

Programa de estudio

Datos generales de la Unidad de Aprendizaje

Identificación	
Nombre: Bioinformática	Etapas: Metodológica
Clave:	Tipo de curso: Optativo
Modalidad educativa: Presencial	Modalidad de enseñanza-aprendizaje: Curso-Taller-Seminario
Número de horas: 128 al semestre (3-3-3-0)	Créditos: 8
Secuencias anteriores: Colaterales: Ninguna Posteriores: Ninguna	Requisitos de admisión: Biología molecular, bioquímica, computación y matemáticas.
Fecha de elaboración: junio de 2018	Fecha de aprobación:

1. Justificación y fundamentos

En la última década ha sido evidente el crecimiento exponencial de la información contenida en diferentes tipos de bases de datos en el mundo. Es por ello que se hace imprescindible el uso de herramientas computacionales y bioinformáticas que nos permitan la obtención, caracterización, análisis e interpretación de dicha información en las Ciencias biológicas. Los estudiantes del Doctorado en Sostenibilidad de los Recursos Agropecuarios, deben conocer las principales bases de datos y lenguajes de programación usados en bioinformática, así como poder identificar motivos, consensos y dominios en las secuencias nucleotídicas y peptídicas, que le permitirán establecer relaciones evolutivas a diferentes niveles de organización de los agroecosistemas. La bioinformática también es utilizada para el análisis de genomas de plantas y animales por lo que ha permitido caracterizar los recursos fitogenéticos y el desarrollo de estrategias para la reproducción y nutrición animal.

2. Objetivo general

Que el alumno desarrolle competencias necesarias para el manejo básico de lenguaje de programación y bases de datos, además de que sea capaz de manipular las diferentes herramientas bioinformáticas para el análisis de secuencias nucleotídicas y peptídicas que le permitan comprender las interacciones y evolución de los organismos en los ecosistemas.

Objetivos particulares

- Que sea capaz de encontrar información de los sistemas biológicos en las bases de datos internacionales
- Que aprenda a programar comandos básicos del sistema Unix y pueda aplicarlos para el entendimiento de algoritmos matemáticos
- Que sea capaz de realizar alineamientos múltiples de secuencias para la búsqueda de motivos y dominios en biomoléculas
- Que sea capaz de establecer relaciones evolutivas entre diferentes organismos utilizando modelos de reconstrucción filogenética
- Que sea capaz de realizar análisis *in silico* para la clonación molecular y el diseño de biosensores ambientales
- Que conozca las diferentes plataformas de secuenciación masiva para el análisis de genomas, transcriptomas y proteomas

3. Competencias a desarrollar

Conocimientos	Habilidades y destrezas	Valores
Conocimiento básico de lenguaje de programación y bases de datos	Saber cómo buscar información en las bases de datos en ciencias biológicas Conocer los comandos básicos y lenguajes de programación usados en bioinformática.	Generar interés por la bioinformática y biología computacional
Alineamiento de secuencias y búsqueda de motivos	Entender los fundamentos matemáticos de los algoritmos para alineamiento de secuencias Detectar en las secuencias de ADN, ARN o proteínas, las regiones asociadas a funciones estructurales,	Disposición para trabajar en equipo y compartir sus conocimientos.

	regulatorias o enzimáticas.	
Análisis de filogenia y evolución molecular	Utilizar secuencias de ADN y proteínas para inferir relaciones filogenéticas y evolutivas entre poblaciones Conocer genes ortólogos, parálogos y xenólogos entre diversos individuos.	Entender que el trabajo en equipo facilita el cumplimiento de objetivos
Uso de herramientas bioinformáticas para el análisis <i>in silico</i>	Manejar los diferentes programas de bioinformática para simular y validar <i>in silico</i> técnicas moleculares de laboratorio Diseñar biosensores y estudiar la interacción entre las biomoléculas	Aplicar conocimientos de computación en la resolución de problemas en el campo agropecuario
Análisis de datos de secuenciación masiva	Conocer las diferentes plataformas de secuenciación masiva Procesar datos de secuenciación para modelar interacciones en los ecosistemas	Fomentar el respeto y la capacidad de generar conclusiones de los temas abordados

4. Contenidos

Unidad 1. Introducción a la bioinformática: Bases de datos y sistema operativo Unix.

- Internet y teoría de la información
- Bases de datos primarias en ciencias biológicas
- Bases de datos secundarias en ciencias biológicas
- Principales formatos informáticos
- Funcionalidades del sistema operativo Unix.

Unidad 2. Alineamiento de secuencias y búsqueda de motivos

- Algoritmos óptimos de alineamiento
- Alineamientos múltiples de secuencias
- Programas para el Alineamiento de ADN

- Programas para el alineamiento de proteínas
- Búsqueda de motivos en ADN
- Búsqueda de dominios en proteínas

Unidad 3. Filogenia y evolución molecular

- Funcionalidades del sistema operativo Unix.
- Terminología básica en filogenia molecular
- Elección de marcadores moleculares para filogenia
- Modelos y métodos de reconstrucción filogenética
- Evolución y relojes moleculares
- Busque de genes ortólogos, parálogos y xenólogos
- Elaboración e interpretación de árboles filogenéticos

Unidad 4. Herramientas bioinformáticas para el análisis *in silico*

- Diseño de primers para PCR punto final y tiempo real
- Programas para restricción específica de ADN
- Introducción a vectores de clonación y expresión
- Clonación molecular *in silico*
- Expresión de proteínas recombinantes
- Diseño de biosensores
- Interacción de proteína-proteína, proteína-ADN/RNA y proteína-metales

Unidad 5. Análisis de datos de secuenciación masiva

- La era de las ciencias –ómicas
- Plataformas de secuenciación masiva
- Anotación y comparación de genomas
- Análisis de metagenomas
- Análisis de transcriptomas y expresión diferencial de genes
- Análisis de metaproteomas
- Diseño de redes a partir de datos de biodiversidad

5. Orientaciones didácticas

- Presentación del programa y la importancia actual de la bioinformática
- Asociar los conocimientos informáticos con posibles aplicaciones en el campo agropecuario
- Enfatizar en el uso de la bioinformática y modelos matemáticos para entender la evolución e interacción de los seres vivos en los agroecosistemas

- Realizar ejercicios con los programas bioinformáticos sugeridos durante el curso
- Realizar evaluaciones por cada unidad para el seguimiento de los estudiantes, y en caso de ser necesario aplicar acciones correctivas.
- Desarrollo de un proyecto final en cual solo utilice herramientas bioinformáticas para la mejorar la sustentabilidad de recursos agropecuarios

6. Actividades de aprendizaje

Bajo la conducción del docente	Trabajo independiente del alumno
<ul style="list-style-type: none"> • Exposición del profesor. • Incorporación de profesores invitados • Trabajo en equipo. • Exposición de los alumnos • Resolución de ejercicios. • Mesa redonda sobre lo aprendido en cada unidad. 	<p style="text-align: center;">En el aula</p> <ul style="list-style-type: none"> • Síntesis del tema abordado • Asociación de lo visto en clase con su proyecto de tesis • Exámenes <p style="text-align: center;">Fuera del aula</p> <ul style="list-style-type: none"> • Mapas conceptuales • Ejercicios <i>in silico</i> • Diagramas de flujo • Trabajos de Investigación • Cuadros sinópticos • Realización de tareas escritas • Proyecto final • Búsqueda de información actualizada.

7. Evaluación

Este curso debe ser evaluado atendiendo al logro del objetivo general propuesto. Por tanto, para evaluar este logro se plantea que la evaluación se haga sobre la base dos criterios: del dominio teórico y el dominio de la aplicación práctica. Las formas de evaluación que se utilizaran son:

- Asistencia
- Ejercicios de bioinformática en clase
- Tareas y participación en clase.
- Presentación individual de artículos
- Desarrollo de un proyecto final

8. Bibliografía básica y complementaria

Bibliografía básica

Augen, J. (2004). *Bioinformatics in the post-genomic era: Genome, transcriptome, proteome, and information-based medicine*. Addison-Wesley Professional.

Bailey, T. L., Baker, M. E., & Elkan, C. P. (1997). An artificial intelligence approach to motif discovery in protein sequences: application to steroid dehydrogenases. *The Journal of steroid biochemistry and molecular biology*, 62(1), 29-44

Caporaso, J. G., Kuczynski, J., Stombaugh, J., Bittinger, K., Bushman, F. D., Costello, E. K., & Huttley, G. A. (2010). QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data. *Nature methods*, 7(5), 335.

Contreras-Moreira, B., Branger, P. A., & Collado-Vides, J. (2007). TFmodeller: comparative modelling of protein–DNA complexes. *Bioinformatics*, 23(13), 1694-1696.

Day, W. H., & McMorris, F. R. (1993). The computation of consensus patterns in DNA sequences. *Mathematical and computer modelling*, 17(10), 49-52.

Gollery, M. (2005). *Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis*, David W. Mount. Cold Spring Harbor, NY: Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2004, 692 pp. ISBN 0-87969-712-1. *Clinical Chemistry*, 51(11), 2219-2219.

Hertz, G. Z., Hartzell III, G. W., & Stormo, G. D. (1990). Identification of consensus patterns in unaligned DNA sequences known to be functionally related. *Bioinformatics*, 6(2), 81-92.

Jurafsky, D. & Martin, J. H. (2007). *Speech and Language Processing: an Introduction to Natural Language Processing, Computational Linguistics, and Speech Recognition*. Upper Saddle River, N.J.: Pearson Prentice Hall.

Simpson, J. T., & Pop, M. (2015). The theory and practice of genome sequence assembly. *Annual review of genomics and human genetics*, 16, 153-172.

Bibliografía complementaria

Claverie, J. M., & Notredame, C. (2011). *Bioinformatics for dummies*. John Wiley & Sons.

Stephane Tuffery. *Data Mining and Statistics for Decision Making*. First Edition. 2011, John Wiley & Sons, Ltd. ISBN: 978-0-470-68829-8.

Jain A. K. Murty M. N. Flynn P. J. Data Clustering: a Review. 1999, ACM Computing Surveys 31(3):264-323

9. Perfil del profesor

El docente que imparta esta Unidad de Aprendizaje deberá contar con al menos el nivel de maestría con experiencia probada en bioinformática, biología computacional o ciencias bioquímicas.