTODOS DE EVALUACIÓN	Exámenes, Presentación de desarrollo de proyecto donde aplique los conocimientos adquiridos durante el curso. Tareas.
EVIDENCIAS DE APRENDIZAJE	Aprobación de exámenes, aprobación del proyecto final.
CRITERIOS DE ACREDITACIÓN	Mínimo 80% de asistencia. Calificación aprobatoria mínima 8 en escala de 0 – 10.

IV.BIBLIOGRAFÍA Y RECURSOS INFORMÁTICOS

BIBLIOGRAFÍA
<p>01) Introducción a la Bioinformática. T. K. Attwood y D. J. Parry-Smith. Editorial Prentice Hall. 2002.</p> <p>02) Bioinformatics; Sequence and Genome Analysis. David W. Mount. Cold Spring Harbor Laboratory Press.</p> <p>03) Bioinformatics; A practical guide to the analysis of genes and proteins. Andreas D. Baxevanis and B. F. Francis Ouellete. Second edition.</p> <p>04) Essentials Bioinformatics. Jin Xiong. Cambridge University Press. 2006.</p> <p>05) Bioinformatics for Biologists. P. Pevzner y R. Shamir. Cambridge University Press. 2011.</p> <p>06) Molecular modeling and simulation. An interdisciplinary guide. T. Schlik. Second edition. Springer. 2010.</p> <p>07) Microarray bioinformatics. D. Stekel. Cambridge University Press. 2003.</p> <p>08) Bioinformatics for dummies. For Dummies Series J. M. Claverie y C. Notredame. Wiley Publishing. 2003.</p> <p>09) Practical protein bioinformatics. F. Pazos, y M. Chagoyen. Springer. 2014.</p> <p>10) From protein structure to function with bioinformatics. J. Rigden. Springer. 2017.</p> <p>11) Synthetic Biology: Omics Tools and Their Applications. S. Singh. Springer. 2018.</p> <p>12) Docking Screens for Drug Discovery W. F. de Azevedo. Humana Press. 2019.</p> <p>13) Synthetic Gene Circuits. F. Menolascina. Springer. 2021.</p> <p>14) DNA Cloning and Assembly. S. Chandran y K. W. George. Springer. 2020.</p> <p>15) Next Generation Sequencing and Data Analysis. M. Kappelman-Fenzl. Springer Nature. 2021</p>

V.PERFIL DEL FACILITADOR O FACILITADORA

Maestría o Doctorado y/o Experiencia Académica y en Investigación en Bioinformática.
--

