



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
ESCUELA NACIONAL DE ESTUDIOS SUPERIORES
UNIDAD MORELIA
PLAN DE ESTUDIOS DE LA LICENCIATURA EN
TECNOLOGÍAS PARA LA INFORMACIÓN EN CIENCIAS
Programa de la asignatura

Bioinformática

Clave:	Semestre: 8°	Campo de conocimiento: Ciencias	No. Créditos: 8
Carácter: Optativa por área de profundización		Horas	Horas por semana
Tipo: Teórica		Teoría: 4	Práctica: 0
Modalidad: Curso		Duración del programa: 16 semanas	
		4	64

Seriación: No (x) Sí () Obligatoria () Indicativa () Asignatura antecedente: Ninguna Asignatura subsecuente: Ninguna
Objetivo general: Analizar los aspectos fundamentales teóricos y prácticos de la inferencia filogenética y evolución molecular, abarcando desde el escrutinio de bases de datos de secuencias mediante BLAST.
Objetivos específicos: <ol style="list-style-type: none"> 1. Determinar e interpretar la homología. 2. Realizar el alineamiento de múltiples secuencias, la interconversión de formatos y el ajuste de modelos de sustitución a los datos, hasta la edición e interpretación de las topologías obtenidas mediante diversos métodos de reconstrucción.

Índice Temático			
Unidad	Tema	Horas	
		Teóricas	Prácticas
1	Breve introducción a Perl	10	0
2	Conceptos básicos de filogenética y evolución molecular	4	0
3	Alineamientos pareados	7	0
4	Alineamientos múltiples	7	0
5	Modelos paramétricos de evolución de secuencias de nucleótidos	7	0
6	Métodos de reconstrucción filogenética basados en distancias	7	0
7	Máxima parsimonia	7	0
8	Máxima verosimilitud	7	0
9	Inferencia bayesiana de filogenias moleculares	8	0
Total de horas:		64	0

Suma total de horas:	64
-----------------------------	----

Contenido Temático	
Unidad	Temas y subtemas
1	Breve introducción a Perl 1.1 Funciones básicas. 1.2 Vectores, matrices y Arrays. 1.3 Estructuras de control. 1.4 Funciones. 1.5 Gráficos. 1.6 Lectura y escritura de archivos. 1.7 Consultas en bases de datos.
2	Conceptos básicos de filogenética y evolución molecular 2.1 Escuelas filogenéticas. 2.2 Mutación. 2.3 Reloj molecular.
3	Alineamientos pareados 3.1 Matrices empíricas BLOSUM y PAM de sustitución de aminoácidos. 3.2 Búsqueda de homólogos en bases de datos mediante BLAST.
4	Alineamientos múltiples 4.1 Clustalw, clustalX y T-Coffee. 4.2 Automatización de búsquedas.
5	Modelos paramétricos de evolución de secuencias de nucleótidos. 5.1 Algoritmos de búsqueda. 5.2 Criterios de optimización.
6	Métodos de reconstrucción filogenética basados en distancias 6.1 Evolución mínima. 6.2 Neighbor-joining. 6.3 UPGMA.
7	Máxima parsimonia 7.1 Reconstrucciones filogenéticas. 7.2 Búsqueda de datos.
8	Máxima verosimilitud 8.1 Ajuste de modelos. 8.2 Estima de valores de máxima verosimilitud de los parámetros de los modelos de sustitución y contraste de hipótesis filogenéticas.
9	Inferencia bayesiana de filogenias moleculares 9.1 Teorema de Bayes. 9.2 Datos discretos. 9.3 Funciones de densidad probabilística. 9.4 Cadenas de Markov tipo Montecarlo. 9.5 Software.

Bibliografía básica:

Felsenstein, J. (2004). *Inferring Phylogenies*. Sunderland, MA: Sinauer Associates, INC.

Futuyma, D.J. (2005). *Evolution*. Sunderland, MA: Sinauer Associates, INC.

Graur, D., Li, W.H. (2000). *Fundamentals of Molecular Evolution*. Sunderland, MA: Sinauer Associates, Inc.

<p>Gosh, S. (2012). <i>Bayesian Modeling in Bioinformatics</i>. USA: Chapman and Hall/CRC.</p> <p>Hillis, D.M., Moritz, C., Mable, B.K. <i>Molecular Systematics</i>. Sunderland, MA: Sinauer Associates.</p> <p>Nei, M., Kumar, S. (2000). <i>Molecular Evolution and Phylogenetics</i>. NY: Oxford University Press, Inc.</p>	
<p>Bibliografía complementaria:</p> <p>Page, R.D.M., Holmes, E.C. (1998). <i>Molecular Evolution - A Phylogenetic Approach</i>; Oxford: Blackwell Science Ltd.</p> <p>Swofford, D.L., Olsen, G.J., Waddel, P.J., Hillis, D.M. (1996). <i>Phylogenetic Inference</i>. Oxford: Blackwell Science Ltd.</p>	
<p>Sugerencias didácticas:</p> <p>Exposición oral (x)</p> <p>Exposición audiovisual ()</p> <p>Ejercicios dentro de clase (x)</p> <p>Ejercicios fuera del aula (x)</p> <p>Seminarios ()</p> <p>Lecturas obligatorias (x)</p> <p>Trabajo de investigación ()</p> <p>Prácticas de taller o laboratorio ()</p> <p>Prácticas de campo ()</p> <p>Otras: Uso de Tecnologías (x)</p>	<p>Mecanismos de evaluación del aprendizaje de los alumnos:</p> <p>Exámenes parciales ()</p> <p>Examen final escrito ()</p> <p>Trabajos y tareas fuera del aula (x)</p> <p>Exposición de seminarios por los alumnos ()</p> <p>Participación en clase (x)</p> <p>Asistencia (x)</p> <p>Seminario ()</p> <p>Otras: (x)</p> <p>Uso y manejo de las Tecnologías está implícito en el desarrollo de las actividades, por lo que la evaluación se realizará a lo largo del programa.</p>
<p>Perfil profesiográfico: Biólogos, ecólogos, informáticos, bioinformáticos o áreas afines. Indispensable haber realizado estudios de posgrado. Contar con experiencia docente.</p>	