



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

PROGRAMA DE ASIGNATURA

CLAVE	NOMBRE DE LA ASIGNATURA			SEMESTRE	
	SEMINARIO 1			PRIMERO	
MODALIDAD	CARÁCTER	HORAS SEMESTRE	HORA/SEMANA TEÓRICAS PRÁCTICAS		CRÉDITOS
SEMINARIO	OBLIGATORIA	80	3	2	8
NIVEL	BÁSICO				
TIPO	TEÓRICO-PRÁCTICA				

OBJETIVO: Que el alumno conozca y sepa utilizar diferentes recursos bioinformáticos que le permitan resolver aquellos problemas más frecuentes en las ciencias genómicas; que conozca las bases de datos y herramientas más importantes y de uso más frecuente, así como la información que puede obtener de cada una de ellas y cómo interpretarla; además, que descubra las aplicaciones de la bioinformática, sus métodos, alcances y limitaciones, en distintas áreas de estudio de las ciencias genómicas.

Número de Horas:	Contenidos temáticos:
5	1. Introducción a la Bioinformática
5	2. Bases de datos 1 (Nucleótidos) 2.1 Tipos de Secuencias. 2.2 Formato FASTA . 2.3 Código de letras de secuencias nucleotídicas. 2.4 Bases de datos de nucleótidos.
5	3. Bases de datos 2 (Proteínas) 3.1 Secuencias de proteínas y código de aminoácidos. 3.2 Secuencias traducidas nucleótidos → proteínas. 3.3 SWISS Prot y Protein de NCBI.
5	4. Bases de datos 3 4.1 Búsqueda de bibliografía científica: PubMed, Books, etc. 4.2 Otros recursos de NCBI (Entrez, Gene, OMIM). 4.3 Genome Browsers (NCBI Map View, Ensembl, UCSC Genome Browser).
5	5. Bases de datos 4 5.1 The Glycan Structure DB. 5.2 The Lipid Bank. 5.3 Expasy, Brenda. 5.4 KEGG, MetaCyc.
5	6. Minería de textos y datos
5	7. Homología y alineamientos 1 7.1 Noción biológica y teórica de homología. 7.2 Conceptos de homología. 7.3 Alineamientos globales y locales.
5	8. Homología y alineamientos 2 (BLAST) 8.1 Qué es BLAST y cómo interpretar un BLAST (valores de BLAST). 8.2 Diferentes tipos de BLAST. 8.3 Otros programas tipo BLAST. 8.4 Bidirectional Best Hit.
	9. Homología y alineamientos 3

5	9.1 Reconstrucción filogenética.
5	9.2 Alineamientos múltiples.
5	9.3 Árboles filogenéticos.
5	10. Anotación de genomas de procariones
5	11. Anotación de genomas de eucariotes
	12. Conservación de secuencias
	12.1 Sintenias.
5	12.2 Motivos.
	13. Modelado de macromoléculas
	13.1 Predicción de estructura secundaria de RNAs.
5	13.2 Predicción y modelado de estructuras tridimensionales de proteínas.
	14. Recursos de Genómica Funcional
	14.1 Análisis de microarreglos.
5	14.2 Proteómica.
5	15. Introducción a las redes y la biología de sistemas
5	16. Presentación de proyectos
80	<i>Total de Horas</i>

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Claverie, J.M. and Notredame, C.; *Bioinformatics for Dummies*; Wiley Publishing Group.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Malcom Campbell & Laurie J. Heyer.; *Genomics, Proteomics, & Bioinformatics*; CSHL Press.

SUGERENCIAS DIDÁCTICAS:

Exposición de los temas por parte del profesor con la participación activa de los alumnos.

Prácticas en clase dirigidas por el profesor.

SUGERENCIAS DE EVALUACIÓN:

Reportes de las prácticas realizadas en clase y tareas.

Trabajo final escrito.

Presentación oral del trabajo final.

PERFIL PROFESIOGRÁFICO:

Licenciado(a) en Ciencias Genómicas.