

	Contenidos Programáticos Programas de Pregrado	Código	FGA-23 v.03
		Página	1 de 4

FACULTAD: CIENCIAS BASICAS

PROGRAMA: BIOLOGIA

DEPARTAMENTO DE: BIOLOGIA

CURSO:	BIOINFORMATICA	CÓDIGO:	156203
ÁREA:	PROFUNDIZACION		
REQUISITOS:		CORREQUISITO:	
CRÉDITOS:	3	TIPO DE CURSO:	TEORICO PRÁCTICO
FECHA ÚLTIMA ACTUALIZACIÓN	20/08/2018		

JUSTIFICACIÓN

La Bioinformática, el uso de técnicas computacionales, matemáticas y estadísticas para el análisis, interpretación y generación de datos biológicos y su aplicación es indispensable en la formación del estudiante de biología. Es un mecanismo para el estudio de la biología, ya que la masa total de información que debe procesarse se ubica muy lejos de la capacidad de la mente humana para revisar y analizar sin ayuda, para entender de manera tan completa e integral como sea posible los mecanismos moleculares que fundamentan la conducta de los organismos vivos. Los estudiantes, mediante el conocimiento de los eventos moleculares implicados en la transmisión y expresión de la información genética en los seres vivos, podrán

OBJETIVO GENERAL

Fomentar el análisis crítico orientado a la aplicación de los fundamentos teóricos de la bioinformática a situaciones reales.

OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Ubicar al estudiante dentro del contexto histórico que dio lugar al nacimiento de esta área del conocimiento.
- Proporcionar una visión global de las metodologías empleadas por la bioinformática y su aplicación en casos particulares.
- Identificar bases de datos utilizada en la biología
- Reconocer la importancia de algunas bases de datos y su aplicación en biología.

COMPETENCIAS

Contextualización del surgimiento y evolución de la bioinformática, de su desarrollo y de su proyección tanto en el ámbito de la investigación básica como de sus potenciales aplicaciones.
 Comparación y discernimiento de los procesos empleados en la bioinformática para el estudio de los organismos procariotas y eucariotas
 Conocimiento de los fundamentos de las metodologías básicas empleadas en bioinformática, sus aplicaciones actuales y futuras.

	Contenidos Programáticos Programas de Pregrado	Código	FGA-23 v.03
		Página	2 de 4

UNIDAD 1: Una panorámica general

TEMA	HORAS DE CONTACTO DIRECTO	HORAS DE TRABAJO INDEPENDIENTE DEL ESTUDIANTE
Concepto de la bioinformática y sus áreas de aplicación.	3	6
Bases de datos primarias, secundarias y terciarias		

UNIDAD 2: NCBI Entrez

TEMA	HORAS DE CONTACTO DIRECTO	HORAS DE TRABAJO INDEPENDIENTE DEL ESTUDIANTE
Pubmed	1	2
Nucleótidos	1	2
Proteínas	1	2
Transcritos	1	2

UNIDAD 3: Secuencias de ADN y análisis de datos

TEMA	HORAS DE CONTACTO DIRECTO	HORAS DE TRABAJO INDEPENDIENTE DEL ESTUDIANTE
NCBI, EMBL, DDBJ	1	2
Alineamiento de Secuencias	1	2
Blast	4	8

UNIDAD 4: Homología y Similitud (NCBI, EMBL, DDBJ)

TEMA	HORAS DE CONTACTO DIRECTO	HORAS DE TRABAJO INDEPENDIENTE DEL ESTUDIANTE
Homología	3	6
Similitud	3	6
Secuencias homólogas	3	6
Similitud en las secuencias	3	6

	Contenidos Programáticos Programas de Pregrado	Código	FGA-23 v.03
		Página	3 de 4

UNIDAD 5: Diseño de oligonucleótidos o primer

TEMA	HORAS DE CONTACTO DIRECTO	HORAS DE TRABAJO INDEPENDIENTE DEL ESTUDIANTE
PCR y RT-PCR	3	6
Análisis de secuencias	3	6
Diseño de Oligonucleótidos Forward y Rever	3	6
mRNA y cDNA	3	6

UNIDAD 6: Clonaje de DNA recombinante

TEMA	HORAS DE CONTACTO DIRECTO	HORAS DE TRABAJO INDEPENDIENTE DEL ESTUDIANTE
Diseño mapas de restricción de vectores utilizando software	3	6
Diseño de primer para la clonación	3	6
Utilización de software en comparación de secuencias	3	6
Alineamientos	3	6

UNIDAD 7: Genes

TEMA	HORAS DE CONTACTO DIRECTO	HORAS DE TRABAJO INDEPENDIENTE DEL ESTUDIANTE
GENBANK	3	6
CODIGO GENETICO		
Open Reading Frames (ORF)		
tRNA		

UNIDAD 8: Alineamiento de Secuencias y proteínas

TEMA	HORAS DE CONTACTO DIRECTO	HORAS DE TRABAJO INDEPENDIENTE DEL ESTUDIANTE
Alineamiento de secuencias	12	24
Alineamiento de secuencias múltiples		
Árbol filogenético		
Clustal, Jalview		

	Contenidos Programáticos Programas de Pregrado	Código	FGA-23 v.03
		Página	4 de 4

UNIDAD 9: Análisis comparativo de proteínas

TEMA	HORAS DE CONTACTO DIRECTO	HORAS DE TRABAJO INDEPENDIENTE DEL ESTUDIANTE
Alineamiento de secuencias de proteínas	12	24
Alineamiento de secuencias múltiples		
Prosite		
Pfam		

METODOLOGÍA

El curso se desarrollará mediante la discusión de material bibliográfico referente a cada tema, el cual debe ser revisado con anterioridad por los estudiantes para lograr una adecuada participación de los asistentes.

Se desarrollará un ejercicio de revisión bibliográfica personalizado, mediante el cual se busca que el estudiante desarrolle destrezas en: búsqueda bibliográfica actual en inglés, lectura y comprensión de lectura de documentos de carácter científico, redacción de un documento donde se asuma una posición crítica frente al tema seleccionado.

Se buscará reforzar todos los temas con el desarrollo de prácticas con tecnología actual, con las cuales se pretende que el estudiante relacione e integre los conceptos desarrollados en las sesiones teóricas.

Para el desarrollo de los temas se emplearán herramientas informáticas como software, bases de datos y páginas web de interés científico especializadas en genética y biología molecular.

Para la evaluación del curso se desarrollarán actividades como:

Evaluaciones prácticas de los temas desarrollados.

Preparación y presentación de artículos científicos por parte de los estudiantes de forma individual.

Participación en sesiones de discusión de temas específicos revisados por todos los asistentes.

Presentación de informes de las prácticas.

Desarrollo de trabajo de revisión bibliográfica.

BIBLIOGRAFÍA DISPONIBLE EN UNIDAD DE RECURSOS BIBLIOGRÁFICOS DE LA UNIVERSIDAD DE PAMPLONA

GenBank at the NCBI (Bethesda, Maryland, USA).

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Entrez>

The European Molecular Biology Laboratory (EMBL) Nucleotide Sequence Database at the European Bioinformatics Institute (EBI) in Hinxton, near Cambridge, UK

<http://www.ebi.ac.uk>

The DNA Database of Japan (DDBJ) at the National Institute of Genetics in Mishima, Japan. <http://www.ddbj.nig.ac.jp>.

The NCBI protein database (Entrez Proteins) - <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez>)

SWISS-PROT- <http://www.expasy.org/sprot>

TrEMBL (Translated EMBL) - <http://www.expasy.org/sprot>).

PIR (Protein Information Resource) - <http://pir.georgetown.edu>

	Contenidos Programáticos Programas de Pregrado	Código	FGA-23 v.03
		Página	5 de 4

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA

Bases de datos de motivos

PROSITE -<http://www.expasy.org/prosite>,

The BLOCKS database- <http://www.blocks.fhcrc.org>

The PRINTS database- <http://www.bioinf.man.ac.uk/dbbrowser/PRINTS>

Bases de datos de dominios

Pfam- <http://www.sanger.ac.uk/Software/Pfam>

Simple Modular Architecture Research Tool - <http://smart.embl-heidelberg.de>

The ProDom database- <http://www.toulouse.inra.fr/prodom.html>

Clusters of Orthologous Groups of proteins (COG) database, maintained at the NCBI <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/COG>

DIRECCIONES ELECTRÓNICAS DE APOYO AL CURSO

Scientific American

Journals:

Nature Genetics

Nature Reviews Genetics

PNAS

Microbiology and Molecular Biology Reviews

Nucleic Acids Research

Genetics

Science direct

Scopus