



**Universidad Autónoma de Nuevo León
Facultad de Ciencias Biológicas
Licenciado en Biotecnología Genómica**



1. Datos de identificación

- | | |
|---|---|
| • Nombre de la institución y de la dependencia: | Universidad Autónoma de Nuevo León
Facultad de Ciencias Biológicas |
| • Nombre de la unidad de aprendizaje: | Bioinformática y Simulaciones |
| • Horas aula-teoría y/o práctica, totales: | 72 |
| • Horas extra aula, totales: | 18 |
| • Modalidad: | Escolarizada |
| • Tipo de periodo académico: | 5º. Semestre |
| • Tipo de Unidad de aprendizaje: | Obligatoria |
| • Área Curricular: | ACFP |
| • Créditos UANL: | 3 |
| • Fecha de elaboración: | 06/03/2012 |
| • Fecha de última actualización: | 05/01/2013 |
| • Responsable(s) del diseño: | Lic. J. Claudio Moreno Rocha |

2. Propósito(s)

El propósito de esta Unidad de Aprendizaje (UA) es conocer las bases de datos genómicas y las herramientas que permitan extraer la información de los genomas almacenados en ellas. Así mismo las herramientas necesarias para el análisis de genomas y poder hacer la predicción de la función de las secuencias identificadas. Además de esta unidad de aprendizaje pretende introducir los conceptos de simulaciones de experimentos permitiendo detallar las condiciones ideales para ensayarlos de manera práctica.

Esta UA requiere de las competencias adquiridas en la unidad previa de Bioinformática, mientras que las competencias adquiridas en esta UA impactan directamente a las unidades de aprendizaje de Genómica estructural y Genómica Funcional.

La UA de Bioinformática y Simulaciones, contribuye enormemente al dominio de los diferentes lenguajes empleados tales como el lógico, el matemático, entre otros. El desarrollo de las competencias requiere de forma indispensable del manejo de las tecnologías de información de manera avanzada lo que requiere inevitablemente el manejo del idioma inglés. Al finalizar el curso, el alumno podrá emplear sus conocimientos para intervenir propositivamente ante los retos de la sociedad actual, generando propuestas de solución que resuelvan las diversas problemáticas del mundo actual, de forma ética y sustentable.

3. Competencias del perfil de egreso

- ❖ Competencias generales a las que contribuye esta unidad de aprendizaje
 - Manejar las tecnologías de la información y la comunicación como herramienta para el acceso a la información y su transformación en conocimiento, así como para el aprendizaje y trabajo colaborativo con técnicas de vanguardia que le permitan su participación constructiva en la sociedad. (3)
 - Intervenir frente a los retos de la sociedad contemporánea en lo local y global con actitud crítica y compromiso humano, académico y profesional para contribuir a consolidar el bienestar general y el desarrollo sustentable.(10)
 - Construir propuestas innovadoras basadas en la comprensión holística de la realidad para contribuir a superar los retos del ambiente global interdependiente.(12)
- ❖ Competencias específicas del perfil de egreso a las que contribuye la unidad de aprendizaje
 - Diseñar estrategias de detección, modificación y selección de genomas, empleando conocimientos de la genómica y técnicas de manipulación de genes, para el desarrollo de productos, procesos y servicios biotecnológicos de los sectores salud, agrícola, pecuario, industrial y ambiental. (3)

4. Factores a considerar para la evaluación de la unidad de aprendizaje

Esta UA se evaluará utilizando los siguientes criterios:

Ejecución de ejercicios en las horas de práctica asignadas a esta Unidad.

Presentación de evaluaciones escritas al final de cada parcial.

Presentación y entrega de productos integradores parciales.

Ejecución y entrega de un producto integrador global.

5. Producto integrador de aprendizaje

El producto integrador lo constituye el desarrollo de tres productos parciales los cuales son:

Primer Parcial: La creación de un archivo simulado de la entrada de una secuencia ficticia una de las tres bases de datos primarias de Genes.

Segundo Parcial: Diseño de oligonucleótidos específicos para detectar y diferenciar cepas patógenas de *Listeria monocytogenes*.

Tercer Parcial: Búsqueda de una vía metabólica de humano y la comparación de sus componentes con los de tres organismos modelo en investigación básica.

6. Fuentes de apoyo y consulta (bibliografía, hemerografía, fuentes electrónicas)

Bibliografía

Brown T.A. 2002 Genomes 2º Ed Garland Science, New York, NY.

Koonin E.V. y Galperin M.Y. 2003 Sequence – Evolution – Function. Computational approaches in Comparative Genomics Kluwer Academia Publishers, Boston, MA.

Lesk A.M. 2008. Introduction to Bioinformatics. 3th Ed. Oxford University Press. New York, NY.

Pevsner J. 2009 Bioinformatics and Functional Genomics 2º Ed John Wiley & Sons Inc. Hoboken, NJ.

Revistas

Bioinformatics, Oxford Journals (<http://bioinformatics.oxfordjournals.org/>).

BMC Bioinformatics, BioMed Central Journals (<http://www.biomedcentral.com/bmcbioinformatics/>).

Sitios en Internet

European Bioinformatics Institute - European Molecular Biology Laboratory (EBI-EMBL) (<http://www.ebi.ac.uk/>). Fecha de la última consulta 05/01/2013

National Center for Biotechnology Information. (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>). Fecha de la última consulta 05/01/2013

UCSC Genome Bioinformatics Site (<http://genome.ucsc.edu/>). Fecha de la última consulta 05/01/2013