

**UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
PROGRAMA DE POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS**

Denominación de la actividad académica (completa):

Fundamentos de las tecnologías de alto rendimiento aplicadas a Biomedicina

Clave: <i>(no llenar)</i>	Semestre: <i>2017-1</i>	Campo de conocimiento: <i>Ciencias Biomédicas y Biomedicina</i>	Número de Créditos: <i>8 créditos</i>	
Carácter <i>Optativa</i>	Horas		Horas por semana	Horas por semestre
	Teóricas	Prácticas	<i>4</i>	<i>64</i>
Modalidad <i>Curso</i>		Duración del curso <i>semestral</i>		
Seriación indicativa u obligatoria antecedente, si es el caso: <i>ninguna</i>				
Seriación indicativa u obligatoria subsecuente, si es el caso: <i>ninguna</i>				
Objetivo general: Proporcionar las bases estadísticas y herramientas computacionales requeridas para abordar problemas en el área de ciencias de la salud, biológicas y bioquímicas desde una perspectiva de la bioinformática y la biología de sistemas. Asimismo, el estudiante obtendrá las bases conceptuales de la la bioestadística aplicada en las tecnologías de alto rendimiento disponibles en nuestro país.				
Temario			Horas	
			Teóricas	Prácticas
Unidad 1			8	4
1. FUNDAMENTOS: PRUEBAS ESTADÍSTICAS.				
1.1. Probabilidad, distribuciones de probabilidad y distribuciones muestrales.				
1.2. Elementos de una prueba estadística. Pruebas de hipótesis múltiple.				
1.3. Enfoques para análisis de datos complejos (ómicos).				
1.4. Breve introducción a R.				
Unidad 2			26	8
2. TECNOLOGÍAS DE ALTO RENDIMIENTO Y BIOINFORMÁTICA.				
2.1. Genómica.				
2.1.1. Fundamentos, Métodos y Técnicas de secuenciación.				
2.1.2. Bases de datos y herramientas de análisis.				
2.1.3. Análisis estadísticos específicos.				
2.1.4. Aplicaciones: Genómica comparativa, genómica estructural, genómica funcional, farmacogenómica, nutrigenómica, toxicogenómica, metagenómica, epigenómica.				
2.2. Proteómica.				
2.2.1. Fundamentos, Métodos y Técnicas de espectroscopia de masas, espectrometría de masas				
2.2.2. Bases de datos y herramientas de análisis.				

2.2.3. Análisis estadísticos específicos. 2.2.4. Aplicaciones: metaloproteómica, interactómica. 2.3. Metabolómica. 2.3.1. Fundamentos, Métodos y Técnicas espectrometría de masas y resonancia magnética nuclear 2.3.2. Bases de datos y herramientas de análisis. 2.3.3. Análisis estadísticos específicos. 2.3.4. Aplicaciones: Lipidómica, Glicómica, Quimioinformática.		
Unidad 3 3. BIOLOGÍA DE SISTEMAS. (3 sesiones) 3.1. Introducción. 3.2. Representación de redes y propiedades de redes biológicas. 3.3. Análisis topológico de redes. 3.4. Modelado computacional de circuitos biológicos. 3.4.1. Modelos deterministas. 3.4.2. Modelos Booleanos. 3.4.3. Modelos estocásticos. 3.5. Modelación a escala genómica de redes metabólicas. 3.5.1. Representación matemática de redes bioquímicas. 3.5.2. Propiedades de redes metabólicas.	10	4
Unidad 4 4. APLICACIONES E INTEGRACIÓN 4.1 Análisis de estudios integrales.	2	2
Total de horas teóricas	46	
Total de horas prácticas		18
Suma total de horas	64	
Bibliografía básica		
<ul style="list-style-type: none"> → Chen LX1, Hu M1, Huang LN1, Hua ZS1, Kuang JL1, Li SJ1, Shu WS1. (2014) Comparative metagenomic and metatranscriptomic analyses of microbial communities in acid mine drainage. <i>ISME J.</i> Dec 23. doi: 10.1038/ismej.2014.245. → Churchill, G.A. (2002) Fundamentals of experimental desig for cDNA microarrays. <i>Nature genetics supp.</i> 32: 490-495. → de Raad M, Fischer CR, Northen TR. (2016) High-throughput platforms for metabolomics. <i>Curr Opin Chem Biol.</i> Feb;30:7-13. doi: 10.1016/j.cbpa.2015.10.012. Epub 2015 Nov 4. → Hyduke DR, Lewis NE, Palsson BØ. (2013) Analysis of omics data with genome-scale models of metabolism. <i>Mol Biosyst.</i> Feb 2;9(2):167-74. → Michael L. Metzker. (2010) Sequencing technologies - the next generation. <i>Nat Rev Genet</i> 11, 31-46 (January) doi:10.1038/nrg2626. → Petrey D1, Honig B. (2014) Structural bioinformatics of the interactome. <i>Annu Rev Biophys.</i>43:193-210. doi: 10.1146/annurev-biophys-051013-022726. → Quackenbush, J. (2002) Microarray normalization and transformation. <i>Nature genetics supp</i>, 32, 496-501. → Resendis-Antonio O, Checa A, Encarnación S (2010) Modeling Core Metabolism in Cancer Cells: Surveying the Topology Underlying the Warburg Effect. <i>PLoS ONE</i> 5(8): e12383. doi:10.1371/journal.pone.0012383. → Resendis-Antonio O, Hernandez M, Mora Y, Encarnacion S (2012) Functional modules, structural topology, and optimal activity in metabolic networks. <i>PLoS Comput Biol</i> 8: e1002720. → Resendis-Antonio O, Reed JL, Encarnación S, Collado-Vides J, Palsson BØ (2007) Metabolic Reconstruction and Modeling of Nitrogen Fixation in Rhizobium etli. <i>PLoS Comput Biol</i> 3(10): e192. doi:10.1371/journal.pcbi.0030192. → Rogers J1, Gibbs RA. (2014) Comparative primate genomics: emerging patterns of genome content and dynamics. <i>Nat Rev Genet.</i> May;15(5):347-59. doi: 10.1038/nrg3707 → Steiert B, Raue A, Timmer J, Kreutz C (2012) Experimental Design for Parameter Estimation of Gene Regulatory Networks. <i>PLoS ONE</i> 7(7): e40052. doi:10.1371/journal.pone.0040052. 		
Sugerencias didácticas:	Mecanismos de evaluación del aprendizaje de los alumnos:	