

UNIDAD	LERMA	DIVISION CIENCIAS BIOLÓGICAS Y DE LA SALUD	1/4
NOMBRE DEL PLAN LICENCIATURA EN BIOLOGÍA AMBIENTAL			
CLAVE	UNIDAD DE ENSEÑANZA-APRENDIZAJE		CRED. 6
5311078	TALLER DE BIOINFORMÁTICA		TIPO OPT
H. TEOR. 1.5	SERIACIÓN Autorización		TRIM.
H. PRAC. 3			V-XII

OBJETIVO (S):

Objetivo general:

Al final de la UEA el alumno será capaz de:

Interpretar los datos procedentes de un experimento genómico y metagenómico y planificara el análisis posterior del mismo por medio de herramientas bioinformáticas.

Objetivos parciales:

Al final de la UEA el alumno será capaz de:

1. Comprender los conceptos y antecedentes básicos de bioinformática.
2. Reconocer el uso de bases de datos en bioinformática.
3. Manejar los programas básicos para visualización, alineamiento y edición de secuencias nucleotídicas y/o aminoacídicas.
4. Construir filogenias a partir de secuencias nucleotidicas o aminoacídicas.
5. Realizar el proceso para depositar las secuencias de trabajo en bases de datos.

CONTENIDO SINTÉTICO:

UNIDAD I CONCEPTOS BÁSICOS

1. Conceptos y antecedentes básicos.

1.1. Introducción a la Informática.

1.2. Bases de datos y software básico para el manejo de secuencias nucleotídicas.

UNIDAD II BUSCADORES, SITIOS Y PROGRAMAS

1. Buscadores.

2. Google y Google Académico.

3. Sitios.

4. Sitios para descartar la presencia de secuencias quiméricas.

4.1 DECIPHER.

4.2 BELLEROPHON.

5. Exploración y acceso a las bases de datos:

5.1 NCBI

5.2 EMBL-EBI

6. Actividades.



NOMBRE DEL PLAN	LICENCIATURA EN BIOLOGÍA AMBIENTAL	2/4
CLAVE 5311078	TALLER DE BIOINFORMÁTICA	

6.1. Búsqueda y descarga de los siguientes programas.

6.1.1. ClustalX.

6.1.2. BioEdit (WINDOWS) 4 PEAKS (MAC-OS).

6.1.3. jModeltest2.

6.1.4. Protest.

6.1.4. MEGA6.

6.2. Instalación de los programas y verificación del funcionamiento.

UNIDAD III COMPARACIÓN DE SECUENCIAS

1. Comparación de secuencias.

2. Búsqueda en bases de datos, colección y formato de secuencias.

3. FASTA.

4. BLAST.

5. Alineamientos múltiples.

6. Análisis de secuencias nucleotídicas.

7. Análisis de secuencias nucleótídicas.

8. Sitios de restricción.

9. Frecuencia de uso de codones.

10. Traducción.

11. Secuencias reverso complementaria, reversa y complementaria.

12. Restricción (mapas y patrones).

13. Secuencia de RNA deducida.

14. Secuencia aminoacídica deducida.

UNIDAD IV INFERENCIA FILOGENÉTICA

1. Diseño de iniciadores.

2. Inferencia de Filogenias.

3. Deposito de secuencias en las bases de datos.

MODALIDADES DE CONDUCCIÓN DEL PROCESO LA UNIDAD DE ENSEÑANZA-APRENDIZAJE:

Al inicio del trimestre, el profesor presentará a los alumnos los objetivos, el programa y la bibliografía del curso.

-El profesor expomdrá los temas frente a grupo mediante la presentación de ejemplos y resolverá problemas y ejercicios para su comprensión, con la participación activa de los alumnos.

-Los alumnos participarán plantenado dudas e inquietudes sobre los temas teóricos; asimismo, resolverán problemas y ejercicios con la asesoría del profesor.

-Se recomienda la programación de rueniones periódicas entre losprofesores de los diversos grupos de esta UEA a lo largo del trimestre, con el fin de homogeneizar y mejorar el proceso de enseñanaza-aprendizaje, de forma tal que, decidan de manera colegiada las características de las evaluaciones.



NOMBRE DEL PLAN	LICENCIATURA EN BIOLOGÍA AMBIENTAL	3/4
CLAVE 5311078	TALLER DE BIOINFORMÁTICA	

MODALIDADES DE EVALUACIÓN:

Evaluación Global:

La evaluación se llevará a cabo a lo largo de todo el proceso de enseñanza aprendizaje, en la que se considerará el trabajo participativo de los alumnos en la discusión y asimilación de los temas correspondientes a las unidades, así como su desempeño en el desarrollo práctico. Los instrumentos de evaluación a utilizar pueden ser diversos y que incluyan herramientas de verificación (evaluaciones periódicas, resolución de problemas, presentaciones orales, elaboración de ensayos o reportes, otras tareas, etc.) que permitan tomar decisiones y ponderar el conocimiento y el desempeño de los alumnos durante su proceso formativo.

Evaluación de Recuperación:

La evaluación de recuperación se llevará a cabo de la siguiente forma: una evaluación global que verificará se cumplan los objetivos de la UEA, o una evaluación complementaria que tendrá por objetivo que el alumno demuestre el haber alcanzado aquellos objetivos de la unidad de enseñanza-aprendizaje, que no fueron cumplidos mediante evaluación global.

BIBLIOGRAFÍA NECESARIA O RECOMENDABLE:

1. Dan E. Krane, Michael L. Raymer. (2002). Fundamental Concepts of Bioinformatics. Pearson. USA
2. Des Higgins (Editor), Willie Taylor (Editor). (2000). Bioinformatics : Sequence, Structure, and Databanks : A Practical Approach. Oxford University Press. USA.
3. Felsenstein J. (2003): Inferring Phylogenies. Sinauer Associates. USA.
4. Jones N. C., Pevzner P. A. (2004): An introduction to bioinformatics algorithms. The MIT-Press. Cambridge. England.
5. Nei, M., Kumar, S. (2000): Molecular Evolution and Phylogenetics, Oxford University Press, USA.
6. Market Zvelebil. (2007). Understanding Bioinformatics. Garland Science. USA.



NOMBRE DEL PLAN LICENCIATURA EN BIOLOGÍA AMBIENTAL

4/4

CLAVE 5311078

TALLER DE BIOINFORMÁTICA

7. Pevzner P, Shamir R. (2011): **Bioinformatics for biologists**. Cambridge University Press, USA.

8. Rosselló-Mora R, Aman R (2001) **The species concept for prokaryotes**. FEMS Microbiol Rev 25:39-67

9. Salemi M. y Vandamme A.M. (Editores) (2003): **The Phylogenetic Handbook: A Practical Approach to DNA and Protein Phylogeny**. University Press. USA.

10. Zhumur Ghosh, Bibekanand Mallick. (2008). **Bioinformatics: Principles & Applications**. Oxford University Press.USA.

