



1. **NOMBRE DE LA ASIGNATURA:** FUNDAMENTOS Y APLICACIONES DE LAS CIENCIAS ÓMICAS

**Ciclo:** Primero o Segundo semestre

**Carga horaria:** 4 horas semanales

2. **OBJETIVOS:**

1. Discutir el flujo de información en biología, y evaluar los beneficios de los diferentes niveles de la recopilación de datos ómicos.
2. Evaluar las estrategias para caracterizar un genoma, transcriptoma, proteoma y metaboloma.
3. Identificar las aplicaciones adecuadas para los distintos enfoques ómicos.

3. **CONTENIDO**

**UNIDAD I. INTRODUCCIÓN A LOS OMAS Y CIENCIAS ÓMICAS**

**UNIDAD II. BIOINFORMÁTICA**

**UNIDAD III. GENÓMICA**

- 3.1 Definición
- 3.2 Genómica estructural y genómica funcional
- 3.3 Shotgun sequencing
- 3.3. Secuenciación masiva de segunda y tercera generación
  - 3.3.1 Pirosecuenciación (454 life sciences)
  - 3.3.2 PCR de puente (Illumina)
  - 3.3.3 Por ligación (SOLiD)
  - 3.3.4 SMRT (*single molecule real time sequencing*) de Pacific Biosciences
- 3.4 Exoma
- 3.5 Navegadores genómicos y bases de datos
- 3.6 Predicción de ortólogos (genómica comparativa)
- 3.7 Búsqueda de sitios de unión a factores de transcripción (TFBS)
- 3.8 Predicción de secuencias reguladoras
- 3.9 Polimorfismos de un solo nucleótidos (SNP)

**UNIDAD IV. TRANSCRIPTÓMICA**

- 4.1 Definición
- 4.2 Métodos de estudio
  - 4.2.1 Expressed Sequenced Tags (ESTs).
  - 4.2.2 Análisis en serie de la expresión génica (SAGE).
  - 4.2.3 hibridación sustractiva por supresión (SSH).
  - 4.2.4 Microarreglos de DNA.



## **UNIDAD V. PROTEÓMICA**

- 5.1 Definición
- 5.2 Splicing alternativo
- 5.3 Modificaciones postraduccionales
- 5.4 Métodos de estudio
  - 5.4.1 Separación de proteínas
  - 5.4.2 Identificación de proteínas
    - Degradación de Edman
    - Espectrometría de masas
    - Identificación por huella peptídica
    - Análisis MS/MS
  - 5.4.3 Interacciones Proteína-proteína
    - Sistema de doble híbrido
    - Microarreglos de proteínas
    - Cromatografía de inmunoafinidad
    - Phage display

## **UNIDAD VI. METABOLÓMICA**

- 6.1 Definición
- 6.2 Métodos de estudio
  - 6.2.1 Diseño de perfiles metabólicos
  - 6.2.2 BIOLOG
  - 6.2.3 Metabolitos de rastro digital o huella metabólica
  - 6.2.4 Aplicaciones

## **UNIDAD VII. METAGENÓMICA**

- 7.1 Definición
- 7.2 Métodos de estudios metagenómicos
- 7.3 Librerías metagenómicas
- 7.4 Environmental shotgun sequencing
- 7.5 Aplicaciones

## **UNIDAD VIII. BIOLOGÍA DE SISTEMAS**

### **4. ACTIVIDADES DE APRENDIZAJE:**

El desarrollo del programa de trabajo incluirá las siguientes actividades:

1. Exposición de temas por parte del titular de la materia mediante la utilización de pizarrón, proyección de presentaciones en formato PowerPoint y multimedia.
2. Exposición de algunos temas específicos por parte de los estudiantes de forma individual o en grupo.
3. Investigación de temas específicos consultando fuentes de información en internet.
4. Discusión de artículos científicos.



## 5. CRITERIOS Y PROCEDIMIENTOS DE EVALUACION Y ACREDITACION:

La calificación final será el resultado de la combinación de la calificación obtenida en los siguientes rubros:

1. Exposición de temas 40%
2. Participación en clase 30%
3. Participación en la discusión de artículos 30%

## 6. BIBLIOGRAFIA

1. El curso se basa principalmente en la lectura de textos y artículos científicos que se actualizarán cada año de acuerdo al tema de tesis de los alumnos inscritos en el curso.
2. Se utilizarán determinadas secciones de los libros de texto de libre acceso de NCBI:
  - 2.1 Genomes 2
  - 2.2 Sequence-Evolution-Function
  - 2.3 Human Molecular Genetics 2
3. Fundamental Concepts of Bioinformatics, Dan E. Krane and Michael L. Raymer, San Francisco: Benjamin Cummings, 2003. ISBN: 0-8053-4633-3
4. Dunkler, D., Sánchez-Cabo, F., & Heinze, G. (2011). Statistical analysis principles for Omics data. *Bioinformatics for Omics Data: Methods and Protocols*, 113-131.

## 7. PERFIL ACADEMICO SUGERIDO PARA EL DOCENTE

Profesor Investigador con experiencia en Bioquímica, Biología Molecular y Bioinformática.