



CENTRO DE INVESTIGACIÓN CIENTÍFICA DE YUCATÁN, A.C.

**POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS
OPCIÓN EN BIOTECNOLOGÍA
CURSO DE BIOINFORMÁTICA**

PROFESORES

Dra. Luisa Alhucema López Ochoa.
Dr. Jorge Humberto Ramírez Prado.

COORDINACIÓN

Dr. Jorge Humberto Ramírez Prado.

CREDITOS:3

DURACION DEL CURSO: 48 horas

HORARIO: 2h /clase, 2 clases/semana

JUSTIFICACIÓN

En las últimas décadas los avances logrados en las áreas de la biología molecular así como en las tecnologías genómicas han llevado a un crecimiento explosivo en la información biológica generada por la comunidad científica. Esta infinidad de información genómica a su vez ha creado la necesidad absoluta de bases de datos para su almacenamiento, categorización y organización así como la creación de herramientas informáticas especializadas para su manejo y análisis.

Desde un punto de vista biotecnológico las probabilidades de encontrar nuevas enzimas con características comercializables o el descubrimiento de nuevos genes para la producción de metabolitos o el mejoramiento genético de plantas se multiplican exponencialmente con esta avalancha de información genómica. Sin embargo, sin las herramientas informáticas adecuadas y las bases moleculares correctas, es imposible un estudio eficiente de tales datos, convirtiéndose estos en un problema en lugar de soluciones.

Es por lo anterior que las ciencias de la información y la computación son una herramienta fundamental para la biología molecular y la biotecnología conjuntándose en la "Biología Molecular Computacional" o "Bioinformática".

El presente curso mostrará las metodologías bioinformáticas básicas así como variantes más especializadas, con atención a los conceptos de biología molecular y evolución molecular en los que se basan sus modelos y algoritmos.





CENTRO DE INVESTIGACIÓN CIENTÍFICA DE YUCATÁN, A.C.

REQUISITOS

El estudiante deberá tener conocimientos básicos de biología molecular.

OBJETIVO GENERAL

Que el alumno conozca y aprenda el uso de metodologías modernas de almacenamiento, comparación y manipulación de secuencias genéticas, así como la aplicación de conceptos de evolución molecular para la reconstrucción de árboles filogenéticos utilizando herramientas bioinformáticas.

METODOLOGÍA

El curso teórico/práctico está dividido en 24 sesiones de 2 horas cada una. Las sesiones teóricas incluirán la exposición por parte de los profesores de los conceptos más importantes del tema que serán luego aplicados en problemas representativos durante las sesiones prácticas del curso. Al finalizar cada unidad los profesores involucrados en cada unidad harán un examen consistente en la resolución de problemas mediante las herramientas cubiertas y la interpretación biológica del mismo. Para tener derecho a acreditar el curso es requisito haber asistido puntualmente al 80% de las clases.

TEMAS Y SUBTEMAS

I. Biología molecular básica para bioinformática

- Moléculas portadoras de información: DNA, RNA y Proteínas.
- Dogma central: Flujo de información en la célula
- Traducción: El Código Genético.

II. Bases de Datos

- Tipos de Bases de Datos
- Bases de Datos bibliográficas: PubMed
- Bases de Datos biológicas: GenBank, EMBL
- Bases de Datos locales: MySQL

III. Alineamiento de Secuencias

- Bases evolutivas
- Homología vs Similitud





CENTRO DE INVESTIGACIÓN CIENTÍFICA DE YUCATÁN, A.C.

- Similitud vs Identidad
- Matrices de substitución
- Alineamientos pareados de secuencias
- Búsqueda por similitud en Bases de Datos
- Búsquedas heurísticas
- BLAST
- Alineamientos múltiples de secuencias
- Perfiles y Modelos Ocultos de Markov
- Valores significativos en la estadística de los alineamientos
- Motivos de Proteínas y predicción de dominios

IV. Predicción de Genes y Promotores

- Predicción de genes en procariotes
- Predicción de genes en eucariontes
- Predicción de promotores y reguladores en procariotes
- Predicción de promotores y reguladores en eucariontes
- Algoritmos de predicción

V. Filogenética molecular

- Evolución molecular
- Filogenia de genes vs filogenia de especies
- Tipos de representaciones de árboles filogenéticos
- Métodos de construcción de árboles filogenéticos
- Métodos basados en distancia
- Métodos basados en caracteres
- Programas filogenéticos

VI. Bioinformática estructural

- Bases de estructura de proteínas
- Visualización, comparación y clasificación de estructuras
- Predicción de estructura secundaria de proteínas
- Predicción de estructura terciaria de proteínas
- Predicción de estructura de RNA

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA

Essential Bioinformatics by Jin Xiong, Cambridge University Press; **ISBN-13:** 978-0521600828





CENTRO DE INVESTIGACIÓN CIENTÍFICA DE YUCATÁN, A.C.

Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis by David W. Mount, Cold Spring Harbor Laboratory Press; **ISBN-13:** 978-0879697129

Molecular Evolution and Phylogenetics by Mastoshi Nei and Sudhir Kumar, Oxford University Press; **ISBN-13:** 978-0195135855

BIBLIOGRAFÍA ESPECIALIZADA

Los artículos especializados de cada tema serán proporcionados por los profesores.

