I. DATOS DEL PROGRAMA Y LA ASIGNATURA	
NOMBRE DEL PROGRAMA	MAESTRÍA EN CIENCIAS EN EL USO, MANEJO Y PRESERVACIÓN DE LOS RECURSOS NATURALES
NOMBRE DE LA ASIGNATURA	Métodos Computacionales en Bioinformática
CLAVE	9310

TIPO DE ASIGNATURA	OBLIGATORIA		OPTATIVA	X

TIPO DE ASIGNATURA	TEÓRICA	X	PRÁCTICA		TEÓRICA-PRÁCTICA	

NÚMERO DE HORAS	76
NÚMERO DE CRÉDITOS*	8
TRIMESTRE EN EL QUE SE IMPARTIRÁ	Mayo-Agosto
FECHA DE ÚLTIMA ACTUALIZACIÓN	25/08/2025

*Cada crédito equivale a ocho horas de clases teóricas, 16 horas de clases prácticas o 30 horas de trabajo de investigación.

RESPONSABLE DE LA ASIGNATURA	Ricardo Vázquez Juárez	CLAVE SNI 6651
SUPLENTE DE LA ASIGNATURA	Cristina Escobedo Fregoso	161576
PROFESORES PARTICIPANTES	Ricardo Vázquez Juárez Martha Patricia Hernández Cortes Liliana Carolina Rojo Arreola Julio Antonio Hernández Aarón Barraza Celis (Cátedras CONACYT) Crisalejandra Rivera Pérez Fausto Valenzuela Quiñonez Vladimir de Jesús Sánchez Bonilla. Cristina Escobedo Fregoso	6651 15421 220577 100703 169219 173780 235142 370347 161576

I. DESCRIPCIÓN DEL CONTENIDO DEL PROGRAMA DEL CURSO O ASIGNATURA
A) OBJETIVO GENERAL
I. Presentar los principios en los que se basan los métodos computacionales utilizados en Bioinformática. El manejar estos conceptos permite al alumno hacer mejor selección y uso de los programas existentes, de la interpretación de los resultados, y asimismo le brinda la capacidad de entender futuras aplicaciones. II. Familiarizar al alumno con el uso de los programas computacionales, bases de datos, y recursos bioinformáticos disponibles.

B) DESCRIPCIÓN DEL CONTENIDO	
TEMAS Y SUBTEMAS	TIEMPO (Horas)
Tema I. INTRODUCCIÓN A LA BIOINFORMÁTICA I.1. Definición de bioinformática I.2. Generalidades de genómica funcional I.3. Conceptos básicos I.4. Evolución de la bioinformática	8
Tema II. CLASIFICACIÓN DE PROTEÍNAS Y PREDICCIÓN DE ESTRU II.1. Bases de datos II.2. Herramientas de búsquedas	8
Tema III. MODELACIÓN DE PROTEÍNAS III.1. Principales bases de datos primarias con información estructural III.2. Programas de visualización y manipulación de estructuras III.3. Clasificación y comparación de estructuras. III.4. Predicción de estructura por homología	8
Tema IV. INTRODUCCIÓN A Linux IV.1 Comandos Básicos IV.2. Administración de archivos IV.3. Flujos de trabajo (Pipelines)	8
Tema V. ANÁLISIS DE GENOMAS V.1. Genomas eucariotas V.1.1. Organización y estructura de genomas V.1.2. Determinación de *splicing* V.1.3. Genómica comparativa, sintenia V.1.4. Secuencias promotoras V.2.1. Genomas procariotas V.2.1. El contexto genómico (cromosomas, plásmidos, fagos, elementos móviles) V.2.2. Ensambladores V.2.3. Anotación genómica V.2.4. Visualización	18
Tema VI. Metagenómica VI.1. Aspectos generales metagenómica VI.2. Plataformas de análisis metagenómicos VI.3. Filtrado de calidad de secuencias, detección de quimeras, agrupación taxonómica	8

VI.4. Generación de tablas de OTUS VI.5. Índices de biodiversidad (diversidad α y β) VI.6. Ordinación de datos	
Tema VII. PREDICCIÓN FILOGENETICA VII..1. Métodos de predicción VII.2. Máxima Parsimonia VII.3. Distancias VII.4. Máxima Verosimilitud VII.5 Inferencia Bayesiana VII.6. Evaluación (análisis Bootstrap) VIII.3. Análisis de expresión diferencial	8
Tema VIII. ANÁLISIS DE TRANSCRIPTOMA VIII.1. Limpieza de lecturas VIII.2. Ensamblaje VIII.4. Anotación	10
TOTAL	76

II. BIBLIOGRAFÍA

Libros de texto:

Pevsner Jonathan. 2009. Bioinformatics and Functional Genomics, Second Edition. John Wiley & Sons, Inc.

III. PROCEDIMIENTO O INSTRUMENTOS DE EVALUACIÓN

CRITERIOS DE EVALUACIÓN

La evaluación del curso se basará en los criterios de (a) exámenes (en línea o escritos), (b) participación en clase y (c) trabajos de investigación y/o participación. El profesor de cada módulo definirá al principio del mismo cuáles serán sus criterios dentro de este marco y la ponderación que le dará a cada criterio.

1. Para poder acreditar el curso en su totalidad, cada uno de los alumnos deberá acreditar con calificación mínima promedio de 8 (ocho). Las calificaciones menores a 7.8 no son aprobatorias.
2. Para poder acreditar el curso, los alumnos deben cubrir más del 85% de asistencia de todo el curso, sin excepción. Faltas por 2 o más horas en tres unidades son consideradas suficientes para no acreditar la asignatura.

3. A todos los alumnos se les solicita atentamente asistir puntualmente a clase y no tener sobrepuestas otras actividades en el mismo horario de la asignatura.

ACTIVIDADES DE APRENDIZAJE

El sistema de aprendizaje se basará en las clases teóricas apoyadas con material audiovisual,

videos, mesas redondas, consultas a internet y prácticas desarrolladas *in silico*.