

<b>Universidad Michoacana San Nicolás de Hidalgo</b>		<b>Instituto de Investigaciones Químico-Biológicas</b>	
<b>Maestría en Ciencias en Biología Experimental</b>		<b>Semestre 1 y 2</b>	
<b>Clave</b>	<b>Técnicas de información molecular</b>		<b>Créditos: 8</b>
<b>Responsable:</b> <b>Compartido</b>	<b>Horas Teóricas: 4</b> <b>Horas Prácticas: 0</b>	<b>Seriación</b> <b>Ninguna</b>	

### **Introducción.**

Este curso tiene por objetivo proporcionarles a los estudiantes una sólida base de conocimientos teóricos y prácticos sobre aspectos fundamentales de la bioinformática, donde el contenido será enfocado en aspectos relacionados con inferencia filogenética y evolución molecular, escrutinio de bases de datos mediante herramientas informáticas, análisis de secuencias de ácidos nucleicos y proteínas, métodos de filogenia molecular, etc. El curso cubrirá de manera equilibrada los principios teóricos subyacentes a los diferentes temas diversos métodos de inferencia filogenética, así como el aprendizaje de programas clave, usando datos tomados de las bases de datos. El curso contempla sesiones teóricas, que incluirán lecciones y ponencias, discusión de artículos científicos, alternadas con sesiones prácticas en las que aprenderán a usar los diferentes programas y su utilización en las diversas áreas de biología.

### **Objetivos:**

#### **Objetivo general**

Capacitar al estudiante para usar la bioinformática en distintos tipos de estudios biológicos y genómicos, como herramientas conceptuales y metodológicas de gran utilidad en la licenciatura en biotecnología.

**Programa:**

**CONTENIDO DEL PROGRAMA**

**1. Tema 1: Aspectos históricos e introducción a la bioinformática.**

- 1.1. Aspectos Históricos de la bioinformática
- 1.2. Conceptos básicos
- 1.3. Búsqueda y consulta de bases de datos
- 1.4. Consulta y generación de bases de datos

**2. Tema 2: Bases de datos usadas en bioinformática.**

2.1. NCBI – ENTREZ

- 2.1. GenBank
- 2.2. SwissProt
- 2.3. KEGG
- 2.4. JCVI
- 2.5. String
- 2.6. The Gene Ontology Project

**3. Tema 3: Análisis de secuencias.**

- 3.1. Formatos usados en secuencias de ADN y amino ácidos.
- 3.2. Búsqueda de secuencias
  - 3.2.1. SRS6
  - 3.2.2. Similitud
    - 3.2.2.1. Blast
    - 3.2.2.2. Fasta
    - 3.2.2.3. Psi-Blast
- 3.3. Ácidos nucleicos
  - 3.3.1. ORFFINDER
  - 3.3.2. GENESCAN
  - 3.3.3. Búsqueda de motivos
  - 3.3.4. Diseño de Oligos
- 3.4. Proteínas
  - 3.4.1. Expasy
  - 3.4.2. Brenda

### 3.4.3. Rutas metabólicas

## **4. Análisis y alineamiento de secuencias.**

### 4.1. Alineamientos apareado

#### 4.1.1. Blast2sequences

### 4.2. Alineamientos múltiples

#### 4.2.1. ClustalW

#### 4.2.2. ClustalX

#### 4.2.3. Tcoffe

### 4.3. Herramientas para edición y presentación de alineamientos

#### 4.3.1. Bioedit

#### 4.3.2. Seaview

#### 4.3.3. Alscript

## **5. Estructura y visualización de proteínas.**

### 5.1. Predicción de estructura secundaria

### 5.2. Bases de datos de estructuras

### 5.3. Predicción de la estructura terciaria

### 5.4. Visualización y presentación de estructuras

#### 5.4.1. Pymol

#### 5.4.2. VML

## **6. Filogenia molecular.**

### 6.1. Estructura de árboles evolutivos

### 6.2. Reconstrucción de filogenias

### 6.3. Métodos de reconstrucción y algoritmos

#### 6.3.1.1. Máxima parsimonia

#### 6.3.1.2. Máxima verosimilitud

#### 6.3.1.3. Métodos de Distancia evolutiva

### 6.4. Modelos de sustitución

### 6.5. Soporte estadístico-Bootstrap

### 6.6. Programas de generación y visualización de filogenias

## **7. Bioinformática avanzada.**

### 7.1. Omicas

### 7.2. Modelaje molecular

### 7.3. Acoplamiento molecular

- 7.4. El arte de la programación
  - 7.4.1. Uso de Perl
  - 7.4.2. Bioperl
  - 7.4.3. MySQL
  - 7.4.4. Integración de un servidor HTML
- 7.5. Resolución de problemas específicos
- 7.6. Aspectos futuros de la bioinformática

#### **Metodología de la Enseñanza:**

Para el desarrollo del curso el Profesor impartirá las clases, apoyado con diferentes instrumentos de enseñanza como cañón y ejercicios a resolver en pizarrón. Durante el curso los estudiantes harán una exposición individual de un tópico relacionado al basado en un artículo científico. También habrá discusiones grupales sobre algunos temas que el profesor asignará con anterioridad, en la que el profesor actuará como guía.

#### **Procedimiento de evaluación del aprendizaje de los estudiantes:**

La evaluación se hará considerando las diferentes actividades que se realicen durante el curso, de la siguiente manera:

40% Exámenes parciales

30% Discusión de artículos

10% Exposición final

10% Tareas

Se deberá tener un mínimo de asistencia del 80%

#### **Bibliografía Básica**

- Bioinformatics – Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins 2a. edición., Andreas D. Baxevanis., 2001., Ed. Wiley-Interscience.
- Computational Molecular Biology – An Introduction. Peter Clote., 2000., Ed. Wiley.
- Developing Bioinformatics Computer Skills, Cynthia Gibas., 2001., Ed. O'Reilly.

- Bioinformatics., AndrzejPolanski., 2007., Ed. Springer.
- Practical Bioinformatics.,JanuszM.Bujnicki., 2007., Ed. Springer.
- Structural Bioinformatics., Philip E. Bourne., 2003., Ed. Wiley-Liss.