



Casa abierta al tiempo

UNIVERSIDAD AUTONOMA METROPOLITANA

PROGRAMA DE ESTUDIOS

UNIDAD	CUAJIMALPA	DIVISION	CIENCIAS NATURALES E INGENIERIA	1 / 3
NOMBRE DEL PLAN LICENCIATURA EN INGENIERIA BIOLOGICA				
CLAVE	UNIDAD DE ENSEÑANZA-APRENDIZAJE		CRED.	8
460227	BIOINFORMATICA		TIPO	OBL.
H.TEOR. 3.0	SERIACION		TRIM.	
H.PRAC. 2.0			X al XII	
	460225			

OBJETIVO(S) :

Objetivo General:

Que al final del curso el alumno sea capaz de:

1. Utilizar herramientas computacionales para resolver problemas relacionados con sistemas biológicos.
2. Comprender los fundamentos, los alcances y las limitaciones de las herramientas en cuestión.

Objetivos Específicos:

Que al final del curso el alumno sea capaz de:

1. Conocer las bases de datos y servidores accesibles en Internet que permiten obtener y procesar información de sistemas biológicos.
2. Utilizar paquetería de cómputo, académica y comercial, para analizar secuencias y estructuras de macromoléculas y su interacción con otras especies químicas.
3. Comprender los fundamentos de las técnicas más usuales para resolver problemas en bioinformática.

CONTENIDO SINTETICO:

1. Panorama general y principales tareas de la bioinformática.
2. Herramientas bioinformáticas: Bases de datos (Búsqueda de información), Servidores: (Procesamiento remoto), Paquetería (Procesamiento local). Comprensión, acceso e interpretación de datos.
3. Análisis e interpretación de secuencias. Alineamiento, matrices de comparación y significancia estadística. Predicción de sitios de



UNIVERSIDAD AUTONOMA METROPOLITANA

Casa abierta al tiempo

APROBADO POR EL COLEGIO ACADEMICO
EN SU SESION NUM. 303

EL SECRETARIO DEL COLEGIO

CLAVE 460227

BIOINFORMATICA

restricción, estructura secundaria y otras propiedades.

4. Aplicaciones a genómica. Predicción de sitios de unión y simulación del reconocimiento entre macromoléculas y entre una macromolécula y una molécula pequeña. Análisis de patrones de expresión de genes. Predicción de genes y promotores en procariotes y eucariotes. Análisis de genomas.
5. Aplicaciones a proteómica. Predicción de propiedades, estructura y función. Interacciones intermoleculares.

MODALIDADES DE CONDUCCION DEL PROCESO ENSEÑANZA-APRENDIZAJE:

Las clases de teoría, se harán a través de exposición del profesor y se fomentará un diálogo frecuente con el alumno.

Las sesiones prácticas se llevarán a cabo a través de un taller de cómputo donde el profesor y el alumno trabajarán realizando tareas que permitan ejercitar habilidades, que fomenten la aplicación de conceptos y que constituyan un reto intelectual.

Este proceso será coordinado por el profesor y tiene como objetivo familiarizar al alumno con el uso de recursos de cómputo, incluyendo infraestructura, paquetería local, de acceso por Internet y manejo de bases de datos biológicos.

Es muy importante, integrar los conocimientos adquiridos previamente a esta UEA y se debe hacer especial esfuerzo en fomentar el análisis crítico y la discusión de los conceptos durante las sesiones. Se recomienda la asignación de tareas para complementar las actividades prácticas y teóricas, así como la propuesta de un proyecto final.

MODALIDADES DE EVALUACION:

Evaluación Global:

Se ponderarán las siguientes actividades a criterio del profesor:

Evaluaciones periódicas.

Evaluación terminal.

Tareas individuales.

Participación en las sesiones teóricas y prácticas.

Reportes escritos de los trabajos realizados.

Evaluación de Recuperación:

El alumno deberá presentar una evaluación crítica que contemple todos los



UNIVERSIDAD AUTONOMA METROPOLITANA

APROBADO POR EL COLEGIO ACADEMICO
EN SU SESION NUM. 303

EL SECRETARIO DEL COLEGIO

contenidos de la UEA.

No requiere inscripción previa a la UEA.

BIBLIOGRAFIA NECESARIA O RECOMENDABLE:

1. Attwood, T. K. & Parry-Smith D. J. (2004), Introducción a la Bioinformática, México, Prentice Hall.
2. Claverie, JM. & Notredame C. (2003), Bioinformatics for Dummies, New York, Wiley Publishing, Inc.
3. González, P.P. (2005), From Biological Systems to Computer Sciences and Back. Course and Lab. Notas del curso impartido en el Posgrado en Ciencias e Ingeniería de la Computación, México, Universidad Nacional Autónoma de México.
4. Higgs, P. G. & Attwood, T. K. (2005), Bioinformatics and Molecular Evolution, Oxford, Blackwell Science Ltd.
5. Lesk, A. M. (2005), Database Annotation in Molecular Biology: Principles and Practice, Hoboken, Estados Unidos, Wiley.
6. Lesk, A. M. (2005), Introduction to Bioinformatics (2a ed.), New York, Oxford University Press.
7. Orengo, C.A., Jones, D.T. & Thornton, J.M. (2003), Bioinformatics, Genes, Proteins and Computers, Abingdon, Inglaterra, BIOS Scientific Publishers.
8. Tramontano, A. (2005), The Ten Most Wanted Solutions in Protein Bioinformatics Portland, Chapman & Hall.
9. Tramontano, A. (2006), Protein Structure Prediction, Weinheim, Wiley-VCH.



UNIVERSIDAD AUTONOMA METROPOLITANA

Casa abierta al tiempo

APROBADO POR EL COLEGIO ACADEMICO
EN SU SESION NUM. 305

EL SECRETARIO DEL COLEGIO