



# UNIVERSIDAD DE GUADALAJARA

## CENTRO UNIVERSITARIO DE LA CIÉNEGA

DEPARTAMENTO DE CIENCIAS TECNOLÓGICAS

MATERIA: **BIOINFORMÁTICA**  
CLAVE DE LA MATERIA:

ELABORADO POR ACADEMIA DE AGROBIOTECNOLOGÍA

OCOTLÁN, JALISCO

**Perfil del docente:** Lic. en Biología, Biotecnología, Químico Farmacobiólogo,  
Ingeniero Agrónomo o formación afín en el área biológica

Fecha de Actualización: **21 / Enero / 2015**  
QFB. Luis Alfonso Muñoz Miranda

*[Handwritten signature]*

*[Handwritten signature]*

*[Handwritten signature]*

*[Handwritten signature]*

*[Handwritten signature]*

*[Handwritten signature]*

*[Handwritten signature]*

*[Handwritten signature]*

*[Handwritten signature]*

*[Handwritten signature]*

Carlos Efraín

*[Handwritten signature]*

PRÁCTICA  
TOTAL

60 h  
100 h

CRÉDITOS

9

TIPO DE CURSO

Teórico-Práctico

ÁREA DE FORMACIÓN

Básica Particular Obligatoria

PRERREQUISITOS

Ingeniería Genética y Biología Molecular

MATERIA SUBSECUENTE

Ninguna

**SISTEMA DE EVALUACIÓN:**

EXÁMENES	60%
PRÁCTICAS	30%
TAREAS	10%

**OBJETIVO GENERAL:**

El alumno adquirirá conocimientos que le permitirán comprender los fundamentos y aplicaciones de las herramientas bioinformáticas empleadas para el estudio, análisis e interpretación de bases de datos biológicas, con la finalidad de utilizar estos instrumentos para el conocimiento y aplicación en procesos biotecnológicos.

**CONTENIDO TEMÁTICO:**

**UNIDAD I. INTRODUCCIÓN A LA BIOINFORMÁTICA**

**Objetivo particular:** Conocer los aspectos generales en los que se desarrolla la Bioinformática.

- 1.1 Concepto de Bioinformática
- 1.2 Áreas afines a la Bioinformática
- 1.3 Reseña Histórica de la Bioinformática

**UNIDAD II. CONCEPTOS BÁSICOS DE BIOLOGIA MOLECULAR**

**Objetivo particular:** Conocer los conceptos básicos de Biología Molecular en los cuales se fundamenta el desarrollo de la Bioinformática.

- 2.1. DNA, genes e información genética
- 2.2. Características estructurales de la molécula del DNA
- 2.3. Flujo de la información genética: el dogma central de la Biología Molecular

Carlos Efraín

Carlos Efraín MD CGS

Alejandro

### UNIDAD III. INTRODUCCIÓN A LAS BASES DE DATOS BIOLÓGICAS

**Objetivo particular:** Conocer las bases de datos primarias y secundarias necesarias para la búsqueda de secuencias de ácidos nucleicos y proteínas.

- 3.1 Concepto de base de datos
- 3.2 Descripción de formatos de secuencias.
- 3.3 Obtención de datos a partir de bases de datos primarias.
  - 3.3.1 Bases de Datos de ADN
    - 3.3.1.1 National Center of Biotechnology Information
    - 3.3.1.2 GenBank
    - 3.3.1.2 European Molecular Biology Laboratory
      - 3.3.1.2.1 European Bioinformatics Institute
      - 3.3.1.2.3 DNA DataBank of Japan
  - 3.3.2 Bases de datos de proteínas
    - 3.3.2.1 UniProt (Universal Protein)
    - 3.3.2.2 PIR (Protein Information Resource)

### UNIDAD IV. BÚSQUEDA DE SIMILITUDES DE SECUENCIAS EN BASES DE DATOS

**Objetivo particular:** Conocer los algoritmos necesarios para la búsqueda de alineamientos para la comparación de secuencias.

- 4.1 Introducción a la búsqueda de similitudes en bases de datos
- 4.2 Algoritmos heurísticos FASTA y BLAST (Basic Local Alignment Search Tool)
- 4.3 Búsqueda de similitudes en bases de datos con FASTA y BLAST
- 4.4 Interpretación estadística de los resultados de búsquedas en bases de datos

### UNIDAD V. ALINEAMIENTO MÚLTIPLE DE SECUENCIAS

**Objetivo particular:** Conocer las herramientas bioinformáticas para el alineamiento de secuencias.

- 5.1 Introducción al alineamiento múltiple de secuencias
- 5.2 Clasificación de las técnicas para la producción de alineamientos múltiples
- 5.3 Editores de alineamientos
- 5.4 Técnicas para evaluar la calidad de alineamientos múltiples

### UNIDAD VI. ANÁLISIS FILOGENÉTICO DE DATOS MOLECULARES

**Objetivo particular:** Conocer las herramientas para la construcción de árboles filogenéticos.

- 6.1 Introducción y conceptos generales del análisis filogenético
- 6.2 Relación entre el alineamiento múltiple y el análisis filogenético
- 6.3 Árboles filogenéticos, modelos evolutivos
- 6.4 Métodos filogenéticos basados en la medición de distancias

*Carolina Santángel S.*

*[Handwritten signature]*

*[Handwritten signature]*

*[Handwritten signature]*

*Wana Estela Lopez Lopez*

*[Handwritten signature]*

*[Handwritten signature]*

*[Handwritten signature]*

*[Handwritten signature]*

*UP CGS. Carlos Efraín Alejandro*



interpretación de estructuras proteicas.

7.1 Introducción a la predicción de la estructura de proteínas

7.2 Clasificación de proteínas. Niveles de estructura. Descripción de los componentes estructurales de proteínas

7.3 Bases de datos de clasificación de estructuras

## BIBLIOGRAFÍA

Attwood T.K. y Parry-Smith D.J. 2002. Introducción a la Bioinformática. Primera edición. Prentice Hall, Madrid, España. 227 pp.

Baxevanis A.D. y Francis Queller B.F. 2005. Bioinformatics A practical guide to the analysis of genes and proteins. Tercera edición. Wiley. New Jersey. 540 pp.

David W. Mount. 2004. Bioinformatics Sequence and Genome Analysis. Segunda edición. Cold Spring Harbor Laboratory Press. New York, EUA. 692 pp.

Chelms Anthony T.

af



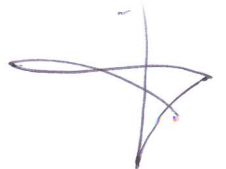






Juan Esteban Lopez Lopez





MQcgo. Carlos Efraín ~~Hegandrea~~