



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE NAYARIT
ÁREA DE CIENCIAS BIOLÓGICO AGROPECUARIAS Y PESQUERAS
POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICO AGROPECUARIAS
PROGRAMA

1. DATOS DE IDENTIFICACIÓN

NOMBRE Y CLAVE DE LA UNIDAD DE APRENDIZAJE

Bioinformática Molecular Aplicada	
-----------------------------------	--

DOCENTE(S) RESPONSABLE(S)

Dr. Clemente Lemus Flores, Dr. Carlos Alfredo Carmona Gasca

SEMESTRE	ÁREA DE FORMACIÓN	TIPO DE UNIDAD DE APRENDIZAJE
I, II, III, IV	Básica	Optativa

ORIENTACIÓN	LÍNEA DE GENERACIÓN Y APLICACIÓN DEL CONOCIMIENTO (LGAC)	T.U.D.C.
Ciencias Zootécnicas y Veterinarias	Sistemas de producción pecuaria en trópico bajo alimentación convencional y no convencional	Curso

HORAS DE TEORÍA	HORAS DE PRÁCTICA	HORAS DE TRABAJO INDEPENDIENTE	TOTAL DE HORAS	VALOR EN CRÉDITOS
36	12	48	96	6

FECHA DE ELABORACIÓN	FECHA DE ACTUALIZACIÓN
18 de mayo de 2021	18 de mayo de 2021

ELABORADO POR:	ACTUALIZADO POR:
Dr. Clemente Lemus Flores Dr. Carlos Alfredo Carmona Gasca	Dr. Clemente Lemus Flores Dr. Carlos Alfredo Carmona Gasca

2. PRESENTACIÓN (Justificación)

En la actualidad la Biotecnología permite análisis de genomas de una forma más rápida y confiable. La generación de datos moleculares requiere de estadística y bioinformática que permita la estimación de parámetros de variación genética. El curso ofrece una visión general del uso de diversas herramientas y metodologías bioinformáticas para el análisis de datos moleculares.

3. OBJETIVO

Introducir al alumno en el conocimiento y uso de los diferentes herramientas y métodos bioinformáticos para el análisis de datos moleculares.
Que el alumno aprenda la manera de coleccionar y analizar los datos moleculares.

4. RELACIÓN CON EL PERFIL DE EGRESO

Durante la unidad de aprendizaje el alumno será capaz de conocer y usar las herramientas bioinformáticas que le permitirán diseñar esquemas y programas de mejoramiento genético, salud animal, diversidad animal y microbiana. Introducir a los estudiantes en el uso de programas informáticos para el análisis de secuencias de ADN y de datos moleculares obtenidos con diferentes técnicas de estudio del ADN.

Conocimientos para:

- Realizar investigación con el método científico para generar conocimiento, adecuar tecnología, innovar y resolver problemáticas del Área de Ciencias Biológico Agropecuarias.
- Contribuir a la solución de problemas a través de la investigación científica dirigida y la aplicación de los conocimientos adquiridos en el Área de las Ciencias Biológico Agropecuarias.
- Evaluar y difundir en forma oral o escrita los conocimientos científicos de los resultados de investigación.

Habilidades para:

- Formar grupos de investigación de alto nivel.
- Presentación de resultados en foros científicos especializados o de divulgación, así como la publicación, en revistas arbitradas.
- Generar conocimiento e ideas originales que coadyuven a resolver las problemáticas que afronta el área de su competencia.
- Gestionar recursos económicos para sus proyectos.

Actitudes para:

- Desempeñar sus actividades con responsabilidad y compromiso ético para la conservación y preservación del entorno.
- Hacer uso racional de los recursos naturales.

- Liderar el trabajo en grupos o redes de investigación.

5. CONTENIDO TEÓRICO-PRÁCTICO-FORMATIVO

UNIDAD 1. Manejo de secuencias

Definición de bioinformática

Elementos computacionales
Recursos disponibles en internet
Complejidad de algoritmos
Incorporación el conocimiento biológico a los algoritmos
matrices 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.

UNIDAD 4. métodos de análisis de datos moleculares

Cálculo de frecuencias y distancias

Tipos de Dendogramas Filogenéticos
Análisis de varianza (AMOVA)

6. ESTRATEGIAS DIDÁCTICAS

ESTRATEGIAS DE ENSEÑANZA	ESTRATEGIAS DE APRENDIZAJE
Acceso a programas y Herramientas computacionales especializados en genética.	Realizar ejercicios de análisis de datos poblacionales
Lectura por parte del estudiante de artículos.	Elaboración de mapas conceptuales, diagramas de flujo, cuadros comparativos, esquemas, etc.
El docente y el alumno participara a través de la exposición y discusión de los marcos teóricos.	Discusión de tópicos.

7. SISTEMA DE EVALUACIÓN

EVIDENCIAS DE APRENDIZAJE	CRITERIOS DE DESEMPEÑO
Examen escrito	Dominio de conceptos y términos dentro de la disciplina por parte del estudiante.
Mapas conceptuales, diagramas de flujo, cuadros comparativos, esquemas	Se debe evidenciar el uso eficiente del lenguaje científico, propio del área. Estos organizadores gráficos de información deberán ser presentados con limpieza, en tiempo y forma de acuerdo a las fechas establecidas.
Desarrollo de habilidades en el manejo de datos poblacionales	Serán evaluadas de acuerdo a los siguientes criterios: <ul style="list-style-type: none"> • Desempeño durante las prácticas 20% • Entrega del reporte 30% • Resultados obtenidos 50%
Proyecto desarrollado por el estudiante basado en el aprendizaje	Proyecto que involucre los conocimientos de aprendidos. La evaluación del trabajo será evaluado de acuerdo a los siguientes criterios: <ul style="list-style-type: none"> • Entrega del trabajo escrito 40% • Metodología propuesta 30% Exposición del proyecto de investigación 30%

8. REQUISITOS ADMINISTRATIVOS

CRITERIOS DE ACREDITACIÓN	CRITERIOS DE CALIFICACIÓN
<ul style="list-style-type: none"> • Obtener una calificación mínima de 80 en una escala de 0 al 100 • Asistencia mínima del 90% de las sesiones. 	Examen escrito.....30%
	Evidencias de aprendizaje40%
	Desarrollo de habilidades.....15%
	Proyecto temático.....15%

9. ACERVOS DE CONSULTA

BÁSICOS
<p>Benjamin Lewin. Genes XII. 2017. Pearson Education, Inc., publishing as Prentice Hall</p> <p>James D. Watson et al. 2016. Biología Molecular del Gen 7^a ed. Buenos Aires, Editorial Médica Panamericana, Traducción de Molecular biology of the gene, 7th ed.</p> <p>D. J. Balding, M. Bishop and C. 2019. Cannings. Handbook of Statistical Genetics. 4th Edition. Volume 1. Editors: Edit. Wiley</p> <p>Matthew B. Hamilton. 2009. Population Genetics. Edition first. Wiley-Blackwell. West Sussex, UK.</p> <p>Susan H. Slifer. 2018. PLINK: Key Functions for Data Analysis. https://doi.org/10.1002/cphg.59</p> <p>Andreas D. Baxeavanis, Gary D. Bader, David S. Wishart. 2020. Bioinformatics, 4th Edition.</p> <p>Khatun, M., Shoombuatong, W., Hasan, M., y Kurata, H. (2020). Evolution of sequence-based bioinformatics tools for protein-protein interaction prediction. Current Genomics, 21(6), 454-463.</p> <p>Cook, C. E., Lopez, R., Stroe, O., Cochrane, G., Brooksbank, C., Birney, E., & Apweiler, R. (2019). The European Bioinformatics Institute in 2018: tools, infrastructure and training. Nucleic acids research, 47(D1), D15-D22.</p> <p>Pereira, R., Oliveira, J., & Sousa, M. (2020). Bioinformatics and computational tools for next-generation sequencing analysis in clinical genetics. Journal of clinical medicine, 9(1), 132.</p> <p>Paxman, J. J., & Heras, B. (2017). Bioinformatics tools and resources for analyzing protein structures. In Proteome Bioinformatics (pp. 209-220). Humana Press, New York, NY.</p> <p>Martins, A., Fonseca, M. J., & Tavares, F. (2018). Mining the genome: using bioinformatics tools in the classroom to support student discovery of genes. The American Biology Teacher, 80(8), 619-624.</p>
COMPLEMENTARIOS
<p>Sitios de interés:</p> <p>Population genetics and genomics programs: http://www.cmpg.unibe.ch/software/PGDSpider/</p> <p>All resources of NCBI tools https://www.ncbi.nlm.nih.gov/guide/all/</p>

10. PERFIL PROFESIOGRÁFICO

Área de especialidad:	Doctorado en Ciencias Veterinarias
Grado académico mínimo:	Doctorado en Ciencias.
Experiencia docente:	1 año a nivel licenciatura o posgrado, con participación en cursos teóricos y talleres.
Experiencia en investigación:	Participando en proyectos de investigación en biología molecular.
Idiomas:	Competencia de comunicación oral y lectura en inglés.