

CARTA DESCRIPTIVA (FORMATO MODELO EDUCATIVO UACJ VISIÓN 2020)

I. Identificadores de la asignatura

| | | | |
|----------------------|----------------------------------|-------------------|---------------------|
| Instituto: | Instituto de Ciencias Biomédicas | Modalidad: | Presencial |
| Departamento: | Ciencias Químico Biológicas | Créditos: | 8 |
| Materia: | Bioinformática | Carácter: | Optativa |
| Programa: | Biología | Tipo: | Teórico-practico |
| Clave: | BAS | | |
| Nivel: | Avanzado | | |
| Horas: | 80 totales | Teoría: 48 | Práctica: 32 |

II. Ubicación

| | | | |
|----------------------|---------|---------------|--|
| Antecedentes: | Ninguno | Clave: | |
| Consecuente: | Ninguno | | |

III. Antecedentes

Conocimientos: Se recomienda contar con bases sólidas en Biología Celular, Bioquímica, Microbiología, Genética. Conocimiento y manejo de computadora, así como leer y entender términos en inglés.

Habilidades: Creatividad, imaginación, habilidad en el trabajo de computadora, así como paciencia e Interés para la búsqueda de información científica a través de la red (web).

Actitudes y valores: Honestidad académica, critico, responsable, analítico, perseverante, participativo, con alto sentido de responsabilidad. Disponibilidad de trabajar en equipo y de manera ordenada.

IV. Propósitos Generales

Los propósitos fundamentales del curso son:

Formar alumnos con conocimientos en el manejo de técnicas y metodologías que son de gran utilidad para trabajar en el área de la Bioinformática. Adquiriendo habilidad en la solución de problemas biológicos mediante el uso de la computación,

V. Compromisos formativos

Conocimientos El alumno será capaz de adquirir los conocimientos básicos de la Bioinformática, la cual le permitirá aproximarse a la solución de problemas biológicos desde una perspectiva computacional.

Habilidades: El alumno estarán en capacidad de analizar y proponer soluciones computacionales a sus problemas biológicos; de igual manera estará en capacidad de entendimiento y desarrollo de destrezas en aspectos tales como: bases de datos biológicas, herramientas de análisis, algoritmos disponibles y nociones básicas de programación, así como de implementar, analizar y evaluar paquetes de software distinguidos.

Actitudes y valores: Actitud positiva al adquisición de nuevo conocimiento, respeto, honestidad, trabajo en equipo, autodeterminación, seguridad y confianza en la expresión oral y escrita, responsabilidad personal y grupal, actitud crítica para emitir juicios de valor en el campo científico.

VI. Condiciones de operación

Espacio: Aula centro de computo

Laboratorio
: Centro de computo

Población: 30

Material de uso frecuente:

1. Mesabancos, pizarrón, y proyector (cañon) computadora, mesas de trabajo
2. Pizarrón y marcadores.

Condiciones Se requiere de la

Mobiliario:

Mesas, sillas, pizarrón, marcadores para pizarrón, equipo de proyección (cañon) una computadora por estudiante

| | |
|--------------------|--|
| especiales: | <p>instalación de programas específicos, por o que las computadoras deben de tener permiso para instalar programas.</p> <p>Acceso a internet</p> |
|--------------------|--|

| VII. Contenidos y tiempos estimados | | |
|--|---|--|
| Temas | Contenidos | Actividades |
| 1 INTRODUCCIÓN | <ol style="list-style-type: none"> 1. Introducción 2. Que es la bioinformática 3. ¿Cómo y cuándo aparece? 4. Los usos de la bioinformática | Presentación, revisión del temario, forma de evaluar, formación de equipos de trabajo, lluvia de ideas, integración grupal por medio de actividad. |
| 2 ÁCIDOS NUCLEICOS | <ol style="list-style-type: none"> 1. Estructura y composición del DNA y del RNA 2. Estructura y composición de proteínas 3. Dogma central de la biología molecular 4. Código genético 5. Estructura de los genes (promotores, amplificadores, represores) 6. Marcos de lectura abiertos 7. Reacción en cadena de la polimerasa 8. Secuenciación: DNA y proteínas 9. Mapas físicos y genéticos EST, STS, etc | Exposición del tema, discusión de lectura. Realización de exposiciones y ensayos. |
| 3 BASE DE DATOS EN LA BIOINFORMATIC A | <ol style="list-style-type: none"> 1. Bases de datos biológicas. 2. Introducción a las BD en bioinformática (PDB, Uniprot, EMBL, Kegg) 3. Explorando el NCBI, Genbank, Pubmed, Taxonomy, Unigene. Expasy | Exposición del tema, discusión de lectura. Los alumnos realizaran discusión de artículos, que hablen sobre el tema relacionado y las aplicaciones, así como la realización de ejercicios prácticos |
| 4.- SECUENCIAS SIMPLES DE DNA | <ol style="list-style-type: none"> 1. Análisis de secuencia en busca de errores y contaminaciones 2. Diseño de primers y pruebas <i>in silico</i> 3. Análisis de la composición de la secuencia de DNA 4. Búsqueda de regiones codificantes 5. Ensamble de fragmentos de secuencias (contigs) | Exposición del tema, discusión de lectura. Los alumnos realizaran discusión de artículos, que hablen sobre el tema relacionado y las aplicaciones, así como la realización de ejercicios prácticos |

| | | |
|--|--|---|
| <p>5.- SECUENCIAS DE PROTEINAS</p> | <ol style="list-style-type: none"> 1. Bioquímica computacional de las proteínas. 2. Predicción y análisis de estructuras primarias. 3. Predicción de modificaciones post-traduccionales 4. Búsqueda de dominios | <p>Exposición del tema, discusión de lectura. Los alumnos realizaran discusión de artículos, que hablen sobre el tema relacionado y las aplicaciones, así como la realización de ejercicios prácticos</p> |
| <p>6.- BUSQUEDA DE SIMILARIDADES EN BASE DE DATOS</p> | <ol style="list-style-type: none"> 1. Introducción 2. Herramientas para la búsqueda de similitud de secuencias en la web 3. Búsquedas personalizadas de similitudes (controlando el BALST) 4. Evitando posibles errores en la realización de una búsqueda de similitud 5. Utilizando otras opciones de búsquedas. | <p>Exposición del tema, discusión de lectura. Los alumnos realizaran discusión de artículos, que hablen sobre el tema relacionado y las aplicaciones, así como la realización de ejercicios prácticos</p> |
| <p>7.- ALINEAMIENTO DE SECUENCIAS</p> | <ol style="list-style-type: none"> 1. Introducción al análisis de secuencia 2. Búsqueda de secuencias de DNA 3. Herramientas para alineamiento de secuencias: 4. Alineamiento entre dos secuencias de DNA 5. Alineamientos múltiples 6. Analizando secuencias de DNA 7. Clustal's | <p>Exposición del tema, discusión de lectura. Los alumnos realizaran discusión de artículos, que hablen sobre el tema relacionado y las aplicaciones, así como la realización de ejercicios prácticos</p> |
| <p>8.- PREDICCIÓN DE ESTRUCTURAS DE PROTEÍNAS 3D</p> | <ol style="list-style-type: none"> 1. Predicción de estructura secundaria 2. Predicción y modelaje de una proteína a 3D 3. Predicción de interacciones | <p>Exposición del tema, discusión de lectura. Los alumnos realizaran discusión de artículos, que hablen sobre el tema relacionado y las aplicaciones, así como la realización de ejercicios prácticos</p> |
| <p>9.- Construcción de Arboles Filogeneticos</p> | <ol style="list-style-type: none"> 1. Introducción 2. Preparación de datos y secuencias 3. Construyendo un árbol filogenético <i>in silico</i> 4. Analizando un árbol filogenético | <p>Exposición del tema, discusión de lectura. Los alumnos realizaran discusión de artículos, que hablen sobre el tema relacionado y las aplicaciones, así como la realización de ejercicios prácticos</p> |

VIII. Metodología y estrategias didácticas

Metodología Institucional:

a) Elaboración de ensayos, presentaciones, monografías e investigaciones (según el nivel) consultando fuentes bibliográficas, hemerográficas, y en línea.

b) Elaboración de reportes de lectura de artículos actuales y relevantes a la materia.

c) Asistencia al laboratorio, mostrar una actitud de investigación y documentación.

d) Elaboración de los ejercicios del laboratorio.

Estrategias del Modelo UACJ Visión 2020 recomendadas para el curso:

a) aproximación empírica a la realidad

b) búsqueda, organización y recuperación de información

c) comunicación horizontal

d) descubrimiento

e) ejecución-ejercitación

f) elección, decisión

g) evaluación

h) experimentación

i) extrapolación y transferencia

j) internalización

k) investigación

l) meta cognitivas

m) planeación, previsión y anticipación

n) problematización

o) proceso de pensamiento lógico y crítico

p) procesos de pensamiento creativo divergente y lateral

q) procesamiento, apropiación-construcción

r) significación generalización

s) trabajo colaborativo

IX. Criterios de evaluación y acreditación

a) Institucionales de acreditación:

Acreditación mínima de 80% de clases programadas

Entrega oportuna de trabajos

Pago de derechos

Calificación ordinaria mínima de 7.0

Permite examen de título: no

b) Evaluación del curso

Acreditación de los temas mediante los siguientes porcentajes:

| | |
|----------------------|-----|
| Exámenes (3) | 30% |
| Prácticas | 40% |
| Asistencia | 10% |
| Tareas | 10% |
| Actividades alternas | 10% |

1. Debate (4 aportaciones)
2. Lectura comentada (4 aportaciones)
3. Tareas (4 por mes)
4. Exposiciones

X. Bibliografía

AUGEN, J., and SAFARI TECH BOOKS ONLINE., 2004 *Bioinformatics in the post-genomic era genome, transcriptome, proteome, and information-based medicine*, pp. Addison Wesley Professional, Boston.

BROWN, S. M., 2000 *Bioinformatics : a biologist's guide to biocomputing and the internet*. Eaton Pub., New York.

CLAVERIE, J.-M., and C. NOTREDAME, 2003 *Bioinformatics for dummies*. Wiley Pub., New York.

LESK, A. M., 2005 *Introduction to bioinformatics*. Oxford University Press, Oxford ; New York.

MISENER, S., S. A. KRAWETZ and SPRINGERLINK (ONLINE SERVICE), 2000 *Bioinformatics methods and protocols*, pp. in *Methods in molecular biology v. 132*. Humana Press, Totowa, N.J

X. Perfil deseable del docente

A) Grado académico: Doctor o Maestro en Ciencias en Bioinformática o Biotecnología,

B) Área: biotecnología, bioingeniería, biología, biología molecular, genética molecular o bioquímica.

XI. Institucionalización

Responsable del Departamento: [Dr. Alejandro Martínez Martínez](#)

Coordinador/a del Programa: [Dr. Antonio de la Mora Covarrubias](#)

Fecha de elaboración: [Marzo de 2011](#)

Elaboró: [M. en C. Jorge Armando Aguilar Campos](#)

Fecha de rediseño:

Rediseño: