

CARTA DESCRIPTIVA (FORMATO MODELO EDUCATIVO UACJ VISIÓN 2020)

I. Identificadores de la asignatura			
Instituto:	ICB	Modalidad:	Presencial
Departamento:	Ciencias Químico Biológicas	Créditos:	6
Materia:	Bioinformática	Carácter:	Obligatoria
Programa:	Maestría en Ciencias Orientación en Genómica	Tipo:	Teorico-Practico
Clave:	MOG-0001-14		
Nivel:	Principiante		
Horas:	3	Teoría: 2	Práctica: 2
II. Ubicación			
Antecedentes:	Clave		
Consecuente:	Fundamentos de las Ciencias Ómicas Fisiología Celular		
III. Antecedentes			
Conocimientos:	Generales del área de Bioquímica, Genética y Biología Celular.		
Habilidades:	Para la interpretación de artículos, traducciones Inglés español, Aplicación de los conocimientos teóricos adquiridos y discusión de resultados.		
Actitudes y valores:	Honestidad académica, critico, responsable, analítico, perseverante, trabajo en grupo. Integración de biología molecular, bioinformática, bioquímica y fisiología celular		
IV. Propósitos Generales			
Proporcionar al alumno bases sólidas en el campo de las ciencias genómicas con énfasis en la comprensión y desarrollo de herramientas bioinformáticas.			
V. Compromisos formativos			
Intelectual:	El estudiante será capaz de adquirir los conocimientos básicos para entender el flujo de la información biológica e integrará con los conceptos de las ciencias ómicas y analizará la información genética disponible en las bases de datos así como desarrollará habilidades que le permitan realizar		

predicciones con respecto al despliegue de la información.

Humano: El estudiante tendrá conciencia sobre la importancia de los aspectos moleculares y del flujo de la información genética en el contexto de herramientas predictivas.

Social: El estudiante tendrá elementos que le permitan aplicar el conocimiento adquirido en las ciencias de la salud, ambientales, químico-biológicas y otras áreas.

Profesional: El alumno adquirirá formación no sólo a nivel básico, sino que de vanguardia sobre procesos moleculares y permitirá comprender el campo de ciencias de frontera como las Ómicas.

VI. Condiciones de operación

Espacio: aula tradicional y laboratorio de cómputo

Laboratorio: **Mobiliario:** mesa redonda y sillas

Población: 10 -15

Material de uso frecuente:
 A) Rotafolio
 B) Pizarrón
 C) Cañón y computadora portátil

Condiciones especiales: Centro de computo

VII. Contenidos y tiempos estimados

Temas	Contenidos	Actividades
MODULO 1 1. Introducción y fundamentos del estudio de los ácidos nucleicos	1.1. Estructura química de los nucleótidos 1.1.1 Diferencia entre nucleótido, nucleósido y base nitrogenada 1.1.2 Ribosa y 2'-desoxiribosa 1.1.3 Bases nitrogenadas observadas en los ácidos nucleicos 1.2 Características químicas de las cadenas de ácidos nucleicos 1.2.1 Reactividad del grupo 5'-fosfato y 3-OH de los nucleótidos 1.2.2 Potencial electrostático del DNA y RNA 1.2.3 Formación de enlaces 5'-3'-fosfoéster y fosfodiéster 1.3 Estructura del DNA y del RNA 1.3.1 La doble hélice en el DNA 1.3.2 Puentes de hidrogeno entre bases nitrogenadas en el DNA bicatenario 1.3.3 Diferentes topologías del DNA: DNA b, DNA z y DNA a 1.3.4 Diferentes tipos de RNA: mRNA, tRNA, rRNA y miRNA 1.3.5 Estructura secundaria y terciaria observada en el RNA 1.4 Empaquetamiento del DNA de doble cadena	Presentación. -Revisión del temario y forma de evaluación. -Exposición por parte del maestro. -Revisión y discusión de artículos relacionados a temas de vanguardia.

	<p>en procariontes y eucariontes</p> <p>1.4.1 Definición de cromosoma</p> <p>1.4.2 El nucleosoma</p> <p>1.4.3 Estructura de la cromatina y niveles superiores de organización</p> <p>1.4.4 Histonas</p> <p>1.4.5 Metilación del DNA</p> <p>1.4.6 Regulación y remodelación de la cromatina</p> <p>1.4.7 Superenrolamiento del DNA y topoisomeria</p> <p>1.5 Código genético, marcos de lectura y secuencias</p> <p>1.5.1 Dogma central del flujo de información genética</p> <p>1.5.2 Modificaciones químicas en la maduración del mRNA en procariontes y eucariontes</p> <p>1.5.3 Código genético degenerado</p> <p>1.5.4 Codones raros en sistemas heterologos</p> <p>1.5.5 Marcos de lectura abiertos y deslices en la lectura</p> <p>1.5.6 Bamboleo de bases en los tripletes</p>	
<p>2. Introducción y fundamentos del estudio de las proteínas</p>	<p>2.1. Estructura química de los alpha-aminoácidos estándar y péptidos</p> <p>2.1.1. Los 20 aminoácidos</p> <p>2.1.2. Características fisicoquímicas de los aminoácidos</p> <p>2.1.3. Geometría y características del enlace peptídico</p> <p>2.1.4. Conceptos de Péptidos y proteínas</p> <p>2.2. Principios estructurales de las proteínas</p> <p>2.2.1. Niveles de organización estructural: primaria, secundaria, terciaria, cuaternaria</p> <p>2.2.2. Estructura supersecundaria, motivos y dominios estructurales</p> <p>2.2.3. Topología del plegamiento de una proteína</p> <p>2.2.4. Clasificación topológica de las proteínas</p> <p>2.3. Principios funcionales de las proteínas</p> <p>2.3.1. Estado nativo y desplegado de las proteínas</p> <p>2.3.2. Actividad biológica de las proteínas</p> <p>2.3.3. Principios fisicoquímicos de las interacciones intermoleculares: proteína-ligando y proteína-solvente</p> <p>2.4. Estudio estructural de las proteínas</p> <p>2.4.1. Cristalografía y difracción de rayos X</p> <p>2.4.2. Resonancia Magnética nuclear</p> <p>2.4.3. Microscopia electrónica</p>	<p>-Exposición por parte del maestro.</p> <p>-Revisión y discusión de artículos relacionados a temas de vanguardia.</p>

	2.4.4. Espectroscopia	
MÓDULO 2 3. Herramientas bioinformáticas para el estudio de los ácidos nucleicos	3.1. Introducción a las bases de datos 3.1.1. Secuencias de nucleótidos: EMBL, NCBI y Gene Bank 3.1.2. Bancos de datos de genomas completos KEGG 3.2. Alineamientos pareados y BLAST 3.2.1. Las matrices de calificación: BLOSUM, PAM, y matrices basadas en clasificaciones de aminoácidos 3.2.2. Alineamiento en pares: Smith-waterman, Needleman-Wunsch 3.2.3. Programación dinámica y criterios de penalización 3.2.4. Búsqueda por similitud usando FASTA 3.2.5. Blast T y Blast N en el NCBI y herramientas de análisis 3.2.6. Descarga de datos de secuencias en distintos formatos 3.3. Alineamientos pareados y BLAST 3.3.1. Alineamientos múltiples en NCBI 3.3.2. Alineamiento multiples progresivos 3.3.3. Alineamiento con clustalw, clustalo y muscle 3.3.4. Mesquite y McClade 3.3.5. Análisis de Logos: Weblogo 3.4. Diseño de cebadores y digestión 3.4.1. Específicos 3.4.2. Random-Primers 3.4.3. Degenerados 3.4.4. Para detección de segmentos de genes 3.4.5. Herramientas de Expassy para análisis de secuencias 3.5. Secuenciación de ácidos nucleicos 3.5.1. Introducción a las metodologías de Secuenciación Masiva: Illumina, Ion torrent 3.5.2. Formatos estándares para el manejo de secuencias 3.5.3. Teoría del ensamblado de reads: cobertura, solapamiento, consenso 3.5.4. Resumen de estrategias de alineamiento de secuencias cortas 3.5.5. Características de RNA-seq 3.5.6. Metodologías de ensambles de transcritos: ensamble de Novo 3.6. Filogenia Molecular 3.6.1. Conceptos básicos de evolución molecular. 3.6.2. determinación de distancias evolutivas, 3.6.3. modelos de sustitución empíricos y	-Exposición por parte del maestro. -Revisión y discusión de artículos relacionados a temas de vanguardia -Elaboración individual de ejercicios prácticos con las herramientas revisadas usando un gen relacionado con el proyecto de tesis de los alumnos

	<p>paramétricos.</p> <p>3.6.4. Reconstrucción de filogenias usando matrices de distancias</p> <p>3.6.5. Inferencia filogenética usando el criterio de máxima verosimilitud</p>	
<p>MÓDULO 3</p> <p>4. Herramientas bioinformáticas para el estudio de las proteínas</p>	<p>4.1. Bases de datos de proteínas</p> <p>4.1.1. NCBI</p> <p>4.1.2. Uniprot</p> <p>4.1.3. EMBL</p> <p>4.1.4. Protein Data Bank</p> <p>4.1.5. Brenda</p> <p>4.2. Análisis de secuencias de proteínas</p> <p>4.2.1. Predicción de parámetros fisicoquímicos: ProtParam Expassy</p> <p>4.2.2. Predicción e identificación de dominios y familias proteicas: CATH, SCOP y NCBI-blast</p> <p>4.2.3. Predicción de estructura secundaria: IGOR</p> <p>4.2.4. Predicción de estructura terciaria: Swiss Model y ITASSER</p> <p>4.2.5. Predicción de estructura cuaternaria: por extrapolación homóloga y por docking rígido (SymDock)</p> <p>4.2.6. Validación de modelos estructurales: Herramientas de análisis en What if</p> <p>4.2.7. Predicción de sitios de fosforilación, glicosilación, ubiquitinación y localización celular</p> <p>4.3. Análisis estructural de la estructura tridimensional de modelos experimentales y teóricos</p> <p>4.3.1. Análisis comparativo por alineamiento estructural: Pymol y USCF-Chimera</p> <p>4.3.2. Identificación de cavidades, túneles y área accesible al solvente: Caver y USCF-Chimera clipping</p> <p>4.3.3. Cálculo del pKa, ionización y carga teórica de las proteínas: PROPKA y 2PQR</p> <p>4.3.4. Cálculo del potencial electrostático de las proteínas: APBS</p> <p>4.3.5. Análisis de intercaras en oligómeros y complejos: PISA y SPPIDER</p> <p>4.4. Acoplamiento molecular: docking</p> <p>4.4.1. Autodock vina: USCF-Chimera</p> <p>4.4.2. PatchDock</p> <p>4.4.3. SwissDock</p> <p>4.4.4. Docking rígido por homología</p>	<p>-Exposición por parte del maestro.</p> <p>-Revisión y discusión de artículos relacionados a temas de vanguardia</p> <p>-Elaboración individual de ejercicios prácticos con las herramientas revisadas usando un gen relacionado con el proyecto de tesis de los alumnos</p>

	<p>4.5. Visualización de datos estructurales</p> <p>4.5.1. Mapas de densidad electrónica</p> <p>4.5.2. Software coot</p> <p>4.5.3. Remodelación de ligandos en densidad electrónica no modelada</p> <p>4.5.4. Validación de modelos</p> <p>4.5.5. Visualización de volúmenes electrónicos obtenidos por microscopia</p> <p>4.6. Análisis de datos, electroforéticos, espectrales y de masas</p> <p>4.6.1. Espectros</p> <p>4.6.2. Segundas derivadas</p> <p>4.6.3. Componentes principales</p> <p>4.6.4. Espectrogramas</p> <p>4.6.5. Mascot y otras herramientas de expasy</p>	
--	---	--

VIII. Metodología y estrategias didácticas

Metodología Institucional:

- a) Elaboración de ensayos, monografías e investigaciones (según el nivel) consultando fuentes bibliográficas, hemerográficas, y "on line"
- b) Elaboración de reportes de lectura de artículos actuales y relevantes a la materia en lengua inglesa

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

Calificación ordinaria mínima de 7.0

Permite examen único: no

b) Evaluación del curso

Acreditación de los temas mediante los siguientes porcentajes:

50 % Ejercicios en clase

20 % Exámenes parciales

30 % Elaboración de un proyecto de análisis bioinformático de un gen de interés.

100 % Total

X. Bibliografía

A) Bibliografía básica

Harvey Lodish, Arnold Berk, Chris A. Kaiser, Monty Krieger, Anthony Bretscher, Hidde Ploegh, Angelika Amon, Matthew P. Scott. Biología Celular y Molecular: W.H. Freeman and Company (NY) en Editorial Panamericana, 2016. Edición 7.

James D. Watson, Tania A. Baker, Stephen P. Bell, Alexander Gann, Michael Levine, Richard Losick. Biología Molecular del Gen: Pearson en Editorial Panamericana, 2016.

Berg J. M., Tymoczko J. L., Stryer L. Biochemistry. 7th. ed. W. H Freeman and Company. USA. 2012.

Bourne P. E., Weissig H. (editores) 2003. Structural bioinformatics. Wiley-Liss. USA.

Claverie J.M., Notredame C. 2003. Bioinformatics for dummies. For Dummies Series, Wiley Publishing New York. USA.

Schlik T. 2010. Molecular modeling and simulation. An interdisciplinary guide. 2nd edition, Springer.

B) Bibliografía de lengua extranjera

Revistas de Carácter internacional

Nucleic Acid Research: <https://nar.oxfordjournals.org/>

Plos Computational biology: <http://journals.plos.org/ploscompbiol/>

Bioinformatics: <https://bioinformatics.oxfordjournals.org/>

C) Bibliografía complementaria y de apoyo

Snyder, Champness. Molecular Genetics of Bacteria: Washintong D.C. third ed. 2007.

Alberts. Molecular Biology of the Cell: Garland Science. 6th ed. 2014.

X. Perfil deseable del docente

Maestro en Ciencias, o Doctor con experiencia en Biología Molecular, Bioquímica y Bioinformática.

XI. Institucionalización

Responsable del Departamento: Dr. Antonio de la Mora Covarrubias

Coordinador/a del Programa: Dra. Raquel González Fernández

Fecha de elaboración:

Elaboró: Dr. Ángel Gabriel Díaz Sánchez

Fecha de rediseño: Octubre 2016

Rediseño: