

CARTA DESCRIPTIVA (FORMATO MODELO EDUCATIVO UACJ VISIÓN 2020)

I. Identificadores de la asignatura			
Instituto:	Ciencias Biomédicas	Modalidad:	Presencial
Departamento:	Ciencias Químico Biológicas	Créditos:	6
Materia:	Bioinformática	Carácter:	Obligatorio
Programa:	Licenciatura en Biotecnología	Tipo:	Teórico
Clave:	CQB-0012-18		
Nivel:	Principiante	Teoría:	100%
Horas:	48 Totales	Práctica:	0%
II. Ubicación			
Antecedentes:	Biomoléculas	Clave:	CQB-0004-18
Consecuente:	Ninguna		
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, crítico, responsable, analítico, perseverante, participativo, con alto sentido de responsabilidad. Disponibilidad de trabajar en equipo y de manera ordenada.		
IV. Propósitos Generales			
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			
Intelectual:	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.		
Humano y social:	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.		
Profesional:	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.		
VI. Condiciones de operación			
Espacio:	Aula	Mobiliario:	Mesa banco
Laboratorio:	Centro de computo		
Población:	30 Alumnos		
Material de uso frecuente:	a) Pizarrón b) Computadora c) Proyector		
Condiciones especiales:	Se requiere de instalación de programas específicos, por o que las computadoras deben de tener permiso para instalar programas. Acceso a internet		
VII. Contenidos y tiempos estimados			

Temas	Contenidos	Actividades
1 INTRODUCCIÓN	1.1 Introducción 1.2 ¿ Que es la bioinformática? 1.3 ¿Cómo y cuándo aparece? 1.4 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	2.1 Estructura y composición del DNA y del RNA 2.2 Estructura y composición de proteínas 2.3 Dogma central de la biología molecular 2.4 Código genético 2.5 Estructura de los genes (promotores, amplificadores, represores) 2.6 Marcos de lectura abiertos 2.7 Reacción en cadena de la polimerasa 2.8 Secuenciación: DNA y proteínas 2.9 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	3.1 Bases de datos biológicas. 3.2 Introducción a las BD en bioinformática (PDB, Uniprot, EMBL, Kegg) 3.3 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	4.1 Análisis de secuencia en busca de errores y contaminaciones 4.2 Diseño de primers y pruebas in silico 4.3 Análisis de la composición de la secuencia de DNA 4.4 Búsqueda de regiones codificantes 4.5 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
5.- SECUENCIAS DE PROTEINAS	5.1 Bioquímica computacional de las proteínas.	Exposición del tema, discusión de lectura. Los alumnos realizaran discusión de artículos, que hablen

	<p>5.2 Predicción y análisis de estructuras primarias.</p> <p>5.3 Predicción de modificaciones postraduccionales</p> <p>5.4 Búsqueda de dominios</p>	sobre el tema relacionado y las aplicaciones, así como la realización de ejercicios prácticos
6.- BUSQUEDA DE SIMILARIDADES EN BASE DE DATOS	<p>6.1 Introducción</p> <p>6.2 Herramientas para la búsqueda de similitud de secuencias en la web</p> <p>6.3 Búsquedas personalizadas de similitudes (controlando el BALST)</p> <p>6.4 Evitando posibles errores en la realización de una búsqueda de similitud</p> <p>6.5 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
7.- ALINEAMIENTO DE SECUENCIAS	<p>7.1. Introducción al análisis de secuencia</p> <p>7.2 Búsqueda de secuencias de DNA</p> <p>7.3 Herramientas para alineamiento de secuencias:</p> <p>7.4 Alineamiento entre dos secuencias de DNA</p> <p>7.5 Alineamientos múltiples</p> <p>7.6 Analizando secuencias de DNA</p> <p>7.7 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
8.- PREDICCIÓN DE ESTRUCTURAS DE PROTEÍNAS 3D	<p>8.1 Predicción de estructura secundaria</p> <p>8.2 Predicción y modelaje de una proteína a 3D</p> <p>8.3 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
9.- CONSTRUCCIÓN DE ARBOLES FILOGENETICOS	<p>7.1 Introducción</p> <p>7.2 Preparación de datos y secuencias</p> <p>7.3 Construyendo un árbol filogenético in silico</p> <p>7.4. 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

VIII. Metodología y estrategias didácticas

Metodología Institucional:

- a) Elaboración de ensayos, monografías e investigaciones consultando fuentes bibliográficas, hemerográficas y en línea, en idioma español e inglés.
- b) Elaboración de reportes de lectura de artículos en lengua inglesa, actuales y relevantes.

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

Utilizando el modelo educativo de la UACJ 2020, el alumno deberá aprender a través de la investigación basada en modelos colaborativos.

IX. Criterios de evaluación y acreditación

a) Institucionales de acreditación:

Acreditación mínima de 80% de las clases programadas
 Entrega oportuna de trabajos
 Calificación ordinaria mínima de 7.0
 Permite examen único: no
 Permite examen extraordinario: si

b) Evaluación del curso

Acreditación del semestre mediante los siguientes porcentajes:

Exámenes parciales	30%
Prácticas	40%
Participación, exposición en clase	10%
Examen departamental	20%

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

XI. Perfil deseable del docente

Doctor o Maestro en Ciencias en Bioinformática o Biotecnología. Dominio de biotecnología, bioingeniería, biología, biología molecular, genética molecular o bioquímica.

XII. Institucionalización

Responsable del Departamento: Dr. Antonio De la Mora Covarrubias
Coordinador/a del Programa: Dr. José Alberto Núñez Gastélum
Fecha de elaboración: Marzo, 2017
Elaboró: Dr. Ángel Díaz Sánchez
Fecha de rediseño: No aplica
Rediseño: No aplica