



**UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE  
CHIHUAHUA**  
Clave: 08MSU0017H

**FACULTAD DE ZOOTECNIA Y ECOLOGÍA**  
CLAVE: 08USU0637Y

**PROGRAMA DEL CURSO:**

***BIOINFORMÁTICA I***

<b>DES:</b>	AGROPECUARIA
<b>Programa(s) Educativo(s):</b>	MAESTRÍA EN CIENCIAS
<b>Tipo de materia:</b>	ESTADÍSTICA
<b>Clave de la materia:</b>	EE-505
<b>Semestre:</b>	
<b>Área en plan de estudios:</b>	REPRODUCCIÓN Y GENÉTICA
<b>Créditos</b>	8
<b>Total de horas por semana:</b>	4
<b>Total de horas semestre:</b>	64
<b>Fecha de actualización:</b>	FEBRERO DE 2013
<b>Frecuencia con que se ofrece:</b>	BASE A DEMANDA

**Descripción:**

La bioinformática es la ciencia que a través de la estadística y el cómputo permite analizar las bases de datos de biología molecular. La parte de cómputo se trabaja con la plataforma de software libre Linux. Se abordan las herramientas estadísticas y de cómputo en tres vertientes: 1) obtención, organización y distribución de la información biológica; 2) análisis e interpretación de la información biológica; e, 3) integración de resultados y aplicaciones. Con relación a la organización y distribución, se abordan los algoritmos y herramientas de exploración en los bancos de datos. Con respecto al análisis e interpretación de resultados, se aborda a tres niveles: a) genómica (estructural, comparativa y funcional); b) transcriptómica y expresión génica; y, c) proteómica. En las aplicaciones se abordan la biología de sistemas aplicados a la producción de especies de interés zootécnico.

**Propósito general:** Desarrollar en el alumno los dominios relativos al conocimiento y aplicaciones de herramientas de bioinformática en el análisis de información biológica de especies de interés zootécnico, dentro de las competencias de mejoramiento genético y biología de la reproducción.

**Propósitos específicos:**

- 1) Conocimiento y uso de herramientas de estadística de uso en bioinformática.
- 2) Conocimiento y uso de herramientas de cómputo de uso en bioinformática.
- 3) Conocimiento y uso del sistema operativo y aplicaciones de Linux.

<b>COMPETENCIAS</b> (Tipo, nombre y componentes de la competencia)	<b>CONTENIDOS</b> (Unidades, Temas y Subtemas)	<b>RESULTADOS DE APRENDIZAJE</b> (Por Unidad)
<p><b>GENÉRICAS:</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Síntesis del conocimiento</li> <li>• Generación del conocimiento</li> </ul> <p><b>ESPECIALIDAD:</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Biología de la reproducción.</li> <li>• Mejoramiento genético.</li> </ul>	<p>A) Bases de la bioinformática.</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. Que es bioinformática y que hace un bioinformatic@.</li> <li>2. Biología molecular para bioinformática.</li> <li>3. Herramientas y conceptos de análisis de secuencias de ácidos nucleicos y aminoácidos.</li> </ol>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Conoce los principios, fundamentos, desarrollos y aplicaciones de la bioinformática.</li> </ul>
	<p>B) Herramientas informáticas.</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. Sistema operativo y aplicaciones Linux.</li> <li>2. Bases de datos de biología molecular y herramientas web.</li> </ol>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Conoce y utiliza el sistema operativo y las aplicaciones de Linux.</li> <li>• Conoce, analiza y utiliza los bancos de información biológica de especies de interés zootécnico a través de la web.</li> </ul>
	<p>C) Análisis de secuencias.</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. Alineamiento y ensamblaje de secuencias.</li> <li>2. Identificación y análisis de motivos y dominios</li> <li>3. Predicción y modelado de genes.</li> <li>4. Comparación de genes y genomas.</li> <li>5. Características y aplicaciones de BLAST, FASTA, CLUSTAL.</li> </ol>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Maneja y edita secuencias; realiza búsquedas en bancos de datos; realiza análisis de alineamientos globales, locales y múltiples.</li> <li>• Analiza la estructura y modelado de genes.</li> </ul>
	<p>D) Aplicaciones de bioinformática en genómica: estructural, comparativa y funcional.</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Conoce, analiza y compara los genomas de especies de interés zootécnico.</li> <li>• Busca y analiza genes de interés en el mejoramiento genético y biología de la reproducción.</li> </ul>
	<p>E) Expresión de genes.</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. Micro arreglos: definición, tipos y funcionamiento.</li> <li>2. Segmentación y extracción de datos.</li> <li>3. Filtrado y transformación de datos.</li> <li>4. Análisis estadístico en función del objetivo: identificación, clasificación, predicción, expresión diferencial y comparación.</li> </ol>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Integra conocimientos para conocer, comprender y aplicar el análisis de micro arreglos en la expresión de genes de interés en el mejoramiento genético y biología de la reproducción.</li> </ul>

	<p>F) Aplicaciones de la bioinformática en la transcriptómica.</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. Redes de regulación génica.</li> <li>2. Modelación de factores de transcripción y su regulación.</li> <li>3. Propiedades de las redes de regulación.</li> <li>4. ¿Qué genes regulan un factor de transcripción?</li> <li>5. ¿Qué sitios de unión regulan un conjunto de genes?</li> <li>6. Biología de sistemas.</li> </ol>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Integra conocimientos para conocer, comprender y aplicar el análisis de transcriptomas en genes de interés en el mejoramiento genético y biología de la reproducción.</li> <li>• Comprende y analiza las especies de interés zootécnico a nivel de biología de sistemas.</li> </ul>
--	--	--

UNIDAD TEMÁTICA	METODOLOGÍA (estrategias, secuencias, recursos didácticos)	TIEMPO ESTIMADO (h)
A	Presentación del tema por el maestro, desarrollo de una investigación de la evolución de la bioinformática y sus componentes.	4
B	Presentación por el maestro de la instalación del sistema operativo y aplicaciones Linux Ubuntu; así como de los comandos y procedimientos básicos. Por parte del alumno, desarrollo de ejercicios prácticos de Linux con herramientas de bioinformática.	12
C	Presentación de los temas por el maestro. Desarrollo de ejercicios teóricos y prácticos de alineamiento de secuencias en genes de interés zootécnico. El alumno desarrollará y presentará un ejemplo de caso aplicado.	12
D	Presentación de los temas por el maestro. Desarrollo de ejercicios teóricos y prácticos del análisis de genomas de interés zootécnico. El alumno desarrollará y presentará un ejemplo de caso aplicado. Se utilizarán las herramientas del GenBank, DNA Data Bank of Japan, Protein Data Bank, <a href="http://www.animalgenome.org">www.animalgenome.org</a>	12
E	Presentación de los temas por el maestro. Desarrollo de ejercicios teóricos y prácticos del análisis micro arreglos aplicados al mejoramiento genético y la biología de la reproducción. El alumno desarrollará y presentará un ejemplo de caso aplicado. Se utilizarán las herramientas de <a href="http://www.gepas.org">www.gepas.org</a> y <a href="http://www.babelomics.bioinfo.cipf.es">www.babelomics.bioinfo.cipf.es</a>	12
F	Presentación de los temas por el maestro. Desarrollo de ejercicios teóricos y prácticos de factores de transcripción, redes de regulación y biología de sistemas. El alumno desarrollará y presentará un ejemplo de caso aplicado.	12

EVIDENCIAS DE DESEMPEÑO	CRITERIOS DE DESEMPEÑO
<ol style="list-style-type: none"> <li>1) Resultados en los exámenes parciales.</li> <li>2) Desarrollo de los ejercicios teóricos y prácticos y presentación de un documento final que contenga todos los ejercicios realizados.</li> <li>3) Planteamiento y desarrollo de estudios de casos aplicados al área de interés en investigación.</li> <li>4) De manera individual y/o grupal, presentar un documento con formato de reporte técnico o de posible publicación, de un tema de revisión o de un estudio de caso abordado.</li> </ol>	<ol style="list-style-type: none"> <li>1) Calificación promedio mínima de 8.0 (ocho punto cero) en los exámenes parciales.</li> <li>2) Capacidad del estudiante para analizar e implementar las herramientas de bioinformática en información biológica de especies de interés zootécnico.</li> <li>3) Capacidad del estudiante para implementar las herramientas de bioinformática en estudios de casos aplicados al área de interés en investigación.</li> <li>4) Capacidad de análisis y síntesis para el desarrollo y elaboración de ensayos técnico-científicos que sean coherentes y sustantivos.</li> </ol>

FUENTES DE INFORMACIÓN (Bibliografía/Lecturas por unidad)	EVALUACIÓN DE LOS APRENDIZAJES (Criterios e instrumentos)
<p>Barnes, Michael and Ian C. Gray. 2003. Bioinformatics for Geneticists. John Wiley &amp; Sons Ltd. 415 p.</p> <p>Claverie, Jean-Michel and Cedric Notredame. 2007. Bioinformatics for Dummies. 2<sup>nd</sup> edition. Wiley Publishing, Inc. 458 p.</p> <p>Cockett, Noelle E. and Chittaranjan Kole. 2009. Genome mapping and genomics in animals. Springer – Verlag Berlin Heidelberg. 289 p.</p> <p>Lesk, Arthur M. 2002. Introduction to Bioinformatics. Oxford University Press. 255 p.</p> <p>Mount, David W. 2005. Bioinformatics, sequence and genome analysis. Cold Spring Harbor Laboratory Press. 570 p.</p> <p>Xia, Xuhua. 2002. Data analysis in molecular biology and evolution. Kluwer Academic Publishers. 280 p.</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• La evaluación de los aprendizajes se basará en los productos generados por el estudiante y su presentación verbal y escrita.</li> <li>• Se aplicarán tres exámenes ordinarios con un valor del 50% de la calificación final del curso.</li> <li>• El estudiante desarrollará aproximadamente 25 ejercicios durante el curso y tendrán un valor del 20% de la calificación final del curso.</li> <li>• El estudiante desarrollará y presentará al final del curso un estudio de caso de su elección donde muestre sus habilidades para seleccionar y aplicar al menos una de las técnicas tratadas en el curso. La evaluación de este trabajo tendrá un valor del 20% de la calificación final.</li> <li>• El reporte final como publicación será considerada con un 10% de la calificación final.</li> </ul>

## Cronograma del Avance Programático

### S e m a n a s

Unidades de aprendizaje	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
A. Bases de la bioinformática.	x															
B. Herramientas informáticas.		x	x	x												
C. Análisis de secuencias.					x	x	x									
D. Aplicaciones de bioinformática en genómica.								x	x	x						
E. Expresión de genes.											x	x	x			
F. Aplicaciones de la bioinformática en la transcriptómica.														x	x	x