Casa abierta al tiempo

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA METROPOLITANA

PROGRAMA DE ESTUDIOS

UNIDAD	DIVISIÓN	
LERMA	CIENCIAS BÁSICAS E INGENIERÍA	
NOMBRE DEL PLAN		
POSGRADO EN CIENCIAS NATURALES E INGENIERÍA		
CLAVE: 5107019	UNIDAD ENSEÑANZA APRENDIZAJE: BIOINFORMÁTICA I	TRIM.: II-V
HORAS TEORÍA: 4.0	SERIACIÓN: Autorización	CRÉDITOS: 10
HORAS PRÁCTICA: 2.0		OPT/OBL: OPT.

OBJETIVO (S):

Objetivo General:

Que al final de la UEA el alumnado sea capaz de:

- Comprender, analizar y evaluar, tanto las bases de datos biológicos como las herramientas y los métodos propuestos en la disciplina de la bioinformática.

Objetivos Específicos:

Que al final de la UEA el alumnado sea capaz de:

1. Comprender y evaluar el alcance de la rama de la bioinformática dedicada al análisis de bases de datos biológicos.
2. Analizar secuencias ARN, ADN, proteínas y otras biomoléculas, utilizando las herramientas bioinformáticas principales que estén disponibles.
3. Efectuar la alineación múltiple de secuencias utilizando las herramientas bioinformáticas principales que estén disponibles.
4. Comprender y evaluar las relaciones evolutivas entre las moléculas de los organismos a través de los árboles filogenéticos.
5. Comprender y evaluar los dos niveles principales de anotación genómica.

CONTENIDO SINTÉTICO:

1. Bases de datos biológicos con respecto a las clasificaciones ómicas.
2. Herramientas bioinformáticas.
3. Análisis de secuencias de ARN y ADN.
4. Análisis de secuencias de proteínas y otras biomoléculas.
5. Alineación múltiple de secuencias.
6. Árboles filogenéticos.
7. Anotación de genomas.

MODALIDADES DE CONDUCCIÓN DEL PROCESO DE ENSEÑANZA APRENDIZAJE:

- Clase teórico-práctica a cargo del personal académico, con apoyo computacional y participación activa del alumnado, individual o en equipos.
- Se analizarán y evaluarán ejemplos de problemas prácticos encontrados en las biociencias y las alternativas de solución empleando herramientas bioinformáticas. Se analizarán y evaluarán los métodos y las herramientas bioinformáticas disponibles, así como la pertinencia de su aplicación en las biociencias.
- Los contenidos podrán ser impartidos en cualquiera de las modalidades de operación establecidas en el plan de estudios: Escolarizada o Presencial, Extraescolar o Remota síncrona, Extraescolar o Remota asíncrona, Mixta o híbrida, Movilidad y UEA Compartida.

MODALIDADES DE EVALUACIÓN:

Evaluación global:
Se ponderarán las siguientes actividades a criterio del personal académico:

- Evaluaciones periódicas.
- Evaluación terminal.
- Tareas individuales.
- Participación en clase.

BIBLIOGRAFIA NECESARIA O RECOMENDABLE:

1. Aluru, S., Handbook of computational molecular biology, Chapman & Hall-CRC, Estados Unidos, 2006.
2. Ewens, W. J. y Grant, G. R., Statistical methods in bioinformatics. An introducción. 2a Ed., Springer, Estados Unidos, 2005.
3. Haubold, B. y Wiehe, T., Introduction to computational biology. An evolutionary approach, Birkhauser Verlag, Suiza, 2006.
4. Lesk, A., Introduction to bioinformatics, 3a Ed., Oxford University Press, Estados Unidos, 2008.
5. Pevsner, J., Bioinformatics and functional genomics, 2a Ed., Wiley-Blackwell, Estados Unidos, 2009.
6. Xiong, J., Essential bioinformatics, Cambridge University Press, Estados Unidos, 2006.