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: 5107020	UNIDAD ENSEÑANZA APRENDIZAJE: BIOINFORMÁTICA II	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 la estructura, la dinámica y la función biológica, las biomoléculas, así como los métodos y las herramientas de la bioinformática para su modelado, simulación y correlación.

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 estructura, dinámica y función de biomoléculas.
2. Analizar y relacionar las secuencias de ARN, ADN, proteínas y otras biomoléculas con su estructura y su función, utilizando las herramientas bioinformáticas principales que estén disponibles.
3. Efectuar la alineación de estructuras de biomoléculas utilizando las herramientas bioinformáticas principales que estén disponibles.
4. Comprender y evaluar las relaciones evolutivas entre las estructuras y las funciones de las biomoléculas.
5. Conocer y aplicar conceptos y herramientas bioinformáticas para llevar a cabo diseño e ingeniería de biomoléculas.

CONTENIDO SINTÉTICO:

1. Predicciones estructurales por homología.
2. Modelado molecular por homología y ab-initio.
3. Estabilidad y dinámica de biomoléculas.
4. Interacción molécula-molécula.
5. Correlaciones estructura-función.

6. Ingeniería y diseño molecular.
7. Agrupamiento de propiedades moleculares para el análisis, el diseño y la aplicación de biosistemas.

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. Waterman, M. S., Introduction to computational biology. Maps, sequences and genomes, Chapman & Hall/CRC, Estados Unidos, 2000.
6. Xiong, J., Essential bioinformatics, Cambridge University Press, Estados Unidos, 2006.