



Casa abierta al tiempo

UNIVERSIDAD AUTONOMA METROPOLITANA

PROGRAMA DE ESTUDIOS

UNIDAD	CUAJIMALPA	DIVISION	CIENCIAS NATURALES E INGENIERIA	1 / 2
NOMBRE DEL PLAN POSGRADO EN CIENCIAS NATURALES E INGENIERIA				
CLAVE	UNIDAD DE ENSEÑANZA-APRENDIZAJE		CREDITOS	10
4607020	BIOINFORMATICA II		TIPO	OPT.
H.TEOR. 4.0	SERIACION AUTORIZACION		TRIM.	II-V
H.PRAC. 2.0				

OBJETIVO (S) :

Objetivo General:

Que al final de la UEA el alumno sea capaz de:

Comprender, analizar y evaluar la estructura, la dinámica y la función biológica de las biomoléculas, así como los métodos y las herramientas de la bioinformática para su modelado, simulación y correlación.

Objetivos Específicos:

Que al final del curso el alumno sea capaz de:

1. Comprender y evaluar el alcance de la rama de la bioinformática dedicada al análisis de estructura, dinámica y función de biomoléculas.
2. Analizar y relacionar las secuencias de ARN, ADN, proteínas y otras biomoléculas con su estructura y su función, utilizando las herramientas bioinformáticas principales que estén disponibles.
3. Efectuar la alineación de estructuras de biomoléculas utilizando las herramientas bioinformáticas principales que estén disponibles.
4. Comprender y evaluar las relaciones evolutivas entre las estructuras y las funciones de las biomoléculas.
5. Conocer y aplicar conceptos y herramientas bioinformáticas para llevar a cabo diseño e ingeniería de biomoléculas.

CONTENIDO SINTETICO:

1. Predicciones estructurales por homología.
2. Modelado molecular por homología y ab-initio.
3. Estabilidad y dinámica de biomoléculas.
4. Interacción molécula-molécula.
5. Correlaciones estructura-función.
6. Ingeniería y diseño molecular.
7. Agrupamiento de propiedades moleculares para el análisis, el diseño y la aplicación de biosistemas.



UNIVERSIDAD AUTONOMA METROPOLITANA

APROBADO POR EL COLEGIO
ACADEMICO
EN SU SESION NUM. 341

EL SECRETARIO DEL COLEGIO

a/2

CLAVE 4607020 BIOINFORMATICA II

MODALIDADES DE CONDUCCION DEL PROCESO ENSEÑANZA-APRENDIZAJE:

- Clase teórico-práctica a cargo del profesor, con apoyo computacional y participación activa del alumno, individual o en equipos.
- Se analizarán y evaluarán ejemplos de problemas prácticos encontrados en las biociencias y las alternativas de solución empleando herramientas bioinformáticas. Se analizarán y evaluarán los métodos y las herramientas bioinformáticas disponibles así como la pertinencia de su aplicación en las biociencias.

MODALIDADES DE EVALUACION:

Evaluación Global:

Se ponderarán las siguientes actividades a criterio del profesor:

- Evaluaciones periódicas.
- Evaluación terminal.
- Tareas individuales.
- Participación en clase.

BIBLIOGRAFIA NECESARIA O RECOMENDABLE:

1. Aluru, S., Handbook of computational molecular biology, Chapman & Hall/CRC, Estados Unidos, 2006.
2. Ewens, W. J. y Grant, G. R., Statistical methods in bioinformatics. An introduction, 2a Ed., Springer, Estados Unidos, 2005.
3. Haubold, B. y Wiehe, T., Introduction to computational biology. An evolutionary approach, Birkhauser Verlag, Suiza, 2006.
4. Lesk, A., Introduction to bioinformatics, 3a Ed., Oxford University Press, Estados Unidos, 2008.
5. Waterman, M. S., Introduction to computational biology. Maps, sequences and genomes, Chapman & Hall/CRC, Estados Unidos, 2000.
6. Xiong, J., Essential bioinformatics, Cambridge University Press, Estados Unidos, 2006.



UNIVERSIDAD AUTONOMA METROPOLITANA

APROBADO POR EL COLEGIO
ACADEMICO
EN SU SESION NUM. 341

EL SECRETARIO DEL COLEGIO