



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO

FACULTAD DE QUÍMICA



1 de 6

PROGRAMA INTRODUCCIÓN AL ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO								
Clave	Créditos	Semestre	Ciclo					
0057	6	8°-9°	Terminal y de especialización					
Modalidad de la Asignatura	Curso	<input checked="" type="checkbox"/>	Área/Bloque	Departamento				
	Taller	<input type="checkbox"/>		Bioquímica-Microbiológica	BIOQUÍMICA			
	Laboratorio	<input type="checkbox"/>						
	Seminario/Estancia	<input type="checkbox"/>						
Tipo de Asignatura	Teórica	<input checked="" type="checkbox"/>	Experimental	<input type="checkbox"/>	Práctica/Problemas	<input checked="" type="checkbox"/>	Teórico/Práctica	<input type="checkbox"/>
Carácter de la Asignatura	Obligatoria	<input type="checkbox"/>	Horas/semana		Teóricas 2/Problemas 2			
	Optativa	<input checked="" type="checkbox"/>	Horas Totales		Semestre 64			

Seriación Precedente	Ninguna	<input checked="" type="checkbox"/>	Seriación Subsecuente	Ninguna	<input checked="" type="checkbox"/>
Asignatura(s)	Obligatoria	Indicativa	Asignatura(s)	Obligatoria	Indicativa
	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>		<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>		<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>		<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>

Observaciones:

Objetivo General: Identificar, seleccionar y aplicar los fundamentos básicos de la bioinformática en el análisis de moléculas biológicas.

Objetivos Específicos:

- Identificar algunas herramientas bioinformáticas de libre acceso utilizadas en el análisis de biomoléculas.
- Utilizar herramientas bioinformáticas para el análisis de secuencias de nucleótidos (consulta de bases de datos, alineación de secuencias, predicción de secuencias promotoras, análisis filogenéticos, diseño de oligonucleótidos para PCR, etc.).
- Utilizar herramientas bioinformáticas para el análisis de secuencias de aminoácidos (consulta de bases de datos, alineación de secuencias, predicción de motivos conservados, de hidrofobicidad, modificaciones postraduccionales, construcción de árboles filogenéticos, etc.).

ÍNDICE TEMÁTICO			
No.	Temas	Horas / semestre	
		Teóricas	Prácticas
1	Introducción a la bioinformática	4	0



ÍNDICE TEMÁTICO

No.	Temas	Horas / semestre	
		Teóricas	Prácticas
2	Alineamiento de secuencias	2	2
3	Análisis de secuencias nucleotídicas	14	14
4	Análisis de proteínas	12	12
5	Análisis de genomas completos y metagenomas y sus aplicaciones prácticas	0	4
	TOTAL	32	32

CONTENIDO TEMÁTICO

Temas y Subtemas

1. INTRODUCCIÓN A LA BIOINFORMÁTICA

- 1.1. La informática aplicada en la bioquímica y la biotecnología.
- 1.2. Secuenciación de macromoléculas: ADN y proteínas.
- 1.3. Algoritmos y plataformas para anotaciones de genes y genomas (RAST, PGAP)
- 1.4. Bases de datos biológicas.
 - 1.4.1. Motores de búsqueda para análisis bioinformático.
 - 1.4.2. Características y formatos de los archivos fasta, pdb, etc.
 - 1.4.3. Búsqueda de secuencias de ácidos nucleicos y de proteínas (ExPASy, NCBI, EMBL)

2. ALINEAMIENTO DE SECUENCIAS

- 2.1. Similitud, homología e identidad.
- 2.2. Alineamiento entre pares de secuencias.
 - 2.2.1. Elaboración de matrices.
 - 2.2.2. Interpretación estadística y biológica.
 - 2.2.3. Uso de la herramienta BLAST
 - 2.2.3.1. Parámetros de búsqueda.
 - 2.2.3.2. Interpretación de valores E , identidad y cobertura.
- 2.3. Alineamiento de múltiples secuencias.
 - 2.3.1. Algoritmos (MUSCLE, Clustal W)
 - 2.3.2. Modelos ocultos de Markov.
 - 2.3.3. Relación entre los valores E e índice de probabilidad.
- 2.4. Elaboración e interpretación de árboles de agrupamiento (MEGA)
 - 2.4.1. Métodos de distancia (UPGMA, Neighbour Joining)
 - 2.4.2. Máxima verosimilitud
 - 2.4.3. Máxima parsimonia

3. ANÁLISIS DE SECUENCIAS NUCLEOTÍDICAS

- 3.1. Diseño de cebadores.
 - 3.1.1. Posibles cebadores para un ADN molde.
 - 3.1.2. Cálculo de Tm y porcentaje de CG.
 - 3.1.3. Predicción de estructuras secundarias.
 - 3.1.4. Diseño de sondas de hibridación para qPCR.
- 3.2. Clonación *in silico* de una secuencia problema
 - 3.2.1. Elección del vector



CONTENIDO TEMÁTICO

Temas y Subtemas

- 3.2.2. Patrones de digestión del vector de clonación, del inserto de ADN y del vector con el inserto.
- 3.3. Análisis de los electroferogramas resultantes del proceso de secuenciación.
 - 3.3.1. Predicción de los marcos de lectura abiertos de la secuencia.
- 3.4. Predicción de sitios de interacción ADN-proteína (sitios de unión de factores de transcripción y otras proteínas reguladoras).
- 4. ANÁLISIS DE PROTEÍNAS
 - 4.1. Motivos y dominios de proteínas. Uso de la herramientas y bases de datos HMMR, ProtParam, InterProScan, SignalP, PsortB, SwissProt / UniProt, CAZy y Pfam.
 - 4.2. Predicción de estructuras secundarias.
 - 4.3. Predicción de estructuras terciarias.
 - 4.3.1. Modelado *ab initio* (Rosetta, Folding, Zhang Lab).
 - 4.3.2. Modelado por homología (Phyre2, I-TASSER, SwissModel, QUARK).
 - 4.3.3. Modelado por enhebrado (MUSTER, SEGMENT)
 - 4.4. Validación de los modelos construidos (ProSA y PROCHECK)
 - 4.5. Visualizador molecular, fundamento, aplicaciones (PyMOL, UCSF Chimera)
 - 4.6. Ensayos *in silico* de purificación de proteínas.
 - 4.7. Cálculo de parámetros fisicoquímicos (peso molecular, punto isoeléctrico, coeficiente de extinción molar)
 - 4.8. Predicción de hidrofobicidad, modificaciones postraduccionales, regiones antigénicas, péptido señal.
- 5. ANÁLISIS DE GENOMAS COMPLETOS Y METAGENOMAS Y SUS APLICACIONES PRÁCTICAS
 - 5.1. Buscadores de genomas (Integrated Genome Viewer, EMBL- EBI, PATRIC)
 - 5.2. Sitios en línea de uso libre que juntan varias herramientas (PATRIC, Expasy, EMBL- EBI)
 - 5.3. Mapeo metabólico de genomas (KEGG, Biocyc)
 - 5.4. Comparaciones de proteomas (RAST)
 - 5.5. Detección de metabolitos secundarios (AntiSMASH, Prism, Bagel)



ESTRATEGIAS DIDÁCTICAS GENERALES

Exposición	<input checked="" type="checkbox"/>	Aprendizaje por Proyectos	<input checked="" type="checkbox"/>
Trabajo en Equipo	<input checked="" type="checkbox"/>	Aprendizaje Basado en Problemas	<input checked="" type="checkbox"/>
Lecturas	<input checked="" type="checkbox"/>	Aprendizaje Basado en Casos	<input type="checkbox"/>
Trabajo de Investigación	<input checked="" type="checkbox"/>	Juego de roles	<input type="checkbox"/>
Prácticas (Campo, Taller, Problemas, Laboratorio)	<input type="checkbox"/>	Seminarios, debates, panel de discusión	<input type="checkbox"/>
Simulaciones	<input checked="" type="checkbox"/>	Visitas Industriales	<input type="checkbox"/>

Otras (especificar):

ESTRATEGIAS DIDÁCTICAS TECNOLÓGICAS

Uso de software especializado	<input checked="" type="checkbox"/>	Foros electrónicos	<input type="checkbox"/>
Mapas mentales o conceptuales	<input checked="" type="checkbox"/>	Aulas virtuales	<input checked="" type="checkbox"/>
Eventos virtuales vía <i>Streaming</i>	<input type="checkbox"/>	WebQuest	<input type="checkbox"/>
Blogs	<input type="checkbox"/>	Uso de TICs	<input checked="" type="checkbox"/>
Infografías	<input type="checkbox"/>	Video tutoriales	<input type="checkbox"/>

Otras (especificar):

EVALUACIÓN DEL APRENDIZAJE

Exámenes Parciales	<input checked="" type="checkbox"/>	Rúbricas	<input type="checkbox"/>
Examen Departamental	<input type="checkbox"/>	Portafolio de Evidencias	<input type="checkbox"/>
Examen Final	<input checked="" type="checkbox"/>	Lista de Cotejo	<input type="checkbox"/>
Trabajos y Tareas	<input checked="" type="checkbox"/>	Proyecto	<input type="checkbox"/>
Presentación de Tema	<input type="checkbox"/>	Bitácora	<input type="checkbox"/>
Participación en Clase	<input checked="" type="checkbox"/>	Protocolo	<input type="checkbox"/>
Asistencia	<input checked="" type="checkbox"/>	Carteles	<input type="checkbox"/>

Otras (especificar):



PERFIL PROFESIOGRÁFICO

Título o Grado	Licenciado en Ciencias Genómicas; Maestro o Doctor en Ciencias Bioquímicas con experiencia en bioinformática.
Experiencia Docente (especificar tiempo y nivel requeridos)	En la enseñanza de bioinformática, con experiencia docente en licenciatura y/o posgrado.
Otra Característica	

BIBLIOGRAFÍA

Bibliografía Básica:

1. Baxevanis A.D. y Ouellette F. Bioinformatics: A practical guide to the analysis of genes and proteins. Andreas D. and Francis. Wiley-Interscience. 2004.
2. Capel J. Yuste F., Manual de prácticas de bioinformática, Editorial Universidad de Almería. 2016.
3. Chen C., Huang H., Wu C.H. Protein bioinformatics Databases and Resources. En: Wu C., Arighi C., Ross K. (eds) Protein bioinformatics. Methods in Molecular Biology, vol 1558. Humana Press, New York, NY. 2017.
4. Durbin R., Eddy S., Krogh A. y Mitchinson G. Biological sequence analysis: Probabilistic models of proteins and nucleic acids. Cambridge University Press. 1998.
5. Jin X. Essential Bioinformatics. Cambridge University Press. 2006.
6. Mount D.W. Bioinformatics: Sequence and genome analysis. Cold Spring Harbor Laboratory Press. 2004.
7. Pevsner J. Bioinformatics and functional genomics. Wiley-Blackwell. 2009.
8. Shiu Q.Y. Bioinformatics: A practical approach. Chapman and Hall/CRC Mathematical and Computational Biology Series. 2007.
9. Wong K., Computational biology and bioinformatics gene regulation, CRC Press. 2016.

Bibliografía Complementaria:

1. Lahoz-Beltrá R., Bioinformática: simulación, vida artificial e inteligencia artificial, Ediciones Díaz de Santos S.A., 2004
2. Wünschiers R., Computational biology, Springer, segunda edición, 2013.
3. Artículos diversos de revisión en revistas especializadas.
4. www.ncbi.nlm.nih.gov
5. www.ebi.ac.uk
6. www.ensembl.org



ATRIBUTOS QUE APORTA LA ASIGNATURA AL PERFIL DE EGRESO

- | | |
|---|---|
| <input checked="" type="checkbox"/> Capacidad para aplicar conocimiento y comprensión a la solución de problemas cualitativos y cuantitativos | <input checked="" type="checkbox"/> Conocimiento del inglés para leer, escribir o exponer documentos, así como comunicarse con otros especialistas |
| <input checked="" type="checkbox"/> Comprender conceptos, principios y teorías fundamentales y su aplicación a las tecnologías apropiadas | <input type="checkbox"/> Conocimiento, aplicación, asesoramiento sobre el marco normativo para la toma de decisiones y de gestión de proyectos |
| <input checked="" type="checkbox"/> Interpretar y evaluar datos derivados de observaciones y mediciones relacionándolos con la teoría | <input type="checkbox"/> Habilidad para la presentación de información técnico-científica ante diferentes audiencias tanto en forma oral como escrita |
| <input checked="" type="checkbox"/> Capacidad para reconocer y analizar problemas y planificar estrategias para su solución | <input checked="" type="checkbox"/> Aplicar la relación estructura-propiedades-comportamiento-procesamiento |
| <input type="checkbox"/> Habilidad para desarrollar, utilizar y aplicar técnicas analíticas | <input type="checkbox"/> Dominio de las buenas prácticas de laboratorio y de documentación |
| <input checked="" type="checkbox"/> Conocimiento y comprensión en profundidad de un área específica | <input type="checkbox"/> Conocimiento de las principales rutas sintéticas en Química |
| <input checked="" type="checkbox"/> Conocimiento de las diversas áreas de investigación y desarrollo | <input type="checkbox"/> Habilidad para aplicar los conocimientos en el desarrollo sostenible |
| <input type="checkbox"/> Habilidad para participar en equipos de trabajo inter y transdisciplinarios relacionados | <input checked="" type="checkbox"/> Conocimiento de otras disciplinas científicas que permitan la comprensión de la Química |
| <input checked="" type="checkbox"/> Habilidad en el uso de las técnicas modernas de la informática y comunicación aplicadas | <input type="checkbox"/> Desarrollar, diseñar, coordinar y gestionar proyectos |
| <input type="checkbox"/> Abstracción espacial y representación gráfica | <input type="checkbox"/> Emplear técnicas de control de calidad |
| <input checked="" type="checkbox"/> Modelar y simular sistemas y procesos | <input type="checkbox"/> Administrar los recursos materiales y equipos |
| <input type="checkbox"/> Dirigir y liderar recursos humanos | <input type="checkbox"/> Evaluar el impacto ambiental |