



UNIDAD CUAJIMALPA		DIVISION CIENCIAS NATURALES E INGENIERIA		1/ 2	
NOMBRE DEL PLAN POSGRADO EN CIENCIAS NATURALES E INGENIERIA					
CLAVE	UNIDAD DE ENSEÑANZA-APRENDIZAJE			CREDITOS	10
4607019	BIOINFORMATICA I			TIPO	OPT.
H.TEOR. 4.0	SERIACION AUTORIZACION			TRIM.	II-V
H.PRAC. 2.0					

OBJETIVO(S) :

Objetivo General:

Que al final de la UEA el alumno 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 del curso el alumno 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 de 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 SINTETICO:

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.



UNIVERSIDAD AUTONOMA METROPOLITANA

APROBADO POR EL COLEGIO
ACADEMICO
EN SU SESION NUM. 341

EL SECRETARIO DEL COLEGIO

NOMBRE DEL PLAN	POSGRADO EN CIENCIAS NATURALES E INGENIERIA	2/ 2
CLAVE	4607019	BIOINFORMATICA I

MODALIDADES DE CONDUCCION DEL PROCESO ENSEÑANZA-APRENDIZAJE:

- Clase teórico-práctica a cargo del profesor, con apoyo computacional y participación activa del alumno, 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.

MODALIDADES DE EVALUACION:

Evaluación Global:

Se ponderarán las siguientes actividades a criterio del profesor:

- 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 introduction. 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.



UNIVERSIDAD AUTONOMA METROPOLITANA

APROBADO POR EL COLEGIO
ACADEMICO
EN SU SESION NUM. 341

EL SECRETARIO DEL COLEGIO

2/2