



UANL.

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE NUEVO LEÓN

FCB

FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS

Procesamiento de datos biológicos

Licenciatura en Biotecnología Genómica

```
... = modifier_ob.  
mirror object to mirror  
mirror_mod.mirror_object
```

```
operation == "MIRROR_X":  
mirror_mod.use_x = True  
mirror_mod.use_y = False  
mirror_mod.use_z = False  
operation == "MIRROR_Y":  
mirror_mod.use_x = False  
mirror_mod.use_y = True  
mirror_mod.use_z = False  
operation == "MIRROR_Z":  
mirror_mod.use_x = False  
mirror_mod.use_y = False  
mirror_mod.use_z = True
```

```
selection at the end -add  
mirror_ob.select= 1  
modifier_ob.select=1  
context.scene.objects.active  
("Selected" + str(modifier_ob.  
mirror_ob.select = 0  
bpy.context.selected_object  
data.objects[one.name].select  
print("please select exactly one
```

```
--- OPERATOR CLASSES ---  
types.Operator):  
X mirror to the selected  
object.mirror_mirror_X"  
mirror X"
```

```
context):  
context.active
```

Programa Analítico de la Unidad de Aprendizaje Nivel de Estudios de Licenciatura	Clave	Revisión
	RC-DI-002	00-07/17

**Universidad Autónoma de Nuevo León
Facultad de Ciencias Biológicas**

Licenciatura en Biotecnología Genómica

**Programa analítico
Procesamiento de datos biológicos**

I. Bienvenida

¡Hola a todos y Bienvenidos!

Les dio la más cordial bienvenida a la Unidad de Aprendizaje de “Procesamiento de datos biológicos” que se imparte en el tercer semestre de la Facultad de Ciencias Biológicas. Esta UA es de gran importancia en la formación de estudiantes de las Ciencias Biológicas ya que es un conjunto de conocimientos, habilidades y prácticas orientadas a programación mediante la cuales aprenderás a aplicar la lógica orientada a objetos para domar los datos provenientes de diversas áreas de la biología.

La UA Procesamiento de datos biológicos ha sido diseñada para que, a través de sus distintas actividades, conozcas los fundamentos base de la lógica de programación y manejo de rutinas de índole biológico, lo que te ayudará a desarrollar habilidades para implementar algoritmos de utilidad en el área biológica para así convertirte en un mejor investigador. Este conocimiento informático y lógico te será de utilidad no solo en tu trabajo como científico sino en otros aspectos de tu vida.

Esperamos que esta sea la oportunidad para todos de vivir una experiencia en la que compartamos nuestros conocimientos y que el material cubierto en el mismo sea de gran provecho en tu práctica profesional.

Programa Analítico de la Unidad de Aprendizaje Nivel de Estudios de Licenciatura	Clave	Revisión
	RC-DI-002	00-07/17

II. Programa Analítico

1. Datos de identificación:

Nombre de la institución y la dependencia:	Universidad Autónoma de Nuevo León
Nombre de la dependencia:	Facultad de Ciencias Biológicas
Nombre de la unidad de aprendizaje:	Procesamiento de datos biológicos
Total de tiempo guiado (teórico y práctico):	80 horas
Tiempo guiado por semana:	4 horas
Total de tiempo autónomo:	10 horas
Modalidad:	No escolarizada
Semestre:	3° Semestre
Tipo de unidad de aprendizaje:	Obligatoria
Área Curricular:	Formación básica (ACFB)
Créditos UANL :	3
Fecha de elaboración:	11/11/2021
Responsable(s) de la elaboración:	Dr. Patricio Zapata Morín
Fecha de última actualización:	No aplica
Responsable de la actualización:	No aplica
Fecha de la adecuación:	No aplica
Responsable de la adecuación:	No aplica

Programa Analítico de la Unidad de Aprendizaje Nivel de Estudios de Licenciatura	Clave	Revisión
	RC-DI-002	00-07/17

2. Presentación:

Esta unidad de aprendizaje estará compuesta por 3 fases, las cuales le permitirá al estudiante desarrollar competencias en el manejo de sets de datos de diversas áreas de la biología. En la primera fase, desarrollaran habilidades de programación para interpretar y transformar “Data Frames” de diversas áreas del conocimiento. En la segunda fase se emplearán diversas bases de índole multidisciplinario tal como la estadística y las matemáticas para aprender a generar y manipular modelos predictivos en base a la información biológica con la que se cuente. Por último en la tercera fase para fomentar en el estudiante el logro de las competencias generales y específicas establecidas en esta unidad de aprendizaje, se realizan actividades y evidencias que propician la adquisición de conocimiento significativo que a su vez, le permitirán desarrollar el producto integrador del aprendizaje, el cual consiste en una propuesta de solución dirigida a una problemática de índole biológico basado en la lógica de programación y estructuración de datos.

3. Propósito:

La unidad de aprendizaje Procesamiento de datos biológicos tiene como finalidad que el estudiante logre aplicar el manejo de sets de datos de diversas áreas de la biología. Es pertinente ya que desarrollaran habilidades de programación y preparación de “Data Frames” para aplicar en diferentes rondas estadísticas, matemáticas o inclusive para generar modelos predictivos en base a la información. Esta UA se relaciona con las UA antecedentes de Genómica funcional y Técnicas de Secuenciación y Anotación Masiva, estas forman parte del conocimiento previo sobre la cual se sustenta la presente unidad. Así mismo, se relaciona de forma subsecuente con la UA de Metodología de la investigación ya que aporta conocimientos relacionados con el procesamiento, obtención y análisis de datos cuantitativos necesarios para comprender los procesos biológicos.

La Unidad de aprendizaje moldea el perfil de egreso de esta materia para que el estudiante adquiera el conocimiento y habilidades para el estudio integral de procesos de programación y manejo de datos orientado a estas áreas trabajando en conjunto con sus compañeros para el bien común (7.2.2). Esta unidad contribuye al fortalecimiento de las habilidades del estudiante en el área de la genómica, que podrá aplicar en el desarrollo de estrategias básicas de ensamblaje, alineamientos, entre muchas otras rutinas de la bioinformática a través de su propia actitud de compromiso indagando de forma autónoma y respetando las diferencias interaccionales de los compañeros (9.2.1). A través de estas propuestas serán una ventaja competitiva para el futuro profesionista, quien deberá desenvolverse a un contexto laboral en el que la demanda de optimización o generación de rutinas para el análisis crítico de información biológica de diversas índoles atendiendo el impacto que estas mismas traerán a solucionar problemas (12.2.2). Así mismo, la Unidad de Aprendizaje aporta al desarrollo de competencias específicas para que el egresado utilice el procesamiento de datos biológicos para realizar procesos descritos relacionados con los procesos actuales de biotecnología, así como para entender y participar en investigación de su campo de especialización tanto nacional como internacional. (Esp. 1) logrará desarrollar diagnósticos mediante el manejo de sets de datos atendiendo a las necesidades de la sociedad actual (Esp. 2) y diseñará estrategias siguiendo las recomendaciones de la OMS, independientemente del idioma o del contexto en el que se encuentre (Esp. 3), así como el uso de modelos predictivos para el diseño de medicamentos y tratamientos clínicos.

Programa Analítico de la Unidad de Aprendizaje Nivel de Estudios de Licenciatura	Clave	Revisión
	RC-DI-002	00-07/17

4. Competencias del perfil de egreso:

Competencias generales a las que contribuye esta unidad de aprendizaje:

Competencias instrumentales:

7 - Elaborar propuestas académicas y profesionales inter, multi y transdisciplinarias de acuerdo a las mejores prácticas mundiales para fomentar y consolidar el trabajo colaborativo.

Competencias personales y de interacción social:

9 - Mantener una actitud de compromiso y respeto hacia la diversidad de prácticas sociales y culturales que reafirman el principio de integración en el contexto local, nacional e internacional con la finalidad de promover ambientes de convivencia pacífica.

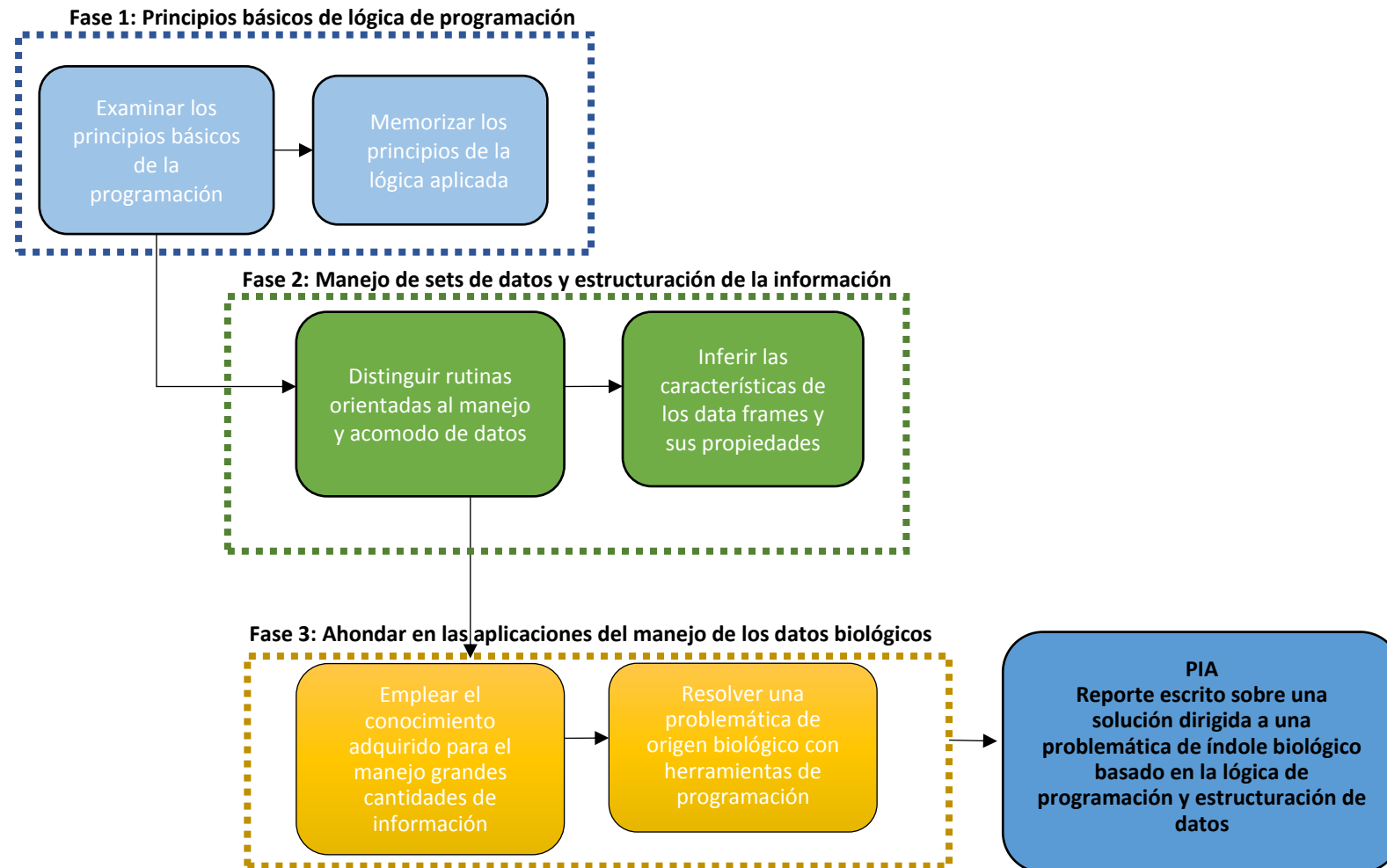
Competencias integradoras:

12 - Construir propuestas innovadoras basadas en la comprensión holística de la realidad para contribuir a superar los retos del ambiente global interdependiente.

Competencias específicas a las que contribuye la unidad de aprendizaje:

1. Diseñar protocolos experimentales relacionados con la química biológica, utilizando el conocimiento teórico, metodológico e instrumental, tradicional y de vanguardia, de las ciencias exactas, la biología y la química, que sean aplicados en el estudio de los fenómenos naturales y la biodiversidad, de manera lógica, creativa y propositiva, con la finalidad de conservar los recursos bióticos y el medio ambiente en beneficio de la sociedad. Implementar metodologías analíticas en los laboratorios químicos-biológicos, microbiológicos y biotecnológicos que se apliquen a problemáticas biomédicas, agropecuarias, industriales y/o ambientales, para aportar resultados respaldados por la validación de los procesos empleados, en beneficio de la salud y la economía de la comunidad.
2. Desarrollar diagnósticos moleculares a través de la identificación de organismos patógenos, aplicando técnicas tradicionales y de vanguardia de manera eficaz, así como el uso de herramientas innovadoras en su detección, que le permitan el estudio y tratamiento de enfermedades genéticas en los ámbitos sanitario, económico y social.
3. Diseñar estrategias de detección, modificación y selección de genomas, mediante la identificación de genes, proteínas o componentes metabólicos celulares, siguiendo la normatividad vigente en materia de bioseguridad de Organismos Genéticamente Modificados (OGMs) y evaluando su ventaja competitiva al ser comparadas con lo utilizado tradicionalmente, con el fin de desarrollar productos, procesos y servicios biotecnológicos en los sectores salud, agrícola, pecuario, industrial y ambiental.
4. Diseñar medicamentos y tratamientos clínicos, mediante la selección de microorganismos con rutas metabólicas productivas en el mercado de prebióticos, probióticos y aditivos, así como genomas virales de aplicación biotecnológica en los sectores agrícola, pecuario, industrial y ambiental que le permitan desarrollar productos y procesos en la prevención de enfermedades.

5. Representación gráfica:



6. Estructuración en fases de la unidad de aprendizaje:

Fase 1. Principios básicos de lógica de programación

Elemento de competencia: Examinar todos los elementos relacionados con la lógica básica de la programación declarativa para ser competente en el área de la informática.

Evidencia de aprendizaje	Criterios de evaluación de la evidencia	Actividades de aprendizaje	Contenidos	Recursos
Código para evaluar la veracidad de la función <code>rnorm()</code> del lenguaje de programación R.	<p>Se desarrolla en equipo, y cuenta con lo siguiente:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Uso de loops necesarios para comprender la probabilidad de producir resultados positivos y negativos de 1, 2 y 3 desviaciones estándar mediante el uso de la función. 2. Agrega comentario en el código (#) justificando la razón de la selección de los loops empleados. 3. El código tiene una estructura adecuada y no redundante para librar de la manera más práctica y simple el problema expuesto. 	<p>El estudiante entrega el primer avance del PIA "Presentación de un diagrama de flujo con su respectivo pseudocódigo, del algoritmo para resolver una problemática de índole biológico"</p> <p>El estudiante, de manera individual, revisa el material bibliográfico y audiovisual proporcionado sobre los conceptos clave del lenguaje y lógica de programación.</p> <p>El profesor divide el grupo en equipos, para realizar la actividad "Código para evaluar la veracidad de la función <code>rnorm()</code> del lenguaje de programación R"</p> <p>El profesor asigna un proyecto hipotético (elección libre).</p>	<ul style="list-style-type: none"> - Teoría de diagramas de flujo - Conceptos clave de programación (código, pseudocódigo, lenguaje de programación, GUI, etc...) - Introducción al lenguaje de programación R - Instalación de R y R studio. - Tipos de variable - Uso Variables - Variables lógicas y operaciones - El loop "while" - Uso de la consola - El loop "for" - La declaración "if" (else) 	<ol style="list-style-type: none"> 1.- Clases en la plataforma TEAMS/Nexus 2.- Material bibliográfico relacionado con el tema. Susan Holmes, (2020) Modern Statistics for Modern Biology 3.- Guías de Actividades y Evidencia de Aprendizaje. 4.- Códigos y material del curso. <ul style="list-style-type: none"> - Introducción al lenguaje de programación R - Instalación de R y R studio. - Tipos de variable - Uso Variables - Variables lógicas y operaciones - El loop "while" - Uso de la consola - El loop "for" - La declaración "if" (else) 5.- Fuentes de consulta: Mathé 2016, capítulo 1 al 5. <p>Videos sobre el tema:</p>

		El estudiante describe el proyecto asignado (Avance 1 PIA).		
--	--	---	--	--

Fase 2. Manejo de sets de datos y estructuración de la información

Elemento de competencia: Diferenciar las aplicaciones de las rutinas orientadas al manejo y acomodo de datos, identificando de manera detallada las características de los data frames y sus propiedades con la finalidad de mejorar el aislamiento de información de utilidad para el área de interés, esto con la intención de potenciar la relevancia de la información de utilidad y optimizar los resultados de los análisis posteriores que se apliquen a los sets de datos.

Evidencia de aprendizaje	Criterios de evaluación de la evidencia	Actividades de aprendizaje	Contenidos	Recursos
Código para la visualización de la información proporcionada en el Data set "Tabla_resultados" mediante el uso de la herramienta ggplot2 del lenguaje de programación R.	Se desarrolla en equipo, y cuenta con lo siguiente: 1. Selección de las columnas o sub-sets de datos necesario para facilitar la visualización de la información más relevante del Data set. 2. Emplea un mínimo de 3 opciones visuales de la herramienta ggplot2 para representar la información de las columnas o sub-sets de datos seleccionados en el anterior punto. 3. Agrega comentarios en el código (#) justificando la razón del porqué se seleccionaron dichas columnas o sub-set, al	El estudiante entrega el segundo avance del PIA "Presentación de la implementación del seudocódigo mostrado en la etapa 1." Esta actividad se hará en equipo. El estudiante, de manera individual, revisa el material bibliográfico y audiovisual proporcionado sobre los conceptos clave del lenguaje y lógica de programación. El profesor divide el grupo en equipos, para realizar la actividad "Código para la visualización de la información proporcionada en el Data set 'Tabla_resultados' mediante el uso de la herramienta ggplot2	- Fundamentos de R - Que es un vector (en R) - Creación de vectores - Usando los [] Brackets - Operaciones vectorizadas - Funciones en R - Paquetes en R - Matrices - Matriz - Construye tu primer Matriz - Nombrando Dimensiones - Colnames() y Rownames() - Operaciones de matriz - Visualizando con matplot() - Sub-conjuntos - Visualizando sub-conjuntos - Creando tu primera función - Data Frames - Ejemplo: Análisis demográfico - Importando Datos - Exportando tu set de datos	1.- Clases en la plataforma TEAMS/Nexus 2.- Material bibliográfico relacionado con el tema. Susan Holmes, (2020) Modern Statistics for Modern Biology 3.- Guías de Actividades y Evidencia de Aprendizaje. 4.- Códigos y material del curso. - Fundamentos de R - Que es un vector (en R) - Creación de vectores - Usando los [] Brackets - Operaciones vectorizadas - Funciones en R - Paquetes en R - Matrices - Matriz - Construye tu primer Matriz - Nombrando Dimensiones - Colnames() y Rownames()

	<p>igual de la explicación del porqué de las gráficas empleadas.</p> <p>4. El código tiene una estructura adecuada y no redundante para librar de la manera más práctica y simple el problema expuesto.</p>	<p>del lenguaje de programación R”.</p> <p>El estudiante describe el proyecto asignado (Avance 2 PIA).</p> <p>Examen parcial del contenido de la fase 1 y 2. El estudiante contestará diversos planteamientos hipotéticos y cuestiones emitidas por el Profesor.</p>	<ul style="list-style-type: none"> - Usando el signo de \$ - Operaciones básicas con Data Frames - Filtrando una Data Frame - Introducción al Qplot() - Construcción de un Data Frame - Unión de Data Frames - Visualizando con Qplot 	<ul style="list-style-type: none"> - Operaciones de matriz - Visualizando con matplotlib() - Sub-conjuntos - Visualizando sub-conjuntos - Creando tu primera función - Data Frames - Ejemplo: Análisis demográfico - Importando Datos - Exportando tu set de datos - Usando el signo de \$ - Operaciones básicas con Data Frames - Filtrando una Data Frame - Introducción al Qplot() - Construcción de un Data Frame - Unión de Data Frames - Visualizando con Qplot <p>5.- Examen en la plataforma TEAMS</p> <p>6.- Fuentes de consulta: Mathé 2016, capítulo 6 al 10.</p>
--	---	--	--	--

Fase 3. Ahondar en las aplicaciones del manejo de los datos biológicos

Elemento de competencia: Examinar como el análisis de RNA-seq y sus derivados presentan grandes cantidades de información las cuales mediante data frames son fáciles de interpretar, con la intención de mejorar la comprensión de los procesos involucrados en el comportamiento del sistema.

Evidencia de aprendizaje	Criterios de evaluación de la evidencia	Actividades de enseñanza y aprendizaje	Contenidos	Recursos
Reporte escrito acerca del proyecto de RNA-seq	El reporte escrito será presentado en equipo y deberá contar con lo siguiente:	El estudiante entrega el tercer y último avance del PIA “Reporte escrito de la solución hacia una	<ul style="list-style-type: none"> - Análisis informático de secuencias RNA-seq - Limpieza 	<ul style="list-style-type: none"> 1.-Archivos de RNA-seq 2.- Clases en la plataforma TEAMS/Nexus

Programa Analítico de la Unidad de Aprendizaje Nivel de Estudios de Licenciatura	Clave	Revisión
	RC-DI-002	00-07/17

	<p>1.- Introducción (descripción del escenario del proyecto)</p> <p>2.-Desarrollo del código para el análisis del estudio</p> <p>3.-Presentación de los resultados en forma de reporte</p> <p>4.-Interpretación de los resultados en forma de Discusión</p> <p>5.-Sugerencias de que se puede hacer en un estudio subsecuente para entender más del sistema</p> <p>6.-Literatura Consultada</p>	<p>problemática de índole biológico basado en la lógica de programación y estructuración de datos.” Esta actividad se hará en equipo.</p> <p>Los estudiantes toman notas de la presentación del maestro acerca de las particularidades del uso de algoritmos para aplicaciones biológicas.</p> <p>El profesor divide el grupo en equipos, para realizar la actividad “Reporte escrito acerca del proyecto de RNA-seq”.</p> <p>El estudiante describe el proyecto asignado (Avance 3 PIA).</p> <p>Examen parcial del contenido de la fase 3. El estudiante contestará diversos planteamientos hipotéticos y cuestiones emitidas por el Profesor.</p>	<p>- Normalizado</p> <p>- Expresión diferencial (DE)</p> <p>- Enriquecimiento de set de genes (GSEA)</p>	<p>3.- Material bibliográfico relacionado con el tema. Susan Holmes, (2020) Modern Statistics for Modern Biology</p> <p>4.- Guías de Actividades y Evidencia de Aprendizaje.</p> <p>5.- Códigos y material del curso.</p> <p>- Análisis informático de secuencias RNA-seq</p> <p>- Limpieza</p> <p>- Normalizado</p> <p>- Expresión diferencial (DE)</p> <p>- Enriquecimiento de set de genes (GSEA)</p> <p>6.- Examen en la plataforma TEAMS</p> <p>7.- Fuentes de consulta: Mathé 2016, capítulo 10 al 16.</p>
--	---	---	--	--

Programa Analítico de la Unidad de Aprendizaje Nivel de Estudios de Licenciatura	Clave	Revisión
	RC-DI-002	00-07/17

7. Evaluación integral de procesos y productos (ponderación / evaluación sumativa).

Esquema global de evaluación de la Unidad de Aprendizaje.

Aspecto a evaluar	Porcentaje
Evaluación Diagnóstica	Requisito indispensable
Portafolio de Evidencias de Aprendizaje: <ul style="list-style-type: none"> - Primera Fase (15%) - Segunda Fase (25%) - Tercera Fase (25%) 	65%
Examen Final	N/A
Producto Integrador de Aprendizaje	35%
Calificación final	100%

Esquema de evaluación de la Unidad de Aprendizaje desglosada por Etapas y Evidencias de Aprendizaje:

Fase	Evidencia de aprendizaje	Ponderación
Primera Fase (15%)	Actividad ponderable 1.1. Desarrollo del código para evaluar la veracidad de la función rnorm().	15 puntos
Segunda Fase (25 %)	Actividad ponderable 2.1. Desarrollo del código para la visualización de la información proporcionada en el Data set "Tabla_resultados".	15 puntos
	Actividad ponderable 2.2. Examen teórico fase II	10 puntos
Tercera Fase (25%)	Actividad ponderable 3.1. Reporte escrito de RNA-seq.	15 puntos
	Actividad ponderable 3.2. Examen teórico fase III	10 puntos
Exámenes		20 puntos
Producto Integrador de Aprendizaje		35 puntos
		TOTAL 100 puntos

Programa Analítico de la Unidad de Aprendizaje Nivel de Estudios de Licenciatura	Clave	Revisión
	RC-DI-002	00-07/17

8. Producto integrador del aprendizaje de la unidad de aprendizaje

Producto Integrador de Aprendizaje: Reporte escrito sobre una solución hacia una problemática de índole biológico basado en la lógica de programación y estructuración de datos.	
Instrucciones:	<p>El reporte se desarrollará y presentará en equipo, y deberá contar con lo siguiente:</p> <p>Introducción: En este apartado se dará una descripción del tipo de proyecto abordado. Se utilizará el diagrama de flujo presentado en el avance de la etapa 1 y la descripción del pseudocódigo presentado en la etapa 2 para explicar de manera general la tarea que el script realiza.</p> <p>Metodología: Describir las herramientas y funciones de manera enumerada y ordenada que fueron empleadas para la ejecución del script presentado</p> <p>Resultados: Mostrar en forma de tabla o imagen con su respectiva descripción, cada uno de los resultados que el script ofrezca.</p> <p>Discusión: Reportar la funcionalidad del script presentado en relación con lo que pudiese ya existir en literatura.</p> <p>Conclusión: Definir la relevancia del script presentado.</p> <p>Literatura Consultada: Reportar los artículos y códigos en los que te basaste para realizar tu script</p> <p>Portada con datos personales, de la materia y profesor.</p>
Valor:	35 puntos

Programa Analítico de la Unidad de Aprendizaje Nivel de Estudios de Licenciatura	Clave	Revisión
	RC-DI-002	00-07/17

Criterios de evaluación:	<p><u>Criterios de fondo</u></p> <ul style="list-style-type: none"> • Contenido de la introducción: Sintetiza de manera concisa los aspectos más importantes acerca de todos los siguientes puntos: <ul style="list-style-type: none"> - El problema en cuestión - La relevancia del problema a tratar • Contenido de los resultados: Presenta visualización de la tecnología que mejor cumpla los criterios para el reto indicado. <ul style="list-style-type: none"> - Debe incluir el esquema del diagrama de flujo y el seudocódigo - Debe incluir la explicación explícita de la implementación del código - De ser posible agregar imágenes de los resultados obtenidos del algoritmo • Contenido de la discusión: Detalla y discute las posibles implicaciones de todos los resultados mencionados en la sección anterior. Compara la mayoría de sus resultados con la literatura y otras fuentes relevantes. • Contenido de las conclusiones: Sumariza todos los puntos relevantes mencionados en su discusión y detalla las perspectivas futuras para la secuencia que ha obtenido (en el contexto específico que detallará el profesor). • Contenido de las referencias: Todas las afirmaciones que requieren de fuentes tienen una fuente en esta sección. <p><u>Criterios de forma</u></p> <ul style="list-style-type: none"> • Puntualidad: Entrega en la fecha estipulada • Formato general: Portada institucional • Redacción general: Ortografía, sintaxis y estilo.
Forma de trabajo:	Colaborativa
Medio de entrega:	Plataforma educativa Nexus.

Programa Analítico de la Unidad de Aprendizaje Nivel de Estudios de Licenciatura	Clave	Revisión
	RC-DI-002	00-07/17

9. Fuentes de apoyo y consulta.

- Alberts et al. Molecular Biology of the Cell (Sixth Edition, 2014). Garland Publishing, Inc.
- Alberts, B., Johnson, A., Lewis, J., Raff, M., Roberts, K., y Walter, P. 2015. Molecular Biology of the Cell, 6a Edición. Garland Science.
- Hans-Jürgen Butt, Karlheinz Graf, Michael Kappl, Physics and Chemistry of Interfaces, WILEY-VCH GmbH & Co. KGaA Krebs, JE., ES. Goldstein and ST. Kilpatrick. 2018. Genes XII. Jones & Bartlett Learning International. EUA
- Lewis, P.J., GP. Doherty, and J. Clarke. 2008. Transcription factor dynamics. Microbiology 154:1837–1844
- Mark Abraham, Berk Hess, David van der Spoel, and Erik Lindahl., GROMACS Groningen Machine for Chemical Simulations, USER MANUAL Version 5.0.4 (<https://ftp.gromacs.org/pub/manual/manual-5.0.4.pdf>)
- Margaret Robson Wright, An Introduction to Aqueous Electrolyte Solutions, John Wiley & Sons Ltd
- Michael M. Cox, Jennifer Doudna, Michael O'Donnell. Molecular Biology: principles and practice. (2th Edition, 2015). W.H. Freeman.
- Mathé, Ewy, Davis, Sean (Eds.). Statistical Genomics: Methods and Protocols. Springer Roderick D.M. Page, Edward C. Holmes. Molecular Evolution: A Phylogenetic Approach.
- Robert Weaver. Molecular Biology (5th Edition, 2012). McGraw-Hill. Susan Holmes, Wolfgang Huber, Modern Statistics for Modern Biology. BY-NC-SA
- Yang, Ziheng. (2014). Molecular evolution. A statistical approach. 10.1093/acprof:oso/9780199602605.001.0001

III. Documentos Generales

1. Metodología

NOTA: La “Metodología General de Unidades de Aprendizaje en Modalidad a Distancia” propuesta por la Dirección de Educación a Distancia puede establecerse como una metodología base, considerando la incorporación de las particularidades o elementos requeridos para cada Unidad de Aprendizaje bajo esta modalidad educativa.

2. Compromisos

NOTA: Los “Compromisos generales para la modalidad a distancia”, se ha establecido como un documento base para las unidades de aprendizaje en esta modalidad educativa.