



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE NAYARIT

Área de Ciencias Biológico Agropecuarias y Pesqueras

Coordinación de Posgrado en Ciencias Biológico Agropecuarias

PROGRAMA ACADÉMICO DEL DOCTORADO EN CIENCIAS BIOLÓGICO AGROPECUARIAS

1. DATOS DE IDENTIFICACIÓN DE LA UNIDAD DE APRENDIZAJE

NOMBRE Y CLAVE DE LA UNIDAD DE APRENDIZAJE

Bionformática aplicada a la microbiología molecular I

FECHA DE ELABORACIÓN

Dr. Carlos Alfredo Carmona Gasca
Enero 2016

FECHA DE ACTUALIZACIÓN

Dr. Carlos Alfredo Carmona Gasca
Mayo 2017

2. PRESENTACIÓN

Este curso, por su contenido está dirigido a estudiantes del Programa de Maestría y Doctorado de la línea terminal de Ciencias Veterinarias y Zootécnicas, está considerado como un curso de profundización disciplinaria con aplicación en las Ciencias Microbiológicas Veterinarias. Está ideado para que el alumno profundice sus conocimientos y aplique las técnicas biomoleculares y la informática en la investigación en las ciencias Microbiológicas Veterinarias, Se consideran 6 créditos; cuatro horas en una sesión semanal (dos de teoría y dos de práctica). El curso se impartirá en la Unidad Académica de Medicina Veterinaria y Zootecnia de la Universidad Autónoma de Nayarit.

3. OBJETIVOS

Objetivo general:

Utilizar las técnicas biomoleculares y la informática en las Ciencias microbiológicas veterinarias.

Objetivos específicos:

Conocer y aprender las técnicas más importantes de biología molecular en las aplicadas a la investigación microbiana.

Comprender el uso de la informática y el impacto actual en investigación.

Aplicar los conocimientos de bioinformática para resolver problemas que se presentan en investigación de ciencias microbiológicas veterinarias

4. RELACIÓN CON EL PERFIL DE EGRESO

Los estudiantes serán capaces de predecir suceso biológicos relacionados con el dogma central de la biología molecular (de la replicación a la traducción) utilizando herramientas y programas computacionales

5. CONTENIDOS

UNIDAD I. Manejo de secuencias

Definición de bioinformática

Elementos computacionales

Recursos disponibles en internet

Complejidad de algoritmos

Incorporación el conocimiento biológico a los algoritmos

matices BLOSSUM y PAM

Alineamiento y tipos de alineamientos

Búsqueda BLAST y diseño de sondas
Bancos de datos: banco de genes y de genomas completos
Análisis de secuencias de ácidos nucleicos
Identificación de Marcos abiertos de lectura (ORF)
Alineamientos comparativos secuencias repetidas
Traducción de secuencias nucleotídicas

UNIDAD 2. Proteínas

Análisis de secuencias de proteínas
Secuencias predichas
Propiedades fisicoquímicas
Estructuras secundarias
Predicción de péptido señal/ idesa
Predicción de epitopes
Modelaje estructuras terciarias
Análisis filogenéticos

UNIDAD 3. métodos moleculares a la determinación de la infección, carga microbiana y variación genética

Determinación de polimorfismos genéticos

electroforeticos:

De nucleótido único (SNP), microsatelites, minisatelites, VNTRs, AFLP, RFLP, IS

De secuencias SPA-typing, MLST, espoligotipos

Los polimorfismos genéticos de salud y enfermedad.

6. ESTRATEGIAS DIDACTICAS Y DE APRENDIZAJE

Exposición y discusión de los marcos teóricos.
Utilización de herramientas computacionales disponibles en la red.
Utilización de diversos programas de los llamados open source
Pizarrón, computadora y proyector

7. PROCEDIMIENTOS PARA LA EVALUACIÓN DEL APRENDIZAJE

- Integración del portafolio con acciones, tareas y lecturas complementarias que favorezcan el autoaprendizaje.
- Será considerado un trabajo final, al estudiante se le asignará un tema y, con base en los conocimientos adquiridos en el curso, deberá utilizar las aplicaciones bioinformáticas para identificar secuencias de ácidos nucleicos con posible aplicación biotecnológica en bancos de genes/genomas. Posteriormente, el estudiante deberá ser capaz de diseñar sondas específicas que utilizará para amplificar la secuencia deseada de una muestra real de ácidos nucleicos purificados (depende de disposición de espacio
- Presentación de seminario sobre la revisión de artículos y textos investigación en técnicas moleculares.
- Utilización de habilidades de investigación, incluyendo la capacidad de diseñar experimentos, el conocimiento de técnicas moleculares, análisis de datos, y la revisión de la literatura crítica

Usar las habilidades transferibles en las presentaciones orales, redacción de informes, y el uso de la información tecnológica

8. CRITERIOS DE ACREDITACIÓN

Deberá cubrirse el 80 % de asistencia y la calificación mínima aprobatoria será de 80 (ochenta).

9. CRITERIOS DE CALIFICACIÓN

Total de marcos teóricos	40%.
Total de Participación	30%.
Seminario	10%.
Presentación de portafolio	20%.

10. BIBLIOGRAFÍA

Borodovsky M and Ekisheva S. 2006. Problems and Solutions in Biological Sequence Analysis. Cambridge University Press. Cambridge UK.

Brown: Genomas 3, Ed. Panamericana (2008).

Glick, Pasternak y Patten: Principles and Applications of Recombinant DNA, 4ª edición. ASM Press (2010).

Gopal S, Tymann P, Haake A, Jones R, P. 2008. Bioinformatics. A Computing Perspective. McGraw-Hill Education. US. ISBN: 9780073133645

Kolchanov K, Hofstaedt R, Milanesi L. 2005. Bioinformatics of Genome Regulation and Structure. Springer US.

Lewin. Genes VII B. 2001. Editorial Marbán

Luque J, Herráez A, Hartcourt, 2001. Texto ilustrado de biología molecular e ingeniería genética. Conceptos, técnicas y aplicaciones en ciencias de la salud, Madrid

Manniatis, T., Fritsch, E., and Sambrook, J. 2002. Molecular cloning: a laboratory manual. (ed.) Cold Spring Harbor Press, Cold Spring Harbor

Qi, H., Lu, H., Qiu, H. J., Petrenko, V. And Liu, A. (2012) Phagemid vectors for phage display: properties, characteristics and construction. J. Mol. Biol. 417:129-43.

Ramsden J. 2015. Bioinformatics. An Introduction. Cold Spring Harbor Press, Cold Spring Harbor

Raychaudhuri S. 2007. Computational Text Analysis For Functional Genomics and Bioinformatics. Oxford University Press.

Sidhu, S. S., Feld, B. K. and Weiss, G.A. (2007) M13 bacteriophage coat proteins engineered for improved phage display. Methods Mol. Biol. 352:205-19.

Watson, Myers, Caudy y Witkowski: Recombinant DNA: genes and genomes, a short course, 3ª edición. Freeman and Company (2007). Strachan y Read, Human Molecular Genetics, 4ª edición Garland Science (2011).

Xuhua X. 2007. Bioinformatics and the Cell: Modern Computational Approaches in Genomics, Proteomics and Transcriptomics.

Zvelebil M and Baum J. 2007. Understanding Bioinformatics Taylor & Francis Inc. ISBN: 9780815340249.

11. PERFIL PROFESIOGRÁFICO

Profesores con grado de Doctor en el área de zootecnia y veterinarias con experiencia en bioinformática