



I. DATOS DEL PROGRAMA Y LA ASIGNATURA

NOMBRE DEL PROGRAMA	Maestría en Ciencias en el uso, manejo, y preservación de los recursos naturales		
NOMBRE DE LA ASIGNATURA	Métodos Computacionales en Bioinformática		
CLAVE	9310		

TIPO DE ASIGNATURA	OBLIGATORIA		OPTATIVA	X
--------------------	-------------	--	----------	---

TIPO DE ASIGNATURA	TEÓRICA		PRÁCTICA		TEÓRICA-PRÁCTICA	X
--------------------	---------	--	----------	--	------------------	---

NÚMERO DE HORAS	78 (48 T; 30 P)
NÚMERO DE CRÉDITOS	8
FECHA DE ÚLTIMA ACTUALIZACIÓN	Noviembre 2019

RESPONSABLE DE LA ASIGNATURA	Ricardo Vázquez Juárez
CO-RESPONSABLE DE LA ASIGNATURA	Cristina Escobedo Fregoso
PROFESORES PARTICIPANTES	Aarón Barraza Celis (Cátedras CONACYT) Cristina Escobedo Fregoso (Cátedras CONACYT) Liliana Carolina Rojo Arreola (Cátedras CONACYT) Fausto Valenzuela Quiñonez (Cátedras CONACYT) Crisalejandra Rivera Pérez (Cátedras CONACYT) Eduardo Quiróz Guzmán (Cátedras CONACYT) Ricardo Pérez Enríquez Ricardo Vázquez Juárez

II. DESCRIPCIÓN DEL CONTENIDO DEL PROGRAMA DEL CURSO O ASIGNATURA

A) OBJETIVOS

- I. Presentar los principios en los que se basan los métodos computacionales utilizados en bioinformática. El manejar estos conceptos permite al alumno hacer mejor selección y uso de los programas existentes, de la interpretación de los resultados, y asimismo le brinda la capacidad de entender futuras aplicaciones.
- II. Familiarizar al alumno con el uso de los programas computacionales, bases de datos, y recursos bioinformáticos disponibles.

B) DESCRIPCIÓN DEL CONTENIDO	
TEMAS Y SUBTEMAS (Responsable del módulo)	TIEMPO (Horas)
Tema I. INTRODUCCIÓN DA LA BIOINFORMÁTICA (RVJ)	7
I.1 Generalidades de genómica funcional	
I.2. Programas de BLAST	
I.3. Parámetros estadísticos de búsquedas	
I.4. Bases de datos	
Tema II. CLASIFICACIÓN DE PROTEÍNAS Y PREDICCIÓN DE ESTRUCTURA (LRA)	7
II.1. Bases de datos	
II.2. Herramientas de búsquedas y caracterización predictiva	
Tema III. MODELACIÓN DE PROTEÍNAS (CRP)	9
III.1. Bases de datos	
III.2. Programas de visualización y manipulación de estructuras	
III.3. Clasificación y comparación de estructuras	
III.4. Predicción de estructura por homología	
Tema IV. INTRODUCCIÓN A Linux (ABC)	8
IV.1 Comandos básicos	
IV.2. Administración de archivos	
IV.3. Flujos de trabajo (Pipelines)	
Tema V. ANÁLISIS DE GENOMAS (RVJ/CRP)	14
V.1. Genomas procariotas	(7)
V.1.1. El contexto genómico (cromosomas, plásmidos, fagos, elementos móviles)	
V.1.2. Ensambladores	
V.1.3. Anotación genómica	
V.1.4. Visualización	
V.2. Genomas eucariotas	(7)
V.2.1. Organización y estructura de genomas	
V.2.2. Determinación de <i>splicing</i>	
V.2.3. Genómica comparativa, sintenia	
V.2.4. Secuencias promotoras	
Tema VI. METAGENÓMICA (ABC)	9
VI.1. Aspectos generales metagenómica	
VI.2. Plataformas de análisis metagenómicos	

VI.3. Filtrado de calidad de secuencias, detección de quimeras, agrupación taxonómica	
VI.4. Generación de tablas de OTUS	
VI.5. Índices de biodiversidad (diversidad α y β)	
VI.6. Ordinación de datos	
Tema VII. PREDICCIÓN FILOGENÉTICA (FVQ)	9
VII.1. Métodos de predicción	
VII.2. Máxima Parsimonia	
VII.3. Distancias	
VII.4. Máxima Verosimilitud	
VII.5 Inferencia Bayesiana	
VII.6. Evaluación (análisis Bootstrap)	
Tema VIII. ANÁLISIS DE TRANSCRIPTOMA (CEF)	10
VIII.1. Limpieza de lecturas	
VIII.2. Ensamblaje	
VIII.3. Análisis de expresión diferencial	
VIII.4. Anotación	
Tema IX. Marcadores Moleculares (RPE)	7
IX.1. Uso de SNPs en genómica de poblaciones.	
IX.2. Bibliotecas para RAD-Seq	
IX.3. Filtrado de secuencias y llamado de SNPs	
IX.4. Estructura poblacional	

I. BIBLIOGRAFIA

Libros de texto:

Pevsner Jonathan. 2009. Bioinformatics and Functional Genomics, Second Edition. John Wiley & Sons, Inc.

Revistas:

Bioinformatics (Oxford England)
 BMC Bioinformatics
 Briefings in Bioinformatics
 BMC Genomics
 Marine Genomics

II. PROCEDIMIENTO O INSTRUMENTOS DE EVALUACIÓN

CRITERIOS DE EVALUACIÓN

La evaluación del curso se basará en los criterios de (a) exámenes (en línea o escritos), (b) participación en clase y (c) trabajos de investigación. El profesor de cada módulo definirá al principio del mismo, cuales serán sus criterios dentro de este marco y la ponderación le dará a cada uno.

1. Para poder acreditar el curso en su totalidad cada uno de los alumnos deberá acreditar con calificación mínima de 8 (ocho), cada una de las unidades. Calificaciones menores a 7.8 no son aprobatorias!! Y no promedian para la calificación final. Calificaciones con decimales de 0.8 y 0.9 se redondean al siguiente número superior. Calificaciones menores e iguales a 0.7 se redondean al siguiente número inferior.

2. Para poder acreditar el curso los alumnos deben cubrir más del 85% de asistencia de todo el curso, sin excepción. La asistencia mínima para cada una de las unidades deberá ser de 8 y 10 horas. Faltas por 2 horas en tres unidades son consideradas suficientes para no acreditar la asignatura.

3. A todos los alumnos se les solicita atentamente asistir puntualmente a clase y no tener sobrepuestas otras actividades en el mismo horario de la asignatura.

ACTIVIDADES DE APRENDIZAJE

El sistema de aprendizaje se basará en las clases teóricas apoyadas con material audiovisual, videos, mesas redondas, consultas a internet y practicas desarrolladas *in silico*.