

Elaboró: Griselda Ávila-Soria

Fecha de elaboración: Octubre 2018

Programa de estudio de la materia:		<b>Curso teórico-práctico de análisis y caracterización molecular de genes y proteínas</b>			
CLAVE:		ÁREA DE FORMACIÓN Posgrado		TIPO:	Tópico Selecto
DEPARTAMENTO		Botánica y Zoología	NIVEL:		Maestría y Doctorado
Horas semana Conducción Docente	2	Horas semana trabajo individual	2		HORAS TOTALES: 64
CRÉDITOS:	4		Prerequisitos sugeridos:		

### PRESENTACIÓN DEL CURSO

Estudiantes de posgrado con intereses afines a aspectos de ecología evolutiva, biología molecular y bioquímica. Es aconsejable contar con un aula de computo con acceso a internet. Y que los alumnos tengan conocimientos básicos de bioquímica y genética.

### OBJETIVO GENERAL

Tiene como objetivo lograr que el alumno conozca las tendencias en genómica así como fundamentos básicos y metodologías más comunes en el análisis y caracterización molecular tanto de genes como proteínas. Los alumnos usarán información de colecciones privadas y públicas en conjunción con herramientas computacionales disponibles públicamente en la red y desde instalaciones locales de software.

### OBJETIVOS PARTICULARES

Se utilizará este conocimiento para responder cuestiones de carácter ecológico y evolutivo.

### PERFIL DE EGRESO

Se espera que los alumnos desarrollen la capacidad de analizar y elucidar mecanismos genéticos que tienen el potencial de modular e.i la viabilidad de las poblaciones, cambios en las comunidades, diversidad fenotípica o cambios en la composición de moléculas de defensa provocados por la interacción con el ambiente.

### COMPETENCIAS PROFESIONALES

El alumno tendrá capacidad para:

- De generar información biológica a partir del análisis de datos proteómicos y genómicos.
- Aplicar diferentes software especializados para el análisis de datos
- Analizar y evaluar la pertinencia de los métodos utilizados
- Derivar conclusiones a partir de resultados de análisis
- 

### METODOLOGÍA DEL CURSO (modalidad el proceso enseñanza aprendizaje)

Duración semestral, dos horas por sesión semanal, donde los primeros 40 minutos se

contempla introducciones teóricas y metodológicas y el tiempo restante están destinadas a que los alumnos bajo supervisión, Los alumnos a lo largo del semestre desarrollaran un proyecto de investigación de preferencia con moléculas de su interés. Se promovera la lectura y discusión de artículos actuales para reforzar las clases teorico practicas.

## CRITERIOS DE EVALUACIÓN

Participacion en practicas	30 %
Proyecto de investigacion	40 %
Seminario de investigacion	30 %
TOTAL	100 %

Para acreditar el curso es necesario contar con 80% de asistencia al curso,

## CONTENIDOS TEMÁTICOS

### 1.- Introducción a la bioinformática

Técnicas de secuenciación de ADN y analisis  
Principales bancos y bases de datos en biología molecular

### 2.- Colección de datos, análisis de secuencias de cDNA

Búsquedas en bases de datos BLAST y FASTA, ESTs  
Ejercicios de predicción de genes  
Anotación de genes y proteínas

### 3.- Predicción de la estructura de las proteínas

Conceptos de estructura de proteínas y función biología  
Identificación de dominios en proteínas: SMART, Superfamily, PFAM  
Predicción de estructura secundaria: ExPASy, JPRED, PHD, Psipred.  
Ventajas y desventajas en la predicción de estructura tridimensional.  
Visualización de estructuras tridimensionales de proteínas.

### 4.- Conceptos básicos de inferencia filogenética usando genesy proteinas

Terminología  
Elección de algoritmos óptimos de alineamiento  
Alineamiento de dos secuencias  
Alineamientos múltiples de secuencias  
Métodos de reconstrucción filogenética basados en distancias:

## BIBLIOGRAFIA RECOMENDA

DNA Sequencing: From Experimental Methods to Bioinformatics  
Luke Alphey

Problems and Solutions in Biological Sequence Analysis  
Mark Borodovsky and Svetlana Ekisheva

Structural Bioinformatics  
Philip E. Bourne, Helge Weissig

Discovering Genomics, Proteomics, and Bioinformatics  
A. Malcolm Campbell, Laurie J. Heyer

Protein Bioinformatics: An Algorithmic Approach to Sequence and Structure Analysis  
Ingvar Eidhammer, Inge Jonassen, William R.T. Taylor

Microarrays for an Integrative Genomics  
Isaac S. Kohane, Alvin Kho, Atul J. Butte

#### COLECCION DE DATOS Y ANALISIS DE GENES HOMOLOGOS

<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>  
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>  
<http://www.iridiangenomes.org>  
<http://www.marinegenomics.org/tools>  
<http://genome.jgi-psf.org/>

#### ANOTACION Y MOLECULAR CARACTERIZACION DE GENES Y PROTEINAS

<https://fungalgene.concordia.ca/tools/OrfPredictor.html>  
<http://www.blast2go.de/>  
<http://www.geneontology.org/GO.tools.annotation.shtml>  
<http://expasy.org/tools/>  
<http://merops.sanger.ac.uk/>  
<http://www.cbs.dtu.dk/services>  
<http://www.sanger.ac.uk/>  
<http://www.cbs.dtu.dk/services/SignalP/>  
[http://smart.embl-heidelberg.de/smart/set\\_mode.cgi?NORMAL=1](http://smart.embl-heidelberg.de/smart/set_mode.cgi?NORMAL=1)

#### PROGRAMAS SUGERIDOS PARA ANALISIS FILOGENETICOS

<http://ftp.ism.ac.jp:8000/ISMLIB/MOLPHY/>  
<http://www.datamonkey.org/>  
<http://www.ebi.ac.uk/Tools/clustalw2/index.html>  
<http://mrbayes.csit.fsu.edu/>

#### ARTICULOS A LEER POR LOS ALUMNOS

Yang, Z., I-TASSER server for protein 3D structure prediction. *BMC Bioinformatics* 2008, 9 (40)

Wegrzyn, J. L.; Drudge, T. M.; Valafar, F.; Hook, V., Bioinformatic analyses of mammalian 5'-UTR sequence properties of mRNAs predicts alternative translation initiation sites. *BMC Bioinformatics* 2008, 9 (232), doi:10.1186/1471-2105-9-232

Katzman, S.; Barrett, C.; Thiltgen, G.; Karchin, R.; Karplus, K., PREDICT-2ND: a tool for generalized protein local structure prediction. *Bioinformatics* 2008, 24 (21), 2453-2459

Barrett, A. J., Bioinformatics of proteases in the MEROPS database. *Curr Opin Drug Discov Devel.* 2004, 7 (3), 334-341.