



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
ESCUELA NACIONAL DE ESTUDIOS SUPERIORES UNIDAD MORELIA
LICENCIATURA EN ECOLOGÍA
Programa de la asignatura



Programa

Métodos de Análisis Genómicos

| | | | | | |
|------------------|---|----------------------|------------------------------|------------------------------|---------------------|
| Clave | Semestre 7° | Créditos 8 | Duración | 16 semanas | |
| | | | Campo de conocimiento | Biología | |
| | | | Etapas | Terminal | |
| Modalidad | Curso () Taller () Lab () Sem (x) | | Tipo | T () P () T/P (x) | |
| Carácter | Obligatorio () Optativo (x) | | Horas | | |
| | | | Semana | Semestre / Año | |
| | | | Teóricas | 2 | Teóricas 32 |
| | | | Prácticas | 4 | Prácticas 64 |
| | | | Total | 6 | Total 96 |

Seriación

Ninguna (x)

Obligatoria ()

| | |
|-------------------------------|--|
| Asignatura antecedente | |
| Asignatura subsecuente | |
| Indicativa () | |
| Asignatura antecedente | |
| Asignatura subsecuente | |

Objetivo general:

Resolver problemas relacionados a las ciencias genómicas, proteómicas y metabolómicas utilizando los principales algoritmos del área.

Objetivos específicos:

1. Revisar los principales algoritmos utilizados en estas disciplinas.
2. Identificar el algoritmo más adecuado para responder a una pregunta biológica.
3. Utilizar las herramientas de predicción basadas en este tipo de algoritmo para describir

complejos problemas biológicos.
4. Describir problemas biológicos complejos basados en el tipo de algoritmo a través del uso de herramientas de predicción.

| Índice temático | | | |
|------------------------|---------------------------|---------------------------------|------------------|
| | Tema | Horas Semestre / Año | |
| | | Teóricas | Prácticas |
| 1 | *Omicas | 4 | 0 |
| 2 | Breve introducción a Perl | 4 | 16 |
| 3 | Genómica | 8 | 16 |
| 4 | Proteómica | 8 | 16 |
| 5 | Metabolómica | 8 | 16 |
| Subtotal | | 32 | 64 |
| Total | | 96 | |

| Contenido Temático | |
|---------------------------|---|
| Tema | Subtemas |
| 1 | *Omicas 1.1 Antecedentes. 1.2. Manejo masivo de datos. |
| 2 | Breve introducción a Perl 2.1 Funciones básicas. 2.2 Vectores, matrices y arreglos. 2.3 Estructuras de control. 2.4 Funciones. 2.5 Gráficos. 2.6 Lectura y escritura de archivos. 2.7 Consultas en bases de datos. |
| 3 | Genómica 3.1 Análisis masivo de secuencias. 3.2 Ensamble y anotación de transcriptomas y genomas. 3.3 Microarreglos. |
| 4 | Proteómica 4.1 Generalidades sobre los métodos más comunes. 4.2 Espectrometría de masas LS-MS, MALDI-TOF. 4.3 Complejos de proteínas. 4.4 Proteoma funcional. |
| 5 | Metabolómica 5.1 Análisis metabolómico. 5.2 Técnicas separativas. 5.3 Sistemas de detección. 5.4 Sensores bioquímicos. |

| 5.5 Reconstrucción de redes metabólicas. | |
|--|--|
| Estrategias didácticas | Evaluación del aprendizaje |
| Exposición (x) | Exámenes parciales (x) |
| Trabajo en equipo (x) | Examen final (x) |
| Lecturas (x) | Trabajos y tareas (x) |
| Trabajo de investigación () | Presentación de tema (x) |
| Prácticas (taller o laboratorio) (x) | Participación en clase () |
| Prácticas de campo () | Asistencia () |
| Aprendizaje por proyectos () | Rúbricas () |
| Aprendizaje basado en problemas (x) | Portafolios (x) |
| Casos de enseñanza () | Listas de cotejo () |
| Otras (especificar) | Otras (especificar) (x) Reporte de lecturas Reporte de prácticas |
| Perfil profesiográfico | |
| Título o grado | Profesionales con formación en Ciencias Genómicas. |
| Experiencia docente | Con experiencia en investigación y docencia de al menos dos años en licenciatura o posgrado. |
| Otra característica | Docentes con estudios de posgrado. |
| Bibliografía básica | |
| Holler, D.A. (2001). Principios de análisis instrumental. España: McGraw-Hill/Interamericana. | |
| Lesk, A.M. (2007). Introduction to Genomics. USA: Oxford University Press. | |
| Lindon, J.C. (2010). The Handbook of Metabonomics and Metabolomics. Ireland: Elsevier. | |
| Pennington, S. R. & Dunn, M. J. (2001). Proteomics: From Protein Sequence to Function. USA: Bios Scientific Publishers. | |
| Silas, G. (2009). Metabolome analysis: an introduction. USA: Research and Markets. | |
| Bibliografía complementaria | |
| Bader, G.D. y Hogue, C.W. (2003). An automated method for finding molecular complexes in large protein interaction networks. BMC Bioinformatics. 4:2. | |
| Rodríguez, A. y Infante D. (2009). Network models in the study of metabolism. <i>Electron. J. Biotechnol.</i> 12(4):11-12. | |
| Papin, J.A., Price, D.N., Wiback, S.J., Fell, D.A. y Palsson, B.O. (2003). Metabolic pathways in the post-genome era. Trends in Biochemical Sciences 28:250-258. | |