



**PROGRAMA ACADÉMICO DE MAESTRÍA EN CIENCIAS BIOLÓGICO  
AGROPECUARIAS**

**1. DATOS DE IDENTIFICACIÓN DE LA UNIDAD DE APRENDIZAJE**

**NOMBRE Y CLAVE DE LA UNIDAD DE APRENDIZAJE**

Bioinformática 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. OBJETIVO(S)**

**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.

**5. 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.

## 6. CONTENIDOS

### **UNIDAD I.** Manejo de secuencias

Definición de bioinformática

Elementos computacionales

Recursos disponibles en internet

Complejidad de algoritmos

Incorporación del 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.

## 7. 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

## 8. 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

## 9. CRITERIOS DE ACREDITACIÓN

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

## 10. CRITERIOS DE CALIFICACIÓN

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

## 11. BIBLIOGRAFIA

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, Hofestaedt R, Milanese 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: *Recombinat 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.

## **12. PERFIL PROFESIONAL**

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