



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO



PROYECTO DE MODIFICACIÓN DEL PLAN Y PROGRAMAS DE ESTUDIO DE LA LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

ENTIDADES ACADÉMICAS RESPONSABLES:

- Centro de Ciencias Genómicas
- Instituto de Biotecnología

ENTIDADES ACADÉMICAS ASESORAS:

- Facultad de Medicina
- Instituto de Ciencias Físicas
- Instituto de Ecología
- Instituto de Fisiología Celular
- Instituto de Investigaciones Biomédicas
- Instituto de Matemáticas

TÍTULO QUE SE OTORGA:

LICENCIADO(A) EN CIENCIAS GENÓMICAS

Fecha de aprobación del Consejo Técnico: 24 de abril del 2008

Fecha de aprobación del CAABYS: 23 de junio del 2008

Índice

TOMO I	
i. Presentación del proyecto de modificación del plan de estudios de la Licenciatura en Ciencias Genómicas.	1
i.i Introducción	1
i.ii Antecedentes	3
1. Metodología empleada en el diseño del plan de estudios.	4
2. Fundamentación académica del proyecto	7
2.1 Demandas del contexto	7
2.2 Estado actual y tendencias futuras de las ciencias genómicas	8
2.3 Situación de la docencia y la investigación en los niveles institucional y de las entidades	14
2.4 Análisis de planes de estudios afines	16
2.5 Características actuales y tendencias futuras de la formación profesional	18
2.6 Retos que enfrenta el plan de estudios	20
2.7 Resumen de los resultados más relevantes del diagnóstico del plan vigente	22
3. Descripción de los campos de estudio que aborda el plan de estudios propuesto	25
4. Propuesta de modificación del plan de estudios vigente	25
4.1 Objetivos del plan de estudios propuesto	25
4.2 Perfiles	26
4.2.1 Perfil de ingreso	26
4.2.2 Perfiles intermedios	27
4.2.3 Perfil de egreso	28
4.2.4 Perfil profesional	28
4.3 Duración de los estudios, total de créditos y asignaturas	29
4.4 Estructura y organización del plan de estudios	29
4.4.1 Descripción de la organización del plan de estudios	29
4.4.2 Mecanismos de flexibilidad del plan de estudios propuesto	31
4.4.3 Seriación	32
4.4.4 Lista de asignaturas por semestre	34
4.4.5 Mapa Curricular del plan de estudios Propuesto	36
4.4.6 Mapa Curricular de la Licenciatura en Ciencias Genómicas	36
4.4.7 Tabla comparativa de las características generales de los planes de estudio vigente y propuesto	38
4.5 Requisitos	39
4.5.1 Requisitos de ingreso	39
4.5.2 Procedimiento de ingreso a la Licenciatura en Ciencias Genómicas	40
4.5.3 Requisitos de permanencia	41
4.5.4 Requisitos de egreso	42
4.5.5 Requisitos de titulación	42
4.5.6 Requisitos para los investigadores y profesores	44
5. Opiniones de líderes internacionales sobre el plan de estudios propuesto y sobre la calidad de los estudiantes	44
6. Implantación del plan de estudios	45
6.1 Criterios para su implantación	45

6.2 Tabla de transición entre el plan de estudios vigente y el propuesto	46
6.3 Tabla de equivalencias entre el plan de estudios vigente y propuesto	49
7. Entidades académicas	51
7.1 Entidades académicas responsables	51
7.2 Entidades académicas asesoras	51
8. Comité académico	52
8.1 Integración	52
8.2 Atribuciones	53
9. Coordinador de la Licenciatura	53
10. Plan de evaluación y actualización del plan de estudios propuesto	54
11. Inicio de Estudios de Posgrado Durante la Licenciatura en Ciencias Genómicas	55
11.1. Fundamentación académica	55
11.1.1 Perfil del estudiante al finalizar el nivel integrativo de la Licenciatura	55
11.1.2 Opiniones de líderes internacionales sobre la calidad de los estudiantes	56
11.2 Flexibilidad del plan de estudios propuesto	56
11.3 Titulación mediante estudios de posgrado	57
12. Bases del procedimiento para iniciar estudios de posgrado durante el nivel de investigación de la Licenciatura en Ciencias Genómicas	57
TOMO II	
Programa de las asignaturas del plan de estudios propuesto	60
Biología Molecular	61
Bioquímica	63
Biología Celular	65
Principios de Programación	66
Seminario 1	68
Matemáticas 1	70
Principios de Estadística	72
Genética	74
Matemáticas 2	76
Computación	78
Principios de Evolución	80
Seminario 2	82
Matemáticas 3	84
Genómica Funcional 1	86
Genómica Evolutiva 1	88
Bioinformática y estadística 1	90
Modelos Genómicos	92
Seminario 3	94
Matemáticas 4	96
Genómica Funcional 2	97
Bioinformática y Estadística 2	99
Genómica Evolutiva 2	101
Genómica Humana	104
Seminario 4	106
Genómica Integrativa 1 (2)	108
Fronteras de la Genómica 1 (2,3,4)	111
Aplicaciones de la Genómica 1 (2,3,4)	114

Genómica Integrativa 3 (4)	116
Trabajo de Investigación 1 (2,3,4,5,6)	118
Seminario de Investigación 1 (2)	119
Tópico Selecto 1 (2,3,4,)	120
Resumen Ejecutivo	122
1. Razones principales por las que se elaboró el proyecto	122
2. Aspectos más relevantes de la propuesta de modificación del plan de estudios	124
2.1 Objetivo general del plan de estudios	124
2.2 Perfiles: ingreso, intermedios, egreso y profesional	124
Perfil de ingreso	
2.3 Elementos más importantes de la estructura y organización del plan de estudios	127
2.4 Seriación propuesta	129
2.5 Mapa curricular del plan de estudios propuesto	131
3. Tabla comparativa de las características generales de los planes de estudio vigente y propuesto	132
4. Proceso de implantación del plan de estudios propuesto	133
5. Plan de evaluación y actualización del plan de estudios propuesto	133
6. Inicio de estudios de posgrado durante la Licenciatura en Ciencias Genómicas	135
Anexo 1.- OFICIO DE APROBACIÓN DEL CONSEJO TÉCNICO DE LA INVESTIGACIÓN CIENTÍFICA	139
Anexo 2.- TABLA DE TRANSICIÓN ENTRE GENERACIONES	141
Anexo 3.- MAPAS CURRICULARES DE CADA UNA DE LAS GENERACIONES DE TRANSICIÓN ENTRE EL PLAN DE ESTUDIOS VIGENTE Y EL PROPUESTO	144
Anexo 4.- CARTAS DE OPINIÓN DE LÍDERES INTERNACIONALES DEL ÁREA DE LAS CIENCIAS GENÓMICAS SOBRE LA CALIDAD DEL PLAN DE ESTUDIOS PROPUESTO Y DE LOS ESTUDIANTES DE LA LICENCIATURA	148
Anexo Bibliográfico	179

TOMO I

i. Presentación del proyecto de modificación del plan de estudios de la Licenciatura en Ciencias Genómicas

i.i Introducción

La frontera más importante de las ciencias biológicas en la actualidad se basa en la comprensión de la totalidad de la información genética –genoma- de los organismos. Al conjunto de conocimientos necesario para alcanzar tal integración, se le ha denominado ciencias genómicas. Los descubrimientos realizados por las ciencias genómicas están generando un nuevo paradigma de la biología. La biología molecular, hasta hace poco tiempo centrada en el estudio de los genes, ha reenfocado su centro hacia los genomas.

Los principales objetivos de las ciencias genómicas se refieren al conocimiento científico integral de dos problemas fundamentales: la función de la célula (genómica funcional), y la evolución de los organismos (genómica evolutiva). Por otra parte, las ciencias genómicas están generando nuevos desarrollos de gran impacto social y económico en muy diversas áreas de la actividad humana: medicina, agricultura, ecología, antropología y biotecnología, por mencionar unas cuantas.

Considerando a las ciencias genómicas en sentido amplio, éstas incluyen los campos de: matemáticas, estadística, informática, bioquímica, biología molecular, genética y evolución. Los avances en las metodologías para la secuenciación de DNA y para el estudio integral de su expresión a nivel de RNA y de proteínas han derivado en una verdadera revolución sobre la manera de considerar la información genética en su conjunto. La bioinformática contiene con el reto actual de definir, manejar y descifrar la información de secuencias genómicas accesibles públicamente en bases de datos, para comprenderla y a partir de esto plantear preguntas relevantes para las ciencias biológicas. La elaboración de mapas de expresión de los genomas en distintas condiciones permitirá conocer de manera integrada la fisiología, lo cual incidirá en la capacidad para hacer la ingeniería de vías metabólicas. La comparación entre genomas de diferentes organismos permitirá una comprensión integral de la evolución

en general, y de la del linaje humano en particular. La comparación de la expresión genética entre estados normales y patológicos representa un importante avance en las ciencias médicas, que incidirá en su comprensión, diagnóstico y posible terapéutica. El impacto de las ciencias genómicas en el estudio de la biodiversidad tendrá enorme efecto sobre la conservación y el uso de los recursos biológicos. No menos importantes son también las implicaciones éticas, sociales y legales que emanan de estos nuevos conocimientos y de su aplicación.

La comprensión, implementación e innovación de los conceptos en esta área demanda la formación de nuevos profesionales que, conjuntando los conceptos biológicos básicos e innovadores que emergen del estudio de genomas, estén preparados para emplear las tecnologías emergentes en computación y automatización necesarias para la apropiada generación y manejo de esta información. Esto demanda la adquisición e integración de conocimientos y habilidades biológicas, matemáticas y computacionales. La integración de estas disciplinas se encuentra por lo general ausente en los planes de estudio de las licenciaturas del área biológica que se ofrecen actualmente no sólo en el país, sino a nivel mundial. La creación de la Licenciatura en Ciencias Genómicas de la UNAM obedeció a la imperiosa necesidad de formar nuevos profesionales que conjuntarán los conocimientos de biología, matemáticas y computación con objeto de enfrentar los retos de las fronteras de la biología del nuevo milenio.

A partir de su inicio en agosto de 2003, los resultados obtenidos en la Licenciatura en Ciencias Genómicas demuestran en forma objetiva que los estudiantes han adquirido las capacidades propuestas en el plan de estudios vigente (ver secciones sobre **Resumen de los resultados mas relevantes del plan de estudios vigente** y sobre **Opiniones de líderes internacionales del área sobre el plan de estudios propuesto y sobre la calidad de los estudiantes**).

La genómica es un área emergente del conocimiento cuyas fronteras avanzan una velocidad sin precedentes en las ciencias biológicas. Por este motivo, desde la creación de la Licenciatura se planteó la necesidad de revisar el plan de estudios en el momento en que terminara la primera generación de estudiantes (generación 2003-2007). Esta revisión se ha

cumplido y el resultado es el presente **PROYECTO DE MODIFICACIÓN DEL PLAN Y PROGRAMAS DE ESTUDIO DE LA LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS.**

En el proyecto se contemplan los antecedentes, la metodología empleada en el diseño del plan de estudios que se propone, la fundamentación académica del proyecto, la descripción de los campos de estudio que aborda el plan propuesto, la propuesta del plan de estudios, la opinión de líderes internacionales de distintas áreas de las ciencias genómicas en relación a la calidad del plan de estudios propuesto y de los estudiantes de la licenciatura, la implantación del plan de estudios, las entidades académicas sedes y asesoras, la integración y atribuciones del Comité Académico, las atribuciones del Coordinador, el plan de evaluación y actualización del plan de estudios propuesto, la posibilidad de iniciar estudios de posgrado durante el último año de la Licenciatura, los programas de las asignaturas, el resumen ejecutivo, y varios anexos que complementan el proyecto.

i.ii Antecedentes

La Licenciatura en Ciencias Genómicas fue creada en el año de 2003 por acuerdo del Honorable Consejo Universitario de la UNAM. La primera generación inició sus cursos en agosto de 2003 (semestre 2004-1). De los estudiantes de esta generación 18 han obtenido su título de Licenciado(a) en Ciencias Genómicas y se espera que los 6 que continúan inscritos, todos ellos regulares, se titulen antes de julio de 2008. En la actualidad, se cuenta con cuatro generaciones además de la 2004. A partir de la creación de la Licenciatura en 2003, no se han realizado cambios formales en el plan de estudios, sin embargo, cada año se han optimizado los programas de cada asignatura para incorporar los avances en las diferentes disciplinas que conforman las ciencias genómicas. Estas optimizaciones han sido discutidas y aprobadas por el Comité Académico. Por otra parte, se han introducido actividades académicas para mantener el nivel de frontera internacional que requiere la licenciatura.

Dentro de estas actividades destacan por su relevancia y nivel académico los ciclos de seminarios que se han denominado "*FRONTIERS IN GENOMICS*". En estos seminarios participan investigadores de instituciones que han demostrado un liderazgo a nivel internacional en distintas áreas de la genómica. Los investigadores participantes en estos ciclos presentan seminarios a los estudiantes de la licenciatura y sostienen entrevistas y pláticas con ellos. Estos ciclos han permitido que los estudiantes interactúen directamente

con investigadores que se encuentran en los niveles más avanzados de las ciencias genómicas. Además del beneficio directo para los estudiantes, estos seminarios han resultado en el hecho de que la licenciatura y la calidad de los estudiantes se conozcan en instituciones de gran prestigio internacional. Mas aún, estas acciones han permitido establecer relaciones internacionales de enorme utilidad que han tenido consecuencias muy importantes para los estudiantes. Entre éstas se encuentran las estancias que han realizado varios estudiantes en laboratorios del extranjero. Es importante destacar que en el plan de estudios propuesto se incluyen como asignaturas formales FRONTERAS DE LA GENÓMICA 1-4 y APLICACIONES DE LA GENÓMICA 1-4, basadas en la interacción directa de estudiantes con investigadores nacionales y extranjeros que se encuentran en la frontera del conocimiento genómico o de su aplicación en distintos proyectos de investigación, industriales o profesionales.

Como consecuencia de las características especiales de las ciencias genómicas en relación a su naturaleza multidisciplinaria y a su continuo avance, desde el inicio de la licenciatura se estableció el compromiso de realizar una evaluación global de los resultados y de analizar si el plan de estudios pudiera ser optimizado. El resultado de esta evaluación y análisis es el proyecto **MODIFICACIÓN DEL PLAN Y PROGRAMAS DE ESTUDIO DE LA LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS.**

1. Metodología empleada en el diseño del plan de estudios

El diseño del plan de estudios propuesto fue dirigido por el Dr. Rafael Palacios, coordinador actual de la Licenciatura en Ciencias Genómicas. Se inició en septiembre de 2007 y se concluyó en marzo de 2008. La elaboración del plan se realizó en las siguientes etapas:

1. Evaluación del estado actual de la licenciatura y desempeño de sus estudiantes.
2. Revisión del plan de estudios actual y detección de puntos que debieran optimizarse.
3. Elaboración de la modificación al plan de estudios vigente.
4. Aceptación por la comunidad académica de la licenciatura del plan de estudios propuesto.
5. Opinión de líderes internacionales del área de ciencias genómicas en relación con la calidad del plan de estudios propuesto y de los estudiantes de la licenciatura.
6. Elaboración del documento **PROYECTO DE MODIFICACIÓN DEL PLAN Y PROGRAMAS DE ESTUDIO DE LA LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS.**

7. Aprobación del documento por el Comité Académico de la Licenciatura.
8. Aprobación del documento por el Consejo Técnico de la Investigación Científica.

A continuación se describe la metodología empleada en cada una de las etapas mencionadas y las principales conclusiones.

1.- La evaluación del estado actual de la licenciatura fue realizada con base en las estadísticas de la licenciatura desde su creación hasta la fecha (ver sección sobre **Resumen de los resultados más relevantes del diagnóstico del plan vigente**) y con reuniones del coordinador con representantes de las cinco generaciones de estudiantes que ha tenido la licenciatura, con profesores de las distintas asignaturas y con líderes extranjeros del área de ciencias genómicas que participaron en los ciclos de seminarios *Frontiers in Genomics*. De esta evaluación se concluye que la Licenciatura en Ciencias Genómicas es de muy alta calidad académica y que está cumpliendo con los objetivos propuestos. Durante estas reuniones se detectaron también algunos puntos que debieran optimizarse. En consecuencia, se decidió hacer un análisis profundo del plan de estudios actual para optimizarlo y actualizarlo.

2.- La revisión del plan de estudios actual para detectar puntos que pudieran optimizarse la realizó el Coordinador apoyándose en las siguientes acciones: reuniones semanales con representantes de los estudiantes de las cinco generaciones; reuniones plenarias con los estudiantes de cada generación; reuniones con profesores de asignatura en forma individual, por áreas de conocimiento y por semestre en el que participan; reuniones con los ayudantes de profesor; reuniones con los investigadores que participan en los ciclos de seminarios *Frontiers in Genomics*. En relación a este último punto, es importante destacar que el coordinador actual de la Licenciatura ha coordinado los ciclos de seminarios *Frontiers in Genomics* desde su inicio y que se ha entrevistado con todos los investigadores extranjeros que han participado.

3.-Con base en los resultados obtenidos en el análisis del plan de estudios actual, se decidió elaborar la modificación del plan de estudios vigente. El coordinador presentó al Comité Académico los argumentos para modificar el plan de estudios actual. El Comité Académico aceptó que se iniciara la elaboración de la modificación del plan de estudios y determinó que el Dr. Palacios sería el responsable de conducir el proceso.

La metodología empleada consistió en elaborar un primer esquema de posible plan de estudios incluyendo todos los puntos a optimizar detectados en la etapa 2. Este esquema se presentó en primera instancia al Comité Académico. El Comité Académico lo aceptó como punto de partida. El coordinador presentó y discutió este esquema con los distintos grupos involucrados en la licenciatura: representantes de estudiantes de las distintas generaciones; grupos completos de estudiantes por generación; profesores de asignatura; ayudantes de profesor. Con la retroalimentación de estos grupos el esquema del plan de estudios se fue optimizando. El proceso consistió en varios ciclos de presentación y discusión de esquemas del plan de estudios en reuniones plenarias del Comité Académico, seguidos por discusiones de retroalimentación con los grupos mencionados. Se realizaron un total de cuatro ciclos hasta llegar a la aprobación de la modificación del plan de estudios en la sesión plenaria del Comité Académico del 13 de febrero de 2008.

4.-La propuesta de modificación del plan de estudios fue presentada al Claustro de Profesores y a cada una de las generaciones de estudiantes que pudieran ser afectadas. En el caso de los estudiantes se destacó en particular la transición del plan vigente al modificado con una propuesta para cada generación. El coordinador obtuvo la aceptación de cada generación para la transición específica propuesta.

5.-El mapa curricular fue enviado a líderes internacionales de las áreas que cubren las ciencias genómicas, pidiéndoles su opinión sobre la calidad del plan de estudios y sobre los estudiantes. Se escogieron investigadores que previamente habían interactuado con los estudiantes durante los ciclos de seminarios *Frontiers in Genomics*. Los resultados de esta consulta son muy positivos. Las cartas recibidas se encuentran en el **Anexo 3**.

6.-Con base en el plan aprobado por el Comité Académico, el coordinador y un equipo de trabajo formado por investigadores y por egresados de la licenciatura elaboró el documento PROYECTO DE MODIFICACIÓN DEL PLAN Y PROGRAMAS DE ESTUDIO DE LA LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS.

7.- El documento PROYECTO DE MODIFICACIÓN DEL PLAN Y PROGRAMAS DE ESTUDIO DE LA LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS fue aprobado por el Comité Académico en su sesión plenaria del 5 de marzo de 2008.

8.- El documento PROYECTO DE MODIFICACIÓN DEL PLAN Y PROGRAMAS DE ESTUDIO DE LA LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS fue aprobado por el Consejo Técnico de la Investigación Científica en su sesión plenaria del 24 de abril de 2008.

2. Fundamentación académica del proyecto

2.1 Demandas del contexto

Ciertamente, los avances y perspectivas de las ciencias genómicas han generado una gran demanda a nivel mundial tanto en el ámbito de investigación, como en el profesional, de personal especializado que posea conocimiento integrado en las disciplinas que constituyen a las ciencias genómicas.

En el ámbito nacional, México cuenta ya con varios esfuerzos de magnitud en el área de las ciencias genómicas (Tabla 1). La existencia de nuevas instituciones creadas para el desarrollo de las ciencias genómicas y de ambiciosos proyectos institucionales revela una demanda creciente de personal para investigación en ciencias genómicas. Esta situación es similar en el contexto internacional, con la diferencia de que la demanda de personal (con estudios de posgrado) se extiende a la industria y otras áreas más allá de la investigación. Aunque esta situación no se presenta aún en México, es de esperarse que la situación de globalización actual cambie rápidamente este panorama. Como acción central para formar los recursos humanos necesarios para este desarrollo, la UNAM creó la Licenciatura en Ciencias Genómicas en 2003.

Tabla 1. Esfuerzos institucionales en ciencias genómicas en México.

INSTITUCIONES CREADAS PARA EL DESARROLLO DE LAS CIENCIAS GENÓMICAS EN MÉXICO
Centro de Ciencias Genómicas, UNAM
Instituto Nacional de Medicina Genómica
Laboratorio Nacional de Genómica para la Diversidad, CINVESTAV
Sociedad Mexicana de Ciencias Genómicas
Sociedad Mexicana de Medicina Genómica
Licenciatura en Ciencias Genómicas, UNAM

PROYECTOS INTEGRALES DE GENÓMICA EN MÉXICO

Genoma de *Rhizobium etli*. Primer genoma secuenciado y anotado en México (Centro de Ciencias Genómicas, UNAM).

Genómica funcional de frijol. Consorcio internacional iniciado por el Centro de Ciencias Genómicas, UNAM y la Universidad de Ginebra, Suiza.

Red de regulación del genoma de *Escherichia coli*. Centro de Ciencias Genómicas, UNAM.

Genómica de bacterias para uso industrial. Instituto de Biotecnología, UNAM

Genómica de maíz y otros cultivos. Laboratorio Nacional de Genómica para la Diversidad, CINVESTAV.

Proyecto genómico de *Taenia solium*. Consorcio de diferentes laboratorios (Instituto de Investigaciones Biomédicas, Instituto de Biotecnología, Centro de Ciencias Genómicas, Facultad de Medicina, Facultad de Ciencias, UNAM).

Metagenómica de un nicho ecológico prehistórico. Instituto de Ecología, UNAM.

Mapa de haplotipos de la población mexicana. Instituto Nacional de Medicina Genómica.

Estudios de asociación de marcadores genómicos con enfermedades comunes en México. Instituto de Investigaciones Biomédicas y Facultad de Medicina, UNAM, y distintas instituciones del Sector Salud.

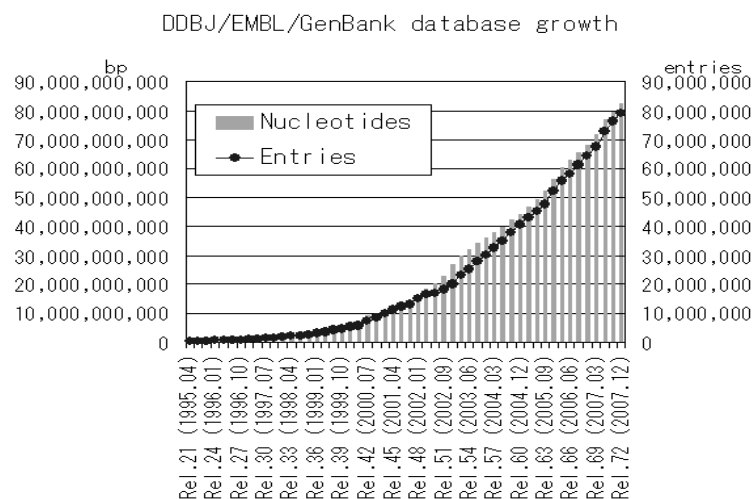
2.2 Estado actual y tendencias futuras de las ciencias genómicas

La última década ha sido testigo de una nueva revolución en las ciencias biológicas y su impacto en la sociedad. El año de 1995 marca la fecha de publicación de la secuencia completa del genoma de un organismo vivo, la bacteria *Haemophilus influenzae*. Este logro, sin lugar a dudas toral en la historia de las ciencias biológicas, fue alcanzado gracias a la confluencia de científicos laborando en disciplinas como la biología molecular, la computación y las matemáticas.

Los últimos años han mostrado una verdadera explosión en el número de organismos cuyo genoma ha sido secuenciado completamente. A la fecha, se cuenta con los genomas completos de más de 1,000 organismos de todos los reinos de la vida, desde arqueobacterias como *Methanococcus*, *Pyrococcus*, etc.; bacterias de diferentes grupos y especies, benéficas y patógenas, como la enterobacteria *Escherichia coli*¹ o la bacteria fijadora de nitrógeno, *Rhizobium etli*²; levaduras como *Saccharomyces cerevisiae*³ y otros

hongos como *Neurospora crassa*⁴; plantas como *Arabidopsis thaliana*⁵, organismo modelo en el estudio de las plantas, o la uva, *Vitis vinifera*⁶; protozoarios como *Plasmodium falciparum*⁷, causante de la malaria o la causante de la amibiasis *Entamoeba histolytica*⁸; nemátodos como *Caenorhabditis elegans*⁹; insectos como la mosca de la fruta *Drosophila melanogaster*¹⁰, el mosquito transmisor del dengue *Aedes aegypti*¹¹, o la abeja común *Apis mellifera*¹²; peces como el pez globo *Takifugu rubripes*¹³ y *Tetraodon nigroviridis*¹⁴; aves (*Gallus gallus*¹⁵) y mamíferos como el perro (*Canis lupus familiaris*¹⁶), el gato (*Felis catus*¹⁷), el ratón y la rata (*Mus musculus*¹⁸, *Rattus norvegicus*¹⁹), el mono rhesus (*Macaca mulatta*²⁰), el chimpancé (*Pan troglodytes*²¹) y el humano (*Homo sapiens*^{22,23}), entre varios más. Otros tantos se encuentran en versiones preliminares o en proceso, llegando a casi 2,000 genomas de diferentes organismos vivos.

Además de toda esta gran cantidad de secuencia proveniente de los proyectos de secuenciación de genomas completos, existen varios otros proyectos donde se están secuenciando sólo algunas partes de los genomas de ciertos organismos, principalmente genes o secuencias que se expresan como RNAs mensajeros. Toda esta información se encuentra disponible en bases de datos públicas que contienen ya más 80,000 millones de pares de bases de información genética de una gran variedad de organismos. Este crecimiento exponencial de la información almacenada en las bases de datos públicas se puede observar claramente en la siguiente gráfica²⁴.



Esta asombrosa cantidad de información ha requerido de la implantación de sistemas de bases de datos que la almacenen y la hagan disponible a todo aquel que quiera consultarla, además del desarrollo de metodologías en bioinformática para organizar, asignar función y analizar esta información con el objetivo de extraer nuevo conocimiento a partir de ella.

La capacidad y disponibilidad de la información contenida en los genomas de tantos diferentes organismos, ha impulsado el desarrollo de nuevas técnicas y enfoques de estudio y análisis masivos para identificar por ejemplo, los genes que están siendo expresados como RNA en un momento metabólico determinado (el *transcriptoma*), las proteínas que se están expresando en una condición particular (el *proteoma*), las interacciones entre estas proteínas (el *interactoma*), o los metabolitos que se encuentran en la célula (el *metaboloma*). Estas estrategias, en conjunto con el cuerpo de conocimientos de bioquímica, biología molecular, genética, evolución, así como aquellas desarrolladas por la bioinformática y las matemáticas, se conocen actualmente como ciencias genómicas.

Estos desarrollos están cambiando la concepción de la biología moderna. En el ambiente de investigación, es ahora necesario manejar enfoques que combinen el dominio no sólo de las materias más relacionadas a la biología, como la bioquímica y la biología molecular, sino también de campos que anteriormente eran considerados ajenos a las ciencias biológicas, como la computación y las matemáticas. Este cambio de perspectiva no se aplica únicamente al ambiente netamente académico. El potencial e impacto de este nuevo enfoque se extiende también al ámbito profesional en diferentes áreas, tales como:

- En la medicina, el conocimiento y estudio del genoma humano, su función y variabilidad, ofrece una nueva perspectiva que se ha denominado como medicina genómica, la cual tiene como objetivo último el brindar a la sociedad una medicina más predictiva, preventiva y personalizada. La confluencia de la medicina con las ciencias genómicas, está aportando una mayor comprensión de los estados patológicos, lo cual también ayuda al desarrollo de formas más novedosas y eficientes de diagnóstico y terapia, incluyendo la posibilidad de terapias génicas²⁵⁻²⁸. Por otro lado, la capacidad de conocer la información genética de un individuo está permitiendo el desarrollo de la llamada farmacogenómica, la cual pretende generar fármacos específicos para poblaciones e incluso individuos específicos de acuerdo con sus características genómicas, así como modelar y ajustar las dosis de fármacos adecuadas para el metabolismo de cada paciente, evitando así la toxicidad de los fármacos y mejorando su efectividad²⁹⁻³².

- En el área industrial, la disponibilidad del catálogo de genes y los estudios funcionales de los mismos, aportan nueva información para el desarrollo de la llamada ingeniería de vías metabólicas, la cual tiene como objetivo el estudio, modificación y optimización de las vías metabólicas naturales de los organismos utilizados como bioreactores para la

producción de metabolitos variados de interés industrial y también farmacéutico³³⁻³⁵. Así mismo, el estudio más fino de la fisiología que permite el estudio de los genomas de patógenos conocidos, de nuevos organismos y las interacciones entre ellos está permitiendo el diseño de fármacos antimicrobianos de acción más específica³⁶⁻³⁸.

- En las ciencias agrícolas, se abren posibilidades para la comprensión de procesos fundamentales en el desarrollo de las plantas y la manipulación de caracteres importantes para la producción y resistencia a enfermedades y otros estreses ambientales, así como nuevas alternativas para el combate de patógenos vegetales³⁹⁻⁴⁴.

- En el área ambiental, las ciencias genómicas están ayudando a encontrar nuevos enfoques para la conservación de la biodiversidad, generando avances en las áreas de biorremediación, el desarrollo de bioinsecticidas y nuevos biocombustibles⁴⁵⁻⁴⁹.

- En el área legal, las ciencias genómicas también tienen aplicación e impacto, principalmente en las áreas de la legislación y reglamentación de la aplicación de estas nuevas técnicas y conocimiento. Tal es el caso de las pruebas forenses de paternidad o fraternidad, la regulación en áreas como la investigación en células madre o la producción de organismos genéticamente modificados, así como el acceso a la información genética de cada individuo⁵⁰⁻⁵².

Referencias:

1. Blattner FR, et al.; "The Complete Genome Sequence of *Escherichia coli* K-12"; *Science*; 1997; 277(5331):1453 – 1462.
2. González V, et al.; "The partitioned *Rhizobium etli* genome: genetic and metabolic redundancy in seven interacting replicons"; *Proc. Natl. Acad. Sci.*; 2006;103(10):3834-3839.
3. Philippsen P, et al.; "The nucleotide sequence of *Saccharomyces cerevisiae* chromosome XIV and its evolutionary implications"; *Nature*; 1997;387:93-98.
4. Galagan JE, et al.; "The genome sequence of the filamentous fungus *Neurospora crassa*"; *Nature*; 2003; 422:859-68.
5. Arabidopsis Genome Initiative; "Analysis of the genome sequence of the flowering plant *Arabidopsis thaliana*"; *Nature*; 2000; 408:796-815.
6. The French–Italian Public Consortium for Grapevine Genome Characterization; "The grapevine genome sequence suggests ancestral hexaploidization in major angiosperm phyla"; *Nature*; 2007; 449: 463-468.
7. Gardner MJ, et al.; "Genome sequence of the human malaria parasite *Plasmodium falciparum*"; *Nature*; 2002; 419:498-511.
8. Loftus B, et al.; "The genome of the protist parasite *Entamoeba histolytica*"; *Nature*; 2005; 433:865-868.

9. C. elegans Sequencing Consortium; "Genome sequence of the nematode *C. elegans*: a platform for investigating biology"; *Science*; 1998; 282(5396):2012-2018.
10. Adams MD, et al.; "The genome sequence of *Drosophila melanogaster*"; *Science*; 2000; 287(5461):2185-2195.
11. Nene V, et al.; "Genome sequence of *Aedes aegypti*, a major arbovirus vector"; *Science*; 2007; 316(5832):1718-1723.
12. Honeybee Genome Sequencing Consortium; "Insights into social insects from the genome of the honeybee *Apis mellifera*"; *Nature*; 2006; 443:931-949.
13. Aparicio S, et al.; "Whole-genome shotgun assembly and analysis of the genome of *Fugu rubripes*"; *Science*; 2002; 297(5585):1301-1310.
14. Jaillon O, et al.; "Genome duplication in the teleost fish *Tetraodon nigroviridis* reveals the early vertebrate proto-karyotype"; *Nature*; 2004; 431:946-957.
15. International Chicken Genome Sequencing Consortium; "Sequence and comparative analysis of the chicken genome provide unique perspectives on vertebrate evolution"; *Nature*; 2004; 432:695-716.
16. Lindblad-Toh K, et al.; "Genome sequence, comparative analysis and haplotype structure of the domestic dog"; *Nature*; 2005; 438:803-819.
17. Pontius JU, et al.; "Initial sequence and comparative analysis of the cat genome"; *Genome Res.*; 2007; 17(11):1675-1689.
18. Mouse Genome Sequencing Consortium et al.; "Initial sequencing and comparative analysis of the mouse genome"; *Nature*; 2002; 420:520-562.
19. Gibbs RA, et al.; "Genome sequence of the Brown Norway rat yields insights into mammalian evolution"; *Nature*; 2004; 428:493-521.
20. Rhesus Macaque Genome Sequencing and Analysis Consortium et al.; "Evolutionary and biomedical insights from the rhesus macaque genome"; *Science*; 2007; 316(5822):222-234.
21. Chimpanzee Sequencing and Analysis Consortium; "Initial sequence of the chimpanzee genome and comparison with the human genome"; *Nature*; 2005; 437:69-87.
22. Lander ES, et al.; "Initial sequencing and analysis of the human genome"; *Nature*; 2001; 409:860-921.
23. International Human Genome Sequencing Consortium; "Finishing the euchromatic sequence of the human genome"; *Nature*; 2004; 431:931-945.
24. DNA Data Bank of Japan Statistics (DDBJ). (<http://www.ddbj.nig.ac.jp/statistics-e.html>)
25. McKusick VA; "The anatomy of the human genome: a neo-Vesalian basis for medicine in the 21st century"; *JAMA*; 2001; 286(18):2289-2295.
26. Subramanian G, et al.; "Implications of the human genome for understanding human biology and medicine"; *JAMA*; 2001; 286(18): 2296-2307.
27. World Health Organization, Advisory Committee on Health Research. Genomics and World Health / Report of the Advisory Committee on Health Research. Geneva, 2002. Disponible en <http://www.who.org/genomics>
28. Chung WK; "Implementation of Genetics to Personalize Medicine"; *Gen Med*; 2007; 4(3): 248-265.
29. Poland GA, et al.; "Heterogeneity in vaccine immune response: the role of immunogenetics and the emerging field of vaccinomics"; *Clin Pharmacol Ther*; 2007; 82(6):653-664.

30. Lanfear DE, et al.; "Pharmacogenetics: using DNA to optimize drug therapy"; *Am Fam Physician*; 2007;76(8):1179-1182.
31. Singh A; "Pharmacogenomics--the potential of genetically guided prescribing"; *Aust Fam Physician*; 2007; 36(10):820-824.
32. Sauna ZE, et al.; "Silent polymorphisms speak: how they affect pharmacogenomics and the treatment of cancer"; *Cancer Res*; 2007; 67(20):9609-9612.
33. Sato F, et al.; "Metabolic engineering of plant alkaloid biosynthesis" *Proc. Nat. Acad. Sci. USA*; 2001; 98: 367–372.
34. Das A, et al.; "An update on microbial carotenoid production: application of recent metabolic engineering tools"; *Appl Microbiol Biotechnol*; 2007; 77(3):505-512.
35. Weber W, et al.; "Inducible product gene expression technology tailored to bioprocess engineering"; *Curr Opin Biotechnol*; 2007; 18(5):399-410.
36. Tang, C. M. and Moxon, E. R. (2001). The impact of microbial genomics on antimicrobial drug development. *Annu. Rev. Genomics Hum. Genet.* 2:259–269.
37. Poulakou G, et al.; "Oritavancin: a new promising agent in the treatment of infections due to Gram-positive pathogens"; *Expert Opin Investig Drugs*; 2008; 17(2):225-243.
38. Quadri LE; "Strategic paradigm shifts in the antimicrobial drug discovery process of the 21st century"; *Infect Disord Drug Targets*; 2007; 7(3):230-237.
39. Erbis, F. H. and Maredia, K. M. "Intellectual property rights in agricultural biotechnology"; *Biotechnology in Agriculture Series*; No. 20; CAB International; 1998.
40. Bolívar-Zapata, F.; "Biotecnología moderna para el desarrollo de México en el siglo XXI: retos y oportunidades"; SEP-CONACyT; México; 2001.
41. Vasil IK; "Molecular genetic improvement of cereals: transgenic wheat (*Triticum aestivum* L.)"; *Plant Cell Rep*; 2007;26(8):1133-1154.
42. Vanderschuren H, et al.; "Engineering resistance to geminiviruses--review and perspectives"; *Plant Biotechnol J*; 2007; 5(2):207-220.
43. Sanvido O, et al.; "Ecological impacts of genetically modified crops: ten years of field research and commercial cultivation"; *Adv Biochem Eng Biotechnol*; 2007; 107:235-278.
44. Carlini CR, et al.; "Plant toxic proteins with insecticidal properties. A review on their potentialities as bioinsecticides"; *Toxicon*; 2002; 40(11):1515-1539.
45. Zhou Q, et al.; "Biomonitoring: an appealing tool for assessment of metal pollution in the aquatic ecosystem"; *Anal Chim Acta*; 2008; 606(2):135-150.
46. Soleimani M, et al.; "Biodesulfurization of refractory organic sulfur compounds in fossil fuels"; *Biotechnol Adv*; 2007; 25(6):570-596.
47. Villas-Bôas SG, et al.; "The potential of metabolomics tools in bioremediation studies"; *OMICS*; 2007; 11(3):305-313.
48. Kim SI, et al.; "A proteomics strategy for the analysis of bacterial biodegradation pathways"; *OMICS*; 2007; 11(3):280-94.
49. Lawrence CJ, et al.; "Translational Genomics for Bioenergy Production from Fuelstock Grasses: Maize as the Model Species"; *Plant Cell*; 2007; 19: 2091-2094.
50. Haga SB, et al.; "Defining the spectrum of genome policy"; *Nat Rev Genet.* 2006; 7(12):966-972.

51. Caulfield T, et al.; "Stem cell research ethics: consensus statement on emerging issues"; *J Obstet Gynaecol Can.* 2007; 29(10):843-848.
52. Artículo 22, Párrafo Último; Ley para la Protección de los Derechos de las Niñas, Niños y Adolescentes; Estados Unidos Mexicanos.

2.3 Situación de la docencia y la investigación en los niveles institucional y de las entidades

En relación con la investigación en ciencias genómicas, varias entidades de la UNAM cuentan con líneas de investigación sólidas que en algunos casos se encuentran en la frontera del conocimiento. La mayor parte de los proyectos en el área se concentran en el Campus Morelos de la UNAM, en particular en el Centro de Ciencias Genómicas y en el Instituto de Biotecnología, sedes de la licenciatura. También existen desarrollos importantes en los Institutos de Investigaciones Biomédicas, Fisiología Celular y en la Facultad de Medicina, todas estas entidades asesoras de la licenciatura. Algunos de los principales proyectos se describen en el apartado sobre demandas del contexto (Tabla 1). Es también importante destacar la presencia del Instituto de Matemáticas y del Instituto de Ciencias Físicas en el Campus Morelos de la UNAM. Estas entidades pertenecen también al grupo de sedes asesoras de la licenciatura y su continua colaboración ha sido de gran importancia, en particular en la enseñanza de las matemáticas.

La planta docente de la Licenciatura en Ciencias Genómicas es actualmente muy amplia y comprende profesores de asignatura, ayudantes de profesor, conferencistas y tutores. Los profesores de asignatura son todos personal académico de la UNAM, la mayoría investigadores titulares reconocidos y miembros del Sistema Nacional de Investigadores. En algunas asignaturas de tipo mas técnico participan también técnicos académicos que se han distinguido por su entusiasmo y capacidad para la docencia.

La reciente introducción de ayudantes de profesor en la licenciatura ha sido de gran relevancia, en particular para apoyar la integración horizontal de las diferentes disciplinas que comprenden el programa: matemáticas, computación, biología molecular y evolución. Esto ha sido posible ya que se ha incorporado como ayudantes de profesor a egresados de la licenciatura o a estudiantes en el nivel de investigación. El entusiasmo, el conocimiento integral y la entrega de estos jóvenes para participar en la formación de sus compañeros ha

permitido amalgamar una red de docencia que ha resultado en una comunicación continua entre los programas y profesores de las distintas asignaturas.

Los conferencistas son investigadores tanto nacionales, como extranjeros que se encuentran realizando investigación de frontera en diversas áreas relacionadas directamente con las ciencias genómicas.

Los investigadores extranjeros son líderes internacionales en el campo de la genómica provenientes de instituciones de gran reconocimiento internacional. Entre estas se encuentran las universidades de Harvard, Boston, Stanford, California, Washington, el Baylor College of Medicine, el Cold Spring Harbor Laboratory, el Howard Hughes Medical Institute, el Institute Pasteur, el Sanger Institute, y el Max Plank Institut, por mencionar algunas. Los investigadores nacionales provienen principalmente de distintas entidades académicas de la UNAM, del CINVESTAV y del Sector Salud. Los investigadores han participado tanto por videoconferencias, como por interacción directa con los estudiantes en forma de seminarios y discusiones informales. Es de destacar que los investigadores del extranjero han resultado gratamente impresionados por la calidad del plan y de los estudiantes (ver sección sobre opinión de líderes internacionales). Por otra parte, han permitido que la licenciatura adquiriera un carácter internacional y han abierto importantes oportunidades a los estudiantes. En el plan de estudios propuesto los conferencistas nacionales y extranjeros forman la base de las asignaturas que se han denominado Fronteras de la Genómica 1-4 y Aplicaciones de la Genómica 1-4. Así mismo, participarán como asesores de las asignaturas denominadas Genómica Integrativa 1-4.

Los tutores corresponden a investigadores tanto nacionales, como extranjeros que son los líderes de los laboratorios donde los estudiantes realizan sus estancias de investigación en el último año de la licenciatura. Estas estancias pueden realizarse tanto en México, como en el extranjero, en instituciones públicas o privadas, de acuerdo con los intereses del estudiante. Todo tutor propuesto es analizado cuidadosamente y en su caso aprobado por el Comité Académica dentro de un programa ad hoc para cada estudiante. En el plan de estudios propuesto las estancias de investigación corresponden a las asignaturas denominadas como Trabajo de Investigación 1-6.

2.4 Análisis de planes de estudios afines

Como suele suceder en la mayoría de las áreas emergentes de la investigación científica – sobre todo en aquellas de reciente aparición-, la formación profesional se ha concentrado en el posgrado, particularmente en el doctorado. A nivel internacional, en un breve lapso han aparecido una variedad de programas de posgrado (con nombres tan variados como bioinformática, biología computacional, etc.) todos ellos en el área de las ciencias genómicas (ver <http://123genomics.homestead.com/files/courses.html> para una lista detallada). Estos programas pretenden conjuntar la necesidad de una formación más integral en biología molecular, bioquímica y genética con la enseñanza de la computación y las matemáticas necesarias para las ciencias genómicas, sin olvidar la consideración de los problemas éticos propios de esta área. En estos programas, surgidos en su mayoría en países desarrollados, el énfasis está en los programas de doctorado, dirigidos hacia la formación de investigadores. La necesidad de profesionistas es satisfecha de modo indirecto, cuando los nuevos doctores no logran insertarse en las instituciones de investigación, o a través de diplomados que enfatizan más la formación técnica que la científico-crítica.

La formación a nivel de licenciatura (Bachelor of Science o su equivalente) también ha experimentado modificaciones como resultado de la aparición de las ciencias genómicas. La mayoría de las universidades estadounidenses y muchas europeas ya incluyen en sus curricula cursos (obligatorios u optativos) relacionados con las ciencias genómicas. Esta situación no ocurre solamente con la enseñanza de licenciaturas (undergraduate) en biología, sino que ya empieza a extenderse a algunas escuelas médicas en niveles relativamente tempranos. Sin embargo, la baja proporción de cursos en esta área dentro de un curriculum dado, puede provocar un énfasis exagerado en los aspectos técnicos más que en una educación científico-crítica de la disciplina. De cualquier modo, el interés existente en extender la formación en niveles tempranos se plasma con la aparición, en 1999, del primer libro de texto de ciencias genómicas para el nivel de licenciatura.

Dentro de las propuestas de programas educativos en el área, se enfatiza la necesidad de una formación científica, la cual debe extenderse a nivel de licenciatura. Esta recomendación empieza a ser atendida, con la aparición de los primeros programas de licenciatura orientados directamente a las ciencias genómicas (Tabla 2).

Tabla 2. Programas de licenciatura en ciencias genómicas y/o bioinformática

INSTITUCIÓN	NOMBRE DEL PROGRAMA
Bielefeld University (Alemania)	BS in Bioinformatics and Genome Research. [http://www.TechFak.Uni-Bielefeld.DE/BIG/]
Carnegie Mellon University (EUA)	BS in Biological Sciences/Computer Science track. [http://www.bio.cmu.edu/Programs/Undergraduate/bscs.html]
Rensselaer Polytechnic Institute (EUA)	BS in Bioinformatics and Molecular Biology. [http://www.rpi.edu/academics/interdisciplinary/bioinformatics.html]
University of California, Santa Cruz, (EUA)	BS in Bioinformatics [http://www.soe.ucsc.edu/programs/binf/undergraduate/]
University of Pennsylvania (EUA)	BS in Computational and Mathematical Biology [http://www.bio.upenn.edu/programs/undergraduate/concentrations/compbio.html]
University of the Sciences in Philadelphia (EUA)	BS in Bioinformatics [http://www.usp.edu/majors/bioinformatics.shtml]
Wesleyan University (EUA)	Undergraduate Certificate Program in Integrative Genomic Sciences [http://igs.wesleyan.edu/]
University of Wisconsin Parkside (EUA)	BS in Molecular Biology & Bioinformatics [http://www.uwp.edu/departments/biological.sciences/mbbi.cfm]
University of Nebraska at Omaha (EUA)	BS in Bioinformatics [http://www.unomaha.edu/bioinformatics/]
Wright State University (EUA)	Bachelor of Science in Biological Sciences - Bioinformatics Option [http://www.wright.edu/biology/academics/ungrad-bs-bioinfo.html]
Virginia Commonwealth University (EUA)	BS in Bioinformatics; Biological/Genomic track [http://www.pubapps.vcu.edu/bulletins/undergraduate/?did=20459]
Aberystwyth University (RU)	BSc in Biology and Bioinformatics [http://www.aber.ac.uk/en/prospectus/courses/b-bioinformatics.php]
University of Portsmouth (RU)	BSc in Genome Sciences [http://www.port.ac.uk/courses/coursetypes/undergraduate/BScHons GenomeScience/]
The University of Manchester (RU)	BSc in Biological & Computing Science (Bioinformatics) with Industrial or Professional Experience [http://www.manchester.ac.uk/undergraduate/courses/search/atoz/course/?code=00454] BSc in Biological & Computing Science (Bioinformatics) [http://www.manchester.ac.uk/undergraduate/courses/search/atoz/course/?code=00483]
University of Birmingham (RU)	BSc in Biology and Computing (Bioinformatics); with Professional Placement; Undergraduate Masters [http://www.biosciences.bham.ac.uk/study/undergrad/bioinformatics/bioinformatics.htm]
University of Calgary (Canadá)	BHSc in Bioinformatics [http://hssserver01.med.ucalgary.ca/BHSc/BioInf/BioInfHome.html]
University of New South Wales (Australia)	BE in Bioinformatics [http://www.bioinformatics.unsw.edu.au/]
International Islamic University Islamabad (Pakistán)	BS in Bio Informatics [http://www.iiu.edu.pk/programs/BS_bio_informatics.html]
GC University Faisalabad (Pakistán)	BS in Bio Informatics [http://www.gcuf.edu.pk/BS%20bioinfo.asp]

De los programas de licenciatura identificados, los primeros siete aparecieron previamente a la Licenciatura en Ciencias Genómicas de la UNAM, el resto aparecieron posteriormente. La mayor parte de estos programas se han generado en países desarrollados que han hecho una fuerte inversión tanto en investigación, como en desarrollo tecnológico en las ciencias genómicas. Un análisis profundo de los currícula de estos programas, muestra que frecuentemente adoptan un sistema basado en asignaturas, con una proporción balanceada en las dedicadas a bioquímica y biología molecular, computación y matemáticas. La totalidad de ellos contemplan, como parte del curriculum, la incorporación del estudiante en laboratorios de investigación básica o aplicada en ciencias genómicas, por períodos que oscilan entre 2-12 meses. Este inicio en la experimentación se garantiza por una característica más de estos programas: todos ellos se han generado por iniciativas interdisciplinarias de investigadores del área. Son pues, ejemplos en donde la actividad de investigación ha generado opciones nuevas e interesantes para la enseñanza. Aunque el número de programas de licenciatura es aún pequeño, su reciente aparición, la importancia del área de investigación y la necesidad de académicos y profesionistas, permiten prever que su número crecerá de manera continua.

2.5 Características actuales y tendencias futuras de la formación profesional

Las ciencias genómicas representan un área emergente de enorme relevancia científica y social. La UNAM creó la Licenciatura en Ciencias Genómicas como acción clave para desarrollar el área en la propia UNAM y en el país. Los egresados cuentan con la formación interdisciplinaria e integral necesarias para continuar una carrera académica o para continuar una preparación de tipo profesional. En las áreas académicas, la demanda en México por investigadores con esta preparación es muy amplia. Se puede asegurar que la mayor parte de las instituciones universitarias, en particular las universidades públicas, están ávidas por incorporar en sus cuadros de investigación a personal experto en ciencias genómicas.

Es importante destacar que la complejidad de las ciencias genómicas requiere que la etapa de formación académica no termine a nivel de licenciatura. Es de suma importancia que los estudiantes continúen su formación a nivel de posgrado. Por este motivo, la modificación al plan de estudios contempla que los estudiantes puedan ingresar al posgrado a partir de haber concluido el ciclo integrativo, o sea, al haber cubierto todos los créditos del sexto

semestre (ver **11.Inicio de Estudios de Posgrado Durante la Licenciatura en Ciencias Genómicas**).

La necesidad de expertos en ciencias genómicas es también evidente en distintas instituciones del sector público, incluyendo los hospitales de tercer nivel como los institutos nacionales de Salud; el Servicio Médico Forense; laboratorios asociados a las instituciones judiciales; las secretarías de Estado relacionadas con agricultura, ganadería y medio ambiente, entre otras.

Por otra parte, las ciencias genómicas están cobrando un enorme interés en actividades de tipo industrial. Esta situación es muy clara en países desarrollados. En el país no existen empresas de alta calidad basadas en la genómica. Esto se debe fundamentalmente a la carencia de personal calificado en el área. Al terminar su preparación, los egresados serán candidatos idóneos para llenar esta carencia, si bien también requerirán hacer estudios de posgrado. Se espera que los egresados sean la base para el surgimiento de empresas modernas y competitivas basadas en las ciencias genómicas.

Es importante destacar también la enorme demanda que ha tenido la licenciatura. En efecto, en los últimos años se han presentado al concurso de selección interno aproximadamente 300 aspirantes por año. Esto es un claro reflejo de la percepción de la sociedad en relación a la necesidad que existe en el país por personal altamente calificado en el área que cubren las ciencias genómicas.

A casi cinco años de inicio de la licenciatura y habiendo egresado la primera generación, ha sido evidente también que los egresados son muy apreciados en el extranjero tanto por su sólida formación, como por su elevado nivel académico. Al menos cuatro estudiantes realizan su doctorado en el extranjero y varios han ingresado o están por ingresar al doctorado en la UNA. Sin embargo, todavía es muy temprano para tener estadísticas del futuro de los egresados. Más aún, varios líderes internacionales del área han expresado que la Licenciatura en Ciencias Genómicas de la UNAM tiene características únicas y coadyuva a un esfuerzo internacional para proporcionar la educación en el nivel de pregrado de los futuros líderes en el campo (ver sección sobre **Opiniones de líderes internacionales sobre el plan de estudios propuesto y sobre la calidad de los estudiantes**)

2.6 Retos que enfrenta el plan de estudios

Como se ha mencionado reiteradamente, la genómica es la frontera más importante de la biología en la actualidad y avanza continuamente en forma vertiginosa. Esto hace que el plan de estudios presente enormes retos que se está convencido que serán superados por la calidad, responsabilidad, entrega y el entusiasmo de los que participan en la licenciatura tanto los docentes, como los estudiantes. Entre los principales retos se encuentran:

- Mantener la calidad de los estudiantes.
- Lograr la integración de las distintas disciplinas.
- Mantener el carácter internacional de la licenciatura.
- Asimilar continuamente los avances de las ciencias genómicas.
- Estimular el inicio de estudios de posgrado durante la licenciatura
- Contar con un Plan de Desarrollo Institucional y Nacional que permita que, al terminar su formación académica (que deberá incluir estudios de posgrado y estancias posdoctorales), los egresados se conviertan en los líderes de las ciencias genómicas en México.

Para mantener la calidad de los estudiantes se requiere contar con un proyecto continuo de actualización del sistema de selección. De hecho, el Comité Académico ha nombrado un subcomité de admisión que tiene como mandato la difusión de la licenciatura, y la actualización de la guía de estudios para el concurso de selección, del examen del concurso de selección interno (primera fase de la selección) y del contenido y estilo de las entrevistas para la selección interna (segunda fase de la selección). Es de destacarse que en los últimos concursos de selección se han presentado alrededor de 300 aspirantes, de los cuales se han aceptado entre 30 y 40.

Para lograr la integración de las distintas disciplinas que conforman las ciencias genómicas el plan de estudios propuesto se encuentra estructurado en cuatro niveles, con base en cuatro etapas de integración. En el primer nivel o nivel básico (semestres 1 y 2) se estudian las asignaturas que forman las bases de las ciencias genómicas. En el segundo nivel o nivel avanzado (semestres 3 y 4) las asignaturas se refieren a la genómica avanzada en sus distintas vertientes multidisciplinarias. En el tercer nivel o nivel integrativo las asignaturas corresponden a cursos y seminarios donde la integración es completa. En todas las asignaturas se requiere de la participación simultánea de las distintas disciplinas. En el cuarto nivel o nivel de investigación el estudiante aplica todos sus conocimientos para el

estudio de problemas actuales en genómica de acuerdo con sus intereses particulares. En la propuesta de modificación del plan de estudios se analizan detalladamente los diferentes niveles de integración.

La licenciatura goza ya de un prestigio a nivel internacional. Esto se debe en gran medida a la interacción directa de líderes internacionales del área con los estudiantes. Como puede observarse en la sección sobre **Opiniones de líderes internacionales sobre el plan de estudios propuesto y sobre la calidad de los estudiantes**, el plan de estudios propuesto y la calidad de los estudiantes han sido valoradas como de muy alto nivel. La relación continua de la licenciatura con investigadores de prestigiadas instituciones del extranjero ha permitido establecer una red de investigadores que está dando un gran soporte a la licenciatura. Más aún, un buen número de estudiantes han tenido la oportunidad de realizar estancias de investigación en el verano o durante en último año de su carrera en laboratorios del extranjero. Dentro de los planes mas importantes de la licenciatura se encuentra el ampliar continuamente esta red de investigadores y de instituciones internacionales que brinde un apoyo sostenido a la licenciatura. Entre las acciones planeadas para un futuro cercano se encuentra la de establecer convenios con distintas instituciones que formalicen la colaboración.

La interacción continua de los estudiantes, de los profesores y de los investigadores con líderes de las ciencias genómicas es un mecanismo que permite contender y actualizar continuamente los avances del conocimiento en el área.

El proyecto de modificación del plan de estudios contempla que los estudiantes puedan ingresar al posgrado durante la licenciatura (ver **11.Inicio de Estudios de Posgrado Durante la Licenciatura en Ciencias Genómicas**).

Las características más sobresalientes del plan de estudios propuesto son: la estructuración con base en niveles de integración; la flexibilidad del contenido de las asignaturas del nivel integrativo; la inclusión formal de las asignaturas de Fronteras de la Genómica 1-4 y Aplicaciones de la Genómica 1-4; y la interacción continua con líderes del área tanto nacionales como extranjeros garantizan que la licenciatura se adapte continuamente a los

avances científicos y a sus repercusiones sociales, a las nuevas avenidas, y a los cambios de paradigmas que se espera que se presenten en las ciencias genómicas.

Desde un punto de vista general, para contender con los retos que plantea el plan de estudios, es necesaria su evaluación periódica, y si los resultados del análisis lo demandan, la proposición de su modificación. El proyecto modificación del plan de estudios de la Licenciatura en Ciencias Genómicas es el resultado de la revisión y evaluación del plan de estudios vigente. Es de destacarse que desde el inicio de la licenciatura se estableció el compromiso de evaluarla al momento en que terminara sus estudios la primera generación.

2.7 Resumen de los resultados más relevantes del diagnóstico del plan vigente

Las estadísticas de la licenciatura hasta la fecha se presentan en la Tabla 3, indicando tanto los resultados de cada generación, como los resultados totales.

Tabla 3. Estadísticas de la Licenciatura en Ciencias Genómicas

GENERACIÓN	2004	2005	2006	2007	2008	TOTAL
PRESENTARON CONCURSO DE SELECCIÓN	91	171	217	289	264	1032
FUERON ACEPTADOS Y SE INSCRIBIERON A LA LCG	28	37	40	35	29	169
% INSCRITOS en relación a los aspirantes	31%	22%	18%	12%	11%	19%
DESERCIONES 1ER AÑO	3	6	3	0	1	13
DESERCIONES DESPUES DEL 1ER AÑO	1	4	2	0	0	7
DESERCIONES TOTALES	4	10	5	0	1	20
TITULADOS	18	0	0	0	0	18
ESTUDIANTES INSCRITOS ACTUALMENTE	6	27	35	35	28	131
TITULADOS MÁS INSCRITOS ACTUALMENTE	24	27	35	35	28	149
ASIGNATURAS POR ALUMNO CURSADAS	856	918	872	350	140	3136
ASIGNATURAS POR ALUMNO REPROBADAS EN EXAMEN ORD.	15	*32	11	2	1	61
ASIGNATURAS POR ALUMNO ACREDITADAS DESPUÉS DE REPROBACIÓN	15	15	9	2	1	42
NO. DE ALUMNOS IRREGULARES EN LA ACTUALIDAD	0	0	3	0	0	3
NO. DE ALUMNOS REGULARES EN LA ACTUALIDAD MÁS TITULADOS	24	27	32	35	28	146
%ALUMNOS IRREGULARES	0	0	9%	0	0	2%
PROMEDIO DE CALIFICACIONES A LA FECHA	8.82	9,05	8,72	8.78	8.95	8.9

* De estas materias 21 fueron reprobadas por 2 alumnos que ya no se han inscrito.

Del análisis estadístico se desprenden las siguientes conclusiones:

1.- La licenciatura presenta una enorme demanda; hasta la fecha han presentado el concurso interno para ingresar 1,032 candidatos. Es importante destacar que la alta demanda continúa. El registro de aspirantes para la generación 2009 se inició el 15 de febrero y permaneció 15 de abril, registrándose un total de 449 aspirantes. Actualmente se encuentra en proceso el concurso de selección interno para ingresar en el semestre 2009-1 en Agosto de 2008.

2.- La Licenciatura presenta requisitos de admisión de alto nivel académico. De los 1,032 aspirantes a ingresar se han aceptado 169 lo que corresponde al 19% de la demanda. Es importante observar que el porcentaje de aceptados ha disminuido cada año, lo cual se debe tanto a una demanda más alta, como a un incremento en el nivel académico que se pide a los estudiantes para ser aceptados.

3.- La licenciatura presenta un índice de deserción muy bajo y concentrado fundamentalmente en los primeros semestres. De las 20 deserciones que ha habido, 13 se han dado en el transcurso del primer año.

4.- La licenciatura presenta un índice de reprobación muy bajo. De las 3,136 asignaturas-alumno que se han calificado, únicamente 61 (2%) han sido reprobadas en examen ordinario. Es importante notar que dos alumnos fueron responsables de la reprobación de 21 asignaturas-alumno y que estos alumnos no se encuentran inscritos en la actualidad. De las 61 asignaturas-alumno reprobadas en examen ordinario, 42 han sido aprobadas en examen extraordinario. Del total de alumnos inscritos actualmente, únicamente tres se encuentran en situación irregular.

5.- Los estudiantes de la licenciatura presentan calificaciones altas. El promedio global incluyendo a todos los alumnos (los titulados más los inscritos actualmente) es de 8.9.

De las acciones mencionadas en la sección sobre **Metodología empleada en el diseño del plan de estudios** se detectaron los siguientes puntos a optimizar:

- a) El plan de estudios actual tiene poca flexibilidad. La proporción de asignaturas obligatorias es muy alta y la seriación es muy estricta.
- b) El plan actual está diseñado por ejes temáticos relativamente independientes y descuida la integración horizontal a lo largo de la licenciatura.
- c) En algunos puntos se detecta que para comprender óptimamente una asignatura debería contarse con el conocimiento de otras asignaturas que en el plan actual se ofrecen en forma simultánea o en ocasiones incluso en semestres posteriores.
- d) Existen algunas asignaturas que no son fundamentales para la formación en ciencias genómicas a nivel de licenciatura. Como ejemplo se puede citar la asignatura Inteligencia Artificial.
- e) Existen carencias importantes. En particular destacan la ausencia de asignaturas enfocadas al análisis de genomas modelos y a la genómica humana.

- f) Dada la carga académica de cada uno de los ejes temáticos, algunos de los cuales terminan hasta el séptimo semestre, los estudiantes tienen poca oportunidad de participar en asignaturas o actividades que integren a las diferentes áreas del conocimiento que conforman las ciencias genómicas.
- g) Una situación que no se conocía al inicio de la licenciatura es que prácticamente el 100% de los estudiantes están convencidos que su preparación no debe terminar en este nivel y que desean continuarla con estudios de posgrado.

3. Descripción de los campos de estudio que aborda el plan de estudios propuesto

Esta descripción se encuentra incluida en la sección sobre **Estado actual y tendencias futuras de las ciencias genómicas**

4. Propuesta de modificación del plan de estudios vigente

4.1 Objetivos del plan de estudios propuesto

El plan de estudios propuesto tiene como objetivo general cubrir la necesidad de formar los recursos humanos que requiere el país para lograr un desarrollo óptimo de las ciencias genómicas. Como se ha mencionado, las ciencias genómicas están incidiendo en una amplia gama de la actividad humana tanto en niveles académicos, como profesionales. Si México quiere participar en este desarrollo, es fundamental que posea investigadores y profesionales que cubran el perfil interdisciplinario e integrativo inherente a las ciencias genómicas.

Es importante aclarar que el plan de estudios de la Licenciatura en Ciencias Genómicas representa la primera etapa en la formación de los futuros investigadores y profesionistas en ciencias genómicas. La formación completa requiere continuar el desarrollo de los estudiantes con estudios de posgrado y con entrenamiento a nivel posdoctoral. En este contexto, es importante destacar que casi la totalidad de todos los alumnos egresados o inscritos actualmente en la licenciatura tienen dentro de sus planes la realización de estudios de posgrado. La modificación propuesta al plan de estudios contempla la posibilidad de iniciar estudios de posgrado durante el último año de la licenciatura.

Como objetivos específicos el plan de estudios propuesto tiene los siguientes:

- a) Proporcionar al estudiante una formación científico-profesional con un enfoque amplio, integral e interdisciplinario, abarcando en forma conjunta la biología moderna, las matemáticas, la estadística y las ciencias computacionales.
- b) Familiarizar al estudiante con el desarrollo de las ciencias genómicas a nivel nacional y con la frontera de conocimiento en el área a nivel internacional.
- c) Preparar a los estudiantes para ingresar a posgrados en las diferentes áreas que cubren las ciencias genómicas.
- d) Formar profesionales con la capacidad de incidir en la solución de problemas relacionados con las diferentes áreas que abarcan las ciencias genómicas.
- e) Familiarizar al estudiante con las aplicaciones de las ciencias genómicas en las ciencias básicas, la biomedicina, la ecología y la biotecnología
- f) Desarrollar en el estudiante una conciencia crítica en relación a las implicaciones éticas, sociales y legales que presenta el desarrollo de las ciencias genómicas.
- g) Permitir y estimular que los estudiantes inicien estudios de posgrado durante la licenciatura

4.2 Perfiles

4.2.1 Perfil de ingreso

La Licenciatura en Ciencias Genómicas (LGC) ofrece una formación académica que es a la vez apasionante y demandante. El aspirante a la LCG, egresado de un bachillerato, debe poseer una serie de aptitudes, cualidades y conocimientos que faciliten el camino a la excelencia académica. Por su particular relevancia destacan:

- Creatividad
- Actitud crítica
- Capacidad de integración
- Avidez por el nuevo conocimiento
- Compromiso, disciplina y constancia
- Conocimiento sólido en matemáticas, química y biología
- Comprensión del idioma inglés

4.2.2 Perfiles intermedios

El plan de estudios propuesto se encuentra estructurado en cuatro etapas o niveles de formación. Cada uno de los niveles presenta perfiles específicos de formación que resultan indispensables para acceder al siguiente nivel.

Al terminar la primera etapa o nivel básico, el estudiante habrá asimilado los conocimientos fundamentales de las diferentes disciplinas que forman las bases de las ciencias genómicas: biología celular, bioquímica, biología molecular, genética, evolución, computación, estadística y matemáticas. Es importante aclarar que la formación en matemáticas y en estadística se completa al terminar la segunda etapa. Además, el estudiante estará familiarizado con las diferentes bases de datos y programas de cómputo, así como con los enfoques experimentales mas utilizados en las ciencias genómicas. Asimismo, dominará la comprensión de textos en idioma inglés.

Al terminar la segunda etapa o nivel avanzado, el estudiante habrá terminado su formación en matemáticas y en estadística y poseerá un conocimiento de las distintas áreas de estudio interdisciplinario de las ciencias genómicas: bioinformática, genómica funcional y genómica evolutiva. Además contará con un amplio conocimiento de los genomas utilizados como modelos, con especial énfasis en la genómica humana y en los aspectos éticos, sociales y legales que derivan de los avances de las ciencias genómicas. Al terminar esta etapa, el estudiante estará preparado para entender investigación de vanguardia en ciencias genómicas y para abordar los problemas de tipo integral que le son característicos. Así mismo, contará con la posesión del idioma inglés.

Al terminar la tercera etapa o nivel integrativo el estudiante habrá desarrollado una madurez que le permita comprender literatura de vanguardia sobre los distintos aspectos que cubre la genómica y participar en discusiones con líderes nacionales e internacionales del área. Además, estará capacitado para abordar problemas genómicos complejos que requieran del concurso de distintas disciplinas. Es de destacarse que en la actualidad son relativamente pocos los investigadores y profesionistas que posean individualmente esta capacidad integrativa. Al terminar el nivel integrativo el estudiante estará capacitado para ingresar a un posgrado en cualquier área relacionada con las ciencias genómicas.

4.2.3 Perfil de egreso

El egresado poseerá un amplio cuerpo de conocimientos, incluyendo conocimientos fundamentales relacionados con las disciplinas que sustentan a las ciencias genómicas, y con las ramas avanzadas de la genómica: la bioinformática, la genómica funcional y la genómica evolutiva, así como los modelos de estudio más importantes de la genómica, en particular el genoma humano.

Tendrá habilidades en relación a la integración de las distintas disciplinas, al plantamiento de problemas genómicos complejos y a la participación en su solución. Dominará el idioma inglés y podrá entender literatura de vanguardia, participar en seminarios y presentaciones formales, discutir con líderes académicos, y realizar investigación o actividades profesionales relacionadas con las ciencias genómicas.

De particular importancia es que el egresado habrá desarrollado una actitud crítica y fundamentada en relación a las implicaciones éticas, sociales y legales de las ciencias genómicas.

4.2.4 Perfil profesional

El egresado de la Licenciatura en Ciencias Genómicas es el profesional que tiene conocimientos avanzados en genómica, incluyendo la bioinformática, la genómica funcional y la genómica evolutiva; por lo que cuenta no sólo con los elementos académicos que le permiten, si así lo desea, continuar con estudios de posgrado para desenvolverse de manera óptima en el ámbito de la investigación, sino también con elementos suficientes para incorporarse al aparato productivo o a la docencia especializada. está altamente capacitado para incorporarse y colaborar en forma crítica y creativa en grupos de investigación científica y para diseñar e implementar áreas de trabajo en ciencias genómicas en el sector productivo. A su vez, colabora eficientemente con grupos interdisciplinarios de profesionales en la resolución de problemas prácticos. Asesora a otros profesionales sobre los alcances, limitaciones e idoneidad de las estrategias de las ciencias genómicas tanto en instancias de investigación básica y aplicada, como en el aparato productivo.

Su ámbito laboral se encuentra en instituciones de investigación y de educación superior en los sectores público y privado, así como en industrias de biotecnología, farmacéutica, agropecuaria y alimentaria.

4.3 Duración de los estudios, total de créditos y asignaturas

El plan de estudios propuesto contiene un total de ocho semestres. Comprende 384 créditos de los cuales 256 son obligatorios y 128 son optativos. Estos créditos corresponden a 48 asignaturas de las cuales 32 son obligatorias y 16 son optativas.

4.4 Estructura y organización del plan de estudios

4.4.1 Descripción de la organización del plan de estudios

El plan de estudios propuesto está estructurado en cuatro etapas o niveles de integración. El primer nivel o nivel básico corresponde a los semestres 1 y 2, y comprende las disciplinas que forman las bases de las ciencias genómicas. Las asignaturas comprendidas en este nivel son: Matemáticas 1 (Matemáticas Discretas), Matemáticas 2 (Álgebra Lineal), Principios de Programación, Computación, Principios de Estadística, Biología Celular, Bioquímica, Biología Molecular, Genética, Principios de Evolución y dos seminarios. El seminario 1 corresponde a la introducción a la bioinformática y el seminario 2 está relacionado con los principales enfoques que utiliza la genómica en el laboratorio. Este nivel comprende 12 asignaturas, todas obligatorias, que abarcan 96 créditos.

En el segundo nivel o nivel avanzado, que comprende los semestres 3 y 4, se termina la educación en matemáticas con las asignaturas Matemáticas 3 (Cálculo) y Matemáticas 4 (Ecuaciones Diferenciales). En este nivel se cursan las asignaturas que comprenden las grandes ramas de la genómica: Bioinformática combinada con Estadística (Bioinformática y Estadística 1 y 2); Genómica Funcional (Genómica Funcional 1 y 2); Genómica Evolutiva (Genómica Evolutiva 1 y 2) y los modelos genómicos más utilizados en las ciencias genómicas: virus, bacterias, levaduras, plantas y animales (Modelos Genómicos y Seminario 3), con especial énfasis en el genoma humano (Genómica Humana) y en las implicaciones éticas, sociales y legales de la genómica (Seminario 4). Este nivel comprende 12 asignaturas, todas obligatorias, que abarcan 96 créditos.

El tercer nivel o nivel integrativo, que comprende los semestres 5 y 6, está dedicado a la participación del estudiante en actividades que requieren de la integración de los conocimientos adquiridos en los primeros dos niveles. Este nivel comprende las asignaturas Fronteras de la Genómica 1-4 y Aplicaciones de la Genómica 1-4. Estas asignaturas están formadas por módulos basados en la interacción directa de los estudiantes con

investigadores tanto del extranjero como del país, líderes en diferentes aspectos de las ciencias genómicas o que estén abordando proyectos de investigación que requieran de conocimientos y metodologías derivados de las ciencias genómicas. Cada módulo, correspondiente a la interacción con un investigador, comprende tres actividades: revisión de artículos recientes del investigador o relacionados con el área que cultiva, seminario de varias horas con el investigador y discusiones informales de grupos de alumnos con el investigador. Cada una de estas ocho asignaturas está formada por seis módulos. En total, los estudiantes están expuestos a la interacción con 48 investigadores. Se considera que estas asignaturas son únicas e indispensables para la formación integral del estudiante y su introducción formal en el currículo de la licenciatura representa uno de los logros más importantes del plan de estudios propuesto. Estas asignaturas tienen carácter obligatorio. Las otras cuatro asignaturas del nivel integrativo corresponden a temas de frontera que requieren la integración de los conocimientos de distintas disciplinas en el planteamiento de problemas fundamentales de la genómica actual. Estas asignaturas tienen carácter de optativo y deberán ser aprobadas por el Comité Académico para cada estudiante. Como ejemplo de estas asignaturas se encuentran la Biología de Sistemas, que pretende entender en forma integrada y por medio de abstracciones matemáticas la fisiología celular; la conjunción de la biología del desarrollo con la evolución, recientemente bautizada como Evo-Devo; el análisis de paquetes de datos de distintos problemas genómicos obtenidos por diversos laboratorios, etc. Se pretende que estas asignaturas varíen en función de los avances mas recientes de la genómica. En total este nivel comprende 12 asignaturas, ocho obligatorias y cuatro optativas con un total de 96 créditos.

El cuarto nivel o nivel de investigación que comprende los semestres 7 y 8 representa la inmersión del estudiante en las actividades propias de la genómica. En este nivel todas las asignaturas son optativas y deben ser aprobadas por el Comité Académico con un programa ad hoc para cada estudiante. Este nivel comprende un total de seis asignaturas de trabajo de investigación, cuatro de tópicos selectos y dos de seminario de investigación. Todas las asignaturas pueden realizarse tanto en México, como en el extranjero, pueden incluir a uno o varios laboratorios de investigación tanto de corte académico, como industrial, y pueden llevarse a cabo tanto en el sector público, como en el privado. Mas aún, todo este nivel puede hacerse equivalente al inicio de un posgrado tanto a nivel de maestría, como de doctorado (ver **11.Inicio de Estudios de Posgrado Durante la Licenciatura en Ciencias Genómicas**).

Este nivel abarca un total de 12 asignaturas, todas ellas optativas, con un total de 96 créditos. Está previsto que todos los créditos puedan ser cubiertos por las actividades académicas que se requiere acreditar en el primer año de posgrados afines de la UNAM.

4.4.2 Mecanismos de flexibilidad del plan de estudios propuesto

Las ciencias genómicas requieren de adquirir conocimiento en diferentes disciplinas, integrar dicho conocimiento en áreas propias de la genómica, y finalmente integrar las áreas entre sí. Todo esto con objeto de poder abordar problemas de gran complejidad. La carencia de un conocimiento sólido en alguna de las disciplinas o áreas se reflejará en la capacidad del estudiante en el proceso de integración. El plan vigente se estructuró tomando como base ejes temáticos, congruentes internamente, pero con poca integración entre ellos. Este plan resultó poco flexible debido a que no se contaba con la experiencia de integración necesaria. El nuevo plan propuesto se encuentra estructurado por niveles de integración progresiva, como se ha presentado en la sección sobre **Descripción de la organización del plan de estudios**. Este plan requiere de una proporción elevada de asignaturas obligatorias, sin embargo, se ha estudiado muy a fondo los grados de flexibilidad que es conveniente incorporar.

Las asignaturas básicas de las ciencias genómicas podrían ser acreditadas por asignaturas de otros planes de estudios de la UNAM o de otras instituciones del país o del extranjero, a nivel de licenciatura o de posgrado, que a juicio del Comité Académico tuvieran un nivel académico similar al que se ofrece en la Licenciatura en Ciencias Genómicas. y con las que se tenga convenios para tal fin. Sin embargo, dentro del primer nivel o nivel básico se encuentran algunas asignaturas que en la actualidad no podrían cubrirse en el país. Tal es el caso de los seminarios de Introducción a la Bioinformática (Seminario 1) y de Enfoques Genómicos (Seminario 2).

En relación al nivel 2 o nivel avanzado, las asignaturas de Matemáticas 3 y 4 podrían acreditarse con cursos equivalentes en el país o el extranjero. Las asignaturas correspondientes a las áreas fundamentales de la genómica podrían acreditarse en el extranjero o bien en el país, combinando materias de otros planes de estudio. Sin embargo, la aprobación para acreditar estas asignaturas con aquellas de otros planes de estudios deberá ser analizada casuísticamente y en su caso aprobada por el Comité Académico.

En el nivel 3 las asignaturas de Aplicaciones de la Genómica y de Fronteras de la Genómica son únicas. Discutiendo el programa de Fronteras de la Genómica, los investigadores participantes han opinado que no existe un programa similar con tanta variedad y riqueza que se ofrezca a nivel de pregrado. Parte de los programas podrían sustituirse por estancias en instituciones de prestigio que tengan ciclos de seminarios muy ambiciosos con invitados de distintas partes del mundo. Las asignaturas Aplicaciones de la Genómica podrían ser parcialmente sustituidas por seminarios impartidos en instituciones nacionales o del extranjero donde se discutan proyectos de investigación que incluyan conocimientos y metodologías derivadas de las ciencias genómicas. En este mismo ciclo, las 4 asignaturas sobre Genómica Integrativa son todas optativas. La Licenciatura en Ciencias Genómicas pretende ofrecer distintas opciones que mantengan el nivel de frontera de los avances de la genómica. Por otra parte, estas asignaturas podrían acreditarse por otras ofrecidas a nivel nacional o por instituciones del extranjero que presenten el nivel de frontera requerido.

En el cuarto nivel o nivel de investigación el programa es totalmente flexible. Puede realizarse tanto en distintas instituciones nacionales como del extranjero e incorporar tópicos selectos y seminarios de temas muy variados. En particular, es importante destacar que el nivel de investigación puede acreditarse en forma total cursando el primer año de posgrado en la UNAM (ver **11.Inicio de Estudios de Posgrado Durante la Licenciatura en Ciencias Genómicas**). De hecho, el programa del nivel de investigación está considerado como un programa ad hoc que el Comité Académico deberá aprobar con base en los intereses específicos de cada estudiante. Como principio rector para la aprobación el estudiante podrá elegir cualquier laboratorio o empresa nacional o del extranjero que tenga un nivel de excelencia en cualquier área y proyecto relacionado con las ciencias genómicas.

4.4.3 Seriación

Una de las características fundamentales del plan de estudios propuesto es su estructuración en niveles sucesivos donde cada nivel presenta un mayor y más complejo grado de integración. La carencia de conocimiento sólido de las asignaturas de un nivel precedente afecta en forma importante al siguiente nivel. Por este motivo se propone una seriación por niveles. Se ha discutido ampliamente si esta seriación por niveles pudiera presentar un cuello de botella que pudiera detener el avance de los estudiantes. Además del argumento relacionado con la importancia de adquirir todos los conocimientos, habilidades y actitudes

correspondientes al nivel precedente, hay que tomar en cuenta que la Licenciatura cuenta con un proceso de selección muy estricto y que el índice de reprobación de asignaturas es muy bajo, concentrándose importantemente en el primer año. La experiencia adquirida indica que en general la reprobación revela errores en la selección o bien una baja vocación del estudiante en relación a la integración de ciencias exactas con ciencias naturales. En todo caso, para que un estudiante que no haya acreditado todas las asignaturas de un nivel pueda inscribirse al siguiente, se requiere de la aprobación del Comité Académico. El propio Comité indicará las condiciones y requisitos que el estudiante deberá satisfacer.

En relación a la seriación entre asignaturas en un mismo nivel, se ha disminuido al mínimo. En efecto, el plan propuesto presenta sólo dos seriaciones obligatorias de este tipo: Computación requiere haber acreditado Principios de Programación, y Matemáticas 4 (Ecuaciones Diferenciales) requiere haber acreditado Matemáticas 3 (Cálculo). En ambos casos la asignatura precedente es indispensable para la comprensión adecuada de la materia seriada.

Seriación Obligatoria de Asignaturas		
Denominación de la Asignatura	Seriación Antecedente	Seriación Subsecuente
Principios de Programación	Ninguna	Computación
Computación	Computación	Ninguna
Matemáticas 3	Ninguna	Matemáticas 4
Matemáticas 4	Matemáticas 3	Ninguna
Seriación Obligatoria por Niveles		
Nivel	Seriación Antecedente	Seriación Subsecuente
Avanzado	Básico	Integrativo
Integrativo	Avanzado	De Investigación
De Investigación	Integrativo	Ninguno

4.4.4 Lista de asignaturas por semestre

LISTA DE ASIGNATURAS DEL PLAN DE ESTUDIOS DE LA LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS (2008)

CLAVE	DENOMINACIÓN DE LA ASIGNATURA	MODALIDAD	CARÁCTER	TIPO DE ASIGNATURA		CRÉDITOS
				HORAS/SEMANA		
				TEÓRICAS	PRÁCTICAS	
PRIMER SEMESTRE						
	Matemáticas 1	Curso	Obligatoria	4	0	8
	Principios de Programación	Curso-Taller	Obligatoria	3	2	8
	Biología Celular	Curso	Obligatoria	4	0	8
	Bioquímica	Curso	Obligatoria	4	0	8
	Biología Molecular	Curso	Obligatoria	4	0	8
	Seminario 1	Seminario	Obligatoria	3	2	8
SEGUNDO SEMESTRE						
	Matemáticas 2	Curso	Obligatoria	4	0	8
	Computación	Curso-Taller	Obligatoria	3	2	8
	Principios de Estadística	Curso-Taller	Obligatoria	3	2	8
	Genética	Curso	Obligatoria	4	0	8
	Principios de Evolución	Curso	Obligatoria	4	0	8
	Seminario 2	Seminario	Obligatoria	3	2	8
TERCER SEMESTRE						
	Matemáticas 3	Curso	Obligatoria	4	0	8
	Bioinformática y Estadística 1	Curso-Taller	Obligatoria	3	2	8
	Genómica Funcional 1	Curso-Seminario	Obligatoria	4	0	8
	Genómica Evolutiva 1	Curso-Seminario	Obligatoria	4	0	8
	Modelos Genómicos	Curso-Seminario	Obligatoria	3	2	8
	Seminario 3	Seminario	Obligatoria	3	2	8
CUARTO SEMESTRE						
	Matemáticas 4	Curso	Obligatoria	4	0	8
	Bioinformática y Estadística 2	Curso-Taller	Obligatoria	3	2	8
	Genómica Funcional 2	Curso-Seminario	Obligatoria	4	0	8
	Genómica Evolutiva 2	Curso-Seminario	Obligatoria	4	0	8
	Genómica Humana	Curso-Seminario	Obligatoria	3	2	8
	Seminario 4	Seminario	Obligatoria	3	2	8
QUINTO SEMESTRE						
	Fronteras de la Genómica 1	Seminario	Obligatoria	4	0	8
	Fronteras de la Genómica 2	Seminario	Obligatoria	4	0	8
	Aplicaciones de la Genómica 1	Seminario	Obligatoria	4	0	8
	Aplicaciones de la Genómica 2	Seminario	Obligatoria	4	0	8
	Genómica Integrativa 1	Curso-Seminario	Optativa	3	2	8
	Genómica Integrativa 2	Curso-Seminario	Optativa	3	2	8
SEXTO SEMESTRE						

**LISTA DE ASIGNATURAS DEL PLAN DE ESTUDIOS DE LA
LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS (2008)**

	Fronteras de la Genómica 3	Seminario	Obligatoria	4	0	8
	Fronteras de la Genómica 4	Seminario	Obligatoria	4	0	8
	Aplicaciones de la Genómica 3	Seminario	Obligatoria	4	0	8
	Aplicaciones de la Genómica 4	Seminario	Obligatoria	4	0	8
	Genómica Integrativa 3	Curso-Seminario	Optativa	3	2	8
	Genómica Integrativa 4	Curso-Seminario	Optativa	3	2	8
SÉPTIMO SEMESTRE						
	Trabajo de Investigación 1	Laboratorio	Optativa	0	6	6
	Trabajo de Investigación 2	Laboratorio	Optativa	0	6	6
	Trabajo de Investigación 3	Laboratorio	Optativa	0	6	6
	Tópico Selecto 1	Seminario	Optativa	5	0	10
	Tópico Selecto 2	Seminario	Optativa	5	0	10
	Seminario de Investigación 1	Seminario	Optativa	4	2	10
OCTAVO SEMESTRE						
	Trabajo de Investigación 4	Laboratorio	Optativa	0	6	6
	Trabajo de Investigación 5	Laboratorio	Optativa	0	6	6
	Trabajo de Investigación 6	Laboratorio	Optativa	0	6	6
	Tópico Selecto 3	Seminario	Optativa	5	0	10
	Tópico Selecto 4	Seminario	Optativa	5	0	10
	Seminario de Investigación 2	Seminario	Optativa	4	2	10

4.4.5 Mapa curricular del plan de estudios propuesto

MAPA CURRICULAR DE LA LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS (2008)							
SEMESTRE	ASIGNATURAS						TOTAL SEMESTRE
NIVEL BÁSICO							
1	Matemáticas 1 (8C;4HT)	Principios de Programación (8C;3HT;2HP)	Biología Celular (8C;4HT)	Bioquímica (8C;4HT)	Biología Molecular (8C;4HT)	Seminario 1 (8C;3HT;2HP)	Créditos= 48 Horas Teóricas=22 Horas Prácticas=4 Asignaturas=6
2	Matemáticas 2 (8C;4HT)	Computación (8C;3HT;2HP)	Principios de Estadística (8C;3HT;2HP)	Genética (8C;4HT)	Principios de Evolución (8C;4HT)	Seminario 2 (8C;3HT;2HP)	Créditos= 48 Horas Teóricas=21 Horas Prácticas=6 Asignaturas=6
NIVEL AVANZADO							
3	Matemáticas 3 (8C;4HT)	Bioinformática y Estadística 1 (8C;3HT;2HP)	Genómica Funcional 1 (8C;4HT)	Genómica Evolutiva 1 (8C;4HT)	Modelos Genómicos (8C;3HT;2HP)	Seminario 3 (8C;3HT;2HP)	Créditos= 48 Horas Teóricas=21 Horas Prácticas=6 Asignaturas=6
4	Matemáticas 4 (8C;4HT)	Bioinformática y Estadística 2 (8C;3HT;2HP)	Genómica Funcional 2 (8C;4HT)	Genómica Evolutiva 2 (8C;4HT)	Genómica Humana (8C;3HT;2HP)	Seminario 4 (8C;3HT;2HP)	Créditos= 48 Horas Teóricas=21 Horas Prácticas=6 Asignaturas=6
NIVEL INTEGRATIVO							
5	Genómica Integrativa 1 (8C;3HT;2HP)	Genómica Integrativa 2 (8C;3HT;2HP)	Fronteras de la Genómica 1 (8C;4HT)	Fronteras de la Genómica 2 (8C;4HT)	Aplicaciones de la Genómica 1 (8C;4HT)	Aplicaciones de la Genómica 2 (8C;4HT)	Créditos= 48 Horas Teóricas=22 Horas Prácticas=4 Asignaturas=6
6	Genómica Integrativa 3 (8C;3HT;2HP)	Genómica Integrativa 4 (8C;3HT;2HP)	Fronteras de la Genómica 3 (8C;4HT)	Fronteras de la Genómica 4 (8C;4HT)	Aplicaciones de la Genómica 3 (8C;4HT)	Aplicaciones de la Genómica 4 (8C;4HT)	Créditos= 48 Horas Teóricas=22 Horas Prácticas=4 Asignaturas=6
NIVEL DE INVESTIGACIÓN							
7	Trabajo de Investigación 1 (6C;6HP)	Trabajo de Investigación 2 (6C;6HP)	Trabajo de Investigación 3 (6C;6HP)	Tópico Selecto 1 (10C;5HT)	Tópico Selecto 2 (10C;5HT)	Seminario de Investigación 1 (10C;4HT;2HP)	Créditos= 48 Horas Teóricas=14 Horas Prácticas=20 Asignaturas=6
8	Trabajo de Investigación 4 (6C;6HP)	Trabajo de Investigación 5 (6C;6HP)	Trabajo de Investigación 6 (6C;6HP)	Tópico Selecto 3 (10C;5HT)	Tópico Selecto 4 (10C;5HT)	Seminario de Investigación 2 (10C;4HT;2HP)	Créditos= 48 Horas Teóricas=14 Horas Prácticas=20 Asignaturas=6
Pensum académico 3632							Créditos= 384 Horas Teóricas=157 Horas Prácticas=70 Asignaturas=48

4.4.6 Mapa Curricular Vigente

Mapa Curricular de la Licenciatura en Ciencias Genómicas						
SEMESTRE	EJES TEMÁTICOS					TOTAL SEMESTRE
	Matemáticas	Computación	Genómica Funcional	Biología Genómica y Evolución	Crítico-Formativo	
ETAPA BÁSICA						
1	Matemáticas I (10C;5HT)	Principios de Programación (10C;4HT;2HP)	Química y Biofísica de Macromoléculas I (10C;5HT)	Biología Genómica y Evolución I (10C;5HT)	Seminario y Trabajo de Investigación I (8C;3HT;2HP)	Créditos= 48 Horas Teóricas=22 Horas Prácticas=4 Asignaturas=5
2	Matemáticas II (10C;5HT)	Estadística I (10C;4HT;2HP)	Química y Biofísica de Macromoléculas II (10C;5HT)	Biología Genómica y Evolución II (10C;5HT)	Seminario y Trabajo de Investigación II (8C;3HT;2HP)	Créditos= 48 Horas Teóricas=22 Horas Prácticas=4 Asignaturas=5
3	Matemáticas III (10C;5HT)	Estadística II (10C;4HT;2HP)	Genómica Funcional I (10C;5HT)	Biología Genómica y Evolución III (10C;5HT)	Seminario y Trabajo de Investigación III (8C;3HT;2HP)	Créditos= 48 Horas Teóricas=22 Horas Prácticas=4 Asignaturas=5
4	Matemáticas IV (10C;5HT)	Estadística III (10C;4HT;2HP)	Genómica Funcional II (10C;5HT)	Biología Genómica y Evolución IV (10C;5HT)	Seminario y Trabajo de Investigación IV (8C;3HT;2HP)	Créditos= 48 Horas Teóricas=22 Horas Prácticas=4 Asignaturas=5
5	Matemáticas V (10C;5HT)	Computación I (10C;4HT;2HP)	Genómica Funcional III (10C;5HT)	Biología Genómica y Evolución V (10C;5HT)	Seminario y Trabajo de Investigación V (8C;3HT;2HP)	Créditos= 48 Horas Teóricas=22 Horas Prácticas=4 Asignaturas=5
6	Bases de Datos (10C;5HT)	Computación II (10C;4HT;2HP)	Genómica Funcional IV (10C;5HT)	Biología Genómica y Evolución VI (10C;5HT)	Seminario y Trabajo de Investigación VI (8C;3HT;2HP)	Créditos= 48 Horas Teóricas=22 Horas Prácticas=4 Asignaturas=5
7	Inteligencia Artificial (10C;5HT)	Computación III (10C;4HT;2HP)	Genómica Funcional V (10C;5HT)		Seminario y Trabajo de Investigación VII (8C;3HT;2HP)	Créditos= 38 Horas Teóricas=17 Horas Prácticas=4 Asignaturas=4
ETAPA PROFESIONAL						
8	Optativa(s) (20C;10HT)		Área de Concentración I (20C;20HP)			Créditos= 40 Horas Teóricas=10 Horas Prácticas=20 Asignaturas=2
9	Optativa(s) (20C;10HT)		Área de Concentración II (20C;20HP)			Créditos= 40 Horas Teóricas=10 Horas Prácticas=20 Asignaturas=2
Pensum académico 3792*						Créditos= 406 Horas Teóricas=169 Horas Prácticas=68 Asignaturas=38

4.4.7 Tabla comparativa de las características generales de los planes de estudio vigente y propuesto

TABLA COMPARATIVA DE LAS CARACTERÍSTICAS GENERALES DE LOS PLANES DE ESTUDIOS VIGENTE Y PROPUESTO		
CARACTERÍSTICAS	PLAN DE ESTUDIOS	
	VIGENTE	PROPUESTO
AÑO DE APROBACIÓN	2003	2008
DURACIÓN (SEMESTRES)	9	8
PENSUM ACADÉMICO	3792 Horas	3632 Horas
TOTAL DE ASIGNATURAS	38	48
Obligatorias	34	32
Optativas	4	16
Teóricas	20	25
Prácticas	2	6
Teórico-Prácticas	16	17
TOTAL DE CRÉDITOS	406	384
Obligatorios	326	224
Optativos	80	160
ESTRUCTURA GENERAL	POR EJES TEMÁTICOS: *Biología Genómica y Evolución *Genómica Funcional *Computación *Matemáticas *Crítico-Formativo	POR NIVELES DE INTEGRACIÓN: *Nivel Básico *Nivel Avanzado *Nivel Integrativo *Nivel de Investigación
ETAPAS DE FORMACIÓN	2 ETAPAS: *Etapa Básica (7 Semestres) *Etapa Profesional (2 Semestres)	4 NIVELES: *Nivel Básico (2 Semestres) *Nivel Avanzado (2 Semestres) *Nivel Integrativo (2 Semestres) *Nivel de Investigación (2 Semestres)
SERIACIÓN ENTRE ETAPAS DE FORMACIÓN	1 SERIACIÓN: Etapa Básica → Etapa Profesional	3 SERIACIONES: Nivel Básico → Nivel Avanzado Nivel Avanzado → Nivel Integrativo Nivel Integrativo → Nivel de Investigación
SERIACIÓN DE ASIGNATURAS DENTRO DE UNA ETAPA	Etapa Básica: 18 Etapa Profesional: 1	Nivel Básico: 2 Nivel Avanzado: 1 Nivel Integrativo: 0 Nivel de Investigación: 0
IDIOMAS	INGLÉS Acreditar dominio del idioma ante el Centro de Lenguas Extranjeras (CELE) de la UNAM como requisito para inscribirse al 5to semestre.	INGLÉS Acreditar comprensión de lectura ante el Centro de Lenguas Extranjeras (CELE) de la UNAM como requisito para inscribirse al segundo semestre. Acreditar dominio del idioma ante el Centro de Lenguas Extranjeras (CELE) de la UNAM como requisito para inscribirse al 5to semestre.
OPCIONES DE TITULACIÓN	*Titulación por totalidad de créditos y alto nivel académico. *Titulación por actividad de investigación ó trabajo profesional. *Titulación mediante estudios en posgrado. *Titulación por actividad de apoyo a la docencia.	*Titulación por totalidad de créditos y alto nivel académico. *Titulación por actividad de investigación ó trabajo profesional. *Titulación mediante estudios en posgrado. *Titulación por actividad de apoyo a la docencia.
COMPATIBILIDAD CON LA ESTRUCTURA 3-2-3	NO COMPATIBLE	COMPATIBLE

4.5 Requisitos

4.5.1 Requisitos de ingreso

Los aspirantes deberán:

1. Cumplir los requisitos establecidos en los Artículos 2 y 4 del Reglamento General de Inscripciones de la UNAM, los cuales son:

Artículo 2º.- Para ingresar a la Universidad es indispensable:

- a) Solicitar la inscripción de acuerdo con los instructivos que se establezcan;
- b) Haber obtenido en el ciclo de estudios inmediato anterior un promedio mínimo de siete o su equivalente;
- c) Ser aceptado mediante concurso de selección, que comprenderá una prueba escrita y que deberá realizarse dentro de los períodos que al efecto se señalen.

Artículo 4º.- Para ingresar al nivel de licenciatura el antecedente académico indispensable es el bachillerato, cumpliendo con lo prescrito en el artículo 8º de este reglamento.

Para efectos de revalidación o reconocimiento, la Comisión de Incorporación y Revalidación de Estudios del Consejo Universitario determinará los requisitos mínimos que deberán reunir los planes y programas de estudio de bachillerato. La Dirección Genral de Incorporación y Revalidación de Estudios publicará los instructivos correspondientes.

2. Además de los requisitos anteriores, y dado el cupo limitado de esta licenciatura y las modalidades de trabajo académico, para ingresar el aspirante requerirá:
 - a) Ser seleccionado por el Subcomité de Admisión de la Licenciatura en Ciencias Genómicas en el concurso de selección interna (ver sección sobre **Procedimiento de ingreso a la Licenciatura en Ciencias Genómicas**).
 - b) Ser aceptado formalmente por el Comité Académico de la Licenciatura en Ciencias Genómicas

4.5.2 Procedimiento de ingreso a la Licenciatura en Ciencias Genómicas

El aspirante deberá cumplir tanto los requisitos de ingreso a la UNAM como los requisitos adicionales para ingresar a la Licenciatura en Ciencias Genómicas (LCG)

Para cumplir con los requisitos de ingreso a la UNAM el aspirante deberá inicialmente solicitar su ingreso a alguna carrera de las siguientes áreas: Ciencias Biológicas y de la Salud o de las Ciencias Físico-Matemáticas y de las Ingenierías, como por ejemplo: Actuaría, Biología, Ciencias de la Computación, Física, Ingeniería de Computación, Ingeniería Química, Matemáticas, Matemáticas Aplicadas y Computación, Medicina, Medicina Veterinaria y Zootecnia, Psicología, Química, Química de Alimentos, Química Farmacéutica Biológica o Química Industrial, ya sea por concurso de selección o pase reglamentado. Además deberá presentar un examen adicional de conocimientos y realizar una entrevista con el Subcomité de Admisión de la licenciatura.

A diferencia de otras carreras impartidas en la UNAM, la selección de los alumnos para la licenciatura en Ciencias Genómicas la realiza un Subcomité de Admisión, mediante un examen de conocimientos y una entrevista, por lo cual esta licenciatura no se encuentra en la lista de carreras que los alumnos puedan registrar como primera elección, por medio del concurso de selección, o del pase reglamentado.

Para cumplir con los requisitos adicionales para ingresar a la LCG el aspirante deberá registrarse en el documento correspondiente incluido en la página WEB de la Licenciatura en Ciencias Genómicas (www.lcg.unam.mx). Habiendo cumplido con el registro el aspirante deberá presentarse al examen escrito del Concurso de Selección de la LCG con los documentos requeridos. La fecha, hora y lugar se indicarán en la página WEB.

Los aspirantes que decida el Subcomité de Admisión a la LCG, con base en su examen escrito y en sus antecedentes académicos, serán llamados para sostener una entrevista con investigadores designados por el propio Subcomité.

Al finalizar el proceso, el Subcomité de Admisión decidirá sobre la aceptación del aspirante. Las decisiones del Subcomité de Admisión deberán ser ratificadas por el Comité Académico de la LCG. Las decisiones del Comité Académico son inapelables.

Los aspirantes que sean aceptados y decidan ingresar a la LCG serán transferidos de la licenciatura escogida originalmente y serán inscritos como estudiantes de primer ingreso a la LCG.

4.5.3 Requisitos de permanencia

1. Para permanecer en la Licenciatura, el estudiante deberá cumplir las disposiciones aplicables establecidas en los Artículos 22, 23 y 25 del Reglamento General de Inscripciones de la UNAM (8 de julio de 1997):

Artículo 22.- Los límites de tiempo para estar inscrito en la Universidad con los beneficios de todos los servicios educativos y extracurriculares, serán:

Inciso b) En el ciclo de licenciatura, un 50% adicional a la duración del plan de estudios respectivo.

Los alumnos que no terminen sus estudios en los plazos señalados no serán reinscritos y únicamente conservarán el derecho a acreditar las materias faltantes por medio de exámenes extraordinarios, en los términos del capítulo III del Reglamento General de Exámenes, siempre y cuando no rebasen los límites establecidos en el artículo 24.

Estos términos se contarán a partir del ingreso al ciclo correspondiente, aunque se suspendan los estudios, salvo lo dispuesto en el artículo 23.

Artículo 23.- En cada ciclo de estudios, a petición expresa del alumno, el Consejo Técnico podrá autorizar la suspensión de los estudios hasta por un año lectivo, sin que se afecten los plazos previstos en este reglamento. En casos excepcionales y plenamente justificados, el Consejo Técnico podrá ampliar dicha suspensión; en caso de una interrupción mayor de tres años, a su regreso el alumno deberá aprobar el examen global que establezca el Consejo Técnico de la facultad o escuela correspondiente.

Artículo 25.- Los alumnos que hayan suspendido sus estudios podrán reinscribirse, en caso de que los plazos señalados por el artículo 22 no se hubieran extinguido;

pero tendrán que sujetarse al plan de estudios vigente en la fecha de su reingreso y, en caso de una suspensión mayor de tres años, deberán aprobar el examen global que establezca el Consejo Técnico de la facultad o escuela correspondiente.

Para el caso de la Licenciatura en Ciencias Genómicas, y de acuerdo con el Reglamento de las Licenciaturas en *Campi* Universitarios Foráneos (ver *Anexo 4*), el Consejo Técnico de la investigación Científica será el órgano colegiado que hará las funciones atribuidas al Consejo Técnico en los artículos mencionados anteriormente.

“Los alumnos al concluir su 50% adicional que le otorga el artículo 22 del Reglamento General de Inscripciones, podrán terminar sus estudios en otro lapso igual a través de exámenes extraordinarios”

4.5.4 Requisitos de egreso

Además de cumplir con los requisitos de permanencia, se requerirá:

1. Haber cursado y aprobado el 100% de los créditos estipulados en el plan de estudios correspondiente, que incluye todas las asignaturas tanto obligatorias, como optativas y los dos niveles de Área de Concentración.
2. Haber cumplido con su Servicio Social Reglamentario (Reglamento General de Servicio Social de la UNAM).

4.5.5 Requisitos de titulación

El título que se otorgará al cumplir los requisitos establecidos en el plan de estudios, es el de Licenciado(a) en Ciencias Genómicas. La LCG acepta las siguientes cuatro opciones de titulación:

- Titulación por **"Totalidad de Créditos y Alto Nivel Académico"**
- Titulación por **"Actividad de Investigación o Trabajo Profesional"**
- Titulación por **"Actividad de Apoyo a la Docencia"**
- Titulación mediante **"Estudios de Posgrado"**

1. Titulación por “Totalidad de Créditos y Alto Nivel Académico”

Podrán elegir esta opción los alumnos que reúnan los siguientes requisitos:

- Haber obtenido un promedio mínimo de calificaciones de 9.5
- Haber cubierto la totalidad de los créditos del plan de estudios en un período de 8 semestres.
- No haber obtenido calificación reprobatoria en alguna asignatura.

2. Titulación por “**Actividad de Investigación o Trabajo Profesional**”

Para elegir esta opción, el alumno deberá de haberse incorporado por dos semestres (durante el desarrollo del área de concentración) a uno o varios proyecto(s) de investigación ó trabajo profesional, bajo la dirección de uno o varios tutor(es). El alumno deberá entregar un informe escrito del trabajo realizado en el Área de Concentración, avalado por su tutor. El informe escrito deberá reflejar el cumplimiento de los objetivos de trabajo del Área de Concentración correspondiente. Deberá de constar de una introducción al tema de trabajo, una exposición del trabajo realizado y una discusión de las principales conclusiones obtenidas y/o de las limitaciones en el área de trabajo. La exposición del trabajo realizado podrá ser sustituida por un artículo académico aceptado para su publicación en una revista arbitrada, en donde el alumno haya participado como autor o coautor. En este caso, el informe escrito deberá contener, además del artículo, una introducción y una discusión general que reflejen la participación del alumno en la generación del trabajo, así como la relevancia del mismo.

El examen oral consistirá en la exposición del informe correspondiente ante un jurado integrado por tres sinodales, designado para este efecto por el Comité Académico. En este examen, el jurado explorará los conocimientos generales del estudiante en el área, su capacidad de aplicación de los mismos y su criterio profesional.

3. Titulación por “**Actividad de apoyo a la docencia**”

Consiste en la elaboración de material didáctico en apoyo a la divulgación científica o a la impartición de asignaturas en ciencias genómicas. Para la elección de esta opción, el Comité Académico deberá aprobar el plan de trabajo, previo a su inicio. El Comité Académico designará a un profesor que fungirá como tutor. El material escrito, gráfico y/o los programas de cómputo fruto de esta opción, deberán ser entregados a un Comité ad hoc compuesto por tres sinodales nombrados por el Comité Académico. Este Comité evaluará al alumno sobre

sus conocimientos en el área y el valor del material didáctico para la docencia de una asignatura y/o para la divulgación científica.

4. Titulación mediante “**Estudios de Posgrado**”

El alumno que elija esta opción deberá:

- Ingresar a un programa de maestría o doctorado impartido por la UNAM u otra institución nacional o extranjera. Para ser considerado como opción de titulación, el programa deberá contar con el aval del Comité Académico.
- Cumplir con los requisitos de ingreso del Programa de Posgrado elegido para concluir la licenciatura.
- Acreditar satisfactoriamente las actividades académicas correspondientes al primer semestre o al primer año del plan de estudios de posgrado.

4.5.6 Requisitos para los investigadores y profesores

Los requisitos para profesores, ayudantes de profesor, conferencistas y tutores se describen en la sección sobre **Situación de la docencia e investigación en los niveles institucional y de las entidades.**

5. Opiniones de líderes internacionales sobre el plan de estudios propuesto y sobre la calidad de los estudiantes

La Licenciatura en Ciencias Genómicas pretende tener un nivel de excelencia internacional. Por este motivo, el mapa curricular del plan de estudios propuesto se envió a varios de los investigadores que han interactuado con los estudiantes en los ciclos de seminarios sobre *Frontiers in Genomics*. A cada uno de ellos se le solicitó una carta dando su opinión sobre el currículo de la licenciatura y sobre la calidad de los estudiantes. Los investigadores consultados se presentan en la Tabla 4.

Tabla 4. Investigadores de instituciones extranjeras consultados

INVESTIGADOR	INSTITUCIÓN
STEVEN E. BRENNER	University Of California Berkeley
KIMMEN SJOLANDER	University Of California Berkeley
MATTHEW SCOTT	Stanford University
RICHARD PALMITER	University Of Washington

	Howard Hughes Medical Institute
LIOR PATCHER	University Of California Berkeley
ALEXANDER MAURON	University Of Geneva
BRENDAN LEE	Baylor College Of Medicine Howard Hughes Medical Institute
KING JORDAN	Georgia Institute Of Technology
SUI HUANG	Harvard University
RICHARD GIBBS	Baylor Collge Of Medicine
ANTHONY FUTERMAN	Weizmann Institute Of Science
BERNARD DUJON	Institute Pasteur
SANDRINE DUDOIT	University Of California Berkeley
DONALD COURT	National Cancer Institute, Nih
HILARY CLARK	Genentech
JACQUES VAN HELDEN	Université Libre De Bruxelles
BARBARA J. TRASK	Fred Hutchinson Cancer Research Center
EVAN E. EICHLER	University of Washington Howard Hughes Medical Institute
MICHAEL SAVAGEAU	University Of California Davis
CHARLES LEE	Harvard University

El análisis de las opiniones vertidas indica en forma contundente que el currículo de la licenciatura proporciona al estudiante la educación multidisciplinaria e integrativa requerida y que la calidad académica de los estudiantes es excepcional, comparándose con estudiantes avanzados de las más prestigiadas universidades del mundo. Las cartas recibidas se encuentran en el **Anexo 4**.

6. Implantación del plan de estudios

6.1 Criterios para su implantación

En la actualidad se cuenta con todo el personal docente necesario para la implantación de la modificación del plan de estudios vigente. Este personal incluye profesores de asignatura, ayudantes de profesor, conferencistas nacionales, conferencistas extranjeros y tutores.

Todos los profesores de asignatura son personal académico de la UNAM. Pertenecen a diferentes entidades académicas incluyendo el Centro de Ciencias Genómicas y los Institutos de Biotecnología, Matemáticas y Ecología. La planta de profesores no es permanente y el Comité Académico revisa semestralmente los programas y los profesores.

Como ayudantes de profesor se cuenta con estudiantes del ciclo de investigación y con egresados de la licenciatura. Semestralmente son invitados a colaborar en diferentes

asignaturas. Es importante destacar que existe un enorme entusiasmo de los estudiantes y egresados en colaborar con estas tareas.

Como conferencistas nacionales se invita a investigadores de instituciones nacionales que estén trabajando en áreas relacionadas con las ciencias genómicas. Además de investigadores de la UNAM se cuenta con la participación de investigadores del CINVESTAV y de distintas instituciones del Sector Salud.

Los conferencistas extranjeros provienen de instituciones de prestigio internacional. Hasta la fecha han participado aproximadamente 60 investigadores del extranjero.

Como tutores participan investigadores titulares de instituciones nacionales y extranjeras. En la actualidad existe un gran interés por parte de los investigadores de incorporar estudiantes de las licenciatura en ciencias genómicas a sus laboratorios.

Se cuenta también con las instalaciones físicas y el personal administrativo necesario. Entre estas se encuentran el edificio de la licenciatura que cuenta con cuatro aulas equipadas como auditorios de videoconferencias y con terminales de computadora para cada estudiante. Se cuenta además con las unidades de metodología genómica del Centro de Ciencias Genómicas y del Instituto de Biotecnología, con dos auditorios, biblioteca, bioterio e invernaderos.

En resumen, no existe ninguna limitación para la implantación de la modificación.

6.2 Tabla de transición entre el plan de estudios vigente y el propuesto

MECANISMO DE TRANSICIÓN A LA VIGENCIA TOTAL DEL PLAN DE ESTUDIOS PROPUESTO (2008)			
SEMESTRE LECTIVO	GENERACIÓN	SEMESTRE A CURSAR	TRANSICIÓN
2009-1 <i>(Agosto-diciembre 2008)</i>			AMBOS PLANES VIGENTES
	2009	1°	Primer Semestre Plan 2008
	2008	3°	Tercer Semestre Plan 2008
	2007	5°	Asignaturas de los Planes 2003 y 2008
	2006	7°	Séptimo Semestre Plan 2008
	2005	9°	Noveno Semestre Plan 2003
2009-2			DEJA DE TENER VIGENCIA EL PLAN 2003, TODAS

(Febrero-junio 2009)			LAS ASIGNATURAS SON DEL PLAN 2008
	2009	2°	Segundo Semestre Plan 2008
	2008	4°	Cuarto Semestre Plan 2008
	2007	6°	Asignaturas de distintos semestres del Plan 2008
	2006	8°	Octavo Semestre Plan 2008
2010-1 (Agosto-diciembre 2010)			PLENA VIGENCIA DEL PLAN 2008
	2010	1°	Primer Semestre Plan 2008
	2009	3°	Tercer Semestre Plan 2008
	2008	5°	Quinto Semestre Plan 2008
	2007	7°	Séptimo Semestre Plan 2008

Como puede apreciarse en la tabla, se pretende llevar a cabo una transición por generación hacia el plan de estudios propuesto:

La generación 2009 iniciará en agosto de 2008 con la totalidad del plan 2008. La generación 2008 habrá cursado dos semestres del plan 2003 y desde el tercer semestre (agosto 2009) continuará con el plan 2008. Dadas las equivalencias de las asignaturas, el currículo de la generación 2008 es esencialmente igual al del plan 2008.

La generación 2007 ha cursado cuatro semestres del plan 2003. Durante el quinto y sexto semestres llevará asignaturas de los planes 2003 y 2008. El séptimo y octavo semestre se cursarán según el plan 2008. Este currículum presenta ventajas para la generación en relación a la alternativa de terminar la Licenciatura con el plan 2003.

La generación 2006 habrá cursado seis semestres con el plan 2003. El séptimo y octavo semestres corresponderán al séptimo y octavo semestres del plan 2008. Este currículum presenta ventajas para la generación en relación a la alternativa de terminar la Licenciatura apegada al plan 2003.

La generación 2005 y los estudiantes de la generación 2004 que aún no se han titulado terminarán la Licenciatura con el plan 2003.

Es muy importante aclarar que se han analizado con gran cuidado las ventajas que representa para los estudiantes de las generaciones 2008, 2007 y 2006 el incorporarse rápidamente al plan modificado. Mas aún, el coordinador de la Licenciatura ha obtenido la aceptación unánime de los estudiantes de las generaciones correspondientes para aplicar los planes indicados.

Los mapas curriculares del plan de estudio propuesto para cada una de las generaciones con plan de transición se presentan en el **Anexo 2**. El tener abiertos cinco planes de estudio diferentes para las generaciones correspondientes durante el período de transición entre el plan vigente y el aquí propuesto es totalmente factible para la Coordinación y para el personal académico que participa en la docencia y no presenta una carga importante de trabajo adicional. Por otra parte, las ventajas para los estudiantes son muy grandes. Se puede afirmar que existe un enorme entusiasmo de los estudiantes en relación con las modificaciones propuestas.

1.6.3 Tabla de equivalencias entre el plan de estudios vigente y propuesto

TABLA DE EQUIVALENCIAS DE LA LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

PLAN DE ESTUDIOS VIGENTE (2003)				PLAN DE ESTUDIOS PROPUESTO (2008)			
SEMESTRE	CRÉDITOS	CLAVE	ASIGNATURA	ASIGNATURA	CLAVE	CRÉDITOS	SEMESTRE
1	10		Matemáticas 1	Matemáticas 3		8	3
1	10		Principios de Programación	Principios de Programación		8	1
1	10		Química y Biofísica de Macromoléculas 1	Bioquímica		8	1
1	10		Biología Genómica y Evolución 1	Biología Celular y Biología Molecular		8	1
1	10		Biología Genómica y Evolución 1	Biología Molecular		8	1
1	8		Seminario y Trabajo de Investigación 1	Sin Equivalencia			
			Sin Equivalencia	Seminario 1		8	1
2	10		Matemáticas 2	Matemáticas 2		8	2
2	10		Estadística 1	Principios de Estadística		8	2
2	10		Biología Genómica y Evolución 2	Genética		8	2
2	10		Química y Biofísica de Macromoléculas 2	Seminario 2		8	2
2	8		Seminario y Trabajo de Investigación 2	Sin Equivalencia			
3	10		Matemáticas 3	Matemáticas 3		8	3
3	10		Estadística 2	Bioinformática y Estadística 1		8	3
3	10		Biología Genómica y Evolución 3	Principios de Evolución		8	2
3	10		Genómica Funcional 1	Genómica Funcional 1		8	3
3	8		Seminario y Trabajo de Investigación 3	Sin Equivalencia			
			Sin Equivalencia	Seminario 3		8	3
4	10		Matemáticas 4	Matemáticas 4		8	4
4	10		Genómica Funcional 2	Genómica Funcional 2		8	3
4	10		Estadística 3	Bioinformática y Estadística 2		8	4
4	10		Biología Genómica y Evolución 4	Genómica Evolutiva 1		8	3
4	8		Seminario y Trabajo de Investigación 4	Sin Equivalencia			
			Sin Equivalencia	Genómica Humana		8	4
5	10		Biología Genómica y Evolución 5	Genómica Evolutiva 2		8	4
5	8		Seminario y Trabajo de Investigación 5	Seminario 4		8	4
5	10		Computación 1	Computación		8	2
5	10		Matemáticas 5	Matemáticas 1		8	1
5	10		Genómica Funcional 3	Genómica Funcional 1		8	3
6	10		Bases de Datos	Bioinformática y Estadística 2		8	4

TABLA DE EQUIVALENCIAS DE LA LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

PLAN DE ESTUDIOS VIGENTE (2003)				PLAN DE ESTUDIOS PROPUESTO (2008)			
SEMESTRE	CRÉDITOS	CLAVE	ASIGNATURA	ASIGNATURA	CLAVE	CRÉDITOS	SEMESTRE
6	10		Computación 2	Bioinformática y Estadística 1		8	3
6	10		Biología Genómica y Evolución 6	Sin Equivalencia			
6	10		Genómica Funcional 4	Genómica Funcional 2		8	4
6	8		Seminario y Trabajo de Investigación 6	Fronteras de la Genómica 1 y Aplicaciones de la Genómica 1		8	5
						8	5
7	10		Genómica Funcional 5	Sin Equivalencia			
7	10		Computación 3	Bioinformática y Estadística 2		8	4
7	10		Inteligencia Artificial	Sin Equivalencia			
7	8		Seminario y Trabajo de Investigación 7	Sin Equivalencia			
			Sin Equivalencia	Fronteras de la Genómica 2		8	5
			Sin Equivalencia	Aplicaciones de la Genómica 2		8	5
			Sin Equivalencia	Genómica Integrativa 1		8	5
			Sin Equivalencia	Genómica Integrativa 2		8	5
			Sin Equivalencia	Fronteras de la Genómica 3		8	6
			Sin Equivalencia	Fronteras de la Genómica 4		8	6
			Sin Equivalencia	Aplicaciones de la Genómica 3		8	6
			Sin Equivalencia	Aplicaciones de la Genómica 4		8	6
			Sin Equivalencia	Genómica Integrativa 3		8	6
			Sin Equivalencia	Genómica Integrativa 4		8	6
8	20		Área de Concentración 1	Trabajo de Investigación 1 y		6	7
				Trabajo de Investigación 2 y		6	7
				Trabajo de Investigación 3		6	7
8	20		Optativa(s)	Tópico Selecto 1 y		10	7
				Tópico Selecto 2		10	7
			Sin Equivalencia	Seminario de Investigación 1		10	7
9	20		Área de Concentración 2	Trabajo de Investigación 4 y		6	8
				Trabajo de Investigación 5 y		6	8
				Trabajo de Investigación 6		6	8
9	20		Optativa(s)	Tópico Selecto 3 y		10	8
				Tópico Selecto 4		10	8
			Sin Equivalencia	Seminario de Investigación 2		10	8

7. Entidades académicas

7.1 Entidades académicas responsables

Las entidades académicas responsables de la Licenciatura en Ciencias Genómicas son el Centro de Ciencias Genómicas y el Instituto de Biotecnología. Como se ha demostrado claramente, con base en los resultados obtenidos hasta la fecha, estas entidades, con el apoyo de las entidades asesoras y de investigadores de instituciones extranjeras de prestigio internacional, cuentan con todos los recursos humanos y materiales, así como con una valiosísima experiencia, para llevar a cabo la modificación que se propone en el PROYECTO DE MODIFICACIÓN DEL PLAN Y PROGRAMAS DE ESTUDIO DE LA LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS.

Las entidades académicas responsables tendrán las siguientes obligaciones y atribuciones:

- a) Proporcionar la infraestructura académica y las instalaciones necesarias para el desarrollo de la licenciatura;
- b) Realizar los procesos administrativos que requiera la licenciatura, utilizando para esto las unidades administrativas existentes en las entidades académicas;
- c) Proporcionar los recursos humanos que la licenciatura requiera de la entidad académica correspondiente, y
- d) Participar en el Comité Académico en la forma que se define en el artículo 15 del Reglamento de las Licenciaturas en *Campi* Universitarios Foráneos

7.2 Entidades académicas asesoras

Las entidades académicas asesoras de la Licenciatura en Ciencias Genómicas son: la Facultad de Medicina y los institutos de Ciencias Físicas, Ecología, Fisiología Celular, Investigaciones Biomédicas y Matemáticas.

Las entidades académicas asesoras tendrán las siguientes atribuciones:

- a) Asesorar al Coordinador de la licenciatura y al Comité Académico en aspectos académicos específicos que les sean solicitados;

- b) Coadyuvar al buen funcionamiento académico de la licenciatura y estimular la participación de los profesores o investigadores que sean invitados a colaborar en la licenciatura, y
- c) Participar en el Comité Académico en la forma que se define en el artículo 15 del Reglamento de las Licenciaturas en Campi Universitarios Foráneos

8. Comité académico

8.1 Integración

De conformidad con el Reglamento de las Licenciaturas en Campi Universitarios Foráneos, la Licenciatura en Ciencias Genómicas contará con un Comité Académico que estará integrado por:

- a) Los directores del Centro de Ciencias Genómicas y del Instituto de Biotecnología;
- b) Un director designado entre y por los directores de las entidades académicas asesoras;
- c) El Coordinador de la Licenciatura;
- d) Un investigador representante por cada entidad académica responsable. Los investigadores acreditados como profesores en ambas entidades académicas responsables elegirán a un investigador representante propietario y a su suplente, quién asistirá a las sesiones del Comité Académico en ausencia del propietario;
- e) Un profesor o investigador representante por las entidades académicas asesoras. Los profesores o investigadores acreditados como profesores de la LCG en las entidades académicas asesoras elegirán a un representante propietario y a un suplente, quién asistirá a las sesiones del Comité Académico en ausencia del propietario;
- f) Dos representantes alumnos. Los alumnos de la licenciatura elegirán a dos representantes alumnos propietarios y a dos suplentes quienes asistirán a las sesiones del Comité Académico en ausencia de los representantes alumnos propietarios.

8.2 Atribuciones

De acuerdo con el artículo 17 del Reglamento de las Licenciaturas en *Campi* Universitarios Foráneos, el Comité Académico tendrá las siguientes atribuciones:

- a) Elaborar y, en su caso, proponer las modificaciones a las normas operativas de la licenciatura, para ser sometidas a la aprobación del consejo técnico respectivo;
- b) Determinar los mecanismos de selección de los aspirantes;
- c) Integrar subcomités que coadyuven al buen funcionamiento de la licenciatura;
- d) Designar, a propuesta del Coordinador de la licenciatura, a los integrantes de los jurados para exámenes profesionales;
- e) Aprobar la acreditación de profesores responsables y de ayudantes de profesor de cada una de las asignaturas del plan de estudios;
- f) Elaborar y revisar los programas de las asignaturas que integren el plan de estudios de la licenciatura;
- g) Proponer modificaciones al plan de estudios para ser sometido a la consideración del consejo técnico respectivo y enviarlo para su aprobación al consejo académico de área correspondiente, y
- h) Opinar sobre la incorporación o desincorporación de entidades académicas responsables y asesoras.

9. Coordinador de la Licenciatura

El Coordinador de la Licenciatura será designado y removido por el Rector a propuesta del Comité Académico. Durará en su cargo dos años y podrá ser designado para un máximo de dos periodos adicionales.

El Coordinador de la Licenciatura tendrá las siguientes atribuciones:

- a) Convocar y coordinar las reuniones del Comité Académico y ejecutar sus resoluciones;
- b) Proponer al Comité Académico a los profesores de los cursos de la licenciatura;
- c) Elaborar el anteproyecto de presupuesto operativo de la licenciatura para ser sometido a consideración de los directores de las entidades académicas responsables, quienes lo canalizarán a la Dirección General de Presupuesto Universitario;
- d) Coordinar las actividades académicas y organizar los cursos de la licenciatura;
- e) Hacer del conocimiento del consejo técnico respectivo y del consejo académico de área correspondiente, los acuerdos del Comité Académico de la licenciatura, sobre las actualizaciones a los contenidos temáticos de los cursos, y
- f) Vigilar el cumplimiento de la legislación aplicable y de los acuerdos emanados de las autoridades universitarias y, en general, de las disposiciones que norman la estructura y funciones de la UNAM.

10. Plan de evaluación y actualización del plan de estudios propuesto

Dado el acelerado desarrollo de las ciencias genómicas, la licenciatura debe considerarse como un programa sujeto a una evaluación continua. Los principales puntos a evaluar y su periodicidad son los siguientes:

- a) Evaluación del rendimiento de los estudiantes (semestral). Se realiza con base en las calificaciones obtenidas por cada estudiante en las distintas asignaturas. En casos donde existe duda del buen desempeño de un estudiante, el coordinador se entrevista tanto con el estudiante, como con los profesores para tratar de optimizar el rendimiento.
- b) Evaluación de los docentes de las distintas asignaturas (semestral). Se realiza por el Coordinador con base en encuestas a los estudiantes. En caso de encontrarse

deficiencias en el desempeño de algún docente, el coordinador entrevista directamente a los estudiantes y al docente y propone soluciones al Comité Académico, quien decide sobre las medidas a seguir.

- c) Evaluación de los contenidos de los programas de las distintas asignaturas (anual). Cada programa es revisado y en su caso actualizado por el Comité Académico.
- d) Evaluación de la congruencia entre los programas de las distintas asignaturas (semestral). Antes del inicio de cada semestre el Coordinador se reúne con los profesores del semestre para cada generación y revisan la congruencia e integración de los programas.
- e) Evaluación de los índices de reprobación y deserción (continua). El Coordinador presenta al Comité Académico los problemas de falta de rendimiento académico y sugiere alternativas para implementar medidas tendientes a resolverlos.
- f) Seguimiento de egresados (continua). Se tiene comunicación continua con los egresados en relación a su situación académica y laboral.
- g) Evaluación internacional del curriculum de la licenciatura y de la calidad de los estudiantes (cada cuatro años). Siendo una licenciatura de nivel internacional, se piden opiniones a líderes internacionales sobre el programa y sobre la calidad de los estudiantes.
- h) Evaluación del plan de estudios (cuando lo considere pertinente el Comité Académico). La metodología será similar a la empleada en el presente documento.

11. Inicio de Estudios de Posgrado Durante la Licenciatura en Ciencias Genómicas

11.1. Fundamentación académica

11.1.1 Perfil del estudiante al finalizar el nivel integrativo de la Licenciatura

Al terminar la tercera etapa de su formación, el estudiante de la Licenciatura en Ciencias Genómicas poseerá un perfil integral que comprende los perfiles intermedios de la primera etapa o nivel básico (semestres 1 y 2), de la segunda etapa o nivel avanzado (semestres 3 y 4) y de la tercera etapa o nivel integrativo (semestres 5 y 6):

11.1.2 Opiniones de líderes internacionales sobre la calidad de los estudiantes

Los estudiantes de la Licenciatura han estado expuestos a la interacción con investigadores líderes en distintos aspectos de las ciencias genómicas, provenientes de instituciones de muy alto prestigio internacional. La interacción directa con los investigadores visitantes se ha dado fundamentalmente durante ciclos de seminarios dirigidos a los alumnos de los semestres 5 y 6 de la licenciatura. Estas actividades han sido muy exitosas tanto para la formación de los estudiantes, como para el reconocimiento de la licenciatura a nivel internacional. Como se describe en el apartado 5 del TOMO I del presente proyecto, se solicitó a varios colegas internacionales que expresaran su opinión sobre la calidad del currículum propuesto para la licenciatura y sobre la calidad de sus estudiantes. Todas las opiniones coinciden en que la calidad y preparación de los estudiantes es excepcional, comparándolos en muchos casos con estudiantes de posgrado de instituciones educativas de prestigio internacional. Las cartas de los investigadores consultados se encuentran en el Anexo 3 del TOMO I del presente proyecto. La opinión de estos investigadores indica, en forma contundente, que los estudiantes tienen la calidad y conocimientos requeridos para iniciar sus estudios de posgrado habiendo terminado el sexto semestre de la licenciatura.

11.2 Flexibilidad del plan de estudios propuesto

En la cuarta etapa de formación o nivel de investigación (semestres 7 y 8) el programa es totalmente flexible. Puede realizarse tanto en distintas instituciones nacionales, como del extranjero e incorporar tópicos selectos y seminarios de temas muy variados. En particular, es importante destacar que el nivel de investigación puede acreditarse en forma total cursando el primer año de un posgrado, o en forma parcial, cursando un semestre de posgrado durante el semestre 8 correspondiente a la licenciatura. De hecho, el programa del nivel de investigación está considerado como un programa ad hoc que el Comité Académico deberá aprobar teniendo como base los intereses específicos de cada uno de los estudiantes.

11.3 Titulación mediante estudios de posgrado

Como se indica en el apartado 4.5.5 del plan de estudios propuesto, para la Licenciatura en Ciencias Genómicas se han aprobado cuatro formas de titulación:

El alumno que elija la opción de titulación mediante Estudios de Posgrado deberá ingresar a un programa de maestría o doctorado impartido por la UNAM u otra institución nacional o extranjera. Para ser considerado como opción de titulación, el programa deberá contar con el aval del Comité Académico.

Características que deberá tener el posgrado para ser acreditable como el nivel de investigación de la Licenciatura en Ciencias Genómicas.

La Licenciatura en Ciencias Genómicas es competitiva y reconocida a nivel internacional y cuenta con estudiantes de muy alta calidad académica. Es de particular importancia asegurar que durante la última etapa de formación del estudiante, el nivel de investigación, se mantenga la calidad académica y el nivel internacional. Los posgrados aceptables para acreditar la totalidad o parte del nivel de investigación de la Licenciatura en Ciencias Genómicas deberán contar con las siguientes características:

- Tener un elevado nivel académico.
- Incluir trabajo de investigación como parte del primer año.
- Tener flexibilidad para que los estudiantes puedan realizar estancias de investigación en instituciones del extranjeroLa duración de estancias en el extranjero de los estudiantes deberán cumplir con lo estipulado en el Reglamento General de Estudios de Posgrado 2006.

Con base en estas características y en la situación académica particular del estudiante que lo solicite, el Comité Académico decidirá sobre la equivalencia total (semestres 7 y 8) o parcial (semestre 8) del nivel de investigación de la Licenciatura en Ciencias Genómicas con el inicio del posgrado correspondiente.

12. Bases del procedimiento para iniciar estudios de posgrado durante el nivel de investigación de la Licenciatura en Ciencias Genómicas

Es fundamental destacar que el estudiante que inicie sus estudios de posgrado en la última etapa de la Licenciatura en Ciencias Genómicas (nivel de investigación) dependerá

académicamente del posgrado que se encuentre cursando, pero continuará siendo considerado por la UNAM como estudiante de licenciatura. Esta aparente dicotomía se aclara considerando los siguientes criterios:

- El estudiante continuará siendo considerado como alumno de la Licenciatura de Ciencias Genómicas hasta completar la totalidad de los requisitos de la licenciatura.
- El Comité Académico de la Licenciatura en Ciencias Genómicas deberá aceptar la equivalencia del primer año o del primer semestre del posgrado con los dos o con un semestre del nivel de investigación.
- Habiendo sido aceptada la equivalencia correspondiente por el Comité Académico de la Licenciatura en Ciencias Genómicas, el estudiante dependerá académicamente del posgrado correspondiente.
- El estudiante cursará el primer año o semestre del posgrado correspondiente, pero no se inscribirá oficialmente al posgrado durante este período.
- Al terminar cada semestre del posgrado, la Licenciatura solicitará al posgrado las calificaciones obtenidas por el estudiante y con base en éstas, calificará las asignaturas de la licenciatura correspondientes al séptimo u octavo semestre.
- En el caso de los doctorados que no otorgan calificaciones, la licenciatura solicitará al tutor o al comité tutor del doctorado que asigne calificaciones al estudiante. Con base en éstas se calificarán las asignaturas correspondientes al séptimo u octavo semestre de la licenciatura.
- El estudiante se inscribirá oficialmente al posgrado cuando tenga cubiertos todos los requisitos de la licenciatura.
- El posgrado considerará que al momento de su inscripción oficial, el estudiante ya ha cubierto los requisitos académicos de un año o de un semestre del posgrado.
- El estudiante recibirá su título de Licenciado (a) en Ciencias Genómicas cuando

haya cubierto la totalidad de los requisitos de la licenciatura. Para estudiantes regulares a lo largo de toda la carrera el título se podrá obtener al terminar ocho semestres, incluyendo los semestres siete y ocho o bien el semestre ocho dentro del posgrado.

TOMO II

PROGRAMAS DE ESTUDIO DE LAS ASIGNATURAS DEL PLAN DE ESTUDIOS PROPUESTO



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

PROGRAMA DE ASIGNATURA

CLAVE	NOMBRE DE LA ASIGNATURA			SEMESTRE	
	BIOLOGÍA MOLECULAR			PRIMERO	
MODALIDAD	CARÁCTER	HORAS SEMESTRE	HORA/SEMANA		CRÉDITOS
			TEÓRICAS	PRÁCTICAS	
CURSO	OBLIGATORIA	64	4	0	8
NIVEL	BÁSICO				
TIPO	TEÓRICA				

OBJETIVO: Que el alumno comprenda cómo se organizan los genomas de los organismos vivos y las partes que los componen; qué son los genes, cómo y dónde están organizados, cómo se replican, cómo cambian y cómo se expresan. Que el alumno estudie las hipótesis y experimentos que definieron la biología molecular, así como asimile los conceptos, los elementos y los mecanismos que establecen cómo funcionan los genes.

Número de Horas:	Contenidos temáticos:
8	1. Físicoquímica y genética 1.1 Los ácidos nucleicos. 1.2 Las interacciones débiles. 1.3 Los enlaces de alta energía. 1.4 La estructura de las macromoléculas determinada por los enlaces fuertes y débiles.
20	2. Estructura y replicación de los genomas 2.1 Estructura del DNA y del RNA. 2.2 El genoma eucarionte. 2.3 Introducción a la replicación del DNA. 2.4 Mutación y reparación. 2.5 Principios de Recombinación. 2.6 Cromatina.
16	3. Expresión Genómica - Transcripción 3.1 La transcripción. 3.2 Transcripción en procariontes. 3.3 Transcripción en eucariontes. 3.4 El procesamiento del RNA.
8	4. Expresión Genómica - Traducción 4.1 La traducción. 4.2 El código genético.
12	5. Regulación de la expresión genética 5.1 La regulación génica en procariotes. 5.2 La regulación génica en eucariontes. 5.3 Genómica comparativa y evolución.
64	Total de Horas

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Brown, T. A. (2007) *Genomes* 3rd edition, Garland Sciences Publishing.
- Lewin, B. (2008). *Genes IX*. Jones and Bartlett Publishers.
- Watson D.J., Baker T.A., Bell S.P., Gann A., Levin M., and Losick R.; *Molecular Biology of the Gene*; CSHL Press; 2004; 5th edition.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- *Encyclopedia of Life Sciences*
- Artículos originales de revistas científicas.

SUGERENCIAS DIDÁCTICAS:

Exposición de los temas por parte del profesor, con la participación activa de los estudiantes.
Discusión de artículos de investigación recientes en seminarios.

SUGERENCIAS DE EVALUACIÓN:

Exámenes teóricos.

Participación en clase y en seminarios.

PERFIL PROFESIOGRÁFICO:

Licenciado(a) en Ciencias Genómicas; Doctor(a) en Ciencias Biológicas, Bioquímicas o Biomédicas.



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

PROGRAMA DE ASIGNATURA

CLAVE	NOMBRE DE LA ASIGNATURA			SEMESTRE	
	BIOQUÍMICA			PRIMERO	
MODALIDAD	CARÁCTER	HORAS SEMESTRE	HORA/SEMANA		CRÉDITOS
			TEÓRICAS	PRÁCTICAS	
CURSO	OBLIGATORIA	64	4	0	8
NIVEL	BÁSICO				
TIPO	TEÓRICA				

OBJETIVO: Que el alumno conozca y explique los principios físicos y químicos que gobiernan la estructura y comportamiento de las moléculas de interés biológico. Que el alumno estudie a profundidad las bases de la bioquímica, entienda y maneje sus fundamentos.

Número de Horas:	Contenidos temáticos:
4	1. Fundamentos de la bioquímica
4	Estructura y catálisis
4	2. Agua
4	3. Amino ácidos, péptidos, proteínas
4	4. Estructura tridimensional de proteínas
4	5. Función de proteínas
4	6. Enzimas
4	7. Carbohidratos y glícobiología
4	8. Nucleótidos y ácidos nucleicos
4	9. Lípidos
4	10. Membranas biológicas y transporte
4	11. Bioseñalización
4	Bioenergética y metabolismo
4	12. Principios de la bioenergética
4	13. Glicólisis, gluconeogénesis, y vía de las pentosas fosfato
4	14. Fundamentos de la regulación metabólica: glucosa y glicógeno
4	15. Ciclo del ácido cítrico
4	16. Fosforilación oxidativa y fotofosforilación
64	Total de Horas

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- McMurry John E. and Begley Tadhg P. *The Organic Chemistry of Biological Pathways* Roberts & Company Publishers; 1 edition (February 2005)
- Housecroft, C. E. & E. C. Constable Pearson *Chemistry: An Introduction to Organic, Inorganic & Physical Chemistry*. Prentice Hall; 3rd Edition; 2005.
- Nelson, David. L. & Michael M. Cox.; *Lehninger: Principles of Biochemistry*; W. H. Freeman and Company, New York; 2008; 5th Edition.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- *Encyclopedia of Life Sciences*
- Artículos originales de revistas científicas.

SUGERENCIAS DIDÁCTICAS:

Exposición de los temas por parte del profesor, con la participación activa de los estudiantes.

SUGERENCIAS DE EVALUACIÓN:

Exámenes teóricos.

Participación en clase.

PERFIL PROFESIOGRÁFICO:

Licenciado(a) en Ciencias Genómicas; Doctor(a) en Ciencias Biológicas, Bioquímicas o Biomédicas.



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

PROGRAMA DE ASIGNATURA

CLAVE	NOMBRE DE LA ASIGNATURA			SEMESTRE	
	BIOLOGÍA CELULAR			PRIMERO	
MODALIDAD	CARÁCTER	HORAS SEMESTRE	HORA/SEMANA		CRÉDITOS
			TEÓRICAS	PRÁCTICAS	
CURSO	OBLIGATORIA	64	4	0	8
NIVEL	BÁSICO				
TIPO	TEÓRICA				

OBJETIVO: Que el alumno comprenda cómo se organizan y componen las células de los organismos vivos; que entienda los elementos que componen a las células tanto procarióticas como eucarióticas, así como sus procesos fundamentales.

Número de Horas:	Contenidos temáticos:
4	1. Células y genomas
4	2. Estructura y propiedades de membranas
4	3. Organización intracelular
3	4. Tráfico Intracelular y citoesqueleto
4	5. Citoesqueleto
4	6. Comunicación celular
4	7. Conversión de energía: Mitocondria y cloroplasto
5	8. Ciclo celular y muerte celular programada
4	9. Mecanismos de división celular
5	10. Uniones celulares, adhesión celular y matriz extra celular
5	11. Células germinales y fertilización
5	12. Desarrollo de organismos multicelulares
4	13. Histología: Vida y muerte de las células en los tejidos
4	14. Inmunidad innata
5	15. Sistema inmunológico adaptativo
64	Total de Horas

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Alberts, Johnson, Lewis, Ralf, Roberts and Walter; *Molecular Biology of the Cell*; Pearson; 2004; 5th edition.
- Cooper, G. M. and Hausman, R. E. (2006). *The Cell: A Molecular Approach*, 4th edition, ASM Press and Sinauer Associates.
- Maynard Smith John and Szanthmáry Eörs. *The Origins of Life. From the Beginning of Life to the Origins of Language*. Oxford University Press. 1999

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- *Encyclopedia of Life Sciences* y Artículos originales de revistas científicas.

SUGERENCIAS DIDÁCTICAS:

Exposición de los temas por parte del profesor, con la participación activa de los estudiantes.

SUGERENCIAS DE EVALUACIÓN:

Exámenes teóricos y participación en clase.

PERFIL PROFESIOGRÁFICO: Licenciado(a) en Ciencias Genómicas; Doctor(a) en Ciencias Biológicas o Biomédicas.



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

PROGRAMA DE ASIGNATURA

CLAVE	NOMBRE DE LA ASIGNATURA			SEMESTRE	
	PRINCIPIOS DE PROGRAMACIÓN			PRIMERO	
MODALIDAD	CARÁCTER	HORAS SEMESTRE	HORA/SEMANA		CRÉDITOS
			TEÓRICAS	PRÁCTICAS	
CURSO	OBLIGATORIA	80	3	2	8
NIVEL	BÁSICO				
TIPO	TEÓRICO-PRÁCTICA				

OBJETIVO: Que el alumno conozca las bases y antecedentes de la computación, así como que comprenda los conceptos básicos de programación, adquiriendo un pensamiento abstracto que le permita resolver problemas mediante la implementación de programas computacionales. Que el alumno se inicie en la programación mediante la implementación de programas computacionales en diversos lenguajes de programación.

Número de Horas:	Contenidos temáticos:
10	1. Introducción a la computación 1.1 ¿Qué es una computadora? 1.2 ¿Qué es un algoritmo? 1.3 ¿Qué es un lenguaje de programación? 1.4 ¿Qué tipos de lenguajes de programación existen? 1.5 ¿Qué es un paradigma de programación y cuales existen? 1.6 ¿Cuál es la metodología para solucionar problemas con una computadora? 1.7 Lenguajes algorítmicos.
15	2. Programación estructurada 2.1 Variables. 2.2 Operadores. 2.3 Estructuras secuenciales. 2.4 Estructuras de control de flujo.
20	3. Módulos (subrutinas, funciones, procedimientos) 3.1 Ámbito de una variable (variables globales y locales). 3.2 Diferencia entre procedimientos y funciones. 3.3 Declaración de procedimientos y funciones. 3.4 Paso de argumentos por valor y por referencia. 3.5 Recursividad.
15	4. Estructuras de datos básicas 4.1 Arreglos lineales (vectores). 4.2 Matrices y arreglos multidimensionales. 4.3 Pilas y Colas. 4.4 Árboles y Grafos (redes).
10	5. Introducción a lenguajes y máquinas 5.1 ¿Que relación guardan los lenguajes con la computabilidad? 5.2 Jerarquía de Chomsky de los lenguajes. 5.3 Autómatas finitos. 5.4 Gramáticas transformacionales. 5.5 Autómatas pushdown y gramáticas libres de contexto (CFG).
10	6. Implementación de programas computacionales en Perl y C
80	Total de Horas

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Wirth, N. *Algoritmos y Estructuras de Datos*. Prentice Hall, 1987.
- Lipschutz, S. *Estructura de Datos*. Serie Schaum en Computación. McGraw-Hill, 1988.
- Wirth, N. *Algoritmos + Estructuras de Datos = Programas*. Dossat, 1992.
- Dijkstra, E.W. *A Discipline of Programming*. Prentice Hall, 1997.
- Knuth, D.E. *The Art of Computer Programming Vol. 1, 2, and 3* (3rd Ed.). Addison Wesley, 1997.
- Sudkamp, T. A. *Languages and Machines: An Introduction to the Theory of Computer Science* (2nd Ed.). Addison-Wesley, 1998.
- Hopcroft, J. E., Motwani, R. and Ullman, J. D. *Introduction to Automata Theory, Languages and Computation* (2nd Ed.). Addison-Wesley Longman, 2000.
- Kernighan, B.W., y Ritchie, D.M. *El Lenguaje de Programación C* (2da Ed.). Prentice Hall, 1991.
- Schwartz, R.L., and Phoenix, T. *Learning Perl* (3rd Ed.). O'Reilly, 2001.
- Wall, L., Christiansen, T., and Orwant, J. *Programming Perl* (3rd Ed.). O'Reilly, 2000.
- Ralston, A., Reilly, E. D. and Hemmendinger, D. *Encyclopedia of Computer Science* (4th Ed.). Nature Publishing Group, 2000.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Turing, A. (1950). Computing machinery and intelligence. *Mind* LIX: 433-460.
- Benenson Y., Adar R., Paz-Elizur T., Livneh Z., Shapiro E. DNA molecule provides a computing machine with both data and fuel. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* **100(5)**, 2191-2196. 2003.
- Benenson Y, Gil B, Ben-Dor U, Adar R, Shapiro E. An autonomous molecular computer for logical control of gene expression. *Nature*. **429(6990)**, 423-429. 2004.
- Hayes, B. Computing comes to life. *American Scientist*. **89(3)**, 204-208. 2001.
- Chen J., Wood D.H. Computation with biomolecules. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* **97(4)**, 1328-1330. 2000.
- Hayes, B. Graph Theory in Practice: Part I. *American Scientist*. **88(1)**, 9-13. 2000.
- Hayes, B. Graph Theory in Practice: Part II. *American Scientist*. **88(2)**, 104-109. 2000.
- Ravasz E., Somera A.L., Mongru D.A., Oltvai Z.N., Barabasi A.L. Hierarchical organization of modularity in metabolic networks. *Science*. **297(5586)**, 1551-1555. 2002.
- Agar, J. and Turney, J. *Turing and the Universal Machine: The Making of the Modern Computer*. Totem Books Press, 2001.
- Aho, A. V. and Hopcroft, J. E. *The Design and Analysis of Computer Algorithms*. Addison-Wesley Longman, 1974.
- Atallah, M. J., Fox, S. and Lassandro, S. *Algorithms and Theory of Computation Handbook*. CRC Press, 1998.
- Cormen, T.H., Leiserson, C.E., Rivest, R.L. and Stein, C. *Introduction to Algorithms* (2nd Ed.). The MIT Press, 2001.
- Baase, S. and Van Gelder, A. *Computer Algorithms: Introduction to Design and Analysis* (3rd Ed.). Addison-Wesley Longman, 1999.
- Kingston, J. H. *Algorithms and Data Structures: Design, Correctness* (2nd Ed.). Addison-Wesley Longman, 1997.
- Knuth, D. E. and Greene, D. H. *Mathematics for the Analysis of Algorithms* (3rd Ed.). Birkhauser Boston Press, 1999.
- Okasaki, C. *Purely Functional Data Structures*. Cambridge University Press, 1999.
- Skiena, S. S. *The Algorithm Design Manual*. Springer-Verlag, 1997.

SUGERENCIAS DIDÁCTICAS:

Exposición de los temas por parte del profesor, con la participación activa de los estudiantes.
Ejercicios en clase y de tarea.

SUGERENCIAS DE EVALUACIÓN:

Exámenes teóricos.

Ejercicios.

Participación en clase.

Proyecto final.

PERFIL PROFESIOGRÁFICO:

Licenciado(a) en Ciencias Genómicas; Maestro(a) o Doctor(a) en Ciencias de la Computación o Ingeniería en Sistemas Computacionales.



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

PROGRAMA DE ASIGNATURA

CLAVE	NOMBRE DE LA ASIGNATURA			SEMESTRE	
	SEMINARIO 1			PRIMERO	
MODALIDAD	CARÁCTER	HORAS SEMESTRE	HORA/SEMANA		CRÉDITOS
			TEÓRICAS	PRÁCTICAS	
SEMINARIO	OBLIGATORIA	80	3	2	8
NIVEL		BÁSICO			
TIPO		TEÓRICO-PRÁCTICA			

OBJETIVO: Que el alumno conozca y sepa utilizar diferentes recursos bioinformáticos que le permitan resolver aquellos problemas más frecuentes en las ciencias genómicas; que conozca las bases de datos y herramientas más importantes y de uso más frecuente, así como la información que puede obtener de cada una de ellas y cómo interpretarla; además, que descubra las aplicaciones de la bioinformática, sus métodos, alcances y limitaciones, en distintas áreas de estudio de las ciencias genómicas.

Número de Horas:	Contenidos temáticos:
5	1. Introducción a la Bioinformática
5	2. Bases de datos 1 (Nucleótidos)
	2.1 Tipos de Secuencias.
	2.2 Formato FASTA .
	2.3 Código de letras de secuencias nucleotídicas.
	2.4 Bases de datos de nucleótidos.
5	3. Bases de datos 2 (Proteínas)
	3.1 Secuencias de proteínas y código de aminoácidos.
	3.2 Secuencias traducidas nucleótidos → proteínas.
	3.3 SWISS Prot y Protein de NCBI.
5	4. Bases de datos 3
	4.1 Búsqueda de bibliografía científica: PubMed, Books, etc.
	4.2 Otros recursos de NCBI (Entrez, Gene, OMIM).
	4.3 Genome Browsers (NCBI Map View, Ensembl, UCSC Genome Browser).
5	5. Bases de datos 4
	5.1 The Glycan Structure DB.
	5.2 The Lipid Bank.
	5.3 Expasy, Brenda.
	5.4 KEGG, MetaCyc.
5	6. Minería de textos y datos
5	7. Homología y alineamientos 1
	7.1 Noción biológica y teórica de homología.
	7.2 Conceptos de homología.
	7.3 Alineamientos globales y locales.
5	8. Homología y alineamientos 2 (BLAST)
	8.1 Qué es BLAST y cómo interpretar un BLAST (valores de BLAST).
	8.2 Diferentes tipos de BLAST.
	8.3 Otros programas tipo BLAST.
	8.4 Bidirectional Best Hit.
5	9. Homología y alineamientos 3
	9.1 Reconstrucción filogenética.
	9.2 Alineamientos múltiples.

	9.3 Árboles filogenéticos.
5	10. Anotación de genomas de procariotes
5	11. Anotación de genomas de eucariotes
5	12. Conservación de secuencias
	12.1 Sintenias.
	12.2 Motivos.
5	13. Modelado de macromoléculas
	13.1 Predicción de estructura secundaria de RNAs.
	13.2 Predicción y modelado de estructuras tridimensionales de proteínas.
5	14. Recursos de Genómica Funcional
	14.1 Análisis de microarreglos.
	14.2 Proteómica.
5	15. Introducción a las redes y la biología de sistemas
5	16. Presentación de proyectos
80	<i>Total de Horas</i>

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Claverie, J.M. and Notredame, C.; *Bioinformatics for Dummies*; Wiley Publishing Group.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Malcom Campbell & Laurie J. Heyer.; *Genomics, Proteomics, & Bioinformatics*; CSHL Press.

SUGERENCIAS DIDÁCTICAS:

Exposición de los temas por parte del profesor con la participación activa de los alumnos.

Prácticas en clase dirigidas por el profesor.

SUGERENCIAS DE EVALUACIÓN:

Reportes de las prácticas realizadas en clase y tareas.

Trabajo final escrito.

Presentación oral del trabajo final.

PERFIL PROFESIOGRÁFICO:

Licenciado(a) en Ciencias Genómicas.



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

PROGRAMA DE ASIGNATURA

CLAVE	NOMBRE DE LA ASIGNATURA			SEMESTRE	
	MATEMÁTICAS 1			PRIMERO	
MODALIDAD	CARÁCTER	HORAS SEMESTRE	HORA/SEMANA		CRÉDITOS
	OBLIGATORIA	64	TEÓRICAS	PRÁCTICAS	
NIVEL	BÁSICO				
TIPO	TEÓRICA				

OBJETIVO: Que el alumno maneje, a nivel introductorio, una serie de temas, los cuales resultarán complementarios a otros cursos, útiles como herramientas en materias posteriores y a lo largo de su vida profesional. Si bien no se abarcarán todos los temas a profundidad, se espera que el alumno adquiera una base sólida sobre la cual pueda construir posteriormente si así lo requiere. Este curso es además un primer acercamiento a la formalidad matemática. Como tal, se espera que el alumno realice sus primeras demostraciones, que empiece a entender la idea de estructura y que adquiera la confianza necesaria para resolver problemas y acercarse a temas con contenido matemático.

Número de Horas:	Contenidos temáticos:
8	1. Conjuntos 1.1 Conjuntos como colecciones de objetos y ejemplos de conjuntos. 1.2 Igualdad de conjuntos. 1.3 Subconjuntos. 1.4 Operaciones con conjuntos. 1.5 Propiedades de las operaciones con conjuntos.
8	2. Álgebras booleanas 2.1 Axiomas que definen un álgebra booleana. 2.2 Dos ejemplos: conjunto potencia y el espacio $\{0,1\}$. 2.3 Demostración de propiedades a partir de los axiomas.
8	3. Inducción
12	4. Técnicas de conteo 4.1 Permutaciones. 4.2 Combinaciones. 4.3 Teorema del binomio. 4.4 Principio de las casillas. 4.5 Combinaciones con repetición: separadores. 4.6 Principio de inclusión y exclusión.
16	5. Relaciones y funciones 5.1 Definición de función. 5.2 Funciones y técnicas de conteo. 5.3 Funciones inyectivas, suprayectivas y biyectivas. 5.4 Funciones invertibles. 5.5 Relaciones y sus propiedades. 5.6 Relaciones de equivalencia. 5.7 Relaciones de orden.
12	6. Teoría de gráficas 6.1 Definiciones. 6.2 Los puentes de Königsberg: ciclos eulerianos. 6.3 Circuitos Hamiltonianos. 6.4 Gráficas ponderadas y distancias. 6.5 Árboles. 6.6 Planaridad.
64	Total de Horas

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Cárdenas H., Lluís E., Raggi F., Tomás F.; *Álgebra Superior*; ed. Trillas.
- Grimaldi R.P. ; *Matemáticas Discreta y Combinatoria*; ed. Addison Wesley.
- Shifrin T., Adams M.; *Linear Algebra, a geometric approach*. Freeman and Company, 2002
- Wallis W.D.; *A beginner's Guide to Discrete Mathematics*; ed. Birkhauser.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Pérez Seguí M.L.; *Combinatoria*; Cuadernos de Olimpiada de Matemáticas.

SUGERENCIAS DIDÁCTICAS:

Exposición de los temas por parte del profesor con la participación activa de los alumnos.

Ejercicios en clase y de tarea.

SUGERENCIAS DE EVALUACIÓN:

Exámenes.

Tareas y ejercicios.

PERFIL PROFESIOGRÁFICO:

Licenciado(a) en Ciencias Genómicas; Maestro(a) o Doctor(a) en Matemáticas, Física o Ingeniería.



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

PROGRAMA DE ASIGNATURA

CLAVE	NOMBRE DE LA ASIGNATURA			SEMESTRE	
	PRINCIPIOS DE ESTADÍSTICA			SEGUNDO	
MODALIDAD	CARÁCTER	HORAS SEMESTRE	HORA/SEMANA		CRÉDITOS
			TEÓRICAS	PRÁCTICAS	
CURSO	OBLIGATORIA	80	3	2	8
NIVEL	BÁSICO				
TIPO	TEÓRICO-PRÁCTICA				

OBJETIVO: Que el alumno comprenda los conceptos y principios básicos de la estadística adquiriendo una visión intuitiva de la probabilidad, para después poder aplicar estos conocimientos en el análisis de datos y validar hipótesis mediante herramientas estadísticas.

Número de Horas:	Contenidos temáticos:
2	1. Introducción
3	2. Variables aleatorias discretas
5	3. Herramientas de cálculo diferencial e integral (1ª parte)
5	4. Integrales completas
3	5. Variables aleatorias continuas (1ª parte)
5	6. Herramientas de cálculo diferencial e integral (2ª parte)
3	7. Variables aleatorias continuas (2ª parte)
5	8. Herramientas de cálculo diferencial e integral (3ª parte)
5	9. Integrales múltiples
5	10. Distribución de probabilidad multivariable
5	11. Probabilidad marginal
5	12. Distribuciones muestrales
5	13. Estimación
5	14. Intervalos de confianza
2	15. Propiedades de los estimadores puntuales
5	16. Pruebas de hipótesis
5	17. Análisis de varianza
2	18. Análisis de datos categóricos
5	19. Estadísticos no paramétricos
80	Total de Horas

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- D. D. Wackerly, W. MendelHall III & R. L. Scheaffer; *Estadística Matemática con Aplicaciones*; Thomson; 2002; Sexta edición.
- R. G. D. Steel & J. H. Torrie; *Principles and Procedures of Statistics. A Biometrical Approach*; McGraw Hill; 1980; Segunda Edición.
- S. Lipschutz & M. Lipson; *Probabilidad*; McGraw Hill; 2001; Segunda Edición.
- M. R. Spiegel; *Estadística*; McGraw Hill; 1996.
- R. I. Levin & D. S. Rubin; *Estadística*; Prentice Hall; 1996; Sexta edición.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Artículos de revistas científicas relacionados con los temas correspondientes

SUGERENCIAS DIDÁCTICAS:

Exposición de los temas por parte del profesor con la participación activa de los alumnos.
Ejercicios en clase y de tarea.

SUGERENCIAS DE EVALUACIÓN:

Exámenes

Tareas y ejercicios.

PERFIL PROFESIOGRÁFICO:

Licenciado(a) en Ciencias Genómicas; Maestro(a) o Doctor(a) en Estadística, Matemáticas o Bioinformática.



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

PROGRAMA DE ASIGNATURA

CLAVE	NOMBRE DE LA ASIGNATURA			SEMESTRE	
	GENÉTICA			SEGUNDO	
MODALIDAD	CARÁCTER	HORAS SEMESTRE	HORA/SEMANA		CRÉDITOS
			TEÓRICAS	PRÁCTICAS	
CURSO	OBLIGATORIA	64	4	0	8
NIVEL	BÁSICO				
TIPO	TEÓRICA				

OBJETIVO: Que el alumno conozca, entienda y pueda explicar los conceptos y principios básicos de genética, empleando estos conceptos para obtener una visión evolutiva de la biología, resolver problemas relacionados y comprender el contexto de las ciencias genómicas.

Número de Horas:	Contenidos temáticos:
4	1. Introducción al curso
6	2. Marcadores genéticos 2.1 Marcadores de DNA empleados en análisis genético. 2.2 Aplicaciones de los marcadores genéticos.
8	3. Genética mendeliana 3.1 Genética mendeliana. 3.2 Problemas de genética mendeliana.
8	4. Extensiones de genética mendeliana 4.1 Extensiones de genética mendeliana. 4.2 Problemas de extensiones de genética mendeliana.
4	5. Herencia citoplásmica
10	6. Ligamiento 6.1 Ligamiento. 6.2 Problemas de ligamiento. 6.3 Análisis de tétradas ordenadas y desordenadas.
4	7. Genética parasexual y somática
2	8. Genética bacteriana
2	9. Mecanismos de recombinación genética
4	10. Mutación 10.1 Mecanismos de mutación. 10.2 Problemas de mutación.
12	11. Genética de poblaciones 11.1 Genética de poblaciones I. 11.2 Problemas de genética de poblaciones I. 11.3 Genética de poblaciones III. 11.4 Genética de poblaciones IV. 11.5 Problemas de genética de poblaciones II.
64	Total de Horas

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Griffiths, A.J., et al.; *An Introduction to Genetic Analysis*; WH Freeman & Col Ltd.; 2007; 9 Rev Ed edition.
- Brown, T.; *Genomes 3*; Garland Pub.; 2006; 3rd edition.
- Pasternak, J.J.; *Introduction to Human Molecular Genetics*; Wiley-Liss; 2005; 2nd edition.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- *Encyclopedia of Life Sciences.*
- Artículos originales de revistas científicas.

SUGERENCIAS DIDÁCTICAS:

Exposición de los temas por parte del profesor, con la participación activa de los estudiantes.
Discusión de artículos de investigación recientes.

SUGERENCIAS DE EVALUACIÓN:

Exámenes teóricos.

Participación en clase.

PERFIL PROFESIOGRÁFICO:

Licenciado(a) en Ciencias Genómicas; Doctor(a) en Ciencias Biológicas, Bioquímicas o Biomédicas.



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

PROGRAMA DE ASIGNATURA

CLAVE	NOMBRE DE LA ASIGNATURA			SEMESTRE	
	MATEMÁTICAS 2			SEGUNDO	
MODALIDAD	CARÁCTER	HORAS SEMESTRE	HORA/SEMANA		CRÉDITOS
			TEÓRICAS	PRÁCTICAS	
CURSO	OBLIGATORIA	64	4	0	8
NIVEL	BÁSICO				
TIPO	TEÓRICA				

OBJETIVO: Que el alumno entienda la teoría y conceptos respecto de los espacios vectoriales como una estructura básica en matemáticas y con múltiples aplicaciones, tales como el estudio de ecuaciones diferenciales, que se usan frecuentemente para realizar modelos en ciencias genómicas.

Número de Horas:	Contenidos temáticos:
12	1. Espacios vectoriales 1.1 Vectores en R^2 y R^3 como motivación geométrica. 1.2 Definición y ejemplos de espacio vectorial sobre R . 1.3 Definición de campo y de espacio vectorial en general. 1.4 Subespacios. 1.5 Combinaciones lineales y sistemas de ecuaciones lineales. 1.6 Dependencia e independencia lineal.
20	2. Matrices y transformaciones lineales 2.1 Definición y ejemplos de transformación lineal. 2.2 Núcleo e imagen de una transformación lineal. Teorema de la dimensión. 2.3 Representación matricial de una transformación lineal. 2.4 Composición de transformaciones lineales y multiplicación de matrices. 2.5 Un ejemplo: matrices de incidencia. 2.6 Invertibilidad e isomorfismo. 2.7 Matriz de cambio de coordenadas.
12	3. Operaciones elementales y sistemas de ecuaciones lineales 3.1 Matrices elementales y operaciones elementales. 3.2 Rango de una matriz y matrices inversas. 3.3 Sistemas de ecuaciones lineales.
12	4. Determinantes 4.1 Determinantes de orden 2. 4.2 Determinantes de orden n . 4.3 Propiedades de los determinantes.
8	5. Diagonalización 5.1 Vectores y valores propios. 5.2 Diagonalización.
64	<i>Total de Horas</i>

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- S. Friedberg, A. J. Insel, L. E. Spence; *Linear Algebra*; Prentice Hall; 3ra edición.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Artículos originales de revistas científicas.

SUGERENCIAS DIDÁCTICAS:

Exposición de los temas por parte del profesor con la participación activa de los alumnos.
Ejercicios en clase y de tarea.

SUGERENCIAS DE EVALUACIÓN:

Exámenes
Tareas y ejercicios.

PERFIL PROFESIOGRÁFICO:

Licenciado(a) en Ciencias Genómicas; Maestro(a) o Doctor(a) en Matemáticas, Física o Ingeniería



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

PROGRAMA DE ASIGNATURA

CLAVE	NOMBRE DE LA ASIGNATURA			SEMESTRE	
	COMPUTACIÓN			SEGUNDO	
MODALIDAD	CARÁCTER	HORAS SEMESTRE	HORA/SEMANA	CRÉDITOS	
			TEÓRICAS	PRÁCTICAS	
CURSO	OBLIGATORIA	80	3	2	80
NIVEL	BÁSICO				
TIPO	TEÓRICO-PRÁCTICA				

OBJETIVO: Que el alumno comprenda y se familiarice con el análisis y diseño de algoritmos; la gestión de memoria dinámica, y su utilidad en el desarrollo de programas computacionales; el paradigma de programación orientada a objetos; los métodos numéricos básicos y su importancia para las ciencias genómicas y ejercite este conocimiento mediante el desarrollo de programas aplicados a la bioinformática y las ciencias genómicas.

Número de Horas:	Contenidos temáticos:
10	1. Análisis y diseño de algoritmos 1.1 Crecimiento de funciones y notación asintótica. 1.2 Estrategias de diseño de algoritmos.
25	2. Punteros y memoria dinámica 2.1 Dirección de memoria de una variable. 2.2 Variables que almacenan direcciones de memoria (punteros). 2.3 Acceso de datos apuntados por un puntero. 2.4 Manejo de memoria dinámica.
20	3. Conceptos Fundamentales de Programación Orientada a Objetos (POO) 3.1 Filosofía de la POO. 3.2 La clase como una estructura de código y datos. 3.3 Características de un objeto.
25	4. Métodos numéricos básicos 4.1 Raíces de ecuaciones. 4.2 Interpolación y aproximación funcional. 4.3 Sistemas simultáneos de ecuaciones lineales. 4.4 Integración numérica. 4.5 Ecuaciones diferenciales.
80	<i>Total de Horas</i>

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Aho, A.V., Hopcroft, J.E., and Ullman, J.D. *Data Structures and Algorithms*. Addison-Wesley, 1983.
- Knuth, D.E. *The Art of Computer Programming: Fundamental Algorithms* (Vol. 2, 3rd Ed.). Addison Wesley, 1997.
- Graham, R., Patashnik, O. and Knuth, D.E. *Concrete Mathematics: A Foundation for Computer Science* (2nd Ed.). Addison-Wesley, 1994.
- Papadimitriou, C.H. and Steiglitz, K. *Combinatorial Optimization: Algorithms and Complexity*. Dover Publications, 1998.
- Garey, M.R., and Johnson D.S. *Computers and Intractability: A Guide to the Theory of NP-Completeness*. W.H. Freeman and Company, 1979.
- Johnsonbaugh, R. *Discrete Mathematics* (5th Ed.). Prentice Hall, 2000.
- Suppes, P. y Hill, S. *Introducción a la Lógica Matemática*. Editorial Reverté, 1990.
- Chang, C.-L. and Lee, R.C.-T. *Symbolic Logic and Mechanical Theorem Proving*. Academic Press, 1987.
- Kernighan, B.W., y Ritchie, D.M. *El Lenguaje de Programación C* (2da Ed.). Prentice Hall, 1991.
- Martín, J., y Odell, J.J. *Análisis y Diseño Orientado a Objetos*. Prentice Hall, 1994.
- Burden, R.L., y Faires, J.L. *Análisis Numérico*. Editorial Iberoamérica, 1996.
- Scraton, R.E. *Métodos Numéricos Básicos*. McGraw-Hill, 1996.

- Knuth, D.E. *The Art of Computer Programming: Seminumerical Algorithms* (Vol. 2, 3rd Ed.). Addison Wesley, 1997.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Press, W.H., Flannery, B.P., Teukolsky, S.A., Vetterling, W.T. *Numerical Recipes in C: The Art of Scientific Computing* (2nd Ed). Cambridge University Press, 1992.
- Baase, S. and Van Gelder, A. *Computer Algorithms: Introduction to Design and Analysis* (3rd Ed.). Addison-Wesley Longman, 1999.
- Kingston, J. H. *Algorithms and Data Structures: Design, Correctness* (2nd Ed.). Addison-Wesley Longman, 1997.
- Knuth, D. E. and Greene, D. H. *Mathematics for the Analysis of Algorithms* (3rd Ed.). Birkhauser Boston Press, 1999.
- Knuth, D. E. *Selected Papers on Analysis of Algorithms*. C S L I Publications, 2000.
- Silverman, J.H.H. *A Friendly Introduction to Number Theory* (2nd Ed.). Prentice Hall, 2001.
- Rosen, K. H. H. *Discrete Mathematics and its Applications: Student Guide* (4th Ed.). McGraw-Hill, 1998.
- Swan, T. *Mastering Borland C++*. Sams Publishing, 1992.
- Press, W.H. (Editor), Teukolsky, S.A. (Editor), Vetterling, W.T., Flannery, B.P. *Numerical Recipes in C++: The Art of Scientific Computing* (2nd Ed). Cambridge University Press, 1992.

SUGERENCIAS DIDÁCTICAS:

Exposición de los temas por parte del profesor, con la participación activa de los estudiantes.
Ejercicios en clase y de tarea.

SUGERENCIAS DE EVALUACIÓN:

Exámenes teóricos.
Ejercicios.
Participación en clase.
Proyecto final.

PERFIL PROFESIOGRÁFICO:

Licenciado(a) en Ciencias Genómicas; Maestro(a) o Doctor(a) en Ciencias de la Computación o Ingeniería en Sistemas Computacionales.



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

PROGRAMA DE ASIGNATURA

CLAVE	NOMBRE DE LA ASIGNATURA			SEMESTRE	
	PRINCIPIOS DE EVOLUCIÓN			SEGUNDO	
MODALIDAD	CARÁCTER	HORAS SEMESTRE	HORA/SEMANA		CRÉDITOS
			TEÓRICAS	PRÁCTICAS	
CURSO	OBLIGATORIA	64	4	0	8
NIVEL	BÁSICO				
TIPO	TEÓRICA				

OBJETIVO: Que el alumno conozca los diferentes procesos y mecanismos que participan en la generación de la diversidad biológica y aprenda los conceptos que permiten su valoración cualitativa y cuantitativa, así como que asimile los conceptos que definen a la especie como la unidad biológica, taxonómica y evolutiva. Que el alumno analice las distintas teorías evolutivas, sus alcances, limitaciones y su relevancia en el estudio de la evolución genómica.

Número de Horas:	Contenidos temáticos:
12	1. Las pruebas de la evolución 1.1 Diferencias y similitudes de las formas de vida, el concepto de homología, el árbol de la vida, el progenote y la generación espontánea. 1.2 La mutabilidad temporal de los sistemas vivos. 1.3 Los tiempos geológicos y el registro fósil.
20	2. Mecanismos moleculares de variación y plasticidad y su participación en la generación de la diversidad genómica 2.1 Replicación y reparación. 2.2 Recombinación y rearreglos. 2.3 Transferencia horizontal: elementos y procesos. 2.4 Secuencias de inserción y transposones. 2.5 Virus, fagos y plásmidos como fuentes de variación genómica. 2.6 Islas genómicas patogénicas y simbióticas.
8	3. Cronología de la vida 3.1 Los conceptos de especie y la especiación. 3.2 La reconstrucción de linajes evolutivos. 3.3 El origen de la vida y el florecimiento de la diversidad.
24	4. Introducción a las teorías sobre la evolución 4.1 La selección natural. 4.2 El origen de los nuevos alelos y genes. 4.3 Alteraciones cromosómicas. 4.4 Deriva génica y selección. 4.5 Análisis evolutivo de la forma y la función. 4.6 Introducción a la evolución humana.
64	<i>Total de Horas</i>

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Freeman, Scott; Herron, Jon C.; *Evolutionary Analysis*; Benjamin Cummings; Prentice Hall; 2007; 4th edition.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Artículos originales de revistas científicas.

SUGERENCIAS DIDÁCTICAS:

Exposición de los temas por parte del profesor, con la participación activa de los estudiantes.
Discusión de artículos de revisión recientes en seminarios

SUGERENCIAS DE EVALUACIÓN:

Exámenes teóricos.

Participación en clase y en seminarios.

PERFIL PROFESIOGRÁFICO:

Licenciado(a) en Ciencias Genómicas; Doctor(a) en Ciencias Biológicas, Bioquímicas o Biomédicas.



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

PROGRAMA DE ASIGNATURA

CLAVE	NOMBRE DE LA ASIGNATURA			SEMESTRE	
	SEMINARIO 2			SEGUNDO	
MODALIDAD	CARÁCTER	HORAS SEMESTRE	HORA/SEMANA		CRÉDITOS
			TEÓRICAS	PRÁCTICAS	
SEMINARIO	OBLIGATORIA	80	3	2	8
NIVEL		BÁSICO			
TIPO		TEÓRICO-PRÁCTICA			

OBJETIVO: Que el alumno conozca los fundamentos teóricos de las metodologías generales empleadas para el análisis de ácidos nucleicos, proteínas, la secuenciación y análisis de genomas, así como las metodologías más recientes empleadas en las ciencias genómicas.

Número de Horas:	Contenidos temáticos:
15	1. Técnicas de análisis y amplificación de ácidos nucleicos 1.1 Extracción y separación de ácidos nucleicos. 1.2 Electroforesis de ácidos nucleicos; mapeo por restricción. 1.3 Transferencia de ácidos nucleicos e hibridación. 1.4 Síntesis química y purificación de oligonucleótidos. 1.5 La reacción de polimerasa en cadena. 1.6 Producción de sondas para ácidos nucleicos. 1.7 Técnicas generales del DNA recombinante.
10	2. Técnicas de separación y purificación de proteínas 2.1 Métodos basados en la solubilidad de proteínas. 2.2 Métodos basados en su masa molecular. 2.3 Métodos basados en su carga eléctrica. 2.4 Métodos basados en interacciones específicas.
20	3. Métodos para la caracterización y determinación de estructuras tridimensionales de macromoléculas 3.1 Espectroscopía de absorción. 3.2 Espectroscopía de emisión. 3.3 Dicroísmo circular y lineal. 3.4 Resonancia magnética nuclear. 3.5 Difracción de rayos X. 3.6 Scattering de macromoléculas en solución. 3.7 Espectrometría de masas.
10	4. Secuenciación de biomoléculas 4.1 Secuenciación de DNA por tecnología capilar. 4.2 Secuenciación de DNA por tecnologías de pirofosfatasa. 4.3 Secuenciación de DNA por tecnologías de ligación. 4.4 Secuenciación masiva usando microchips y secuenciación por moléculas individuales. 4.5 Secuenciación de proteínas.
5	5. Biosensores 5.1 Diferentes tipos y formatos de biosensores para ácidos nucleicos, proteínas y metabolitos.
20	6. Microbiochips: tecnologías y aplicaciones 6.1 Tipos de microbiochips: microchips, chips bioelectrónicos, chips con detectores nucleotídicos, chips con detectores protéicos. 6.2 Detección y cuantificación de señales en microbiochips. 6.3 Amplificación exponencial de señales en microbiochips.

	6.4 Perfiles de expresión génica por medio de microbiochips. 6.5 Análisis de genomas empleando cDNA microbiochips. 6.6 Perfiles de expresión proteica (proteomas) por medio de microchips. 6.7 Interpretación de datos. 6.8 Los chips del futuro: evolución de las nano y las pico tecnologías.
80	Total de Horas

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Watson, J.D., Caudy, A. A., Myers, R.M. and Witkowski, J.A.; *Recombinant DNA: Genes and Genomes — A Short Course*; Third Edition; Cold Spring Harbor Lab. Press; CSH New York; 2007.
- Baum, S. J., Scott-Ennis, R. J., and Hill, J W; *Chemistry and Life: An Introduction to General, Organic and Biological Chemistry*; Prentice Hall; 1999.
- *Biophysics Textbook Online*; <http://www.biophysics.org/btol/>
- Creighton, T. E.; *Proteins: Structures and Molecular Properties*; W.H. Freeman & Co., 1992.
- Crothers, D. M., Kill, J., Tinoco, I., Hearst, J. E., Wemmer, D. E., and Bloomfield, V. A.; *Nucleic Acids: Structures, Properties, and Functions*; University Science Books; 2000.
- Cheng, J., and Kricka, L.; *Biochip Technology*; Taylor & Francis, Inc.; 2001.
- Gait, M. G., and Blackburn, G. M.; *Nucleic Acids in Chemistry and Biology*; Oxford University Press Inc.; 1995.
- Jordan, B.; *DNA Microarrays: Gene Expression Applications*; Springer-Verlag; 2001.
- Schena, M.; *Microarray Biochip Technology*; Eaton Publishing Company/Bio Techniques Books Division; 2000.
- van Holde, K.E., Johnson, W.C., and Ho, P.S.; *Principles of Physical Biochemistry*; Prentice Hall Inc.; 1998.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Artículos originales de revistas científicas.

SUGERENCIAS DIDÁCTICAS:

Exposición de los temas por parte del profesor, con la participación activa de los estudiantes.

Discusión de artículos de investigación recientes en seminarios.

SUGERENCIAS DE EVALUACIÓN:

Exámenes teóricos.

Participación en clase y seminarios.

PERFIL PROFESIOGRÁFICO:

Licenciado(a) en Ciencias Genómicas; Doctor(a) en Ciencias Biológicas, Bioquímicas o Biomédicas.



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

PROGRAMA DE ASIGNATURA

CLAVE	NOMBRE DE LA ASIGNATURA			SEMESTRE	
	MATEMÁTICAS 3			TERCERO	
MODALIDAD	CARÁCTER	HORAS SEMESTRE	HORA/SEMANA TEÓRICAS	PRÁCTICAS	CRÉDITOS
CURSO	OBLIGATORIA	64	4	0	8
NIVEL	AVANZADO				
TIPO	TEÓRICA				

OBJETIVO: Que el alumno conozca la teoría y aplicaciones prácticas del cálculo diferencial e integral y del planteamiento, resolución y propiedades de las soluciones de las ecuaciones diferenciales.

Número de Horas:	Contenidos temáticos:
6	1. Markov 1.1 Matrices de transición 1.2 Cadenas de Markov 1.3 Estados accesibles, recurrentes, transitorios, absorbentes y estables. 1.4 Estadística bayesiana 1.5 Modelos ocultos de Markov (Hidden Markov Models)
6	2. Campos y Funciones 1.1 Identidades trigonométricas, números complejos y fórmula de Euler.
4	3. Ecuaciones parametrizadas
8	4. Derivación 2.1 Derivada implícita. 2.2 Derivadas con logaritmos. 2.3 Problemas con derivadas. 2.4 Estimador de máxima verosimilitud 2.5 Mínimos cuadrados y correlación
8	5. Polinomios de Taylor y series de potencias
8	6. Integración 4.1 Problemas con integrales. 4.2 Sustitución trigonométrica. 4.3 Fracciones racionales
6	7. Cálculo de más variables 7.1 Derivadas parciales 7.2 Máximos, mínimos y puntos silla
18	8. Ecuaciones diferenciales 5.1 Separación de variables. 5.2 Variación de parámetros con factor integrante. 5.3 Ecuaciones exactas. 5.4 Ecuaciones exactas con factores integrantes.
64	Total de Horas

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- J. Stewart; *Cálculo Diferencial e Integral*; International Thomson Editores; 1998.
- R. Greenwell, N. Ritchey & M. Lial; *Calculus for the Life Sciences*; Addison-Wesley; 2003.
- W. A. Granville, P. F. Smith & W. R. Longley; *Cálculo Diferencial e Integral*; Limusa; 2007.
- C. Bosch-Giral, M. Guerra Tejada, C. Hernández GarcíaDiego, E. Oteyza de Oteyza; *Cálculo Diferencial e Integral*; Publicaciones Culturales; 1991.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Artículos originales de revistas científicas.

SUGERENCIAS DIDÁCTICAS:

Exposición de los temas por parte del profesor con la participación activa de los alumnos.

Ejercicios en clase y de tarea.

SUGERENCIAS DE EVALUACIÓN:

Exámenes

Tareas y ejercicios.

PERFIL PROFESIOGRÁFICO:

Licenciado(a) en Ciencias Genómicas; Maestro(a) o Doctor(a) en Matemáticas, Física o Ingeniería.



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

PROGRAMA DE ASIGNATURA

CLAVE	NOMBRE DE LA ASIGNATURA			SEMESTRE	
	GENÓMICA FUNCIONAL 1			TERCERO	
MODALIDAD	CARÁCTER	HORAS SEMESTRE	HORA/SEMANA		CRÉDITOS
			TEÓRICAS	PRÁCTICAS	
CURSO	OBLIGATORIA	64	4	0	8
NIVEL	AVANZADO				
TIPO	TEÓRICA				

OBJETIVO: Que el alumno estudie a profundidad los conceptos y mecanismos básicos de la biología molecular de los organismos, adquiriendo conocimientos avanzados y detallados sobre procesos fundamentales como la replicación, transcripción y traducción en organismos procariontes y eucariontes.

Número de Horas:	Contenidos temáticos:
20	Perpetuación de los genomas 1. Relación estructura-función del genoma en procariontes 1.1 Ciclo celular en procariontes. 1.2 Sistemas de replicación en procariontes. 1.3 Sistemas de partición en procariontes. 1.4 División celular en procariontes. 1.5 Fracción del genoma responsable de la replicación en procariontes.
24	2. Relación estructura-función del genoma en eucariontes 2.1 Ciclo celular en eucariontes. 2.2 Sistemas de replicación en eucariontes. 2.3 Sistemas de partición en eucariontes. 2.4 División celular en eucariontes. 2.5 Fracción del genoma responsable de la replicación en eucariontes. 2.6 Desordenes en los procesos de replicación, partición y division celular en eucariontes. 2.7 Técnicas de análisis de la replicación.
20	Decodificación de la información de los genomas 3. Transcripción en procariontes 3.1 Mecanismos de regulación transcripcional. 3.2 Respuesta al cambio ambiental. 3.3 Redes de regulación. 3.4 Diversidad y dinámica de las redes de regulación. 3.5 Fracción del genoma responsable de la transcripción en procariontes. 3.6 Técnicas de análisis de la transcripción. 3.7 Análisis del transcriptoma.
64	Total de Horas

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Brown, T. A.; *Genomes*; Garland Sciences Publishing; 2007; 3rd edition.
- Lodish et al.; *Molecular Cell Biology*; W. H. Freeman and Company; 2004; 5th edition.
- Lewin B.; *Genes IX*; Jones & Bartlett Publishers, Inc.; 2007; 9th edition.
- Strachan, T., and Read, A. P.; *Human Molecular Genetics*; Garland Sciences Publishing; 2004; 3rd edition.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Artículos originales de revistas científicas.

SUGERENCIAS DIDÁCTICAS:

Exposición de los temas por parte del profesor, con la participación activa de los estudiantes.

Discusión de artículos de investigación recientes en seminarios.

SUGERENCIAS DE EVALUACIÓN:

Exámenes teóricos.

Participación en clase y en seminarios .

PERFIL PROFESIOGRÁFICO:

Licenciado(a) en Ciencias Genómicas; Doctor(a) en Ciencias Biológicas, Bioquímicas o Biomédicas.



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

PROGRAMA DE ASIGNATURA

CLAVE	NOMBRE DE LA ASIGNATURA			SEMESTRE	
	GENÓMICA EVOLUTIVA 1			TERCERO	
MODALIDAD	CARÁCTER	HORAS SEMESTRE	HORA/SEMANA		CRÉDITOS
			TEÓRICAS	PRÁCTICAS	
CURSO	OBLIGATORIA	64	4	0	8
NIVEL	AVANZADO				
TIPO	TEÓRICA				

OBJETIVO: Que el alumno obtenga una sólida base de conocimientos teóricos y prácticos sobre aspectos fundamentales de la inferencia filogenética y evolución molecular, abarcando desde el escrutinio de bases de datos de secuencias mediante BLAST, determinación e interpretación de homología, el alineamiento de múltiples secuencias, la interconversión de formatos y el ajuste de modelos de sustitución a los datos, hasta la edición e interpretación de las topologías obtenidas mediante diversos métodos de reconstrucción.

Número de Horas:	Contenidos temáticos:
4	1. Aspectos históricos y filosóficos de la biología evolutiva.
4	2. Conceptos básicos de filogenética y evolución molecular.
8	3. Alineamientos pareados, matrices empíricas BLOSUM y PAM de sustitución de aminoácidos y búsqueda de homólogos en bases de datos mediante BLAST.
8	4. Alineamientos múltiples de secuencias con clustalw, clustalX y T-Coffee; scripts de Perl para automatizar el proceso.
8	5. Modelos paramétricos de evolución de secuencias de nucleótidos.
8	6. Métodos de reconstrucción filogenética basados en distancias: Evolución Mínima, Neighbor-joining y UPGMA.
4	7. Criterios de optimización I: Máxima parsimonia y métodos de búsqueda de árboles.
8	8. Criterios de optimización II: Máxima verosimilitud, ajuste de modelos, estima de valores de máxima verosimilitud de los parámetros de los modelos de sustitución y contraste de hipótesis filogenéticas.
4	9. Criterios de optimización III: inferencia bayesiana de filogenias moleculares
8	10. Filogenómica: aspectos teóricos y aplicados.
64	Total de Horas

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Felsenstein, J.; *Inferring Phylogenies*; Sinauer Associates, INC.; Sunderland, MA.; 2004.
- Futuyma, D.J.; *Evolution*; Sinauer Associates, INC.; Sunderland, MA.; 2005.
- Graur, D., Li, W.H.; *Fundamentals of Molecular Evolution*; Sinauer Associates, Inc., Sunderland. 2000.
- Nei, M., Kumar, S.; *Molecular Evolution and Phylogenetics*; Oxford University Press, Inc., NY; 2000.
- Page, R.D.M., Holmes, E.C.; *Molecular Evolution - A Phylogenetic Approach*; Blackwell Science Ltd, Oxford; 1998.
- Swofford, D.L., Olsen, G.J., Waddell, P.J., Hillis, D.M.; *Phylogenetic Inference*; 1996.
- In: Hillis, D.M., Moritz, C., Mable, B.K.; *Molecular Systematics*; Sinauer Associates, Sunderland, MA.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Artículos originales de revistas científicas.

SUGERENCIAS DIDÁCTICAS:

Exposición de los temas por parte del profesor, con la participación activa de los estudiantes.

Discusión de artículos de investigación recientes en seminarios.

SUGERENCIAS DE EVALUACIÓN:

Exámenes teóricos.

Proyecto final.

Participación en clase y seminarios.

PERFIL PROFESIOGRÁFICO:

Licenciado(a) en Ciencias Genómicas; Doctor(a) en Ciencias Biológicas, Bioquímicas o Biomédicas.



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

PROGRAMA DE ASIGNATURA

CLAVE	NOMBRE DE LA ASIGNATURA			SEMESTRE	
	BIOINFORMÁTICA Y ESTADÍSTICA 1			TERCERO	
MODALIDAD	CARÁCTER	HORAS SEMESTRE	HORA/SEMANA		CRÉDITOS
			TEÓRICAS	PRÁCTICAS	
CURSO	OBLIGATORIA	80	3	2	8
NIVEL	AVANZADO				
TIPO	TEÓRICO-PRÁCTICA				

- **OBJETIVO:** Que el alumno entienda y aplique las diversas metodologías y técnicas aplicadas en la conceptualización de un sistema, siendo capaz de modelar un sistema usando ontologías o modelos de esquemas de datos (ER). Además, que aprenda a manejar una base de datos relacional y realice la construcción de una interfaz Web que permita consultar, agregar y desplegar información de los datos contenidos en una base de datos con contenido biológico, y por último a utilizar el lenguaje R para análisis estadístico de colecciones de datos.

Número de Horas:	Contenidos temáticos:
30	1. Modelos 1.1 Modelos de Ontologías. 1.1.1 OPL (Ontology Processing Language) 1.1.2 ODPs (Ontology Design Patterns) 1.2 Modelo de esquema de datos 1.2.1 Entidad Relación. 1.2.2 Ejemplos: GO BioPAX
20	2. SQL estandar 2.1 Álgebra relacional. 2.2 Lenguajes de definicion y manipulacion de datos (SQL).
20	3. PHP
10	4. Introducción a lenguaje de estadística R 4.1 Prólogo 4.2 Conceptos 4.3 Manejando datos con R 4.4 Gráficas con R 4.5 Análisis estadísticos con R
80	<i>Total de Horas</i>

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Bulger Brad, Greenspan Jay, Wall David; *MySQL/PHP Database Applications*; Wiley Publishing USA 2004, 2a edición.
- Silberschatz Abraham , Korth Henry F, Sudarshan S.; *Database System Concepts*; Mc Graw Hill, USA 2005, 5ta Edicion

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Codd E.F.; *A Relational Model of Data for Large Shared Data Banks*; Communications of the ACM, Vol. 13, No. 6, June 1970, pp. 377-387.

SQL

- <http://www.mailxmail.com/curso/informatica/disenobasesdatosrelacionales/capitulo2.htm>
- http://es.wikipedia.org/wiki/Base_de_datos
- <http://mysql.com>
- <http://www.webestilo.com/mysql/intro.phtml>
- <http://mysql.conclase.net/curso/>

PERL

- Perl en español <http://www.merelo.net/tutoperl/indice.html>
- Curso de Perl <http://www.geocities.com/SiliconValley/Station/8266/perl/>
- Rex Swain's Perl 5 Reference Guide <http://www.rexswain.com/perl5.html>
- Data structures cookbook <http://www.perl.com/doc/FMTEYEWTK/pdsc/>
- Perl for Biologists <http://www.internetbiologists.org/IB-perl/index.html>
- Perl Programming for Biologists <http://www3.interscience.wiley.com/cgi-bin/bookhome/109855598>
- Beginning Perl for Bioinformatics <http://proquest.safaribooksonline.com/0596000804>
- Mastering Perl for Bioinformatics <http://proquest.safaribooksonline.com/0596003072>
- Bioinformatics Biocomputing and Perl <http://www3.interscience.wiley.com/cgi-bin/bookhome/110522440>
- perl.com <http://www.perl.com/>
- Beginning Perl http://learn.perl.org/library/beginning_perl/
- Programming Perl <http://proquest.safaribooksonline.com/0596000278>
- Perl Cookbook <http://proquest.safaribooksonline.com/0596003137>

Bioperl

- Bioperl tutorial <http://bioperl.org/Core/Latest/bptutorial.html>
- Bioperl course <http://www.pasteur.fr/recherche/unites/sis/formation/bioperl/>

Interfaz DBI

- A Short Guide to DBI <http://www.perl.com/pub/a/1999/10/DBI.html>
- Perl DBI Tutorial (The Basics) <http://sol4.net/projects/project4.shtml>
- How To Use Perl DBI For Database Programming <http://perl.about.com/od/perldbiprogramming/>
- Perl and Databases http://dc.pm.org/talks/perl_db.html
- Using Perl DBI to interface to MySQL <http://www.danchan.com/feature/2000/10/16/mysql/mysql3.htm>
- Programming the Perl DBI <http://proquest.safaribooksonline.com/1565926994>
- Bioinformatics and Functional Genomics <http://www3.interscience.wiley.com/cgi-bin/bookhome/109870841>
- Koders <http://www.koders.com/>

SUGERENCIAS DIDÁCTICAS:

Exposición de los temas por parte del profesor, con la participación activa de los estudiantes.
Ejercicios en clase y de tarea.

SUGERENCIAS DE EVALUACIÓN:

Ejercicios.

Participación en clase.

Proyecto final.

Presentación del proyecto final.

PERFIL PROFESIOGRÁFICO:

Licenciado(a) en Ciencias Genómicas; Maestro(a) o Doctor(a) en Ciencias de la Computación o Bioinformática.



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

PROGRAMA DE ASIGNATURA

CLAVE	NOMBRE DE LA ASIGNATURA			SEMESTRE	
	MODELOS GENÓMICOS			TERCERO	
MODALIDAD	CARÁCTER	HORAS SEMESTRE	HORA/SEMANA		CRÉDITOS
			TEÓRICAS	PRÁCTICAS	
CURSO	OBLIGATORIA	80	3	2	8
NIVEL	AVANZADO				
TIPO	TEÓRICO-PRÁCTICA				

OBJETIVO: Que el alumno revise y estudie los organismos modelo más utilizados en las ciencias genómicas, sus características principales y ventajas que los hacen ser buenos modelos biológicos, así como sus características genómicas.

Número de Horas:	Contenidos temáticos:
1	1. Introducción a los organismos modelo
4	2. Genomas de virus
15	3. Genomas de bacterias
	3.1 Introducción.
	3.2 El genoma de Escherichia coli.
	3.3 El genoma de Rhizobium etli.
	3.4 Genomas de otras bacterias.
15	4. Genomas de hongos
	4.1 Introducción.
	4.2 La levadura como un modelo eucariótico.
	4.3 Genómica comparativa y funcional en levaduras.
	4.4 Genomas de otros hongos.
15	5. Genomas de plantas
	5.1 Introducción.
	5.2 Arabidopsis thaliana como un modelo de plantas.
	5.3 Genomas de otras plantas.
10	6. Genomas de parásitos
20	7. Genomas de animales
80	<i>Total de Horas</i>

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Artículos originales de revistas científicas.
- Blattner FR, et al.; "The Complete Genome Sequence of Escherichia coli K-12"; *Science*; 1997; 277(5331):1453 – 1462.
- González V, et al.; "The partitioned Rhizobium etli genome: genetic and metabolic redundancy in seven interacting replicons"; *Proc. Natl. Acad. Sci.*; 2006;103(10):3834-3839.
- Philippsen P, et al.; "The nucleotide sequence of Saccharomyces cerevisiae chromosome XIV and its evolutionary implications"; *Nature*; 1997;387:93-98.
- Arabidopsis Genome Initiative; "Analysis of the genome sequence of the flowering plant Arabidopsis thaliana"; *Nature*; 2000; 408:796-815.
- Gardner MJ, et al.; "Genome sequence of the human malaria parasite Plasmodium falciparum"; *Nature*; 2002; 419:498-511.
- Loftus B, et al.; "The genome of the protist parasite Entamoeba histolytica"; *Nature*; 2005; 433:865-868.
- C. elegans Sequencing Consortium; "Genome sequence of the nematode C. elegans: a platform for investigating biology"; *Science*; 1998; 282(5396):2012-2018.

- Adams MD, et al.; "The genome sequence of *Drosophila melanogaster*"; *Science*; 2000; 287(5461):2185-2195.
- International Chicken Genome Sequencing Consortium; "Sequence and comparative analysis of the chicken genome provide unique perspectives on vertebrate evolution"; *Nature*; 2004; 432:695-716.
- Lindblad-Toh K, et al.; "Genome sequence, comparative analysis and haplotype structure of the domestic dog"; *Nature*; 2005; 438:803-819.
- Mouse Genome Sequencing Consortium et al.; "Initial sequencing and comparative analysis of the mouse genome"; *Nature*; 2002; 420:520-562.
- Gibbs RA, et al.; "Genome sequence of the Brown Norway rat yields insights into mammalian evolution"; *Nature*; 2004; 428:493-521.
- Chimpanzee Sequencing and Analysis Consortium; "Initial sequence of the chimpanzee genome and comparison with the human genome", *Nature*; 2005; 437:69-87.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Galagan JE, et al.; "The genome sequence of the filamentous fungus *Neurospora crassa*"; *Nature*; 2003; 422:859-68.
- The French-Italian Public Consortium for Grapevine Genome Characterization; "The grapevine genome sequence suggests ancestral hexaploidization in major angiosperm phyla"; *Nature*; 2007; 449: 463-468.
- Nene V, et al.; "Genome sequence of *Aedes aegypti*, a major arbovirus vector"; *Science*; 2007; 316(5832):1718-1723.
- Honeybee Genome Sequencing Consortium; "Insights into social insects from the genome of the honeybee *Apis mellifera*"; *Nature*; 2006; 443:931-949.
- Aparicio S, et al.; "Whole-genome shotgun assembly and analysis of the genome of *Fugu rubripes*"; *Science*; 2002; 297(5585):1301-1310.
- Jaillon O, et al.; "Genome duplication in the teleost fish *Tetraodon nigroviridis* reveals the early vertebrate proto-karyotype"; *Nature*; 2004; 431:946-957.
- Pontius JU, et al.; "Initial sequence and comparative analysis of the cat genome"; *Genome Res.*; 2007; 17(11):1675-1689.
- Rhesus Macaque Genome Sequencing and Analysis Consortium et al.; "Evolutionary and biomedical insights from the rhesus macaque genome"; *Science*; 2007; 316(5822):222-234.
- Lander ES, et al.; "Initial sequencing and analysis of the human genome"; *Nature*; 2001; 409:860-921.
- International Human Genome Sequencing Consortium; "Finishing the euchromatic sequence of the human genome"; *Nature*; 2004; 431:931-945.

SUGERENCIAS DIDÁCTICAS:

Exposición de los temas por parte del profesor, con la participación activa de los estudiantes.

Discusión de artículos de investigación recientes en seminarios.

Exposiciones por parte de los alumnos.

SUGERENCIAS DE EVALUACIÓN:

Exámenes teóricos.

Participación en clase y seminarios.

PERFIL PROFESIOGRÁFICO:

Licenciado(a) en Ciencias Genómicas; Doctor(a) en Ciencias Biológicas, Bioquímicas o Biomédicas.



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

PROGRAMA DE ASIGNATURA

CLAVE	NOMBRE DE LA ASIGNATURA			SEMESTRE	
	SEMINARIO 3			TERCERO	
MODALIDAD	CARÁCTER	HORAS SEMESTRE	HORA/SEMANA TEÓRICAS	PRÁCTICAS	CRÉDITOS
SEMINARIO	OBLIGATORIA	80	3	2	8
NIVEL	AVANZADO				
TIPO	TEÓRICO-PRÁCTICA				

OBJETIVO: Que el alumno profundice en temas de actualidad en las ciencias genómicas sobre un grupo de organismos.

Número de Horas:	Contenidos temáticos:
10	1. Biología y metagenómica de la simbiosis del intestino humano.
10	2. Biología y metagenómica de la simbiosis con insectos.
10	3. Metagenoma del océano.
10	4. Metagenoma del suelo y otros ambientes.
10	5. Metagenomas de matas, tapetes y estromatolitos.
10	6. Enfoques metagenómicos para la obtención de genes y sustancias con utilidad biotecnológica.
10	7. Ventajas y desventajas de la metagenómica en el estudio de comunidades complejas.
10	8. Perspectivas a futuro, metagenómica funcional.
80	Total de Horas

**Este programa ejemplifica la temática de este curso, los temas pueden cambiar cada semestre.*

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Artículos originales de revistas científicas.
- Williamson, Shannon J. et al. ; "The Sorcerer II Global Ocean Sampling Expedition: Metagenomic Characterization of Viruses within Aquatic Microbial Samples"; *PLoS ONE*, 2008, 3(1):e1456.
- Bhaya, Devaki, et al.; "Population level functional diversity in a microbial community revealed by comparative genomic and metagenomic analyses"; *The ISME Journal*, 2007 Dec, 1(8):703-13.
- Fierer, Noah, et al.; "Metagenomic and Small-Subunit rRNA Analyses Reveal the Genetic Diversity of Bacteria, Archaea, Fungi, and Viruses in Soil"; *Applied and Environmental Microbiology*; Vol. 73, no. 21, pp. 7059-7066.
- Jones, Brian V; Marchesi, Julian R; Accessing the mobile metagenome of the human gut microbiota; *Molecular bioSystems*, 2007 Nov, 3(11):749-58.
- McHardy, Alice C; Rigoutsos, Isidore;" What's in the mix: phylogenetic classification of metagenome sequence samples"; *Current Opinion in Microbiology*, 2007 Oct, 10(5):499-503.
- Raes, Jeroen; Foerstner, Konrad Ulrich; Bork, Peer; "Get the most out of your metagenome: computational analysis of environmental sequence data"; *Current Opinion in Microbiology*, 2007 Oct, 10(5):490-8.
- Koonin, EV; "Metagenomic sorcery and the expanding protein universe"; *Nature Biotechnology*; Vol. 25, no. 5, pp. 540-542.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Artículos originales de revistas científicas.

SUGERENCIAS DIDÁCTICAS:

Exposición de los temas por parte del profesor, con la participación activa de los estudiantes.
Discusión de artículos de investigación recientes en seminarios.
Exposiciones por parte de los alumnos.

SUGERENCIAS DE EVALUACIÓN:

Exámenes teóricos.

Participación en clase y seminarios.

PERFIL PROFESIOGRÁFICO:

Licenciado(a) en Ciencias Genómicas; Doctor(a) en Ciencias Biológicas, Bioquímicas o Biomédicas.



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

PROGRAMA DE ASIGNATURA

CLAVE	NOMBRE DE LA ASIGNATURA			SEMESTRE	
	MATEMÁTICAS 4			CUARTO	
MODALIDAD	CARÁCTER	HORAS SEMESTRE	HORA/SEMANA TEÓRICAS	PRÁCTICAS	CRÉDITOS
CURSO	OBLIGATORIA	64	4	0	8
NIVEL	AVANZADO				
TIPO	TEÓRICA				

OBJETIVO: Que el alumno aprenda y entienda la aplicación de las transformaciones lineales de espacios vectoriales para la solución de ecuaciones diferenciales con aplicaciones a la biología de sistemas.

Número de Horas:	Contenidos temáticos:
4	1. Solución de ecuaciones diferenciales por sustitución.
4	2. Problemas de valor inicial.
8	3. Ecuaciones lineales homogéneas.
8	4. Soluciones particulares de ecuaciones no homogéneas.
8	5. Operador Diferencial.
4	6. Ecuación de Cauchy-Euler.
8	7. Solución de ecuaciones diferenciales por eliminación.
8	8. Transformada de Laplace.
12	9. Sistemas de ecuaciones diferenciales de primer orden.
64	Total de Horas

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- D. G. Zill & M. R. Cullen; *Ecuaciones Diferenciales con Problemas de Valores en la Frontera*; Thomas Learning; 2002; Quinta edición.
- J. W. Dettman; *Introduction to Linear Algebra and Differential Equations*; Dover Publications, 1986.
- R. Greenwell, N. Ritchey & M. Lial; *Calculus for the Life Sciences*; Addison-Wesley, 2003.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Artículos originales de revistas científicas.

SUGERENCIAS DIDÁCTICAS:

Exposición de los temas por parte del profesor con la participación activa de los alumnos.
Ejercicios en clase y de tarea.

SUGERENCIAS DE EVALUACIÓN:

Exámenes.
Tareas y ejercicios.

PERFIL PROFESIOGRÁFICO:

Licenciado(a) en Ciencias Genómicas; Maestro(a) o Doctor(a) en Matemáticas, Física o Ingeniería.



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

PROGRAMA DE ASIGNATURA

CLAVE	NOMBRE DE LA ASIGNATURA			SEMESTRE	
	GENÓMICA FUNCIONAL 2			CUARTO	
MODALIDAD	CARÁCTER	HORAS SEMESTRE	HORA/SEMANA		CRÉDITOS
			TEÓRICAS	PRÁCTICAS	
CURSO	OBLIGATORIA	64	4	0	8
NIVEL	AVANZADO				
TIPO	TEÓRICA				

OBJETIVO: Que el alumno estudie a profundidad los conceptos y mecanismos básicos de la biología molecular de los organismos, adquiriendo conocimientos avanzados y detallados sobre procesos fundamentales como la replicación, transcripción y traducción en organismos procariontes y eucariontes.

Número de Horas:	Contenidos temáticos:
32	1. Transcripción en eucariontes 1.1 Introducción, tipos de RNA polimerasas. 1.2 RNA polimerasa II. 1.3 Enhancers, silencers, insulators, activation tagging, enhancer trapping, factores de transcripción. 1.4 RNA polimerasas I y III. 1.5 Transcripción en plástidos y mitocondria. 1.6 Modificación del RNAm. 1.7 Modificación del tRNA ^t y del RNAr. 1.8 Análisis del transcriptoma, análisis de células aisladas. 1.9 RNAi y algunos otros fenómenos epigenéticos.
24	2. Traducción 2.1 Componentes de la maquinaria de traducción, código genético. 2.2 Inicio, elongación y terminación de la traducción. 2.3 Regulación de la traducción. 2.4 Diferencias en la traducción entre pro- y eucariotas. 2.5 Modificación post-traducciona de proteínas. 2.6 Transporte de proteínas a sus destinos. 2.7 Métodos de análisis del proteoma. 2.8 Sistema de dos híbridos.
8	3. Otros temas 3.1 Sistemas de expresión heteróloga. 3.2 Genes reporteros. 3.3 Señalización intercelular.
64	Total de Horas

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Brown, T. A.; *Genomes*; Garland Sciences Publishing; 2007; 3rd edition.
- Lodish et al.; *Molecular Cell Biology*; W. H. Freeman and Company; 2004; 5th edition.
- Lewin B.; *Genes IX*; Jones & Bartlett Publishers, Inc.; 2007; 9th edition.
- Strachan, T., and Read, A. P.; *Human Molecular Genetics*; Garland Sciences Publishing; 2004; 3rd edition.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Artículos originales de revistas científicas.

SUGERENCIAS DIDÁCTICAS:

Exposición de los temas por parte del profesor, con la participación activa de los estudiantes.
Discusión de artículos recientes en seminarios.

SUGERENCIAS DE EVALUACIÓN:

Exámenes teóricos.

Participación en clase y en seminarios.

PERFIL PROFESIOGRÁFICO:

Licenciado(a) en Ciencias Genómicas; Doctor(a) en Ciencias Biológicas, Bioquímicas o Biomédicas.



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

PROGRAMA DE ASIGNATURA

CLAVE	NOMBRE DE LA ASIGNATURA			SEMESTRE	
	BIOINFORMÁTICA Y ESTADÍSTICA 2			CUARTO	
MODALIDAD	CARÁCTER	HORAS SEMESTRE	HORA/SEMANA		CRÉDITOS
			TEÓRICAS	PRÁCTICAS	
CURSO	OBLIGATORIA	80	3	2	8
NIVEL	AVANZADO				
TIPO	TEÓRICO-PRÁCTICA				

OBJETIVO: Que el alumno comprenda a detalle y profundidad los principales algoritmos utilizados en las ciencias genómicas para el análisis de secuencias, análisis de moléculas y análisis de datos masivos..

METODOLOGÍA:

La estructura del análisis de cada algoritmo comprende lo siguiente:

1. *Descripción del problema.*

Plantear la pregunta biológica implicada. Ejemplo.

2. *Análisis del Algoritmo*

Describir el algoritmo que soluciona el problema, mediante el uso de diagramas de flujo, pseudo-código, diagrama de clases u otra técnica de análisis. Si aplica, explicar el proceso de asignación de scores.

3. *Fundamento estadístico*

Explicar la estadística que es usada en el algoritmo. Por ejemplo: distribuciones de valor extremo, binomial, hipergeométrica, etc.

4. *Programas computacionales*

Explicar el programa computacional que usa el algoritmo descrito. Esto implica: conocer el programa, entender sus parámetros de entrada, entender los resultados, interpretación biológica de los resultados, ventajas y desventajas del método.

Otros algoritmos y programas relacionados.

Generalmente existen programas relacionados o variantes del programa, y sería muy útil describirlos. Se recomienda abordar los siguientes puntos:

- Criterios de selección del mejor algoritmo de acuerdo al problema.
- Que falta por hacer en el área y sería posible plantear alguna mejora al algoritmo(s).

Número de Horas:	Contenidos temáticos:
20	1. Análisis de datos con R 1.1. Análisis estadísticos de datos usando R 1.2. Bioconductor
15	2. Análisis de secuencias. Búsqueda de motivos 2.1 Búsqueda de patrones de proteínas y en secuencias de ácidos nucleicos.
20	3. Análisis de estructuras de macromoléculas 3.1 Propiedades moleculares: accesibilidad al solvente, puentes de hidrógeno, estabilidad, desorden y estructura secundaria. Diseño de primers.

Número de Horas:	Contenidos temáticos:
15	3.2 Modelado comparativo, fold recognition y diseño ab initio de proteínas y ácidos nucleicos.
10	4. Clasificación y Clustering 5. Métodos de high throughput : Microarreglos e inferencia de redes 5.1 Evaluación de microarreglos. 5.2 Normalización de microarreglos. 5.3 Análisis de microarreglos. 5.4 Inferencia de redes de regulación.
80	<i>Total de Horas</i>

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- R web page : <http://www.r-project.org/>

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- van Helden J. Regulatory sequence analysis tools. *Nucleic Acids Res.* 2003 Jul 1;31(13):3593-6.
- van Helden J, Rios AF, Collado-Vides J. Discovering regulatory elements in non-coding sequences by analysis of spaced dyads. *Nucleic Acids Res.* 2000 Apr 15;28(8):1808-18.
- van Helden J, André B, Collado-Vides J. Extracting regulatory sites from the upstream region of yeast genes by computational analysis of oligonucleotide frequencies. *J Mol Biol.* 1998 Sep 4;281(5):827-42.
- Stormo GD. Consensus patterns in DNA. *Methods Enzymol.* 1990;183:211-21.
- Hertz GZ, Hartzell GW 3rd, Stormo GD. Identification of consensus patterns in unaligned DNA sequences known to be functionally related. *Comput Appl Biosci.* 1990 Apr;6(2):81-92.
- Schug J, Overton GC. Modeling transcription factor binding sites with Gibbs Sampling and Minimum Description Length encoding. *Proc Int Conf Intell Syst Mol Biol.* 1997;5:268-71.
- Zhou Q, Liu JS. Modeling within-motif dependence for transcription factor binding site predictions. *Bioinformatics.* 2004 Apr 12;20(6):909-16. Epub 2004 Jan 29.
- Bailey TL, Baker ME, Elkan CP. An artificial intelligence approach to motif discovery in protein sequences: application to steroid dehydrogenases. *J Steroid Biochem Mol Biol.* 1997 May;62(1):29-44.
- Ortiz AR, Strauss CE, Olmea O. MAMMOTH (matching molecular models obtained from theory): an automated method for model comparison. *Protein Sci.* 2002 Nov;11(11):2606-21.
- Contreras-Moreira B, Branger PA, Collado-Vides J. TFmodeller: comparative modelling of protein-DNA complexes. *Bioinformatics.* 2007 Jul 1;23(13):1694-6. Epub 2007 Apr 25

SUGERENCIAS DIDÁCTICAS:

Exposición de los temas por parte del profesor, con la participación activa de los estudiantes.

Ejercicios en clase y de tarea.

SUGERENCIAS DE EVALUACIÓN:

Ejercicios.

Participación en clase.

Proyecto final.

Presentación del proyecto final.

PERFIL PROFESIOGRÁFICO:

Licenciado(a) en Ciencias Genómicas; Maestro(a) o Doctor(a) en Ciencias de la Computación o Bioinformática.



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

PROGRAMA DE ASIGNATURA

CLAVE	NOMBRE DE LA ASIGNATURA			SEMESTRE	
	GENÓMICA EVOLUTIVA 2			CUARTO	
MODALIDAD	CARÁCTER	HORAS SEMESTRE	HORA/SEMANA		CRÉDITOS
			TEÓRICAS	PRÁCTICAS	
CURSO	OBLIGATORIA	64	4	0	8
NIVEL	AVANZADO				
TIPO	TEÓRICA				

OBJETIVO: Que el alumno conozca, entienda y pueda explicar los conceptos y principios básicos de la genética de poblaciones, empleando estos conceptos para obtener una visión evolutiva de la biología, resolver problemas relacionados y comprender el contexto de las ciencias genómicas.

Número de Horas:	Contenidos temáticos:
6	1. Introducción histórica y conceptual a la genética de poblaciones 1.1. La teoría de la evolución de Darwin a fines del siglo XX. 1.2. Los mecanismos evolutivos (adaptación, especiación y extinción). 1.3. Variación en la naturaleza, enfoques para estimarla y orígenes. 1.4. Mecanismos básicos de la genética de poblaciones (mutación, migración, deriva génica, selección, apareamiento no aleatorio). 1.5. Resolución de problemas.
6	2. La ley de Hardy-Weinberg 2.1. Orígenes históricos. 2.2. Variación en ADN, algunos estimados básicos. 2.3. Frecuencias alélicas y genotípicas. 2.4. Poblaciones con apareamiento aleatorio. 2.5. Aplicaciones de la ley de H-W a genes ligados al sexo y diferencias entre los sexos. 2.6. Resolución de problemas.
6	3. Genética cuantitativa 3.1. Orígenes: controversia entre biometristas y mendelianos. 3.2. Correlación entre parientes. 3.3. Respuesta a la selección: conceptos básicos y estimaciones. 3.4. Genética de poblaciones y evolución de caracteres fenotípicos. 3.5. Dominancia. 3.6. Intensidad de selección en modelos de elección estabilizadora y direccional. 3.7. Resolución de problemas.
12	4. Deriva génica 4.1. Definiciones, aspectos históricos. 4.2. Simulaciones de la deriva génica y su fundamento biológico. 4.3. Decaimiento de la heterocigosis. 4.4. Mutación y deriva génica. 4.5. Teorías neutral y casi-neutral de la evolución molecular: principios teóricos y evidencias. 4.6. Tamaño efectivo de la población: definiciones, estimaciones y generalizaciones en poblaciones naturales. 4.7. El colescente básico (modelo de Wright-Fisher).

Número de Horas:	Contenidos temáticos:
12	4.8. El coalescente básico con mutación: algoritmo, simulaciones y resultados. 4.9. Resolución de problemas. 5. Selección y selección natural 5.1. Definición y aspectos históricos de la selección y la selección natural. 5.2. El modelo fundamental y su fundamento biológico. 5.3. La adecuación relativa. 5.4. Los tres tipos de selección. 5.5. El balance entre la selección y la mutación. 5.6. El efecto de los alelos en los heterocigotos. 5.7. Evolución en ambientes heterogéneos. 5.8. El balance entre la selección y la deriva génica. 5.9. El coalescente con selección: modelos y parámetros. 5.10. Resolución de problemas.
6	6. Dos loci 6.1. Desequilibrio de ligamiento. 6.2. Selección en dos loci. 6.3. Reclutamiento genético (genetic draft). 6.4. Resolución de problemas.
6	7. Apareamiento no aleatorio (estructura poblacional) 7.1. Definiciones. La similitud entre el apareamiento no aleatorio y la estructura poblacional. 7.2. La ley del equilibrio de Wright. 7.3. Identidad por ascendencia. 7.4. Consanguinidad. 7.5. Subdivisión poblacional o el equilibrio entre la migración y la deriva génica. 7.6. El coalescente con estructura poblacional. 7.7. Resolución de problemas.
4	8. La ventaja evolutiva del sexo 8.1. Orígenes de las teorías sobre la ventaja del sexo. 8.2. Segregación genética. 8.3. Entrecruzamiento. 8.4. El trinquete (pieza que impide algún movimiento) de Muller. 8.5. El trinquete de Kondrashov. 8.6. El coalescente con recombinación: modelos básicos. 8.7. Resolución de problemas.
6	9. Presentación de proyectos
64	Total de Horas

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Gillespie, J.H.; *Population genetics: A Concise Guide*; The John Hopkins University Press; Baltimore and London; 2007.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Ewens, W.J.; *Mathematical Population Genetics: Theoretical Introduction*; Springer; 2005; (2nd. Ed).
- Futuyma, D.J.; *Evolution*; Sinauer Associates Inc.; Sunderland, Mass.; 2005.
- Hartl, D.L., Clark, A.G.; *Principles of Population Genetics*; Sinauer Associates Inc.; Sunderland, Mass.; 2006.
- Hein, J., Schierup, M.H., Wiuf, C.; *Gene Genealogies, Variation and Evolution: A Primer in Coalescent Theory*; Oxford University Press; London; 2005.
- Hedrick, P.W.; *Genetics of Populations*; Jones and Bratlett Publ.; 2004.
- Templeton, A.R.; *Population Genetics and Microevolutionary Theory*; Wiley-Liss; 2006.

SUGERENCIAS DIDÁCTICAS:

Exposición de los temas por parte del profesor, con la participación activa de los estudiantes.
 Discusión de artículos recientes en seminarios.

SUGERENCIAS DE EVALUACIÓN:

Exámenes teóricos.

Ejercicios y lecturas de tarea.

Proyecto final.

PERFIL PROFESIOGRÁFICO:

Licenciado(a) en Ciencias Genómicas; Doctor(a) en Ciencias Biológicas, Bioquímicas o Biomédicas.



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

PROGRAMA DE ASIGNATURA

CLAVE	NOMBRE DE LA ASIGNATURA			SEMESTRE	
	GENÓMICA HUMANA			CUARTO	
MODALIDAD	CARÁCTER	HORAS SEMESTRE	HORA/SEMANA		CRÉDITOS
			TEÓRICAS	PRÁCTICAS	
CURSO	OBLIGATORIA	80	3	2	8
NIVEL	AVANZADO				
TIPO	TEÓRICO-PRÁCTICA				

OBJETIVO: Que el alumno conozca a profundidad conceptos relacionados con el genoma humano desde una perspectiva genómica, evolutiva, funcional, etc.; cómo obtener, manejar y analizar la información relacionada a éste y discuta su importancia e impacto en áreas como la medicina, la ética, la legislación, entre otras.

Número de Horas:	Contenidos temáticos:
5	1. Introducción
10	1.1 La secuenciación del genoma humano.
	2. Estructura del genoma humano
	2.1 Elementos funcionales en el genoma humano.
	2.1.1 Genes codificantes de proteínas.
	2.1.2 RNAs no codificantes.
	2.1.3 Proyecto ENCODE.
	2.2 Elementos repetidos en el genoma humano.
	2.2.1 Repetidos comunes.
	2.2.2 Pseudogenes.
	2.2.3 Duplicaciones Segmentales.
5	3. Arquitectura del genoma humano
10	4. Autosomas y cromosomas sexuales
10	5. Evolución genómica hacia el linaje humano
	5.1 Evolución de cromosomas sexuales.
	5.2 Genomas de organismos modelo.
	5.3 Genómica comparativa.
15	6. Variación en el genoma humano
	6.1 Fuentes de variación entre individuos.
	6.2 Microsatélites.
	6.3 SNPs y haplotipos.
	6.3.1 Proyecto HapMap.
	6.4 Variación estructural.
	6.5 Variación entre individuos.
10	7. Variación intra-individuo
	7.1 Diversidad de anticuerpos.
	7.2 Cáncer.
	7.3 Rearreglos genómicos.
5	8. Medicina genómica
	8.1 Medicina genómica.
	8.2 Farmacogenómica.
	8.3 Nutrigenómica.
5	9. Genómica forense
	9.1 Genómica humanitaria.
5	10. Aspectos éticos, legales y sociales del genoma humano

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Strachan, T., and Read, A. P.; *Human Molecular Genetics*; Garland Sciences Publishing; 2004; 3rd edition.
- Lander ES, et al.; "Initial sequencing and analysis of the human genome"; *Nature*; 2001; 409:860-921.
- International Human Genome Sequencing Consortium; "Finishing the euchromatic sequence of the human genome"; *Nature*; 2004; 431:931-945.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Artículos originales de revistas científicas.
- International Chicken Genome Sequencing Consortium; "Sequence and comparative analysis of the chicken genome provide unique perspectives on vertebrate evolution"; *Nature*; 2004; 432:695-716.
- Lindblad-Toh K, et al.; "Genome sequence, comparative analysis and haplotype structure of the domestic dog"; *Nature*; 2005; 438:803-819.
- Pontius JU, et al.; "Initial sequence and comparative analysis of the cat genome"; *Genome Res.*; 2007; 17(11):1675-1689.
- Mouse Genome Sequencing Consortium et al.; "Initial sequencing and comparative analysis of the mouse genome"; *Nature*; 2002; 420:520-562.
- Gibbs RA, et al.; "Genome sequence of the Brown Norway rat yields insights into mammalian evolution"; *Nature*; 2004; 428:493-521.
- Rhesus Macaque Genome Sequencing and Analysis Consortium et al.; "Evolutionary and biomedical insights from the rhesus macaque genome"; *Science*; 2007; 316(5822):222-234.
- Chimpanzee Sequencing and Analysis Consortium; "Initial sequence of the chimpanzee genome and comparison with the human genome"; *Nature*; 2005; 437:69-87.
- ENCODE Project Consortium, et al. (2007). "Identification and analysis of functional elements in 1% of the human genome by the ENCODE pilot project." *Nature*; 447: 799-816.
- Ross, M. T., D. V. Grafham, et al. (2005). "The DNA sequence of the human X chromosome." *Nature*; 434(7031): 325-337.
- Graves, J. A. M. (2006). "Sex Chromosome Specialization and Degeneration in Mammals." *Cell*; 124(5): 901-914.
- The International HapMap, C. (2005). "A haplotype map of the human genome." *Nature*; 437(7063): 1299-1320.
- Feuk, L., A. R. Carson, et al. (2006). "Structural variation in the human genome." *Nat Rev Genet*; 7: 85-97.

SUGERENCIAS DIDÁCTICAS:

Exposición de los temas por parte del profesor, con la participación activa de los estudiantes.

Exposiciones orales de algunos temas por parte de los alumnos

Elaboración de un proyecto final.

Lectura y discusión de artículos selectos.

SUGERENCIAS DE EVALUACIÓN:

Exámenes teóricos.

Proyecto final.

Participación de los alumnos.

PERFIL PROFESIOGRÁFICO:

Doctor(a) en áreas relacionadas a las Ciencias Genómicas con experiencia en investigación en Genómica Humana.



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

PROGRAMA DE ASIGNATURA

CLAVE	NOMBRE DE LA ASIGNATURA			SEMESTRE	
	SEMINARIO 4			CUARTO	
MODALIDAD	CARÁCTER	HORAS SEMESTRE	HORA/SEMANA		CRÉDITOS
			TEÓRICAS	PRÁCTICAS	
SEMINARIO	OBLIGATORIA	80	3	2	8
NIVEL		AVANZADO			
TIPO		TEÓRICO-PRÁCTICA			

OBJETIVO: Que el alumno conozca los conceptos y fundamentos de bioética y la relación que tienen con las ciencias genómicas, así como la importancia de reconocer el impacto que estas tendrán en la vida cotidiana. Que el alumno domine, de manera particular la temática del ELSI (Ethical, Legal, and Social Issues) derivados a partir de la secuenciación del genoma humano.

Número de Horas:	Contenidos temáticos:
10	1. Metodología en bioética 2. Temas selectos de bioética 2.1 Ética en la investigación biomédica. 2.2 Biobancos. 2.3 Envejecimiento y senilidad. 2.4 Implicaciones para la investigación de células troncales. 2.5 Clonación terapéutica. 2.6 Investigación de genética de poblaciones y tamizaje. 2.7 Intervención genética y mejoramiento de los seres humanos. 2.8 Farmacogenómica. 2.9 Bioterrorismo.
35	
35	3. Asuntos éticos, legales y sociales (ELSI) 3.1 Introduccion. 3.2 Uso apropiado de la información genética. 3.3 Privacidad y confidencialidad. 3.4 Estigmatización e impacto psicológico. 3.5 Asuntos reproductivos. 3.6 Asuntos clínicos. 3.7 Incertidumbre. 3.8 Implicaciones conceptuales y filosóficas. 3.9 Asuntos ambientales y saludables. 3.10 Productos de comercialización. 3.11 Privacidad genética y discriminación. 3.12 Pruebas genéticas. 3.13 Terapia génica. 3.14 Genética en los juzgados. 3.15 Genética conductual.
80	Total de Horas

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Garrard Post, S., *Encyclopedia of Bioethics*. 3 Sub edition ed. 2003: MacMillan Reference Books. 3000.
- Gert, B., C.M. Culver, and K.D. Clouser, *Bioethics: A Systematic Approach*. 2 edition ed. 2006: Oxford University Press. 384.
- Lazer, D., *DNA and the Criminal Justice System: The Technology of Justice*. 2004: The MIT Press. 432.
- Saada, A. and D. Valadés, *Panorama sobre la legislación en materia de genoma humano en América Latina y el Caribe*. 1era edición ed. 2006: Instituto de investigaciones jurídicas. UNAM. 230.
- Steinbock, B., *The Oxford Handbook of Bioethics*. 1 edition ed. 2007: Oxford University Press. 768.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Artículos originales de revistas científicas.

SUGERENCIAS DIDÁCTICAS:

Exposición de los temas por parte del profesor, con la participación activa de los estudiantes.
Discusión de artículos recientes en seminarios.

SUGERENCIAS DE EVALUACIÓN:

Exámenes teóricos.

Participación en clase y en seminarios.

PERFIL PROFESIOGRÁFICO:

Doctor(a) en Filosofía o áreas relacionadas a las Ciencias Genómicas.



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

PROGRAMA DE ASIGNATURA

CLAVE	NOMBRE DE LA ASIGNATURA			SEMESTRE	
	GENÓMICA INTEGRATIVA 1 (2)			QUINTO	
MODALIDAD	CARÁCTER	HORAS SEMESTRE	HORA/SEMANA		CRÉDITOS
			TEÓRICAS	PRÁCTICAS	
CURSO	OBLIGATORIA	80	3	2	8
NIVEL	INTEGRATIVO				
TIPO	TEÓRICO-PRÁCTICA				

OBJETIVO: Que el alumno comprenda el panorama de la biología del desarrollo evolutiva, fundamentada en los avances crecientes de la ciencia genómicas. El curso cubrirá los conceptos básicos de la biología del desarrollo y la descripción de procesos moleculares y celulares fundamentales en el desarrollo de los organismos, el análisis se hará en los organismos modelo donde existe aplicación de las ciencias genómicas.

METODOLOGÍA: Estos cursos integrativos son de áreas de frontera en la genómica con el fin de que los alumnos las puedan incorporar en su formación. Tienen un fuerte componente autodidacta ya que el alumno deberá esmerarse en identificar los elementos clave de las disciplinas, así como generar proyectos en estas áreas. Estos cursos se irán elaborando y/o modificando previamente al inicio de su semestre correspondiente con el fin de que los estudiantes puedan proponer el mejor abordaje de las áreas emergentes de las ciencias genómicas y pongan en práctica de manera integral los conocimientos adquiridos durante los niveles básico y avanzado. ***Este programa ejemplifica la temática de estos cursos, misma que puede cambiar cada semestre.***

Número de Horas:	Contenidos temáticos:
5	1. Introducción a la biología del desarrollo evolucionaria 1.1 EvoDevo, historia y paradigma.
5	2. Conceptos básicos 2.1 Significado del desarrollo de un organismo. 2.2 Células germinales vs somáticas. 2.3 Desarrollo programado vs regulado. 2.4 Etapas embrionarias. 2.5 Capas germinales. 2.6 Destino, determinación, especificación, diferenciación y potencia. 2.7 Inducción y morfógeno. 2.8 Plan de desarrollo.
10	3. Modelos de estudio y su patrón de desarrollo
10	4. Células troncales/Meristemos 4.1 Definición. 4.2 Diversificación celular a partir de células troncales. 4.3 La hematopoyesis. 4.4 La cresta neural. 4.5 Células troncales del adulto y sus nichos. 4.6 Las células troncales embrionarias. 4.7 Plasticidad genómica y plasticidad celular. 4.8 Células germinales. 4.9 Diferenciación celular.
10	5. Embriogénesis 5.1 Fertilización y fusión del material genético.

Número de Horas:	Contenidos temáticos:
5	5.2 Activación del desarrollo. 5.3 Control materno. 5.4 Segmentación. 5.5 Mórula. 5.6 Blástula. 5.7 Gastrula. 5.8 Especificación celular. 5.9 Polaridad y asimetría. 6. Morfogénesis 6.1 Adhesividad celular y rearrreglos celulares. 6.2 Formación de cavidades. 6.3 Formación de tubo neural. 6.4 Migración celular. 6.5 Cambios de forma celular.
5	7. Organogénesis 7.1 Órganos derivados del Ectodermo. 7.2 Órganos derivados del Mesodermo. 7.3 Órganos derivados del Endodermo.
10	8. El genoma y su influencia en el desarrollo 8.1 La arquitectura del genoma. 8.2 Consistencia genómica. 8.3 Developmental Genetic Toolkit.
10	9. Regulación durante desarrollo 9.1 Regulación genética. 9.2 Comunicación célula y ambiente. 9.3 Desarrollo dependiente del entorno. 9.4 Transducción de señales en el desarrollo.
10	10. El impacto de la genómica en desarrollo
80	Total de Horas

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Gilbert, S.F.; *Developmental Biology*; Sinauer Associates Inc.; 2006; 8th edition.
- Laubichler, M.D. and J. Maienschein; *From Embryology to Evo-Devo: A History of Developmental Evolution*; The MIT Press; 2007; 1st edition.
- Schlosser, G. and G.P. Wagner; *Modularity in Development and Evolution*; University of Chicago Press; 2004; 1st edition.
- Wolpert, L., et al.; *Principles of Development*; Oxford University Press; 2006; 3rd edition.
- Carrol, S.B.; *Endless Forms Most Beautiful: The New Science of Evo Devo and the Making of the Animal Kingdom*; WW Norton & Company; 2005; 1st edition.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Artículos originales de revistas científicas.

SUGERENCIAS DIDÁCTICAS:

Exposición de los temas por parte del profesor con la participación activa de los alumnos.

Exposición y discusión de artículos recientes de investigación relacionados con la biología del desarrollo evolutiva, a desarrollar por parte de los alumnos asesorados por el profesor.

SUGERENCIAS DE EVALUACIÓN:

Exámenes escritos.

Lectura y exposición de artículos de investigación relacionados.

Participación en clase y seminarios.

PERFIL PROFESIOGRÁFICO:

Doctor(a) en Ciencias Biológicas, Bioquímicas, Biomédicas o Matemáticas.

Esta materia requiere de la participación de varios asesores con distintos perfiles, entre los que se encuentran los antes mencionados.



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

PROGRAMA DE ASIGNATURA

CLAVE	NOMBRE DE LA ASIGNATURA			SEMESTRE	
	FRONTERAS DE LA GENÓMICA 1(2,3,4)			QUINTO Y SEXTO	
MODALIDAD	CARÁCTER	HORAS SEMESTRE	HORA/SEMANA TEÓRICAS	PRÁCTICAS	CRÉDITOS
SEMINARIO	OBLIGATORIA	64	4	0	8
NIVEL		INTEGRATIVO			
TIPO		TEÓRICA			

OBJETIVO: Que el alumno consolide su formación mediante contacto directo con líderes en distintas áreas de la genómica; tales como: bioinformática, genómica funcional, genómica evolutiva, genómica humana, genómica bacteriana, análisis computacional y experimental, genómica comparativa, estadística y tecnología. Esto les brindará una excelente perspectiva para continuar sus estudios en diferentes áreas de las ciencias genómicas.

MECANISMO: El curso está basado en un programa de seminarios dinámico planeado con suma anticipación, cada semana se seguirá una dinámica que incluye:

- a) Reunión de discusión de artículos del investigador invitado. En esta reunión se hace una revisión de la bibliografía sugerida por el ponente previa al seminario.
- b) Seminario con el investigador invitado.

Número de horas	Investigador invitado	Contenidos temáticos
4	Dr. Rafael Palacios	Rearreglos genómicos en el genoma humano.
4	Dr. Robert Haselkorn	Bacterial Genomics
4	Dr. Lior Patcher	Alignment and Annotation of the Drosophila Genomes
4	Dr. Alexandre Maunon	Genomics: Philosophy, Bioethics, and Culture
4	Dr. Steven Brenner	Structural Genomics: Information and Evolution
4	Dr. Richard Palmiter	Applying functional genomics to neurobiology
4	Dr. Andrew Clark	Population Genetics Studies in Insects
4	Dr. Francisco Bolívar Zapata	Ingeniería metabólica
4	Dr. Anton Enright	Computational and Experimental Analysis of microRNA Function
4	Dr. Shou-Wei Ding	Small RNA-guided Viral Immunity
4	Dr. Carlos Arias	Virología genómica
4	Dr. Frederick R. Bieber	Use of Genetic Kinship Analysis in Humanitarian and Forensic Missions
4	Dr. Evan Eichler	Human Genome Structural Variation, Disease and Evolution
4	Dr Sui Huang	Systems Biology of Cell Fate Decision in Stem Cells
4	Dr. King Jordan	Evolutionary genomics of gene expression
4	Dr. Luis Herrera Estrella	Nuevos retos y enfoques de la genómica de plantas
64	Total de Horas	

**Este es un programa que ejemplifica qué tipo de temas se abordan en los seminarios, cambia en cada curso.*

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- *Artículos originales de revistas de investigación sugeridos por el investigador invitado.*
- Flores, M., et al., Prediction, identification, and artificial selection of DNA rearrangements in *Rhizobium*: Toward a natural genomic design. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2000. 97(16): p. 9138-9143.
- Flores, M., et al., Recurrent DNA inversion rearrangements in the human genome. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2007. 104(15): p. 6099-6106.
- Ivanova, N., et al., Genome sequence of *Bacillus cereus* and comparative analysis with *Bacillus anthracis*. *Nature*, 2003. 423(6935): p. 87-91.
- Kapatral, V., et al., Genome Analysis of *F. nucleatum* sub spp *vincentii* and Its Comparison With the Genome of *F. nucleatum* ATCC 25586. *Genome Res.*, 2003. 13(6a): p. 1180-1189.
- Boffelli, D., et al., Intraspecies sequence comparisons for annotating genomes. *Genome Res.*, 2004. 14(12): p. 2406-2411.
- Berg, K., The ethics of benefit sharing. *Clinical Genetics*, 2001. 59(4): p. 240-243.
- Cambon-Thomsen, A., The social and ethical issues of post-genomic human biobanks. *Nat Rev Genet*, 2004. 5(11): p. 866-873.
- Brenner, S.E., Errors in genome annotation. *Trends in Genetics*, 1999. 15(4): p. 132-133.
- Engelhardt, B.E., et al., Protein Molecular Function Prediction by Bayesian Phylogenomics. *PLoS Computational Biology*, 2005. 1(5): p. e45.
- Thomas, S.A., A.M. Matsumoto, and R.D. Palmiter, Noradrenaline is essential for mouse fetal development. *Nature*, 1995. 374(6523): p. 643-646.
- Zhou, Q.-Y. and R.D. Palmiter, Dopamine-deficient mice are severely hypoactive, adipsic, and aphagic. *Cell*, 1995. 83: p. 1197-1209.
- Bustamante, C.D., et al., Natural selection on protein-coding genes in the human genome. *Nature*, 2005. 437(7062): p. 1153-1157.
- Lazzaro, B.P., T.B. Sackton, and A.G. Clark, Genetic Variation in *Drosophila melanogaster* Resistance to Infection: A Comparison Across Bacteria. *Genetics*, 2006. 174(3): p. 1539-1554.
- Enright, A., et al., MicroRNA targets in *Drosophila*. *Genome Biology*, 2003. 5(1): p. R1.
- Giraldez, A.J., et al., Zebrafish MiR-430 Promotes Deadenylation and Clearance of Maternal mRNAs. *Science*, 2006. 312(5770): p. 75-79.
- Ding, S.-W. and O. Voinne, Antiviral Immunity Directed by Small RNAs. *Cell*, 2007. 130: p. 413-426.
- Wang, X.-H., et al., RNA Interference Directs Innate Immunity Against Viruses in Adult *Drosophila*. *Science*, 2006. 312(5772): p. 452-454.
- Lopez, S. and C.F. Arias, Multistep entry of rotavirus into cells: a Versaillesque dance. *Trends in Microbiology*, 2004. 12(6): p. 271-278.
- Lopez, T., et al., Silencing the Morphogenesis of Rotavirus. *J. Virol.*, 2005. 79(1): p. 184-192.
- Bieber, F.R., Turning Base Hits into Earned Runs: Improving the Effectiveness of Forensic DNA Data Bank Programs. *The Journal of Law, Medicine & Ethics*, 2006. 34(2): p. 222-233.
- Bieber, F.R., C.H. Brenner, and D. Lazer, HUMAN GENETICS: Finding Criminals Through DNA of Their Relatives. *Science*, 2006. 312(5778): p. 1315-1316.
- Cheng, Z., et al., A genome-wide comparison of recent chimpanzee and human segmental duplications. *Nature*, 2005. 437(7055): p. 88-93.
- Tuzun, E., et al., Fine-scale structural variation of the human genome. *Nat Genet*, 2005. 37(7): p. 727-732.
- Huang, S., Back to the biology in systems biology: What can we learn from biomolecular networks? *Brief Funct Genomic Proteomic*, 2004. 2(4): p. 279-297.
- Huang, S., et al., Cell Fate as High-Dimensional Attractor States of a Complex Gene Regulatory Network. *Physical Review Letters*, 2005. 94(128701): p. 1-4.
- Jordan, I.K., L. Marino-Ramirez, and E.V. Koonin, Evolutionary significance of gene expression divergence. *Gene*, 2005. 345(1): p. 119-126.
- Jordan, I.K., et al., Conservation and Coevolution in the Scale-Free Human Gene Coexpression Network. *Mol Biol Evol*, 2004. 21(11): p. 2058-2070.
- Salmeron, J. and L.R. Herrera-Estrella, Plant biotechnology: Fast-forward genomics for improved crop production. *Current Opinion in Plant Biology*, 2006. 9(2): p. 177-179.

SUGERENCIAS DIDÁCTICAS:

Presentación de artículos por alumnos.

Discusión de artículos científicos.

Presentación oral de un tema de frontera por parte del investigador invitado.

SUGERENCIAS DE EVALUACIÓN:

Participación de los alumnos en la discusión de artículos previa al seminario.

Participación de los alumnos durante el seminario.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- *Artículos originales de revistas científicas.*

PERFIL PROFESIOGRÁFICO:

Investigador(a) con grado de Doctor(a) que trabaje en la frontera del conocimiento de alguna de las áreas que cubren las ciencias genómicas, proveniente de alguna Institución de reconocida calidad académica.



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

PROGRAMA DE ASIGNATURA

CLAVE	NOMBRE DE LA ASIGNATURA			SEMESTRE	
	APLICACIONES DE LA GENÓMICA 1(2,3,4)			QUINTO Y SEXTO	
MODALIDAD	CARÁCTER	HORAS SEMESTRE	HORA/SEMANA TEÓRICAS	PRÁCTICAS	CRÉDITOS
SEMINARIO	OBLIGATORIA	64	4	0	8
NIVEL		INTEGRATIVO			
TIPO		TEÓRICA			

OBJETIVO: Que el alumno consolide su formación mediante la discusión de proyectos de investigación que presenten un componente genómico importante. Esta discusión se realizará directamente con investigadores de instituciones nacionales y extranjeras líderes en su área de investigación; esto brindará nuevas oportunidades de desarrollo de los estudiantes, así como proponer nuevos enfoques en los proyectos de investigación discutidos.

MECANISMO: El curso está basado en un programa de seminarios dinámico planeado con suma anticipación, cada semana se seguirá una dinámica que incluye:

- Reunión de discusión de artículos del investigador invitado. En esta reunión se hace una revisión de la bibliografía sugerida por el ponente previa al seminario.
- Seminario con el investigador invitado.

Número de horas	Investigador invitado	Contenidos temáticos
4	Dr. Donald Court	In vivo genetic engineering by homologous recombination
4	Dr. David Romero Camarena	El genoma de <i>Rhizobium etli</i> : de la fluidez a la función
4	Dra. Tere Tusié	Análisis de polimorfismos susceptibles a diabetes en la población mexicana
4	Dr. Julio Collado Vides	Bioinformática de <i>Rhizobium etli</i> y <i>Escherichia coli</i>
4	Dr. Richard A. Gibbs	Molecular Technologies for mapping and sequencing [14,15]
4	Dr. Federico Sánchez	Genómica de frijol
4	Dr. Guillermo Dávila	Preguntas e ideas sobre la evolución molecular del genoma de <i>Rhizobium</i>
4	Dr. Gerardo Jimenez Sánchez	Medicina Genómica
4	Dra. Sandrine Dudoit	Statistical Challenges in Genomics [20,21]
4	Dr. Xavier Soberón	Evolución de proteínas
4	Dr. Jaime Mora Célis	Algunos Aspectos de Genómica Comparativa de Ortólogos de Rhizobiales
4	Dra. Pamela Silver	Designing Biological Systems [30]
4	Dr. Alejandro Alagón	Análisis y detección de toxinas mediante análisis genómico
4	Dr Lourdes Girard	Genómica de <i>Rhizobium etli</i>
4	Dr. Sergio Encarnación	Proteómica y Transcriptómica de <i>Rhizobium etli</i>
4	Dra. Alicia González	Genómica en levadura
64	Total de Horas	

**Este es un programa que ejemplifica qué tipo de temas se abordan en los seminarios, cambia en cada curso.*

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- *Artículos originales de revistas científicas.*
- Copeland, N.G., N.A. Jenkins, and D.L. Court, Recombineering: a powerful new tool for mouse functional genomics. *Nat Rev Genet*, 2001. 2(10): p. 769-779.
- Yu, D., et al., An efficient recombination system for chromosome engineering in *Escherichia coli*. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2000. 97(11): p. 5978-5983.
- Brom, S., et al., Transfer of the Symbiotic Plasmid of *Rhizobium etli* CFN42 Requires Cointegration with p42a, Which May Be Mediated by Site-Specific Recombination. *J. Bacteriol.*, 2004. 186(22): p. 7538-7548.
- Canizales-Quinteros, S., et al., A novel ARH splice site mutation in a Mexican kindred with autosomal recessive hypercholesterolemia. *Human Genetics*, 2005. 116(1): p. 114-120.
- Clement, H., et al., Isolation and characterization of a novel toxin from the venom of the spider *Grammostola rosea* that blocks sodium channels. *Toxicon*, 2007. 50(1): p. 65-74.
- Cruz-Ramirez, A., et al., Phospholipase DZ2 plays an important role in extraplastidic galactolipid biosynthesis and phosphate recycling in *Arabidopsis* roots. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2006. 103(17): p. 6765-6770.
- The International HapMap Project. *Nature*, 2003. 426(6968): p. 789-796.
- Genome sequence of the Brown Norway rat yields insights into mammalian evolution. *Nature*, 2004. 428(6982): p. 493-521.
- Estrada-Navarrete, G., et al., *Agrobacterium rhizogenes* Transformation of the *Phaseolus* spp.: A Tool for Functional Genomics. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 2006. 19(12): p. 1385-1393.
- Gonzalez, V., et al., The partitioned *Rhizobium etli* genome: Genetic and metabolic redundancy in seven interacting replicons. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2006. 103(10): p. 3834-3839.
- Guerrero, C.A., et al., Salt-dependent expression of ammonium assimilation genes in the halotolerant yeast, *Debaryomyces hansenii*. *Current Genetics*, 2005. 47(3): p. 163-171.
- Hernandez, G., et al., Phosphorus Stress in Common Bean: Root Transcript and Metabolic Responses. *Plant Physiol.*, 2007. 144(2): p. 752-767.
- Huertas-Vazquez, A., et al., Familial Combined Hyperlipidemia in Mexicans: Association With Upstream Transcription Factor 1 and Linkage on Chromosome 16q24.1. *Arterioscler Thromb Vasc Biol*, 2005. 25(9): p. 1985-1991.
- Rubin, D., S. Dudoit, and M.J. van der Laan, A Method to Increase the Power of Multiple Testing Procedures Through Sample Splitting. UC Berkely Division of Biostatistics Working Paper Series, 2006. Working Paper 171.
- Wang, Y., L.P. Zhao, and S. Dudoit, A Fine-Scale Linkage-Disequilibrium Measure Based on Length of Haplotype Sharing. *The American Journal of Human Genetics*, 2006. 78(4): p. 615-628.
- Monroy-Lagos, O., et al., Improvement of an Unusual Twin-Arginine Transporter Leader Peptide by a Codon-Based Randomization Approach. *Appl. Environ. Microbiol.*, 2006. 72(5): p. 3797-3801.
- Osuna, J., et al., Protein evolution by codon-based random deletions. *Nucl. Acids Res.*, 2004. 32(17): p. e136-.
- Piñero, S., et al., Tyrosinase from *Rhizobium etli* Is Involved in Nodulation Efficiency and Symbiosis-Associated Stress Resistance. *Journal of Molecular Microbiology and Biotechnology*, 2007. 13(1-3): p. 35-44.
- Ramirez, M., et al., Sequencing and Analysis of Common Bean ESTs. Building a Foundation for Functional Genomics. *Plant Physiol.*, 2005. 137(4): p. 1211-1227.
- Romero, S., et al., Metabolic Engineering of *Bacillus subtilis* for Ethanol Production: Lactate Dehydrogenase Plays a Key Role in Fermentative Metabolism. *Appl. Environ. Microbiol.*, 2007. 73(16): p. 5190-5198.
- Velázquez-Arellano, A. and S. Encarnación, Role of Proteomics in the Study of Nutrition. *Journal of Nutrigenetics and Nutrigenomics*, 2008. 1(1-2): p. 55-58.
- Velazquez-Cruz, R., et al., Association of PDCD1 polymorphisms with childhood-onset systemic lupus erythematosus. *Eur J Hum Genet*, 2007. 15(3): p. 336-341.
- Ajo-Franklin, C.M., et al., Rational design of memory in eukaryotic cells. *Genes Dev.*, 2007. 21(18): p. 2271-2276.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- *Artículos originales de revistas científicas.*

SUGERENCIAS DIDÁCTICAS:

Presentación de artículos por alumnos.

Discusión de artículos científicos.

Presentación oral de un tema de frontera por parte del investigador invitado.

SUGERENCIAS DE EVALUACIÓN:

Participación de los alumnos en la discusión de artículos previa al seminario.

Participación de los alumnos durante el seminario.

PERFIL PROFESIOGRÁFICO:

Investigador(a) con grado de Doctor(a) que trabaje en la frontera del conocimiento de alguna de las áreas que cubren las ciencias genómicas, proveniente de alguna Institución de reconocida calidad académica.



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

PROGRAMA DE ASIGNATURA

CLAVE	NOMBRE DE LA ASIGNATURA			SEMESTRE	
	GENÓMICA INTEGRATIVA 3 (4)			SEXTO	
MODALIDAD	CARÁCTER	HORAS SEMESTRE	HORA/SEMANA		CRÉDITOS
			TEÓRICAS	PRÁCTICAS	
CURSO	OBLIGATORIA	80	3	2	8
NIVEL	INTEGRATIVO				
TIPO	TEÓRICO-PRÁCTICA				

OBJETIVO: Que el alumno comprenda los conceptos centrales de la biología de sistemas y se familiarice con los fundamentos teóricos que subyacen los principales formalismos así como con temas de investigación en esta disciplina con distintos enfoques, tipos de modelaje y herramientas experimentales; con el fin de que adquiera una habilidad crítica de este tipo de análisis; así como que conozca las herramientas de modelaje disponibles y adquiera las habilidades para poder dominar otras. Que el alumno ponga en uso el conocimiento adquirido durante su carrera, en el reto de una visión integrativa de organismos y sistemas en algunos de los retos actuales de esta disciplina.

METODOLOGÍA: Estos cursos integrativos son de áreas de frontera en la genómica con el fin de que los alumnos las puedan incorporar en su formación. Tienen un fuerte componente autodidacta ya que el alumno deberá esmerarse en identificar los elementos clave de las disciplinas, así como generar proyectos en estas áreas. Estos cursos se irán elaborando y/o modificando previamente al inicio de su semestre correspondiente con el fin de que los estudiantes puedan proponer el mejor abordaje de las áreas emergentes de las ciencias genómicas y pongan en práctica de manera integral los conocimientos adquiridos durante los niveles básico y avanzado. ***Este programa ejemplifica la temática de estos cursos, misma que puede cambiar cada semestre.***

Número de Horas:	Contenidos temáticos:
5	1. Introducción a la biología de sistemas
10	2. Revisión de fundamentos matemáticos
10	3. Introducción a la Teoría de Redes
10	4. Representación y propiedades topológicas de Redes de Regulación Transcripcional y Metabólicas
15	5. Análisis de redes metabólicas y redes transcripcionales en estado estacionario 5.1 Análisis de Balance de Flujos. 5.2 Restricciones y principios de optimización.
20	6. Modelación dinámica de redes metabólicas y su correspondiente escala asociada 6.1 Modelos Estocásticos. 6.2 Dinámica Booleana de redes de regulación transcripcional. 6.3 Fundamentos de cinética química y equilibrio en mecanismos elementales / dinámica de redes metabólicas.
10	7. Termodinámica y su implicación en modelos de redes metabólicas a escala genómica
80	Total de Horas

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Artículos originales y actualizados de revistas científicas.

- Alon, U., *An Introduction to Systems Biology: Design Principles of Biological Circuits*. 1 edition ed. 2006: Chapman & Hall/CRC. 320.
- Davidson, E.H., *Genomic Regulatory Systems: Development and Evolution*. 1st edition ed. 2001: Academic Press. 261.
- Hucka, M., et al., The systems biology markup language (SBML): a medium for representation and exchange of biochemical network models. *Bioinformatics*, 2003. 19(4): p. 524-531.
- Ideker, T., T. Galitski, and L. Hood, A NEW APPROACH TO DECODING LIFE: Systems Biology. *Annual Review of Genomics and Human Genetics*, 2001. 2(1): p. 343-372.
- Kitano, H., *Foundations of Systems Biology*. 1 edition ed. 2001: The MIT Press. 320.
- Kitano, H., Systems Biology: A Brief Overview. *Science*, 2002. 295(5560): p. 1662-1664.
- Newman, M., A.L. Barabasi, and D.J. Watts, *The Structure and Dynamics of Networks*. 1 edition ed. 2006: Princeton University Press. 624.
- Palsson, B.O., *Systems Biology: Properties of Reconstructed Networks*. 1 edition ed. 2006: Cambridge University Press. 334.
- Weckwerth, W., METABOLOMICS IN SYSTEMS BIOLOGY. *Annual Review of Plant Biology*, 2003. 54(1): p. 669-689.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Artículos de revistas científicas

SUGERENCIAS DIDÁCTICAS:

Exposición de los temas por parte del profesor con la participación activa de los alumnos.

Exposición y discusión de artículos recientes de investigación relacionados con la biología de sistemas, a desarrollar por parte de los alumnos asesorados por el profesor.

SUGERENCIAS DE EVALUACIÓN:

Exámenes escritos.

Tareas.

Lectura y exposición de artículos de investigación relacionada con biología de sistemas.

PERFIL PROFESIOGRÁFICO:

Doctor(a) en Ciencias Biológicas, Bioquímicas, Biomédicas, Físicas, Físico-Matemáticas o Matemáticas.

Esta materia requiere de la participación de varios asesores con distintos perfiles, entre los que se encuentran los antes mencionados.



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

PROGRAMA DE ASIGNATURA

CLAVE	NOMBRE DE LA ASIGNATURA			SEMESTRE	
	TRABAJO DE INVESTIGACIÓN 1(2,3,4,5,6)			SÉPTIMO Y OCTAVO	
MODALIDAD	CARÁCTER	HORAS SEMESTRE	HORA/SEMANA TEÓRICAS	PRÁCTICAS	CRÉDITOS
TALLER	OBLIGATORIA	96	6	0	6
NIVEL		DE INVESTIGACIÓN			
TIPO		TEÓRICO-PRÁCTICA			

OBJETIVO: Que el alumno adquiera una formación integral en las ciencias genómicas a través de su trabajo en proyectos de investigación o actividades profesionales, así mismo que adquiera la capacidad de interactuar con grupos de trabajo en ciencias genómicas en la generación de resultados, discusión y evaluación.

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

Libros y revistas científicas en consonancia con el programa de trabajo establecido.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

Libros y revistas científicas en consonancia con el programa de trabajo establecido.

SUGERENCIAS DIDÁCTICAS:

Enseñanza tutorial con sesiones periódicas de discusión y análisis. Realización de uno o varios proyectos de investigación o actividad profesional, bajo la asesoría de uno o varios tutores de México o el extranjero.

SUGERENCIAS DE EVALUACIÓN:

Participación activa del estudiante en el trabajo de investigación o actividad profesional, así como en las sesiones de discusión y análisis. Se deberá evaluar la capacidad del estudiante para enfrentarse a problemas de investigación y/o a actividades profesionales en algún área de la genómica. Cada curso será evaluado por un tutor que puede ser el mismo durante las seis asignaturas o bien variar.

PERFIL PROFESIOGRÁFICO:

Investigador(a) con grado de Doctor(a) que trabaje en la frontera del conocimiento de alguna de las áreas que abarcan las ciencias genómicas, en alguna Institución nacional o extranjera de alta calidad académica.



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

PROGRAMA DE ASIGNATURA

CLAVE	NOMBRE DE LA ASIGNATURA			SEMESTRE	
	SEMINARIO DE INVESTIGACIÓN 1 (2)			SÉPTIMO Y OCTAVO	
MODALIDAD	CARÁCTER	HORAS SEMESTRE	HORA/SEMANA TEÓRICAS	PRÁCTICAS	CRÉDITOS
SEMINARIO	OBLIGATORIA	96	4	2	10
NIVEL		DE INVESTIGACIÓN			
TIPO		TEÓRICO-PRÁCTICA			

OBJETIVO: Que el alumno adquiera una formación integral en las ciencias genómicas a través de su capacidad de interactuar, discutir y cuestionar en seminarios con grupos de trabajo en ciencias genómicas, con lo que formará su criterio de investigación.

METODOLOGÍA DIDÁCTICA: Seminarios de la institución(es) a la(s) que esté adscrito el estudiante durante su trabajo de investigación.

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

Libros y revistas científicas en consonancia con el programa de trabajo establecido.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

Libros y revistas científicas en consonancia con el programa de trabajo establecido.

SUGERENCIAS DIDÁCTICAS:

Enseñanza tutorial. Realización de sesiones periódicas de discusión y análisis.

SUGERENCIAS DE EVALUACIÓN:

Participación activa del estudiante en las sesiones de discusión y análisis. Se deberá evaluar la capacidad del estudiante para enfrentarse a problemas de investigación y/o a actividades profesionales en algún área de la genómica. Cada curso será evaluado por el tutor con el que desarrolla su trabajo de investigación.

PERFIL PROFESIOGRÁFICO:

Investigador(a) con grado de Doctor(a) que trabaje en la frontera del conocimiento de alguna de las áreas que abarcan las ciencias genómicas, en alguna Institución nacional o extranjera de alta calidad académica.



LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

PROGRAMA DE ASIGNATURA

CLAVE	NOMBRE DE LA ASIGNATURA			SEMESTRE	
	TÓPICO SELECTO 1 (2,3,4)			SÉPTIMO Y OCTAVO	
MODALIDAD	CARÁCTER	HORAS SEMESTRE	HORA/SEMANA		CRÉDITOS
			TEÓRICAS	PRÁCTICAS	
CURSO	OBLIGATORIA	80	5	0	10
NIVEL	DE INVESTIGACIÓN				
TIPO	TEÓRICA				

OBJETIVO: Que el alumno tome cursos especializados sobre temas de interés y relevancia para su Trabajo de Investigación que le permitan completar su formación teórica de acuerdo a necesidades específicas del área de interés.

METODOLOGÍA DIDÁCTICA: Cursos temáticos ofrecidos por los programas de posgrado de la Universidad Nacional Autónoma de México, ya sea a nivel maestría o doctorado.

Curso: **PATOLOGÍA CELULAR Y MOLECULAR DEL CÁNCER** (Doctorado en Ciencias Biomédicas) Semestre 2008-2

Contenidos temáticos:

- Definición e historia de la investigación en cáncer.
- La célula normal y cancerosa.
- Bioquímica de la célula maligna.
- Clasificación histológica de las neoplasias.
- Cromosomas y cáncer.
- Proto-oncogenes y oncogenes.
- Genes supresores de tumor (anti-oncogenes).
- Importancia del cáncer en la epidemiología nacional y mundial.
- Mutaciones y cáncer.
- Fenómenos epigenéticos en el origen del cáncer.
- Telómeros, telomerasa y cáncer.
- Apoptosis y cáncer.
- Senescencia y cáncer.
- Invasividad y metástasis.
- Expresión génica y microarreglos en cáncer
- Agentes biológicos en la génesis del cáncer.
- Hemangiogénesis y linfangiogénesis en cáncer.
- Ambiente y cáncer.
- Terapia génica en cáncer.
- Stem cell en el cáncer.
- Agregación familiar del cáncer y susceptibilidad genética.
- Inmunidad y cáncer.
- Diagnóstico molecular y aplicaciones en la clínica.

**Este es un ejemplo de los cursos que se ofrecen en los programas de posgrado y que pueden ser tomados como Tópicos Selectos.*

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

Libros y revistas científicas en consonancia con el programa de trabajo establecido.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

Libros y revistas científicas en consonancia con el programa de trabajo establecido.

SUGERENCIAS DIDÁCTICAS:

De acuerdo al tópico seleccionado.

SUGERENCIAS DE EVALUACIÓN:

Evaluación a criterio de los tutores del tópico seleccionado.

PERFIL PROFESIOGRÁFICO:

Licenciado(a) en Ciencias Genómicas; Doctor(a) en Ciencias Biológicas, Bioquímicas, Biomédicas, Ciencias de la Computación, Bioinformática, Matemáticas o Estadística

RESUMEN EJECUTIVO

La Licenciatura en Ciencias Genómicas fue creada en el año de 2003 por acuerdo del Honorable Consejo Universitario de la UNAM. La primera generación inició sus cursos en agosto de 2003 (semestre 2004-1). De los estudiantes de esta generación, 19 han obtenido su título de Licenciado(a) en Ciencias Genómicas y se espera que los cinco que continúan inscritos, todos ellos regulares, se titulen antes de julio de 2008. En la actualidad se cuenta con cuatro generaciones además de la 2004.

Dadas las características especiales de las ciencias genómicas en relación con su naturaleza multidisciplinaria y a su continuo avance, desde el inicio de la Licenciatura se estableció el compromiso de realizar una evaluación global de los resultados y de analizar si el plan de estudios pudiera ser optimizado. El resultado de esta evaluación y análisis es el proyecto **MODIFICACION DEL PLAN Y PROGRAMAS DE ESTUDIO DE LA LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS.**

1. Razones principales por las que se elaboró el proyecto

La evaluación del estado actual de la licenciatura fue realizada con base en las estadísticas de la licenciatura desde su creación hasta la fecha y con reuniones del Coordinador con representantes de las cinco generaciones de estudiantes que ha tenido la licenciatura, con profesores de las distintas asignaturas y con líderes extranjeros del área de ciencias genómicas. De esta evaluación se concluye que la Licenciatura en Ciencias Genómicas es de muy alta calidad académica y que está cumpliendo con los objetivos propuestos. Durante estas reuniones se detectaron también algunos puntos que pudieran optimizarse. En consecuencia, se decidió hacer un análisis profundo del plan de estudios actual para optimizarlo y actualizarlo.

La revisión del plan de estudios actual para detectar puntos que pudieran optimizarse la realizó el Coordinador apoyándose en las siguientes acciones: reuniones semanales con representantes de los estudiantes de las cinco generaciones; reuniones plenarias con los estudiantes de cada generación; reuniones con profesores de asignatura en forma individual, por áreas de conocimiento y por semestre en el que participan; reuniones con los ayudantes de profesor; reuniones con investigadores nacionales y extranjeros que se encuentran en la frontera del conocimiento en el área de las ciencias genómicas.

Las principales conclusiones obtenidas de este análisis fueron las siguientes:

1. La licenciatura presenta una enorme demanda; hasta la fecha han presentado el concurso interno para ingresar 1,032 candidatos. Es importante destacar que la alta demanda continúa. El registro de aspirantes para la generación 2009 se inició el 15 de febrero y permaneció abierto hasta el 15 de abril., registrándose 449 aspirantes.
2. La licenciatura presenta requisitos de admisión de alto nivel académico. De los 1032 aspirantes a ingresar se han aceptado 169 corresponden al 19% de la demanda. Es importante observar que el porcentaje de aceptados ha disminuido cada año, lo cual se debe tanto a una demanda más alta, como a un incremento en el nivel académico que se pide a los estudiantes para ser aceptados.
3. La licenciatura presenta un índice de deserción muy bajo y concentrado fundamentalmente en los primeros semestres. De las 20 deserciones que ha habido, 13 se han dado en el transcurso del primer año.
4. La licenciatura presenta un índice de reprobación muy bajo. De las 3136 asignaturas-alumno que se han calificado, únicamente 61 (2%) han sido reprobadas en examen ordinario. Es importante notar que dos alumnos fueron responsables de la reprobación de 21 asignaturas-alumno y que estos alumnos no se encuentran inscritos en la actualidad. De las 61 asignaturas-alumno reprobadas en examen ordinario, 42 han sido aprobadas en examen extraordinario. Del total de alumnos inscritos actualmente, únicamente 3 se encuentran en situación irregular.
5. Los estudiantes de la licenciatura presentan calificaciones altas. El promedio global incluyendo a todos los alumnos (los titulados más los inscritos actualmente) es de 8.9.
6. El plan de estudios actual tiene poca flexibilidad. La proporción de asignaturas obligatorias es muy alta y la seriación es muy estricta.
7. El plan actual está diseñado por ejes temáticos relativamente independientes y descuida la integración horizontal a lo largo de la licenciatura. En algunos casos se detecta que para comprender óptimamente una asignatura debería contarse con el conocimiento de otras asignaturas que en el plan actual se ofrecen en forma simultánea o, en ocasiones, en semestres posteriores.
8. Existen algunas asignaturas que no son fundamentales para la formación en ciencias genómicas a nivel de licenciatura. Como ejemplo se puede citar la asignatura Inteligencia Artificial.
9. Existen carencias importantes. En particular destacan la ausencia de asignaturas enfocadas al análisis de genomas modelos y a la genómica humana.

10. Dada la carga académica de cada uno de los ejes temáticos, algunos de los cuales terminan hasta el séptimo semestre, los estudiantes tienen poca oportunidad de participar en asignaturas o actividades que integren a las diferentes áreas del conocimiento que conforman las ciencias genómicas.
11. Una situación que no se conocía al inicio de la licenciatura es que prácticamente el 100% de los estudiantes están convencidos que su preparación no debe terminar a nivel de licenciatura y que desean continuarla con estudios de posgrado.

2. Aspectos más relevantes de la propuesta de modificación del plan de estudios

2.1 Objetivo general del plan de estudios

El plan de estudios propuesto tiene como objetivo general el cubrir la necesidad de formar los recursos humanos que requiere nuestro país para lograr un desarrollo óptimo de las ciencias genómicas. Como se ha mencionado, las ciencias genómicas están incidiendo en una amplia gama de la actividad humana tanto en niveles académicos, como profesionales. Si México quiere participar en este desarrollo, es fundamental que posea investigadores y profesionales que cubran el perfil interdisciplinario e integrativo inherente a las ciencias genómicas.

Es importante aclarar que el plan de estudios de la Licenciatura en Ciencias Genómicas representa la primera etapa en la formación de los futuros investigadores y profesionistas en ciencias genómicas. La formación completa requiere continuar el desarrollo de los estudiantes con estudios de posgrado y con entrenamiento a nivel posdoctoral. En este contexto es importante destacar que casi la totalidad de todos los alumnos egresados o inscritos actualmente en la licenciatura tienen dentro de sus planes la realización de estudios de posgrado. La modificación propuesta al plan de estudios contempla la posibilidad de iniciar estudios de posgrado durante el último año de la licenciatura.

2.2 Perfiles: ingreso, intermedios, egreso y profesional

Perfil de ingreso

La Licenciatura en Ciencias Genómicas (LCG) ofrece una formación académica que es a la vez apasionante y demandante. El aspirante a la LCG, egresado de un bachillerato, debe poseer una serie de aptitudes, cualidades y conocimientos que faciliten el camino a la

excelencia académica. Por su particular relevancia destacan:

- Creatividad
- Actitud crítica
- Capacidad de integración
- Avidez por el nuevo conocimiento
- Compromiso, disciplina y constancia
- Conocimiento sólido en matemáticas, química y biología
- Comprensión del idioma inglés

Perfiles intermedios

El plan de estudios propuesto se encuentra estructurado en cuatro etapas o niveles de formación. Cada uno de los niveles presenta perfiles específicos de formación que resultan indispensables para acceder al siguiente nivel.

Al terminar la primera etapa o nivel básico, el estudiante habrá asimilado los conocimientos fundamentales de las diferentes disciplinas que forman las bases de las ciencias genómicas: biología celular, bioquímica, biología molecular, genética, evolución, computación, estadística y matemáticas. Es importante aclarar que la formación en matemáticas y en estadística se completa al terminar la segunda etapa. Además, el estudiante estará familiarizado con las diferentes bases de datos y programas comúnmente utilizados en las ciencias genómicas y con las estrategias experimentales más utilizadas. Asimismo dominará la comprensión de textos en idioma inglés. Dicho en otras palabras, el estudiante poseerá un lenguaje y conocimiento en todas las disciplinas básicas que sustentan a las ciencias genómicas.

Al concluir la segunda etapa o nivel avanzado, el estudiante habrá terminado su formación en matemáticas y en estadística y poseerá un conocimiento claro de las distintas áreas de estudio interdisciplinario de las ciencias genómicas: bioinformática, genómica funcional y genómica evolutiva. Además contará con un amplio conocimiento de los genomas usados como modelos, con especial énfasis en la genómica humana y en los aspectos éticos, sociales y legales que derivan de los avances en las ciencias genómicas. Al terminar esta etapa el estudiante estará preparado para entender investigación de vanguardia en ciencias genómicas y para abordar los problemas de tipo integral le son característicos. Así mismo, contará con la posesión del idioma inglés.

Al terminar la tercera etapa o nivel integrativo, el estudiante habrá desarrollado una madurez que le permita comprender literatura de vanguardia sobre los distintos aspectos que cubre la genómica y participar en discusiones con líderes nacionales e internacionales del área. Además, estará capacitado para abordar problemas genómicos complejos que requieran del concurso de distintas disciplinas. Es de destacarse que en la actualidad son relativamente pocos los investigadores y profesionistas que posean individualmente esta capacidad integrativa. Al terminar el nivel integrativo el estudiante estará capacitado para ingresar a un posgrado en cualquier área relacionada con las ciencias genómicas.

Perfil de egreso

El egresado poseerá un amplio cuerpo de conocimientos, incluyendo conocimientos fundamentales relacionados con las disciplinas que sustentan a las ciencias genómicas, y con las ramas avanzadas de la genómica: la bioinformática, la genómica funcional y la genómica evolutiva, así como los modelos de estudio mas importantes de la genómica, en particular el genoma humano.

Tendrá habilidades en relación a la integración de las distintas disciplinas, al planteamiento de problemas genómicos complejos y a la participación en su solución. Dominará el idioma inglés y podrá entender literatura de vanguardia, participar en seminarios y presentaciones formales, discutir con líderes académicos, y realizar investigación o actividades profesionales relacionadas con las ciencias genómicas.

De particular importancia es que el egresado habrá desarrollado una actitud crítica y fundamentada en relación a las implicaciones éticas, sociales y legales de las ciencias genómicas.

Perfil profesional

El Licenciado en Ciencias Genómicas es el profesional que tiene conocimientos avanzados en genómica, incluyendo la bioinformática, la genómica funcional y la genómica evolutiva; por lo que cuenta no sólo con los elementos académicos que le permiten, si así lo desea, continuar con estudios de posgrado para desenvolverse de manera óptima en el ámbito de la investigación, sino también con elementos suficientes para incorporarse al aparato productivo o a la docencia especializada. está altamente capacitado para incorporarse y

colaborar en forma crítica y creativa en grupos de investigación científica y para diseñar e implementar áreas de trabajo en ciencias genómicas en el sector productivo.

A su vez, colabora eficientemente con grupos interdisciplinarios de profesionales en la resolución de problemas prácticos. Asesora a otros profesionales sobre los alcances, limitaciones e idoneidad de las estrategias de las ciencias genómicas tanto en instancias de investigación básica y aplicada, como en el aparato productivo.

Su ámbito laboral se encuentra en instituciones de investigación y de educación superior en los sectores público y privado, así como en industrias de biotecnología, farmacéutica, agropecuaria y alimentaria.

2.3 Elementos más importantes de la estructura y organización del plan de estudios

El plan de estudios propuesto contiene un total de ocho semestres. Comprende 384 créditos de los cuales 256 son obligatorios y 128 son optativos. Estos créditos corresponden a 48 asignaturas de las cuales 32 son obligatorias y 16 son optativas.

El plan de estudios propuesto está estructurado en cuatro etapas o niveles de integración. El primer nivel o nivel básico corresponde a los semestres 1 y 2, y comprende las disciplinas que forman las bases de las ciencias genómicas. Las asignaturas comprendidas en este nivel son: Matemáticas 1 (Matemáticas Discretas), Matemáticas 2 (Álgebra Lineal), Principios de Programación, Computación, Principios de Estadística, Biología Celular, Bioquímica, Biología Molecular, Genética, Principios de Evolución y dos seminarios. El seminario 1 corresponde a la Introducción a la Bioinformática y el seminario 2 está relacionado con los principales enfoques que utiliza la genómica en el laboratorio. Este nivel comprende 12 asignaturas, todas obligatorias, que abarcan 96 créditos.

En el segundo nivel o nivel avanzado, que comprende los semestres 3 y 4, se termina la educación en matemáticas con las asignaturas Matemáticas 3 (Cálculo) y Matemáticas 4 (Ecuaciones Diferenciales). En este nivel se cursan las asignaturas que comprenden las grandes ramas de la genómica: bioinformática combinada con estadística (Bioinformática y Estadística 1 y 2); genómica funcional (Genómica Funcional 1 y 2); genómica evolutiva (Genómica Evolutiva 1 y 2) y los modelos genómicos más utilizados en las ciencias genómicas: virus, bacterias, levaduras, plantas y animales (Modelos Genómicos y Seminario 3), con especial énfasis en el genoma humano (Genómica Humana) y en las implicaciones

éticas, sociales y legales de la genómica (Seminario 4). Este nivel comprende 12 asignaturas, todas obligatorias, que abarcan 96 créditos.

El tercer nivel o nivel integrativo, que comprende los semestres 5 y 6, está dedicado a la participación del estudiante en actividades que requieren de la integración de los conocimientos adquiridos en los primeros dos niveles. Este nivel comprende las asignaturas Fronteras de la Genómica 1-4 y Genómica en México 1-4. Estas asignaturas están formadas por módulos basados en la interacción directa de los estudiantes con investigadores del extranjero, líderes en diferentes aspectos de las ciencias genómicas, o con investigadores del país que estén abordando problemas genómicos de frontera. Cada módulo, correspondiente a la interacción con un investigador, comprende tres actividades: revisión de artículos recientes del investigador o relacionados con el área que cultiva, seminario de varias horas con el investigador y discusiones informales de grupos de alumnos con el investigador. Cada una de estas ocho asignaturas está formada por 6 módulos. En total los estudiantes están expuestos a la interacción con 48 investigadores, 24 del extranjero y 24 de México. Se considera que estas asignaturas son únicas e indispensables para la formación integral del estudiante y su introducción formal en el currículum de la licenciatura representa uno de los logros más importantes del plan de estudios propuesto. Estas asignaturas tienen carácter obligatorio. Las otras cuatro asignaturas del nivel integrativo corresponden a temas de frontera que requieren la integración de los conocimientos de distintas disciplinas en el planteamiento de problemas fundamentales de la genómica actual. Estas asignaturas tienen carácter de optativas y deberán ser aprobadas por el Comité Académico para cada estudiante. Como ejemplo de estas asignaturas se encuentran la Biología de Sistemas, que pretende entender en forma integrada y por medio de abstracciones matemáticas la fisiología celular; la conjunción de la biología del desarrollo con la evolución, recientemente bautizada como Evo-Devo; el análisis de paquetes de datos de distintos problemas genómicos obtenidos por diversos laboratorios, etc. Se pretende que estas asignaturas varíen en función a los avances mas recientes de la genómica. En total este nivel comprende 12 asignaturas, 8 obligatorias y cuatro optativas con un total de 96 créditos.

El cuarto nivel o nivel de investigación que comprende los semestres 7 y 8 representa la inmersión del estudiante en las actividades propias de la genómica. En este nivel todas las asignaturas son optativas y deben ser aprobadas por el Comité Académico con un programa ad hoc para cada estudiante. Este nivel comprende un total de seis asignaturas de trabajo de

investigación, cuatro de tópicos selectos y dos de seminario de investigación. Todas las asignaturas pueden realizarse tanto en México como en el extranjero, pueden incluir a uno o varios laboratorios de investigación tanto de corte académico, como industrial, y pueden llevarse a cabo tanto en el sector público, como en el privado. Mas aún, todo este nivel puede hacerse equivalente al inicio de un posgrado, tanto a nivel de maestría como de doctorado. Este nivel abarca un total de 12 asignaturas, todas ellas optativas, con un total de 96 créditos. Está previsto que todos los créditos puedan ser cubiertos por las actividades académicas que se requiere acreditar en el primer año de posgrados afines de la UNAM.

Es importante destacar que la licenciatura tiene un nivel académico reconocido internacionalmente. Éste se ha logrado implementando seminarios y pláticas informales entre los alumnos e investigadores visitantes del extranjero. El mapa curricular del plan de estudios propuesto fue enviado a varios investigadores líderes en el área de la genómica que han participado en estas actividades, pidiéndoles su opinión sobre la calidad del plan de estudios y de los estudiantes.

El análisis de las opiniones vertidas indica, en forma contundente, que el currículum de la licenciatura proporciona al estudiante la educación multidisciplinaria e integrativa requerida y que la calidad académica de los estudiantes es excepcional, comparándose con estudiantes avanzados de las más prestigiadas universidades del mundo.

2.4 Seriación propuesta

Una de las características fundamentales del plan de estudios propuesto es su estructuración en niveles sucesivos donde cada nivel presenta un mayor y más complejo grado de integración. La carencia de conocimiento sólido de las asignaturas de un nivel precedente afecta en forma importante al siguiente nivel. Por este motivo se propone una seriación por niveles. Se ha discutido ampliamente si esta seriación por niveles pudiera presentar un cuello de botella que pudiera detener el avance de los estudiantes. Además del argumento relacionado con la importancia de adquirir todos los conocimientos, habilidades y actitudes correspondientes al nivel precedente, hay que tomar en cuenta que la Licenciatura cuenta con un proceso de selección muy estricto y que el índice de reprobación de asignaturas es muy bajo, concentrándose importantemente en el primer año. Nuestra experiencia indica que en general la reprobación revela errores en la selección o bien una baja vocación del estudiante en relación a la integración de ciencias exactas con ciencias naturales. En todo

caso, para que un estudiante que no haya acreditado todas las asignaturas de un nivel pueda inscribirse al siguiente, se requiere de la aprobación del Comité Académico. El propio Comité indicará las condiciones y requisitos que el estudiante deberá satisfacer.

En relación a la seriación entre asignaturas en un mismo nivel, se ha disminuido al mínimo. En efecto, el plan propuesto presenta sólo dos seriaciones obligatorias de este tipo: computación requiere haber acreditado principios de programación, y Matemáticas 4 (ecuaciones diferenciales) requiere haber acreditado matemáticas 3 (cálculo). En ambos casos la asignatura precedente es indispensable para la comprensión adecuada de la materia seriada.

2.5 Mapa curricular del plan de estudios propuesto

MAPA CURRICULAR DE LA LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS (2008)							
SEMESTRE	ASIGNATURAS						TOTAL SEMESTRE
NIVEL BÁSICO							
1	Matemáticas 1 (8C;4HT)	Principios de Programación (8C;3HT;2HP)	Biología Celular (8C;4HT)	Bioquímica (8C;4HT)	Biología Molecular (8C;4HT)	Seminario 1 (8C;3HT;2HP)	Créditos= 48 Horas Teóricas=22 Horas Prácticas=4 Asignaturas=6
2	Matemáticas 2 (8C;4HT)	Computación (8C;3HT;2HP)	Principios de Estadística (8C;3HT;2HP)	Genética (8C;4HT)	Principios de Evolución (8C;4HT)	Seminario 2 (8C;3HT;2HP)	Créditos= 48 Horas Teóricas=21 Horas Prácticas=6 Asignaturas=6
NIVEL AVANZADO							
3	Matemáticas 3 (8C;4HT)	Bioinformática y Estadística 1 (8C;3HT;2HP)	Genómica Funcional 1 (8C;4HT)	Genómica Evolutiva 1 (8C;4HT)	Modelos Genómicos (8C;3HT;2HP)	Seminario 3 (8C;3HT;2HP)	Créditos= 48 Horas Teóricas=21 Horas Prácticas=6 Asignaturas=6
4	Matemáticas 4 (8C;4HT)	Bioinformática y Estadística 2 (8C;3HT;2HP)	Genómica Funcional 2 (8C;4HT)	Genómica Evolutiva 2 (8C;4HT)	Genómica Humana (8C;3HT;2HP)	Seminario 4 (8C;3HT;2HP)	Créditos= 48 Horas Teóricas=21 Horas Prácticas=6 Asignaturas=6
NIVEL INTEGRATIVO							
5	Genómica Integrativa 1 (8C;3HT;2HP)	Genómica Integrativa 2 (8C;3HT;2HP)	Fronteras de la Genómica 1 (8C;4HT)	Fronteras de la Genómica 2 (8C;4HT)	Genómica en México 1 (8C;4HT)	Genómica en México 2 (8C;4HT)	Créditos= 48 Horas Teóricas=22 Horas Prácticas=4 Asignaturas=6
6	Genómica Integrativa 3 (8C;3HT;2HP)	Genómica Integrativa 4 (8C;3HT;2HP)	Fronteras de la Genómica 3 (8C;4HT)	Fronteras de la Genómica 4 (8C;4HT)	Genómica en México 3 (8C;4HT)	Genómica en México 4 (8C;4HT)	Créditos= 48 Horas Teóricas=22 Horas Prácticas=4 Asignaturas=6
NIVEL DE INVESTIGACIÓN							
7	Trabajo de Investigación 1 (6C;6HP)	Trabajo de Investigación 2 (6C;6HP)	Trabajo de Investigación 3 (6C;6HP)	Tópico Selecto 1 (10C;5HT)	Tópico Selecto 2 (10C;5HT)	Seminario de Investigación 1 (10C;4HT;2HP)	Créditos= 48 Horas Teóricas=14 Horas Prácticas=20 Asignaturas=6
8	Trabajo de Investigación 4 (6C;6HP)	Trabajo de Investigación 5 (6C;6HP)	Trabajo de Investigación 6 (6C;6HP)	Tópico Selecto 3 (10C;5HT)	Tópico Selecto 4 (10C;5HT)	Seminario de Investigación 2 (10C;4HT;2HP)	Créditos= 48 Horas Teóricas=14 Horas Prácticas=20 Asignaturas=6
Pensum académico 3632							Créditos= 384 Horas Teóricas=157 Horas Prácticas=70 Asignaturas=48

3. Tabla comparativa de las características generales de los planes de estudio vigente y propuesto

TABLA COMPARATIVA DE LAS CARACTERÍSTICAS GENERALES DE LOS PLANES DE ESTUDIOS VIGENTE Y PROPUESTO		
CARACTERÍSTICAS	PLAN DE ESTUDIOS	
	VIGENTE	PROPUESTO
AÑO DE APROBACIÓN	2003	2008
DURACIÓN (SEMESTRES)	9	8
PENSUM ACADÉMICO	3792 Horas	3632 Horas
TOTAL DE ASIGNATURAS	38	48
Obligatorias	34	32
Optativas	4	16
Teóricas	20	25
Prácticas	2	6
Teórico-Prácticas	16	17
TOTAL DE CRÉDITOS	406	384
Obligatorios	326	224
Optativos	80	160
ESTRUCTURA GENERAL	POR EJES TEMÁTICOS: *Biología Genómica y Evolución *Genómica Funcional *Computación *Matemáticas *Crítico-Formativo	POR NIVELES DE INTEGRACIÓN: *Nivel Básico *Nivel Avanzado *Nivel Integrativo *Nivel de Investigación
ETAPAS DE FORMACIÓN	2 ETAPAS: *Etapa Básica (7 Semestres) *Etapa Profesional (2 Semestres)	4 NIVELES: *Nivel Básico (2 Semestres) *Nivel Avanzado (2 Semestres) *Nivel Integrativo (2 Semestres) *Nivel de Investigación (2 Semestres)
SERIACIÓN ENTRE ETAPAS DE FORMACIÓN (OBLIGATORIA)	1 SERIACIÓN: Etapa Básica → Etapa Profesional	3 SERIACIONES: Nivel Básico → Nivel Avanzado Nivel Avanzado → Nivel Integrativo Nivel Integrativo → Nivel de Investigación
SERIACIÓN DE ASIGNATURAS DENTRO DE UNA ETAPA	Etapa Básica: 18 Etapa Profesional: 1	Nivel Básico: 2 Nivel Avanzado: 1 Nivel Integrativo: 0 Nivel de Investigación: 0
IDIOMAS	INGLÉS Acreditar dominio del idioma ante el Centro de Lenguas Extranjeras (CELE) de la UNAM como requisito para inscribirse al 5to semestre.	INGLÉS Acreditar comprensión de lectura ante el Centro de Lenguas Extranjeras (CELE) de la UNAM como requisito para inscribirse al segundo semestre. Acreditar dominio del idioma ante el Centro de Lenguas Extranjeras (CELE) de la UNAM como requisito para inscribirse al 5to semestre.
OPCIONES DE TITULACIÓN	*Titulación por totalidad de créditos y alto nivel académico. *Titulación por actividad de investigación ó trabajo profesional. *Titulación mediante estudios en posgrado. *Titulación por actividad de apoyo a la docencia.	*Titulación por totalidad de créditos y alto nivel académico. *Titulación por actividad de investigación ó trabajo profesional. *Titulación mediante estudios en posgrado. *Titulación por actividad de apoyo a la docencia.
COMPATIBILIDAD CON LA ESTRUCTURA 3-2-3	NO COMPATIBLE	COMPATIBLE

4. Proceso de implantación del plan de estudios propuesto

En la actualidad se cuenta con todo el personal docente necesario para la implantación de la modificación del plan de estudios. Este personal incluye profesores de asignatura, ayudantes de profesor, conferencistas nacionales, conferencistas extranjeros y tutores. Se cuenta también con las instalaciones físicas y el personal administrativo necesario. En otras palabras, no existe ninguna limitación para la implantación de la modificación.

Se pretende llevar a cabo una transición por generación hacia el plan de estudios propuesto: La generación 2009 iniciará en agosto de 2008 con la totalidad del plan 2008. La generación 2008 habrá cursado dos semestres del plan 2003 y desde el tercer semestre (agosto 2009) continuará con el plan 2008. Dadas las equivalencias de las asignaturas, el currículo de la generación 2008 es esencialmente igual al del plan 2008.

La generación 2007 ha cursado cuatro semestres del plan 2003. Durante el quinto y sexto semestres llevará asignaturas de los planes 2003 y 2008. El séptimo y octavo semestre se cursarán según el plan 2008. Este currículum presenta ventajas para la generación en relación a la alternativa de terminar la licenciatura con el plan 2003.

La generación 2006 habrá cursado seis semestres con el plan 2003. El séptimo y octavo semestres corresponderán al séptimo y octavo semestres del plan 2008. Este currículo presenta ventajas para la generación en relación a la alternativa de terminar la licenciatura apegada al plan 2003.

La generación 2005 y los estudiantes de la generación 2004 que aún no se han titulado terminarán la licenciatura con el plan 2003.

Es muy importante aclarar que se han analizado con gran cuidado las ventajas que representa para los estudiantes de las generaciones 2008, 2007 y 2006 el incorporarse rápidamente al plan modificado. Mas aún, el Coordinador de la licenciatura ha obtenido la aceptación unánime de los estudiantes de las generaciones correspondientes para aplicar los planes mencionados.

5. Plan de evaluación y actualización del plan de estudios propuesto

Dado el acelerado desarrollo de las ciencias genómicas, la licenciatura debe considerarse como un programa sujeto a una evaluación continua. Los principales puntos a evaluar y su periodicidad son los siguientes:

- a) Evaluación del rendimiento de los estudiantes (semestral). Se realiza con base en las calificaciones obtenidas por cada estudiante en las distintas asignaturas. En casos donde existe duda del buen desempeño de un estudiante, el Coordinador se entrevista tanto con el estudiante, como con los profesores para tratar de optimizar el rendimiento.
- b) Evaluación de los docentes de las distintas asignaturas (semestral). Se realiza por el Coordinador con base en encuestas a los estudiantes. En caso de encontrarse deficiencias en el desempeño de algún docente, el Coordinador entrevista directamente a los estudiantes y al docente y propone soluciones al Comité Académico, quien decide sobre las medidas a seguir.
- c) Evaluación de los contenidos de los programas de las distintas asignaturas (anual). Cada programa a es revisado y en su caso actualizado por el Comité Académico.
- d) Evaluación de la congruencia entre los programas de las distintas asignaturas (semestral). Antes del inicio de cada semestre el Coordinador se reúne con los profesores del semestre para cada generación y revisan la congruencia e integración de los programas.
- e) Evaluación de los índices de reprobación y deserción (continua). El Coordinador presenta al Comité Académico los problemas detectados de falta de rendimiento a académico y sugiere alternativas que tiendan a implementar su solución.
- f) Seguimiento de egresados (continua). Se tiene comunicación continua con los egresados en relación a su situación académica y laboral.
- g) Evaluación internacional del curriculum de la licenciatura y de la calidad de los estudiantes (bianual). Siendo una Licenciatura de nivel internacional, se piden opiniones a líderes internacionales sobre el plan y sus programas y sobre la calidad de los estudiantes.

- h) Evaluación del plan de estudios (cada cuatro años o antes si lo considera pertinente el Comité Académico) La metodología será similar a la empleada en el presente documento.

6. Inicio de estudios de posgrado durante la Licenciatura en Ciencias Genómicas

Al terminar la tercera etapa de su formación, el estudiante de la Licenciatura en Ciencias Genómicas poseerá un perfil integral que comprende los perfiles intermedios de la primera etapa o nivel básico (semestres 1 y 2), de la segunda etapa o nivel avanzado (semestres 3 y 4) y de la tercera etapa o nivel integrativo (semestres 5 y 6).

El perfil global del estudiante al término de la tercera etapa o nivel integrativo de la Licenciatura en Ciencias Genómicas es ideal para el inicio de un posgrado en cualquier área relacionada con las ciencias genómicas, tales como: ciencias biológicas, ciencias bioquímicas, ciencias biomédicas, etc.

Los estudiantes de la licenciatura han estado expuestos a la interacción con investigadores líderes en distintos aspectos de las ciencias genómicas, provenientes de instituciones de muy alto prestigio internacional. La interacción directa con los investigadores visitantes se ha dado fundamentalmente durante ciclos de seminarios dirigidos a los alumnos de los semestres 5 y 6 de la licenciatura. Estas actividades han sido muy exitosas tanto para la formación de los estudiantes, como para el reconocimiento de la licenciatura a nivel internacional. Como se describe en el apartado 5 del TOMO I del presente proyecto, se solicitó a varios colegas internacionales que expresaran su opinión sobre la calidad del currículum propuesto para la licenciatura y sobre la calidad de sus estudiantes. Todas las opiniones coinciden en que la calidad y preparación de los estudiantes es excepcional, comparándolos en muchos casos con estudiantes de posgrado de instituciones educativas de prestigio internacional. Las cartas de los investigadores consultados se encuentran en el Anexo 3 del TOMO I del presente proyecto. La opinión de estos investigadores indica, en forma contundente, que los estudiantes tienen la calidad y conocimientos requeridos para iniciar sus estudios de posgrado habiendo terminado el sexto semestre de la licenciatura.

La flexibilidad del plan de estudios propuesto hace totalmente compatible el inicio de un posgrado al terminar el nivel integrativo de la licenciatura. En efecto, durante la cuarta etapa de formación o nivel de investigación (semestres 7 y 8) el programa es totalmente flexible. Puede realizarse tanto en distintas instituciones nacionales, como del extranjero con las que tenga un convenio para tal fin, e incorporar tópicos selectos y seminarios de temas muy variados. En particular, es importante destacar que el nivel de investigación puede acreditarse en forma total cursando el primer año de un posgrado, o en forma parcial, cursando un semestre de posgrado durante el semestre 8 correspondiente a la licenciatura. De hecho, el programa del nivel de investigación está considerado como un programa ad hoc que el Comité Académico deberá aprobar teniendo como base los intereses específicos de cada uno de los estudiantes.

Como se indica en el apartado 4.5.5 del plan de estudios propuesto, para la Licenciatura en Ciencias Genómicas se han aprobado cuatro formas de titulación:

- Titulación por **"Totalidad de Créditos y Alto Nivel Académico"**
- Titulación por **"Actividad de Investigación o Trabajo Profesional"**
- Titulación por **"Actividad de Apoyo a la Docencia"**
- Titulación mediante **"Estudios de Posgrado"**

El alumno que elija la opción de titulación mediante "Estudios de Posgrado" deberá ingresar a un programa de maestría o doctorado impartido por la UNAM u otra institución nacional o extranjera. Para ser considerado como opción de titulación, el programa deberá contar con el aval del Comité Académico.

La Licenciatura en Ciencias Genómicas es competitiva y reconocida a nivel internacional y cuenta con estudiantes de muy alta calidad académica. Es de particular importancia asegurar que durante la última etapa de formación del estudiante, el nivel de investigación, se mantenga la calidad académica y el nivel internacional. Los posgrados aceptables para acreditar la totalidad o parte del nivel de investigación de la Licenciatura en Ciencias Genómicas deberán contar con las siguientes características:

- Tener un elevado nivel académico.
- Incluir trabajo de investigación como parte fundamental del primer año.
- Tener flexibilidad para que los estudiantes puedan cursar parte de sus estudios de posgrado en instituciones del extranjero reconocidas a nivel

internacional. La duración de estancias en el extranjero de los estudiantes deberán cumplir con lo estipulado en el Reglamento General de Estudios de Posgrado 2006.

Con base en estas características y en la situación académica particular del estudiante que lo solicite, el Comité Académico decidirá sobre la equivalencia total (semestres 7 y 8) o parcial (semestre 8) del nivel de investigación de la Licenciatura en Ciencias Genómicas con el inicio del posgrado correspondiente.

Es fundamental destacar que el estudiante que inicie sus estudios de posgrado en la última etapa de la Licenciatura en Ciencias Genómicas (nivel de investigación) dependerá académicamente del posgrado que se encuentre cursando, pero continuará siendo considerado por la UNAM como estudiante de licenciatura. Esta aparente dicotomía se aclara considerando los siguientes criterios:

- El estudiante continuará siendo considerado como alumno de la Licenciatura de Ciencias Genómicas hasta completar la totalidad de los requisitos de la licenciatura.
- El Comité Académico de la Licenciatura en Ciencias Genómicas deberá aceptar la equivalencia del primer año o del primer semestre del posgrado con los dos o con un semestre del nivel de investigación.
- Habiendo sido aceptada la equivalencia correspondiente por el Comité Académico de la Licenciatura en Ciencias Genómicas, el estudiante dependerá académicamente del posgrado correspondiente.
- El estudiante cursará el primer año o semestre del posgrado correspondiente, pero no se inscribirá oficialmente al posgrado durante este período.
- Al terminar cada semestre del posgrado, la Licenciatura solicitará al posgrado las calificaciones obtenidas por el estudiante y con base en éstas, calificará las asignaturas de la licenciatura correspondientes al séptimo u octavo semestres.
- En el caso de los doctorados que no otorgan calificaciones, la licenciatura solicitará

al tutor o al comité tutorial del doctorado que asigne calificaciones al estudiante. Con base en éstas se calificarán las asignaturas correspondientes al séptimo u octavo semestres de la licenciatura.

- El estudiante se inscribirá oficialmente al posgrado cuando tenga cubiertos todos los requisitos de la licenciatura.

- El posgrado considerará que al momento de su inscripción oficial, el estudiante ya ha cubierto los requisitos académicos de un año o de un semestre del posgrado, según corresponda.

- El estudiante recibirá su título de Licenciado (a) en Ciencias Genómicas cuando haya cubierto la totalidad de los requisitos de la licenciatura. Para estudiantes regulares a lo largo de toda la carrera el título se podrá obtener al terminar ocho semestres, incluyendo los semestres siete y ocho o bien el semestre ocho dentro del posgrado.

Anexo 1

OFICIO DE APROBACIÓN DEL CONSEJO TÉCNICO DE LA INVESTIGACIÓN CIENTÍFICA



CONSEJO TÉCNICO DE LA INVESTIGACIÓN CIENTÍFICA

OFICIO/CJIC/CTIC/0897/2008

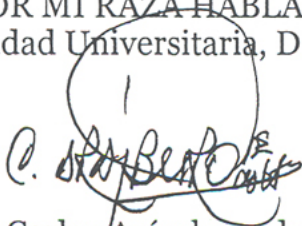
Dra. Annie Pardo Semo
Coordinadora del Consejo Académico del
Área de las Ciencias Biológicas y de la Salud
P r e s e n t e

A través del presente, me permito comunicar a usted que el Consejo Técnico de la Investigación Científica, en su sesión ordinaria del 24 de abril del actual, decidió aprobar el proyecto de modificación del Plan y Programas de Estudio de la Licenciatura en Ciencias Genómicas, que presentan el Centro de Ciencias Genómicas y el Instituto de Biotecnología.

De manera particular, la Comisión de Vinculación con Facultades y Escuelas hizo una serie de observaciones que fueron enviadas al Coordinador de la Licenciatura en Ciencias Genómicas que han quedado integradas en el documento final. Por lo tanto, agradeceré a usted se sirva turnar esta propuesta ante las instancias correspondientes.

Sin otro particular, aprovecho para enviarle un atento saludo.

Atentamente
"POR MI RAZA HABLARÁ EL ESPÍRITU"
Ciudad Universitaria, D.F., a 25 de abril de 2008


Dr. Carlos Arámburo de la Hoz
Presidente del Consejo Técnico de la Investigación Científica

Anexo: Documento original en impreso y en CD.

CAH/BCM/edy

UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
TELS. 5622 4164 • 58 • 74 FAX: 5622 4165 E-mail: ctic@servidor.unam.mx

ANEXO 2

TABLA DE TRANSICIÓN ENTRE GENERACIONES

Tabla de transición entre el plan de estudios vigente y el propuesto

MECANISMO DE TRANSICIÓN A LA VIGENCIA TOTAL DEL PLAN DE ESTUDIOS PROPUESTO (2008)			
SEMESTRE LECTIVO	GENERACIÓN	SEMESTRE A CURSAR	TRANSICIÓN
2009-1 (Agosto-diciembre 2008)			AMBOS PLANES VIGENTES
	2009	1°	Primer Semestre Plan 2008
	2008	3°	Tercer Semestre Plan 2008
	2007	5°	Asignaturas de los Planes 2003 y 2008
	2006	7°	Séptimo Semestre Plan 2008
	2005	9°	Noveno Semestre Plan 2003
2009-2 (Febrero-junio 2009)			DEJA DE TENER VIGENCIA EL PLAN 2003, TODAS LAS ASIGNATURAS SON DEL PLAN 2008
	2009	2°	Segundo Semestre Plan 2008
	2008	4°	Cuarto Semestre Plan 2008
	2007	6°	Asignaturas de distintos semestres del Plan 2008
	2006	8°	Octavo Semestre Plan 2008
2010-1 (Agosto-diciembre 2010)			PLENA VIGENCIA DEL PLAN 2008
	2010	1°	Primer Semestre Plan 2008
	2009	3°	Tercer Semestre Plan 2008
	2008	5°	Quinto Semestre Plan 2008
	2007	7°	Séptimo Semestre Plan 2008

Como puede apreciarse en la tabla, se pretende llevar a cabo una transición por generación hacia el plan de estudios propuesto:

La generación 2009 iniciará en agosto de 2008 con la totalidad del plan 2008. La generación 2008 habrá cursado dos semestres del plan 2003 y desde el tercer semestre (agosto 2009) continuará con el plan 2008. Dadas las equivalencias de las asignaturas, el currículo de la generación 2008 es esencialmente igual al del plan 2008.

La generación 2007 ha cursado cuatro semestres del plan 2003. Durante el quinto y sexto semestres llevará asignaturas de los planes 2003 y 2008. El séptimo y octavo semestre se cursarán según el plan 2008. Este currículum presenta ventajas para la generación en relación a la alternativa de terminar la Licenciatura con el plan 2003.

La generación 2006 habrá cursado seis semestres con el plan 2003. El séptimo y octavo semestres corresponderán al séptimo y octavo semestres del plan 2008. Este currículum

presenta ventajas para la generación en relación a la alternativa de terminar la Licenciatura apegada al plan 2003.

La generación 2005 y los estudiantes de la generación 2004 que aún no se han titulado terminarán la Licenciatura con el plan 2003.

Es muy importante aclarar que se han analizado con gran cuidado las ventajas que representa para los estudiantes de las generaciones 2008, 2007 y 2006 el incorporarse rápidamente al plan modificado. Mas aún, el coordinador de la Licenciatura ha obtenido la aceptación unánime de los estudiantes de las generaciones correspondientes para aplicar los planes indicados.

Los mapas curriculares del plan de estudio propuesto para cada una de las generaciones con plan de transición se presentan en el **Anexo 3** del Tomo I. El tener abiertos cinco planes de estudio diferentes es totalmente factible para la Coordinación y para el personal académico que participa en la docencia y no presenta una carga importante de trabajo adicional. Por otra parte, las ventajas para los estudiantes son muy grandes. Se puede afirmar que existe un enorme entusiasmo de los estudiantes en relación con las modificaciones propuestas.

Anexo 3

MAPAS CURRICULARES PARA CADA UNA DE LAS GENERACIONES EN LA TRANSICIÓN DEL PLAN DE ESTUDIOS VIGENTE Y EL PROPUESTO

MAPA CURRICULAR PARA LA GENERACIÓN 2006

SEMESTRE	ASIGNATURAS						TOTAL SEMESTRE
ETAPA BÁSICA (PLAN 2003)							
1	Matemáticas I	Principios de Programación	Química y Biofísica de Macromoléculas I	Biología Genómica y Evolución I	Seminario y Trabajo de Investigación I		Créditos= 48 Horas Teóricas=22 Horas Prácticas=4 Asignaturas=5
2006-1	(10C;5HT)	(10C;4HT;2HP)	(10C;5HT)	(10C;5HT)	(8C;3HT;2HP)		
2	Matemáticas II	Estadística I	Química y Biofísica de Macromoléculas II	Biología Genómica y Evolución II	Seminario y Trabajo de Investigación II		Créditos= 48 Horas Teóricas=22 Horas Prácticas=4 Asignaturas=5
2006-2	(10C;5HT)	(10C;4HT;2HP)	(10C;5HT)	(10C;5HT)	(8C;3HT;2HP)		
3	Matemáticas III	Estadística II	Genómica Funcional I	Biología Genómica y Evolución III	Seminario y Trabajo de Investigación III		Créditos= 48 Horas Teóricas=22 Horas Prácticas=4 Asignaturas=5
2007-1	(10C;5HT)	(10C;4HT;2HP)	(10C;5HT)	(10C;5HT)	(8C;3HT;2HP)		
4	Matemáticas IV	Estadística III	Genómica Funcional II	Biología Genómica y Evolución IV	Seminario y Trabajo de Investigación IV		Créditos= 48 Horas Teóricas=22 Horas Prácticas=4 Asignaturas=5
2007-2	(10C;5HT)	(10C;4HT;2HP)	(10C;5HT)	(10C;5HT)	(8C;3HT;2HP)		
5	Matemáticas V	Computación I	Genómica Funcional III	Biología Genómica y Evolución V	Seminario y Trabajo de Investigación V		Créditos= 48 Horas Teóricas=22 Horas Prácticas=4 Asignaturas=5
2008-1	(10C;5HT)	(10C;4HT;2HP)	(10C;5HT)	(10C;5HT)	(8C;3HT;2HP)		
6	Bases de Datos	Computación II	Genómica Funcional IV	Biología Genómica y Evolución VI	Seminario y Trabajo de Investigación VI		Créditos= 48 Horas Teóricas=22 Horas Prácticas=4 Asignaturas=5
2008-2	(10C;5HT)	(10C;4HT;2HP)	(10C;5HT)	(10C;5HT)	(8C;3HT;2HP)		
NIVEL DE INVESTIGACIÓN (PLAN 2008)							
7	Trabajo de Investigación 1	Trabajo de Investigación 2	Trabajo de Investigación 3	Tópico Selecto 1	Tópico Selecto 2	Seminario de Investigación 1	Créditos= 48 Horas Teóricas=14 Horas Prácticas=20 Asignaturas=6
2009-1	(6C;6HP)	(6C;6HP)	(6C;6HP)	(10C;5HT)	(10C;5HT)	(10C;4HT;2HP)	
8	Trabajo de Investigación 4	Trabajo de Investigación 5	Trabajo de Investigación 6	Tópico Selecto 3	Tópico Selecto 4	Seminario de Investigación 2	Créditos= 48 Horas Teóricas=14 Horas Prácticas=20 Asignaturas=6
2009-2	(6C;6HP)	(6C;6HP)	(6C;6HP)	(10C;5HT)	(10C;5HT)	(10C;4HT;2HP)	
Pensum académico 3584							Créditos= 384 Horas Teóricas=160 Horas Prácticas=64 Asignaturas=42

MAPA CURRICULAR PARA LA GENERACIÓN 2007							
SEMESTRE	ASIGNATURAS						TOTAL SEMESTRE
ETAPA BÁSICA (PLAN 2003)							
1	Matemáticas I	Principios de Programación	Química y Biofísica de Macromoléculas I	Biología Genómica y Evolución I	Seminario y Trabajo de Investigación I		Créditos= 48 Horas Teóricas=22 Horas Prácticas=4 Asignaturas=5
2007-1	(10C;5HT)	(10C;4HT;2HP)	(10C;5HT)	(10C;5HT)	(8C;3HT;2HP)		
2	Matemáticas II	Estadística I	Química y Biofísica de Macromoléculas II	Biología Genómica y Evolución II	Seminario y Trabajo de Investigación II		Créditos= 48 Horas Teóricas=22 Horas Prácticas=4 Asignaturas=5
2007-2	(10C;5HT)	(10C;4HT;2HP)	(10C;5HT)	(10C;5HT)	(8C;3HT;2HP)		
3	Matemáticas III	Estadística II	Genómica Funcional I	Biología Genómica y Evolución III	Seminario y Trabajo de Investigación III		Créditos= 48 Horas Teóricas=22 Horas Prácticas=4 Asignaturas=5
2008-1	(10C;5HT)	(10C;4HT;2HP)	(10C;5HT)	(10C;5HT)	(8C;3HT;2HP)		
4	Matemáticas IV	Estadística III	Genómica Funcional II	Biología Genómica y Evolución IV	Seminario y Trabajo de Investigación IV		Créditos= 48 Horas Teóricas=22 Horas Prácticas=4 Asignaturas=5
2008-2	(10C;5HT)	(10C;4HT;2HP)	(10C;5HT)	(10C;5HT)	(8C;3HT;2HP)		
5	Matemáticas V	Seminario y Trabajo de Investigación V	Fronteras de la Genómica 1	Genómica Evolutiva 1	Genómica en México 1	Bioinformática y Estadística 1	Créditos= 50 Horas Teóricas=23 Horas Prácticas=4 Asignaturas=6
2009-1	(10C;5HT)	(8C;3HT;2HP)	(8C;4HT)	(8C;4HT)	(8C;4HT)	(8C;3HT;2HP)	
6	Genómica Integrativa 1	Genómica Integrativa 2	Fronteras de la Genómica 2	Genómica Evolutiva 2	Genómica en México 2	Bioinformática y Estadística 2	Créditos= 48 Horas Teóricas=21 Horas Prácticas=6 Asignaturas=6
2009-2	(8C;3HT;2HP)	(8C;3HT;2HP)	(8C;4HT)	(8C;4HT)	(8C;4HT)	(8C;3HT;2HP)	
NIVEL DE INVESTIGACIÓN (PLAN 2008)							
7	Trabajo de Investigación 1	Trabajo de Investigación 2	Trabajo de Investigación 3	Tópico Selecto 1	Tópico Selecto 2	Seminario de Investigación 1	Créditos= 48 Horas Teóricas=14 Horas Prácticas=20 Asignaturas=6
2010-1	(6C;6HP)	(6C;6HP)	(6C;6HP)	(10C;5HT)	(10C;5HT)	(10C;4HT;2HP)	
8	Trabajo de Investigación 4	Trabajo de Investigación 5	Trabajo de Investigación 6	Tópico Selecto 3	Tópico Selecto 4	Seminario de Investigación 2	Créditos= 48 Horas Teóricas=14 Horas Prácticas=20 Asignaturas=6
2010-2	(6C;6HP)	(6C;6HP)	(6C;6HP)	(10C;5HT)	(10C;5HT)	(10C;4HT;2HP)	
Pensum académico 3680							Créditos= 386 Horas Teóricas=160 Horas Prácticas=66 Asignaturas=44

MAPA CURRICULAR PARA LA GENERACIÓN 2008							
SEMESTRE	ASIGNATURAS						TOTAL SEMESTRE
NIVEL BÁSICO							
1	Matemáticas I (10C;5HT)	Principios de Programación (10C;4HT;2HP)	Química y Biofísica de Macromoléculas I (10C;5HT)	Biología Genómica y Evolución I (10C;5HT)	Seminario y Trabajo de Investigación I (8C;3HT;2HP)		Créditos= 48 Horas Teóricas=22 Horas Prácticas=4 Asignaturas=5
2	Matemáticas II (10C;5HT)	Computación I (10C;4HT;2HP)	Estadística I (10C;4HT;2HP)	Química y Biofísica de Macromoléculas II (10C;5HT)	Biología Genómica y Evolución II (10C;5HT)	Seminario y Trabajo de Investigación II (8C;3HT;2HP)	Créditos= 58 Horas Teóricas=26 Horas Prácticas=6 Asignaturas=6
NIVEL AVANZADO							
3	Matemáticas 3 (8C;4HT)	Bioinformática y Estadística 1 (8C;3HT;2HP)	Genómica Funcional 1 (8C;4HT)	Genómica Evolutiva 1 (8C;4HT)	Modelos Genómicos (8C;3HT;2HP)	Seminario 3 (8C;3HT;2HP)	Créditos= 48 Horas Teóricas=21 Horas Prácticas=6 Asignaturas=6
4	Matemáticas 4 (8C;4HT)	Bioinformática y Estadística 2 (8C;3HT;2HP)	Genómica Funcional 2 (8C;4HT)	Genómica Evolutiva 2 (8C;4HT)	Genómica Humana (8C;3HT;2HP)	Seminario 4 (8C;3HT;2HP)	Créditos= 48 Horas Teóricas=21 Horas Prácticas=6 Asignaturas=6
NIVEL INTEGRATIVO							
5	Genómica Integrativa 1 (8C;3HT;2HP)	Genómica Integrativa 2 (8C;3HT;2HP)	Fronteras de la Genómica 1 (8C;4HT)	Fronteras de la Genómica 2 (8C;4HT)	Genómica en México 1 (8C;4HT)	Genómica en México 2 (8C;4HT)	Créditos= 48 Horas Teóricas=22 Horas Prácticas=4 Asignaturas=6
6	Genómica Integrativa 3 (8C;3HT;2HP)	Genómica Integrativa 4 (8C;3HT;2HP)	Fronteras de la Genómica 3 (8C;4HT)	Fronteras de la Genómica 4 (8C;4HT)	Genómica en México 3 (8C;4HT)	Genómica en México 4 (8C;4HT)	Créditos= 48 Horas Teóricas=22 Horas Prácticas=4 Asignaturas=6
NIVEL DE INVESTIGACIÓN							
7	Trabajo de Investigación 1 (6C;6HP)	Trabajo de Investigación 2 (6C;6HP)	Trabajo de Investigación 3 (6C;6HP)	Tópico Selecto 1 (10C;5HT)	Tópico Selecto 2 (10C;5HT)	Seminario de Investigación 1 (10C;4HT;2HP)	Créditos= 48 Horas Teóricas=14 Horas Prácticas=20 Asignaturas=6
8	Trabajo de Investigación 4 (6C;6HP)	Trabajo de Investigación 5 (6C;6HP)	Trabajo de Investigación 6 (6C;6HP)	Tópico Selecto 3 (10C;5HT)	Tópico Selecto 4 (10C;5HT)	Seminario de Investigación 2 (10C;4HT;2HP)	Créditos= 48 Horas Teóricas=14 Horas Prácticas=20 Asignaturas=6
Pensum académico 3712							Créditos= 394 Horas Teóricas=162 Horas Prácticas=70 Asignaturas=47

ANEXO 4

CARTAS DE OPINIÓN DE LÍDERES
INTERNACIONALES DEL ÁREA DE LAS
CIENCIAS GENÓMICAS SOBRE LA CALIDAD
DEL PLAN DE ESTUDIOS PROPUESTO Y DE
LOS ESTUDIANTES DE LA LICENCIATURA



STEVEN E. BRENNER

DEPARTMENT OF PLANT & MICROBIAL BIOLOGY
461A KOSHLAND HALL #3102
BERKELEY, CALIFORNIA 94720-3102

+1 510 643-9131
Fax: +1 510 666-2505
brenner@berkeley.edu
<http://compbio.berkeley.edu>

21 February 2008

Dr. Rafael Palacios
Coordinator
Undergraduate Program on Genomic Sciences
National Autonomous University of Mexico

Dear Dr. Palacios,

I am writing with my observations regarding your Undergraduate Program on Genomic Sciences. I am familiar with the program from having spoken in your seminar series in Cuernavaca in fall 2006 and also from having had two students from the program undertake research projects in my own laboratory.

My own experience with computational biology education comes from being one of the two authors of the genomic and computational biology graduate program at Berkeley and from active roles in the development of computational biology undergraduate programs in both Bioengineering and in Molecular & Cell Biology at Berkeley. I am therefore familiar with the challenges of building interdisciplinary programs that bridge biology with the mathematical sciences.

With that experience, I can state that what you have constructed in Cuernavaca is truly remarkable. Your curriculum map seems to cover all major areas of modern genomics in a carefully integrated program. It is extremely difficult to develop such a comprehensive program, and the well-honed curriculum ensures that students waste no time with repetitive material and that there are no inadvertent gaps in their knowledge. From speaking with the students, it is clear that the faculty are extremely devoted to their education, investing tremendous efforts in both classroom presentation and research experience. A great strength of the program is the visits from international researchers that you arrange. Unlike most such seminar series elsewhere, which are primarily for the benefit of the faculty, this series is very clearly to benefit the students. From looking at your invitation schedule, it was evident that you have managed to tempt the world's top researchers to come to Cuernavaca, and to engage them in speaking with your students. This exposes the students to the most exciting new areas of genomic science and gives them the opportunity to ask detailed questions.

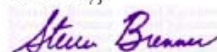
I was tremendously impressed with the students that I met in your program. It is hard for me to tell to what extent their excellence comes from their innate brilliance versus outstanding educational experiences, but the result is clear: your students are clearly world-class. In terms of scientific maturity, many of the students seemed more similar to postdocs than to undergraduates. They had a depth of understanding well beyond what I had anticipated. I ordinarily do not accept students for internships in my laboratory, but because I was so impressed with those I met in Cuernavaca, I did invite two to work in my group at Berkeley. The first student was comparable to the best undergraduate students at Berkeley, making a distinctive positive impression on her classroom teachers and making very substantial progress on research in my lab. The second student has just arrived and is already off to a fast start.

I have two concerns with the program, though I realize both may be ineluctable. The first is that this program offers relatively little flexibility and essentially no breadth beyond what is essential for today's genome sciences. Thus the course program will require frequent revision to avoid becoming dated. There seem to be no courses on chemistry or physics, which may be necessary foundations for new areas of genomic science. More seriously, it is not totally clear that students will have the broad background that will allow them to follow future changes in the field, and they also lack opportunities to pursue advanced coursework in specific areas of interest. Likewise, because the students are at a remote campus, they do not have the cross-fertilization with students from other disciplines that could enrich their educational experience. The yearlong research project and the steady flow of outstanding international researchers to Cuernavaca mitigate these concerns to a considerable degree. Moreover, I do not see any simple way to address this concern without making the training program longer.

The second concern is that while Mexico is doing an outstanding effort at training its undergraduate students in genome sciences, it is less clear that there will be opportunities for these students in Mexico when they ultimately complete all their training and wish to take permanent research positions in academia and industry. It is appropriate for students to gain a diversity of training internationally, but I would personally like to see a richer array of options for outstanding young Mexican scientists as principal investigators in their home country.

I look forward to opportunities for further interactions with your excellent program and students.

Sincerely,



Steven E. Brenner
Associate Professor

SEB/rcp

Date: Tue, 26 Feb 2008 16:42:02 -0800
From: "Kimmen Sjolander" <kimmen.sjolander@gmail.com>
To: "Rafael Palacios" <palacios@ccg.unam.mx>
Subject: Re: Undergraduate Program in Genomic Sciences

Dear Rafael

I'm travelling (in Europe), and had an NIH grant proposal due last week, so I've been a bit swamped.

I hope you can accept this email as my review of your program, since I won't be getting back to California until March 9.

I am very impressed with the thoughtfulness and decisions made in developing this computational biology curricula. Your students are outstanding. I wish we had this kind of curriculum here at Berkeley!

I recommend that the following be added:

A second statistics course, going into probabilistic/statistical models (e.g., HMMs, support vector machines, etc.). In my opinion, most students find statistics fairly un-intuitive and difficult, and it may not be until the second class before it starts to sink in.

I also encourage you to consider the inclusion of a significant written and oral presentation component in at least two courses, with a focus on written English. Becoming a skilled communicator in both written and oral presentation, like acquiring an understanding of statistics, can take some time to develop. But success in science depends on the ability to communicate one's ideas effectively, so this should start early in the program (say, in the first year). Since your curriculum is already quite packed, it doesn't make sense to add another course, but it may be possible to include a strong writing/oral presentation component in a couple of courses.

Lastly: I would encourage you to require students to perform an independent and significant software development project in at least one course, so that they are forced to develop significant programming skills. Some software engineering training (e.g., writing solid and well-documented modular code, algorithm design, testing for correctness, etc.) should be provided.

Your students are already outstanding, but these additional measures should help to increase their ranking when they apply to competitive PhD programs.

Best regards

Kimmen

Dr. Rafael Palacios
Coordinator
Undergraduate Program on Genomic Sciences
National Autonomous University of Mexico

Dear Dr. Palacios,

I am pleased to offer some of my views on the Program based upon my visit in February of 2007. As you'll recall, I gave a seminar and also met with the students fairly extensively.

I think this program would be distinctive and impressive at any institution including my own. We do not have anything quite like it, and as a consequence our students are not nearly as knowledgeable about genomics as the advanced students in your program. At Princeton David Botstein has established an undergraduate program where the students begin in the freshman year to study chemistry, physics, and mathematics using instructive examples from biology. This is the closest program I know to the one you have created. By integrating biological examples into the study of the physical sciences, students are prepared to bridge fields especially effectively. In thinking about what else could be added to your already fine curriculum, it occurred to me that some electives in biophysics and/or bioengineering might be useful.

The students I met during the visit were consistently impressive.

They were facile with the latest concepts in genomics and excited about the vast opportunities in this field. They were ambitious and confident. Their preparation means they could readily move into graduate programs in genomics at any university. The specialization of their training embodies a somewhat different approach than is typical in the U.S., where most of the undergraduate training is quite broad and therefore more shallow. For the students in the genomics program, that means that they are better prepared in science than typical U.S. undergraduates, but have less time to explore other areas. Based on talking with the students, I think it might be valuable to consider ways of incorporating a bit more depth in another area in addition to genomics, eg history or music or literature or economics. I expect that your own experience, like mine, is that writing and speaking clearly are integral parts of success in science. Work in these other fields will strengthen those skills.

In summary, then, I am highly impressed with the quality of the program you have built and with the training and intelligence of the students. I am glad I was able to visit and wish you the best of success with the program.

Sincerely,

Matthew Scott
Professor of Developmental Biology, Genetics, and Bioengineering
Investigator, Howard Hughes Medical Institute
Clark Center West Wing W252
318 Campus Drive
Stanford University School of Medicine
Stanford, California 94305-5439

Phone 650-725-7680
Fax (650) 725-2952

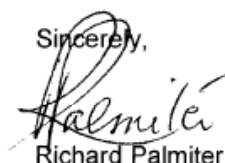
2-12-2008

Dr. Rafael Palacios, Coordinator.
Undergraduate Program on Genomic Sciences.
National Autonomous University of Mexico.

Dear Rafael,

I am writing this letter in support of your Undergraduate program in Genomic Sciences. I had the wonderful opportunity to see your program in action at the National University of Mexico in November 2006. I gave two lectures (one just for the students and one for everybody) and I interacted with students during two dinners together. I was very impressed by the students' intellect and enthusiasm, especially because I talked about using genetic techniques to study mouse behavior and physiology – an area outside their curriculum. The students were well prepared and asked insightful questions. The students were just as good as the honors students (top 5% of the class) in the undergraduate biochemistry class on molecular and cellular biology that I teach here at the University of Washington. Thus, I can easily attest that the program attracts good students and that they are getting a first-rate education in an exciting area of biological sciences.

Sincerely,



Richard Palmiter

Richard D. Palmiter, Ph.D.
Investigator
Howard Hughes Medical Institute
palmiter@u.washington.edu

University of Washington
1959 N.E. Pacific Street, Health Science Building, J-661
Seattle, Washington 98195-7370
206.543.6064 • Fax 206.543.0858 •



LIOR PACTER
ASSOCIATE PROFESSOR
MATHEMATICS AND COMPUTER SCIENCE
UC BERKELEY

970 EVANS HALL
BERKELEY, CALIFORNIA 94720-3840
TELEPHONE (510) 642-2028
FAX (510) 642-8204
E-MAIL lpachter@math.berkeley.edu
WEBSITE <http://math.berkeley.edu/~lpachter>

February 27, 2008

Dear Dr. Palacios,

This is a letter of opinion on the undergraduate program in Genomic Sciences at the University of Mexico. I am familiar with this program, having visited Mexico last year when I had a chance to meet with the students and learn about the program. I have since also had the pleasure of meeting students from the program at UC Berkeley.

On the matter of the curriculum, I find the program to be extremely well designed and well thought out. The introduction of students to the key quantitative aspects of the field: discrete mathematics, algebra, computation, and statistics is fantastic. Coupled with this, a strong programming components sets them up for a strong basis in the skills necessary for research in bioinformatics. Moreover, the selection of biology coursework is broad and effective. I personally consider this to be a model curriculum for other programs seeking to establish similar training here in the United States.

In my visit to Mexico, I was also very impressed with the quality of the students. They are clearly well prepared for research in computational biology, and indeed many of them already participate in research projects in local laboratories in Mexico. Furthermore, I was most impressed with their knowledge of material beyond their coursework- including relevant literature and journals.

In summary, I was impressed with the program and consider a model design for similar initiatives I am involved in here on our own campus.

Sincerely,

A handwritten signature in black ink, appearing to read "Lior Pachter", with a long horizontal line extending to the right.

Lior Pachter

Dr. Rafael Palacios.
Coordinator.
Undergraduate Program on Genomic Sciences.
National Autonomous University of Mexico.

Dear Colleague,

The following describes my assessment of the Undergraduate Program in Genomic Sciences in terms of its curriculum and the quality of the students. As regards the latter, my evaluation stems from my contact with the students on the occasion of my invited lectures on bioethics to the student body and faculty of the Centro de Ciencias Genómicas, UNAM Cuernavaca, in September 2006.

The curriculum is well balanced and corresponds roughly to similar undergraduate curricula I have come across at European Universities. Three aspects of the program seem particularly notable to me and show a genuine effort to equip the students with a broad scientific perspective, that should open them the doors to graduate work in a variety of research settings. The first is the insistence on a rather advanced level of mathematics, comparable to what engineering students would typically receive. I think this is a wise choice, which will help students look beyond the "nuts and bolts" approach to informatics and make them capable to participate in many kinds of modelling tasks. This will also give these students a competitive edge relative to more traditionally schooled biologists. The second interesting element is the major place given to evolutionary theory. This is absolutely essential for genomic scientists, so that they can have a real vision of what they are called to do in research and grow to become reflective scientists, rather than being used simply as computer technicians. Finally - and as a bioethicist, this may sound slightly self-serving! - the significant place given to bioethics and social issues is to be welcomed. Aspiring genomic scientists will work in scientific fields which raise important and complex ethical and legal issues, and sometimes even to societal controversies. They will be expected to be competent opinion leaders and educators in those aspects as well, in addition to the purely scientific side of their profession.

My contact with the student body was rather limited, as mentioned before. Nevertheless it was immediately obvious to me that this was a rather exceptional group of young people. Inquisitive, fast-reacting, "intense", wanting to know ever more: this is how I perceived these really bright students. I left Cuernavaca tired but happy! I noted that the students often show a significant background in the humanities and philosophy, which suggests a high-quality pre-university educational background. In addition, I was impressed with their willingness to learn more and even to take initiatives to enhance their own education in bioethics. To me, they correspond to the new kind of student our universities and our society needs: not the obedient and passive learners of some received dogma, not the consumers of a fixed educational menu, but the active co-operators and co-designers of their own education. I can only wish them well for the future.

With best regards, I remain,
Sincerely yours,

Alex Mauron, PhD
Full professor of bioethics
Faculty of medicine
University of Geneva
Switzerland

Investigator
Howard Hughes Medical Institute
Research Laboratories

Professor
Department of Molecular and
Human Genetics

One Baylor Plaza
Suite 635E
Houston, Texas 77030-3411
713-798-8835 Office
713-798-5443 Admin
713-798-5168 Fax
blee@bcm.edu

February 26, 2008

Dr. Rafael Palacios
Coordinator
Undergraduate Program on Genomic Sciences
National Autonomous University of Mexico

Dear Dr. Palacios,

It was a pleasure having the opportunity to visit your institution, review your program, and meet extensively with your students. As an Investigator of the Howard Hughes Medical Institute and Professor in the Department of Molecular and Human Genetics, I have had the opportunity to evaluate and visit training programs at all levels on the national and international levels. I found that your didactic program integrated key areas of current genomics, genetics, and biology and compared favorably with the content and course work of the elite universities in the U.S. I found that the faculty and your institute were committed to providing an infrastructure and environment of learning that was very supportive of your undergraduate students. This was most evident in my many "one on one" interactions with the students. It was clear from these interactions that they were and felt that they were the priority and the valued commodity of your institution. In contrast to many institutions and labs that I have visited in the US and Europe, your institution very much depends on student productivity and emphasizes the undergraduate training program. This was again evident in the quality of the students. I can say that they asked some of the most insightful scientific questions that I have fielded from any student programs that I have visited. The best evidence of this is that our own graduate program has accepted some of your undergraduates. In short, I applaud you on your program and progress and I hope you get continued support to grow this important enterprise for the future of Mexican education.

Sincerely,



Brendan Lee, M.D., Ph.D.



School of Biology
Atlanta, Georgia 30332-0230 USA
(404) 385-2224
king.jordan@biology.gatech.edu
<http://esbg.gatech.edu>

Dr. Rafael Palacios
Coordinator
Undergraduate Program on Genomic Sciences
National Autonomous University of Mexico

February 26, 2008

To Whom It May Concern:

It is my pleasure to give my opinion as to the outstanding quality of the National Autonomous University of Mexico's (UNAM) Undergraduate Program in Genome Sciences. I am an Associate Professor in the School of Biology (SoB) at the Georgia Institute of Technology. In addition to my teaching and research activities, I currently serve as the School of Biology (SoB) coordinator for the Georgia Tech interdepartmental PhD program in Bioinformatics, and I am a member of the executive committee that oversees our Professional Masters Program in Bioinformatics. I am also a member of the Center for Bioinformatics and Computational Genomics, the Center for the Study of Systems Biology and affiliated with the National Center for Biotechnology Information. My lab at Georgia Tech conducts research in the areas of Bioinformatics, Computational Genomics and Systems Biology. A description of my research interests, lab activities and a list of my publications can be found on my lab website at <http://esbg.gatech.edu>. Based on my own teaching and research experience, as well as my efforts in curriculum development and student recruitment, I consider myself capable of judging the quality of the students and the curriculum of the UNAM Undergraduate Program in Genome Sciences.

I became familiar with Genome Sciences program when I visited the Cuernavaca UNAM campus as part of the Frontiers in Genomics seminar series in the fall of 2005. For this series, I gave a regular one hour public seminar on my research as well as an in-depth two hour lecture to undergraduates on the kinds of approaches and techniques that we use in our work. I think that this is a great and truly innovative way to teach undergraduates about the latest advances in genomic science. Actually, before my visit I was skeptical as to how this approach would work with undergraduates. Here in the USA, it is quite unusual to have undergraduates exposed to science in this way; rather, we typically give lectures and laboratories on the basic or foundational approaches of our field. However, the quality of the students combined with the structure of the program, really makes this approach work. Apparently, the program is extremely selective in the students it admits and it really shows. The students I interacted with were bright, motivated and extremely engaging. They also showed a surprising breadth of knowledge and an ability to incorporate new concepts into their existing framework of understanding. After a few questions from the students in my own lecture, I quickly realized that I would be able to raise the level of instruction that I was giving. In fact, the

students really challenged me on a couple of points, and this impressed me. I would be delighted to have graduate students of that quality in my own laboratory.

Obviously the students are being well prepared by their coursework, and my perusal of the curriculum suggests that it is entirely appropriate for a program on genome sciences. One of the aspects of the curriculum that impresses me is the integration of quantitative disciplines with basic biology courses. This is not only critically important in genomics, as well as for biology in general, but it is also quite forward thinking since biology will continue to become more and more of a quantitative and integrative science. One challenge that I perceive in the curriculum is leaving the research project to the last year of study alone. But I wasn't entirely clear on the extent to which students are exposed to research projects of their own earlier in the program, such as in semesters five and six. Given how advanced the students and the program are, it should serve the interests of both to integrate the students into the research of the Center as early as is feasible. The only other suggestion that I could make in terms of curriculum development would be for the program coordinators to reach out to the organizers of the new undergraduate program in Quantitative and Computational Biology at the Lewis-Sigler Institute of Princeton University <http://www.genomics.princeton.edu/topics/certificate.html>. This program also employs an innovative approach to undergraduate education that relies on a deep integration between quantitative and biological sciences. Some sort of faculty exchange or less formal interaction between the UNAM program and the Princeton program could be quite beneficial.

If you have any further questions, please do not hesitate to contact me.

Sincerely,

A handwritten signature in dark ink, appearing to read 'I. King Jordan', with a stylized, cursive script.

I. King Jordan



**Harvard Medical School
Children's Hospital**

Sui Huang, M.D., Ph.D.
Visiting Associate Professor

Vascular Biology Program
One Blackfan Circle
Boston, MA 02115
sui.huang@tch.harvard.edu

Associate Professor

Institute for Biocomplexity and Informatics
University of Calgary
Calgary, AB T2A 1N4
sui.huang@ucalgary.ca
TEL: (403) 210-7858

Dr. Rafael Palacios
Coordinator
Undergraduate Program on Genomic Sciences.
National Autonomous University of Mexico.

Dear Dr. Palacios:

February 17, 2008

It is my pleasure to express my opinion on the **Undergraduate Program in Genomic Sciences** at the National Autonomous University of Mexico in Cuernavaca.

I had a chance to evaluate this program during my one-week lecture visit at the Center for Genomic Sciences (CCG) two years ago, and I remain connected to the center through the publications from this center which play a key role in my work in functional genomics

During my visit I was most impressed by the extraordinarily high level of knowledge and skills of the students who as a group exhibited a homogenous, solid command of the mathematical tools so much needed but sorely missed in genomics. I really envied the Center for having such a large body of excellent students: as an investigator at Harvard Medical School, I wish I had students with the comprehensive and specific skill set I have seen at the CCG to chose from. The training that these students receive will certainly produce the type of interdisciplinary and versatile scientists of the next "postgenomic" generation who are already highly thought after. In addition to the extraordinary intellectual capabilities that I encountered in the students, their sparkling enthusiasm for their studies was truly refreshing.

The program is carefully designed, well balanced between conveying computational skills and biological knowledge. It also strikes a good balance between multi-disciplinarity and integration. The inclusion of Systems Biology in the higher semester gives proof to the timeliness of the material taught. I am sure that as this field develops, this nascent discipline will receive more weight in the curriculum. The incorporation of Ethics and Legal issues is particularly laudable and should serve as an example for similar programs in the U.S.!

As a member of the Harvard community, and now of the University of Calgary, who over the past decade has actively helped promote new interdisciplinary initiatives such as Systems Biology and Biocomplexity, I can only attest to the strength and visionary courage of this Undergraduate Program in Genomics. It is unique in its multi-disciplinary, comprehensiveness and integrative efforts, and it fills a growing gap in education that elsewhere is still wide open.

If there is something I missed - which pales in view of all the impressive features of this program, it would be a stronger link to medical research. Given its historical roots in agriculturally relevant research and the connection to biotechnology, future expansion may emphasize the outreach to biomedicine and medical epidemiology which offer an immense opportunity for the application of the genomics skills that the student acquire in this program.

In summary, I find the program and the students of outstanding quality by international standards and I am pleased to have had the chance to be inspired by this program

Sincerely yours,

Sui Huang, MD, PhD

February 12, 2008



Richard A. Gibbs, Ph.D
Director and Wofford Cain Endowed Chair

Dr. Rafael Palacios
Coordinator
Undergraduate Program on Genomic Sciences
National Autonomous University of Mexico

Human Genome Sequencing Center

One Baylor Plaza
Alkek Building, 15th Floor
Houston, Texas 77030-3498

TEL: (713)798-6539
FAX: (713)798-5741
e-mail: agibbs@bcm.edu

Dear Dr Palacios,

Congratulations on your outstanding program. Through examination of the curriculum and from my visit to your campus I have learned that you have compiled a truly first rate approach to training young talented scientists in all aspects of Genomics and related disciplines. Your balance of providing mathematical training, computational skills and all aspects of biology as well as time in the laboratory provides a model that I think is unique. In designing this innovative program you have really managed to provide all the most important areas of training to equip these individuals with the skills and knowledge they will need to be successful scientists.

The thoughtfulness of the balance you have provided is reflected in all aspects of the program and more than evident when visiting.

The most dramatic demonstration of how powerful the training model is in the obvious quality of the individual students. Since I met so many on my visit and after following contact with some of them and having two visits for summer last year, all my positive views are affirmed. These are very bright and accomplished young people. At least one has been accepted to a BCM Graduate program and this is a wonderful development. I wish they all could come here - without exception I believe each would be a strong addition here.

Congratulations again on your tremendous achievement in building this program.

Sincerely

A handwritten signature in blue ink, appearing to be "R. Gibbs", written over a horizontal line.

Richard Gibbs, Ph.D.
Director, Human Genome Sequencing Center
Wofford Cain Professor of Molecular and Human Genetics
Baylor College of Medicine

Dr. Rafael Palacios
Coordinator
Undergraduate Program on Genomic Sciences
National Autonomous University of Mexico
Mexico

Dear Dr. Palacios:

It is my great pleasure to write to you concerning the Undergraduate program in Genomic Sciences. As you know, I visited your institute last year, and was able to spend an exciting few days meeting members of your staff, and also the undergraduate students.

I was greatly impressed by the outstanding quality of the students. In fact, of the two seminars that I gave (one to your students, and one to a general audience), I felt that the seminar to the students was much more exciting as their response and participation in the discussion was simply fantastic. All of the students seemed to have read the material that I sent them ahead of time and were therefore able to ask intelligent and well-thought out questions. The discussion was stimulating, and I also gained some excellent new ideas for my own research based on these interactions with the students.

In addition to the formal seminars, I also was able to spend quite a bit of time with the students in informal meetings. I was impressed by their mature attitude, and by their deep understanding of genomics and bioinformatics. One of the students, Claudia Gonzales, had previously spent a few months in my lab as a summer student, and she typifies the excellent qualities of the students in this program. Indeed, in my opinion, your program in Genomic sciences is as good as any similar program anywhere else in the world, and I believe you are training the next generation of genomic scientists in Mexico.

In summary, I have nothing but praise for the excellence of the program.

Sincerely yours,

Tony Futerman, PhD
The Joseph Meyerhoff Professor of Biochemistry
Department of Biological Chemistry
Ullmann Building, room 13
Weizmann Institute of Science
Rehovot 76100, Israel

Tel: +972-8-9342704 (office)
+972-8-9344318 (lab)
+972-8-9343577 (home)
+972-54-5486602 (cell)

Fax: +972-8-9344112
e-mail: Tony.Futerman@weizmann.ac.il
http://www.weizmann.ac.il/Biological_Chemistry/scientist/futerman/



INSTITUT PASTEUR

Unité de Génétique Moléculaire des Levures

CNRS URA 2171

Dr Rafael Palacios
Coordinator
Undergraduate Program on Genomic Sciences
Universidad Nacional Autonoma de Mexico
Centro de Ciencias Genomicas
Av. Universidad s/n Col. Chamilpa
62210, Cuernavaca, Morelos
Mexico.

Dear Dr Palacios,

My only direct contact with the Undergraduate Program on Genomic Sciences was at the level of the third year in the « Frontier of genomics » part where I have been teaching in 2006. I remember having a class of highly motivated students who were asking numerous and precise questions that demonstrated their very good knowledge of genetics at large and genomics in particular. In addition, the students were clearly able in bioinformatic methods and computation. Quite remarkable for students of this age, they were clearly benefitting from their personal reading of the scientific articles that were distributed to them or others that they had selected themselves. Therefore, they had reach a level of independence which is unusual for students of this level.

Regarding the program in general, it shows an original and very well balanced equilibrium between various aspects of Biology and Mathematics. This is a rare combination in all Universities of the world that are usually slower to adapt to the rapid changes of science. The National Autonomous University of Mexico deserves congratulations for this. It offers a program that corresponds well with the need of education for modern students in Biology in the genomic and post-genomic era. As I understand, this program is very selective and only the very best students are admitted to it, which is of course a condition for success in any innovative teaching program.

Perhaps one of the point for future improvement would be to have the students perform some actual experiments since the very first year. I am not certain if they do or not. Although modern genomics largely become a computer science, the whole of Biology remains significantly embedded in practical, not always logical, affairs that dictate the limits for exploration and set the background for further imagination. It would be wonderful if the

25-28, Rue du Docteur Roux
75724 Paris Cedex 15
Téléphone: +33 (0)1 45 68 84 78
Télécopie: +33 (0)1 40 61 34 56

students could acquire such a vision as soon as possible in order to replace in perspective what they learn in theory.

This being said, I reiterate that the Genomic Sciences program of the National Autonomous University of Mexico is an exceptionally good one and must be continued and extended.

It also happened that I had one student of this program for two months in my laboratory in the summer of 2006. Not only was she a very well educated young woman, but she proved very able with experiments in the lab. She was very dedicated to her work, asking critical questions, working very hard and performing clean and demonstrative experiments. It was always a pleasure to discuss with her the results of her experiments and how they would reply to the questions raised. It was also a pleasure to try to guide her with the possible continuation of the work, where it would lead, the available methods to reach the new goals and in which question of general interest her work would eventually lead her. At each step, this student proved a large autonomy despite her young age and the fact that she was in a foreign environment.

A handwritten signature in blue ink, appearing to read 'B Dujon', with a long horizontal flourish extending to the right.

Bernard Dujon

Professor of Genetics at University Pierre and Marie Curie, Paris
Professor and Scientific General Director of Institut Pasteur
Member of the French Academy of Sciences

UNIVERSITY OF CALIFORNIA, BERKELEY

BERKELEY • DAVIS • IRVINE • LOS ANGELES • RIVERSIDE • SAN DIEGO • SAN FRANCISCO • SANTA BARBARA • SANTA CRUZ

Sandrine Dudoit, PhD
Associate Professor of Biostatistics and Statistics
Chair and Head Graduate Advisor, Graduate Group in Biostatistics
Division of Biostatistics, School of Public Health
University of California, Berkeley

101 Haviland Hall, #7358
Berkeley, CA 94720-7358
Tel: (510) 648-1108
Fax: (510) 648-5168
E-mail: Sandrine@stat.berkeley.edu
Web site: www.stat.berkeley.edu/~sandrine

February 15, 2008

Dr. Rafael Palacios
Coordinator
Undergraduate Program on Genomic Sciences
National Autonomous University of Mexico

RE: Undergraduate Program on Genomic Sciences

Dear Dr. Palacios:

It is my pleasure to write this letter in enthusiastic support of the Undergraduate Program on Genomic Sciences from the National Autonomous University of Mexico. I became acquainted with the Program and its students when I visited the Center for Genomic Sciences in October 2007 to give the Frontiers in Genomics Seminar.

I am most impressed by the quality of the Program, both in terms of its depth and breadth. The four-level curriculum guides the students from theoretical classroom instruction to “real world” application of their acquired skills. The first two years of training provide solid foundations in pillar disciplines from both the biological and mathematical sciences, while the third and fourth years engage students in cutting-edge research projects. The location of the Program within the Center for Genomic Sciences allows students to get a taste for research and benefit from a variety of activities such as seminars and lab rotations. This integration of education and research seems very effective. As a teacher myself, I was also very impressed by the instructional facilities that include classrooms with state-of-the-art audiovisual and computing equipment. This set-up allows the integration of computer demonstration with classroom instruction. I have found it very effective to use such an interactive approach to concurrently teach (theoretical) statistical methods and their (practical) software implementation.

In my view, however, the most important asset of the Program is the people, that is, the outstanding faculty and student body. I was blown away by the quality of the students and constantly had to remind myself that they were UNDERgraduate students – not yet graduate students. It was a pleasure to interact with the students during my lectures and numerous informal discussions around the Center. I found it refreshing to witness their enthusiasm, thirst for knowledge, competence, sense of initiative, and maturity.

The students were the driving force behind the one-week R and Bioconductor course developed and taught by my PhD student Jim Bullard (January 21–25, 2008; <http://biostat-09.berkeley.edu/~bullard/courses/T-mexico-08>). In the discussions following my October 15th lectures, the students expressed a strong interest in further developing their skills in statistical methods and software for genomic data analysis. In particular, they were especially keen on learning about R and Bioconductor software and came up with the idea of a short course on this topic. I have rarely seen a project be successfully implemented in such a short time frame and efficient manner; it took less than three months to bring the entire project to fruition.

Following my October visit, I must admit that I went back to Berkeley thinking that American students could take a lesson or two from your students. However, I also went back to work with re-invigorated belief in the value and pleasure of teaching.

In closing, I would like to express my admiration for your leading role in putting together such an outstanding, creative, and timely academic program and for fostering such a pleasant and effective learning environment. I look forward to more interaction with the Program.

Best regards,

Sandrine Dudoit
Associate Professor of Biostatistics and Statistics
Chair and Head Graduate Advisor, Graduate Group in Biostatistics
University of California, Berkeley

Dr. Rafael Palacios
Coordinator.
Undergraduate Program on Genomic Sciences.
National Autonomous University of Mexico.

Dear Dr. Palacios:

I am happy to comment on the National University of Mexico's Undergraduate Program in Genomic Sciences at Cuernavaca. When I visited the new Center for Genomic Sciences in 2005 and gave an invited lecture as part of the "Frontiers of Genomics" course for the undergraduates, I was very impressed by the institute, the faculty, and the undergraduate program. All of these were outstanding, but the students, in my mind, were the best; they were superb and extraordinary in comparison to any other institution I have visited. They really made the place come alive with their passion for science and their strong desire to understand new ideas and take knowledge from the program. As in all student populations, some students are more advanced than others, and that was true here as well, but the overall level of achievement was very high and that a greater percentage of the students were really trying to get the most out of the program, whether it was from their courses, their interaction with faculty, and even their interaction with visiting scientists like myself. I gave the same type of lecture to these undergraduates that I give at international meetings and universities around the world. They responded with keen and sustained interest and asked many excellent questions; the same probing types of questions asked by good scientists everywhere. I am not familiar with how the students are chosen to be a part of this program, but the method is working very well. I expect that many of these students will become top graduate students and productive scientists.

I mentioned above that the program was outstanding in all aspects including the faculty and design of the curriculum. I very much liked the way the special course on "Frontiers of Genomics" was set up to provide the students with lectures from scientists doing all types of important research at the cutting edge of the field of genomics. Individual students were assigned as hosts for the invited lecturers and a strong effort was made to have the lecturer available to meet with the students informally in discussions on campus and at dinners. I have seen the general undergraduate curriculum; it provides the necessary introductory courses in mathematics and biology for the entering student, and then starts a strong program emphasizing genomics, bioinformatics and systems biology courses and projects. There is not much emphasis on biological interdisciplinary programs that include studies of chemistry and physics. All in all, however, it is a very good curriculum, which encourages individual study and research. In meeting with the students, I found that several in their third year had already gone to an international meeting and/or had taken courses outside of the institute, including rigorous summer research courses at The Cold Spring Harbor Labs. Importantly, the program does not overly emphasize human genomics and instead builds a strong base in genetics and molecular biology studies of model systems including bacteria. The faculty is strong and is well grounded in their own experimental studies, which provide an excellent base for individual student research projects in their last years in the program. Overall the Center is a vibrant spot for intellectual discussion and research at all levels. It is a great training ground for the students.

Sincerely,

Donald L. Court, Principal Investigator
Chief, Molecular Control and Genetics Section
Gene Regulation & Chromosome Biology Laboratory
The Center for Cancer Research
National Cancer Institute at Frederick
National Institutes of Health

Dr. Rafael Palacios
Coordinator
Undergraduate Program in Genomic Sciences
National Autonomous University of Mexico

Dear Dr. Palacios,

It is with great pleasure that I provide my evaluation of the Undergraduate Program in Genomic Sciences. After meeting with you and hearing your seminar here at Genentech in December, 2006, I was delighted to accept your invitation to visit the Center for Genomic Sciences at UNAM in August, 2007. I was very impressed with your ideas about creating a learning environment that specifically addressed the innate interdisciplinary nature of genome research. In addition, I was touched by your commitment and belief in the education of students in Mexico. I share this interest in further strengthening the society of my neighbor country, and quality higher education opportunities is a fundamental underpinning of this mission.

During my visit I was impressed even more than I had imagined by the quality of both your program and the students. The curriculum includes courses in the various aspects of biology, computer programming and mathematics that are the basis of genomic research. As a bioinformatician who has conducted numerous research endeavors in this area, I know that each of the skills and biological backgrounds you are teaching is essential to performing this work. In order to do genomic research that makes significant contributions to scientific advancement, one needs to both understand the biology deeply enough to form a meaningful scientific question, and also have the computational and statistical skills to test ideas on a genomic scale.

The students exemplified the quality of the program through their interactions with me throughout my visit. They had

carefully read and discussed my publications beforehand, and during my seminars asked many excellent questions. This demonstrated both their intelligence and studiousness, but also the course design, teaching and mentorship of the faculty. In meeting with various students in small groups, I could sense their motivation and excitement about scientific research. A few were eager to discuss their own research with me and ask for ideas and guidance. Although I am a scientist in a biotechnology company, I also hold an Adjunct Professor in Biology position at San Francisco State University. There, I have taught an undergraduate course for senior level biology majors. The UNAM students compared very well to the students in my class. I was so impressed by the your students that I requested and received approval for a summer intern in my department here at Genentech and am hoping to be able to have a UNAM student take this opportunity.

In summary, I have a high opinion of both the curriculum, faculty and students of the Undergraduate Program in Genomic Sciences at UNAM.

Best regards,
Hilary Clark

Hilary Clark, Ph.D.

Senior Scientist

Bioinformatics & Immunology Departments

Genentech

1 DNA Way

South San Francisco, CA 94080

650-225-8373



UNIVERSITÉ LIBRE DE BRUXELLES, UNIVERSITÉ D'EUROPE



Jacques van Helden
BIOINFORMATIQUE DES GÉNOMES ET DES RÉSEAUX (BIGRE)
ULB, FACULTÉ DES SCIENCES
Boulevard du Triomphe Bât. BC - CP 263
Tel : + 32 (0) 2 650 20 76
Fax: + 32 (0) 2 650 54 25
Web: <http://www.bigre.ulb.ac.be/Users/jvanheld/>
Email : Jacques.van.Helden@ulb.ac.be

Dr. Rafael Palacios.
Coordinator.
Undergraduate Program on Genomic Sciences.
National Autonomous University of Mexico.
Mexico

Brussels, Feb 14, 2008

Dear Prof. Palacios,

In answer to your mail from Feb 12, please find hereafter my evaluation of the Undergraduate program in Genomic Sciences.

- 1) The fact to develop a specific training program on Genomic Sciences is an original and important undertaking. Indeed, in order to meet the new challenges of modern biology, multidisciplinary training will be an absolute requirement, combining good bases in genetics, molecular biology, computer sciences, statistics, ...
- 2) The program is structured in a clear and convenient way. During the first year, students are introduced to the main concepts of the disciplines involved in the multidisciplinary field of genome sciences. These topics are explored in a more advanced way during the second year. The third year aims at integrating these fields, in order to reach efficient multidisciplinaryity. The research project of the fourth year aims at providing students with a concrete realization in the domain.
- 3) About the quality of the students, I will only participate to the 2008 teaching in May, but I can already give you my impressions about the audience I had during the courses I gave in 2005 and 2006, respectively. I was favorably impressed by the fact that these students are already familiar with both the mathematical, algorithmical and biological concepts that are required for my courses. Usually, I am speaking to audiences who have a good training in one of these disciplines, and almost no background for the other ones.



- 4) During my previous stages at Cuernavaca, I was also very impressed by the quality of the teaching infrastructure: classrooms are equipped with one terminal per student, thereby allowing the teacher to go back and forth between theory and practice. This is in my opinion the most efficient way to keep the attention of students, and to associate the concepts to a practical experience. Actually, since I came back to Brussels, I tried to convince my Faculty to equip some teaching rooms on the LCG model, for our Master program in Bioinformatics.

Don't hesitate to contact me if you need additional information.

Bets regards,

Jacques van Helden
Chargé de cours at ULB
Director of the BiGRe laboratory



Dr. Rafael Palacios
Coordinator
Undergraduate Program on Genomic Sciences
National Autonomous University of Mexico
Cuernavaca, Mexico

Barbara J. Trask, Ph.D.
Full Member & Director
Division of Human Biology
Mail Stop C3-168
Telephone: (206) 667-1470
Fax: (206) 667-4023
E-mail: btrask@fhcrc.org

Dear Rafael,

I write to lend my very enthusiastic support for the outstanding Undergraduate program in Genomic Sciences at the National University of Mexico in Cuernavaca. I am extremely supportive of its continuation and expansion.

I will first outline my credentials for your colleagues who are evaluating the program. I am Senior Vice President and Director of the Division of Human Biology of the Fred Hutchinson Cancer Research Center in Seattle, Washington, USA. I also am Professor in Genome Sciences at the University of Washington. My research focuses on mammalian genome dynamics and structural variation, with a particular emphasis on human subtelomeres and large gene families such as those for chemosensory receptors. My research combines the use of molecular cytogenetics tools, such as fluorescence in situ hybridization and flow cytometric separation of chromosomes, with comparative genomics, and computational methods. I have been involved in graduate education in genomics for many years, having served as the Vice Chair of the Department of Molecular Biotechnology (recently folded in with Genetics to become the Department of Genome Sciences), the Principal Investigator of an NIH training grant for graduate and postgraduate training in genomics (which supported 21 trainees each year), and a member of many graduate student thesis committees. In addition, numerous graduate students and postdoctoral fellows have trained in my laboratory.

I am quite familiar with the Undergraduate Program in Genomic Sciences in Cuernavaca. In 2006, one of the program's students approached me directly about a summer internship in my laboratory. I was impressed by the student's letter, and she ultimately spent a summer in my laboratory characterizing chromosomal rearrangement breakpoints. She did a stellar job, because she had come prepared with a deep and broad knowledge of genomics, practical computational skills, and incredible enthusiasm and dedication. She was a real delight to have in the lab.

I then had the fortune to be invited to spend two full days with students and faculty in the program in Cuernavaca. My visit included giving two seminars. I was honored to be included in the outstanding line-up of speakers the students and faculty had invited from around the world. The visit showed that the student intern the previous summer had not been an outlier. All the students with whom I interacted in Cuernavaca were similarly outstanding. I was extremely impressed by the initiative, independence and organizational skills of the students, who are strongly encouraged on all fronts by Dr. Rafael Palacio, the program's Director. My visit was hosted by two students, who were gracious, organized, and clearly very excited about their training program.

The caliber of the students in the program is outstanding. The students I interacted with (many) were smart and had acquired broad training in genomics, genetics and bioinformatics. The

program was clearly motivating them, training them well, and giving them the needed balance between fundamental and applied science. The students were dynamic, interactive, and inquisitive. They respected and valued their faculty mentors, in particular Dr. Palacio. It was clear that they were being given the expertise and the encouragement (an important combination) to take initiative and to be both rigorous and bold in their approach to research. They were extremely knowledgeable on a broad range of topics. It is rare to be thrown in with a student group that is so well informed or so prepared with questions about my work or about advice in meeting their career goals. I was particularly impressed by how the students took the lead during my visits, peppered me with questions, and, on top of that, presented their own research with enthusiasm and skill in one-on-one and small group meetings. The students' ability to communicate in English were outstanding, because they are given regular opportunities to exercise their skills and to gain confidence, poise, and new scientific knowledge. In summary, I found my 2-day visit stimulating, refreshing, and inspiring. I came away very impressed with the program.

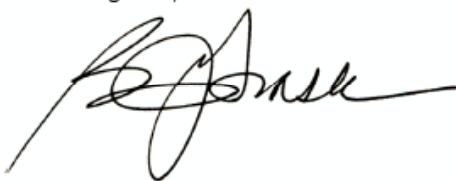
The summer internship program pushes the students to excel and aim to do research in internationally recognized labs inside and outside of Mexico. This internship program is an extremely valuable component of the training provided and should be further encouraged.

The program should serve as a model for many other undergraduate – and for that matter – graduate programs in genomics research. Many of the students were operating at or above the level of many graduate students in excellent U.S. academic institutions.

The program is being led superbly by Dr. Palacio. Dr. Palacio should be applauded for his vision in pushing for this program to fill a national need, and for his leadership and enthusiasm in bringing it to such an impressive level so quickly. The students are top-notch, and the program is doing an outstanding job achieving its goal of training well-rounded scientists for the 21st century. The courses and research experiences offered by the training program are ideally balanced and focus the students on interesting and significant biological problems. The program clearly meets an important need. Dr. Palacio and his colleagues have arrived at an outstanding formula for success, and they have recruited and stimulated a stellar group of students that reflect extremely well on the program.

I enthusiastically support the expansion of this program and its continued support.

Best regards,

A handwritten signature in black ink, appearing to read 'B. Trask', with a long horizontal line extending to the right.

Barbara J. Trask, Ph.D.
Full Member and Director, Division of Human Biology
Senior Vice President
Fred Hutchinson Cancer Research Center

Professor, Department of Genome Sciences
University of Washington

February 29th, 2008

Dr. Rafael Palacios.
Coordinator
Undergraduate Program on Genomic Sciences.
National Autonomous University of Mexico

Dear Dr. Palacios:

I am writing this letter in support of the Undergraduate Program on Genome Sciences, National Autonomous University of Mexico. On April 3rd 2006, I was invited to present a seminar in the "Frontiers of Genomics Lecture" series which was organized and hosted by students from that program. I spent considerable time meeting with the students and discussing the training program and their different independent research projects. Since that time, I have hosted one of the students in my laboratory and have communicated with others regarding both graduate school and research. I am, therefore, qualified to comment on both the scientific quality of the program and the caliber of the students.

First, I would like to commend you on the undergraduate program in genome sciences that you have established. This is a very unique program which combines a critical basic understanding of biochemistry, cell biology, programming, statistics and molecular biology with more advanced concepts within the field of genomics. It is an intensive curriculum designed to arm students with not only the necessary knowledge to become competent scientists but also to provide them with extensive practical experience. The training program culminates in a series of independent research projects and exposure to different research environments. Encouraging students to perform internships in other laboratories, not only builds ties with other universities but exposes them to different research paradigms. Consequently, unlike traditional undergraduate program centered around course work and laboratories, this program provides a true "taste" of basic research in the field of genomics. It is clear that such students have an advantage when considering graduate school.

Of course students are the most important testament to the success of an undergraduate program such as this. It would be an understatement to say that I was extremely impressed by the students with whom I have interacted. During my presentation, for example, they asked insightful questions and showed a command of the major issues of both human genomics and genetics. Subsequent to my visit one of your students, Tzitziki Lemus Vergara, completed an 8-week internship within my laboratory last year. I assigned her the difficult task of assessing copy-number difference of a segmental duplication which is represented ~20 times within the genome. Her project entailed generating and comparing real-time QPCR data with oligonucleotide array comparative genomic hybridization established on a reference set of eight individuals. Her preliminary results were convincing that she had successfully detected copy-number difference of LCR16a in both normal and individuals with autism disease. Her work and performance can only be described in superlative terms. The amount and quality of data she generated on such a short time-frame was excellent. She made every effort to come early to the laboratory and stay late in order to generate results. She learned new techniques very quickly and interacted very well with laboratory staff. She was an absolute pleasure to

Evan Eichler, Ph.D.
Associate Professor
University of Washington

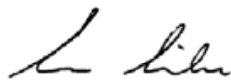
Genome Sciences, 1705 NE Pacific Street, Box 355065, Seattle, WA 98195-5065
206.543.9526 • Fax 206.221.5795 • eee@gs.washington.edu

have visit the laboratory. I would rate her performance as outstanding!

Based on my understanding of the program and my interaction with some of the students, I would rate your program among the best I have seen. I typically give 20 invited lectures per year and meet with students from many different programs across many different universities. Your students are the most competent and knowledgeable undergraduates I have yet to meet. In fact, their competence in genomics rivals that of many students enrolled in some first-year Ph.D. programs here in the United States. I am convinced that there are emerging leaders of genomics among these students. Given the right opportunities, I expect to see some of these as rising stars in the next few years.

I wish you all the best in the evaluation of your program. Keep up the great work!

Sincerely,

A handwritten signature in black ink, appearing to read 'E. Eichler', with a stylized, cursive script.

Evan Eichler, PhD

Evan Eichler, Ph.D.
Associate Professor
University of Washington

Genome Sciences, 1705 NE Pacific Street, Box 355065, Seattle, WA 98195-5065
206.543.9526 • Fax 206.221.5795 • eee@gs.washington.edu



Michael A. Savagau, Ph.D.
Distinguished Professor
COLLEGE OF ENGINEERING
DEPARTMENT OF BIOMEDICAL ENGINEERING
and MICROBIOLOGY GRADUATE GROUP
masavagau@ucdavis.edu

3312 Genome & Biomedical Sciences Facility
451 EAST HEALTH SCIENCES DRIVE
DAVIS, CALIFORNIA 95616-5294
(530) 754-7350 (Phone)
(530) 754-5739 (Fax)

March 2, 2008

Dr. Rafael Palacios
Coordinator
Undergraduate Program on Genomic Sciences
National Autonomous University of Mexico

Dear Dr. Palacios,

I am happy to comment on the quality of your Undergraduate Program on Genomic Sciences. First, let me apologize for the delay in my response. I have been undergoing chemotherapy for a lymphoma that was recently diagnosed and thus I have had to postpone many of my obligations. Second, my comments are based largely on the impressions from my visit to the Program in the Fall of 2006.

Quality of the Program:

This is a very forward-looking program, especially since it is at the undergraduate level. There are very few in the world to which it might be compared. My view of the formal and informal training opportunities provide for the students is that they are exceptional. This is no small challenge, since the backgrounds of the students is by necessity very diverse. The curriculum covers all of the foundational subjects for the interdisciplinary field of Genomic Sciences. It also includes course on the evolving interface between the more traditional fields. It is admirable that it also deals with the important issues of ethical, legal and social issues associated with a field with the potential for such broad impact. Finally, the Program excites students and makes them aware of the opportunities to contribute in important ways to the scientific and technical culture of the world in general and of Mexico in particular.

Quality of the Students:

During my visit I interacted with the students in several settings. I had them in my lectures, I had informal research discussions with many of them, I also had them as social escorts and companions at dinner. During my lectures they ask very thoughtful questions, which showed the level of preparation and their interest and motivation. These question/answer sessions were some of the most stimulating that I have had with students on campuses anywhere. In the smaller research-group settings, I found that they had an excellent grasp of their research projects and that they were performing at a level found among many graduate students. In the more social settings they were

Dr. Rafael Palacios
March 2, 2008
Page 2

very open about their lives outside the classroom and their dreams and plans for the future. Here I found differences in the levels of maturity, as would be expected among any group of undergraduates, but I must say that as a group they were very impressive.

In summary, I can only wish that our university had such a program and such a select group of enthusiastic students. I wish you all the best for the continued success of your Program.

Sincerely yours,

Michael A. Savageau

MAS/ml



**HARVARD MEDICAL SCHOOL
BRIGHAM AND WOMEN'S HOSPITAL**



Charles Lee, Ph.D., FACMG
Director of Cytogenetics, Harvard Cancer Center
Assistant Professor, Harvard Medical School
E-mail: clee@rics.bwh.harvard.edu
Tel: (617) 278-0031 Fax: (617) 264-6861

Department of Pathology
Brigham and Women's Hospital
221 Longwood Avenue, EBRC 404A
Boston, Massachusetts, U.S.A 02115
<http://www.chromosome.bwh.harvard.edu>

03 March 2008

Dr. Rafael Palacios
Coordinator, Undergraduate Program on Genomic Sciences
National Autonomous University of Mexico

Dear Dr. Palacios:

I have been asked to provide an evaluation of your undergraduate program in Genomic Sciences. I am pleased to write that, in my opinion, it is one of the most comprehensive and highest quality programs that I have had the privilege of evaluating during my academic career.

During my recent visit to your Institute, I was impressed by the caliber of the students in your program. My interactions with them convinced me that they were well selected and very passionate about their studies. The questions that they posed to me and subsequent discussion that we had, demonstrated that they each had a broad-based education with enough detailed knowledge to begin independent thinking of problems in genomic sciences. Moreover, over the last two years, I have had the pleasure of receiving three of your undergraduate students in my research laboratory for 10-week research rotations. I am proud to write that each student was very productive during his/her tenure in my laboratory. Each student was mature, learned new protocols quickly, and critically thought about the implications of their experimental results. Moreover, each student ended up with justified co-authorships on research papers published in journals including *Human Molecular Genetics*, *BMC Genomics*, and *American Journal of Human Genetics*. This is a clear testament to the academic foundation that your program in Genomic Sciences has provided.

I have also now reviewed your latest Curricular Map (2008) for this program and find it to be a well thought-out proposal. In particular, I am impressed with the logical progression of basic courses to advanced courses to courses requiring integrative analyses. This all prepares the students for a very practical research component in semesters 7 and 8 – which will undoubtedly make your students very competitive for graduate programs worldwide.

In summary, I am very impressed with your undergraduate program and would desire to have some changes made to our Harvard University Undergraduate Program in Biological Sciences that mimic what you have already accomplished. I wish you and your colleagues continued success in this academic training program and look forward to the many scientific breakthroughs that your students will inevitably make.

Sincerely yours,

A handwritten signature in cursive script that reads "Charles Lee". The signature is written in black ink and is positioned below the "Sincerely yours," text.

Charles Lee, Ph.D.
Director of Cytogenetics, Harvard Cancer Center
Assistant Professor, Harvard Medical School
Associate Faculty Member, MIT Broad Institute

Anexo Bibliográfico

Semestre 1

BIOLOGÍA MOLECULAR

OBJETIVO: Que el alumno comprenda cómo se organizan los genomas de los organismos vivos y las partes que los componen; qué son los genes, cómo y dónde están organizados, cómo se replican, cómo cambian y cómo se expresan. Que el alumno estudie las hipótesis y experimentos que definieron la biología molecular, así como asimile los conceptos, los elementos y los mecanismos que establecen cómo funcionan los genes.

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Brown, T. A. (2007) *Genomes* 3rd edition, Garland Sciences Publishing.
- Lewin, B. (2008). *Genes IX*. Jones and Bartlett Publishers.
- Watson D.J., Baker T.A., Bell S.P., Gann A., Levin M., and Losick R.; *Molecular Biology of the Gene*; CSHL Press; 2004; 5th edition.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- *Encyclopedia of Life Sciences*
- Artículos originales de revistas científicas.

BIOQUÍMICA

OBJETIVO: Que el alumno conozca y explique los principios físicos y químicos que gobiernan la estructura y comportamiento de las moléculas de interés biológico. Que el alumno estudie a profundidad las bases de la bioquímica, entienda y maneje sus fundamentos.

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- McMurry John E. and Begley Tadhg P. *The Organic Chemistry of Biological Pathways* Roberts & Company Publishers; 1 edition (February 2005)
- Housecroft, C. E. & E. C. Constable Pearson *Chemistry: An Introduction to Organic, Inorganic & Physical Chemistry*. Prentice Hall; 3rd Edition; 2005.
- Nelson, David. L. & Michael M. Cox.; *Lehninger: Principles of Biochemistry*; W. H. Freeman and Company, New York; 2008; 5th Edition.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Artículos originales de revistas científicas.

BIOLOGÍA CELULAR

OBJETIVO: Que el alumno comprenda cómo se organizan y componen las células de los organismos vivos; que entienda los elementos que componen a las células tanto procarióticas como eucarióticas, así como sus procesos fundamentales.

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Alberts, Johnson, Lewis, Ralf, Roberts and Walter; *Molecular Biology of the Cell*; Pearson; 2004; 5th edition.
- Cooper, G. M. and Hausman, R. E. (2006). *The Cell: A Molecular Approach*, 4th edition, ASM Press and Sinauer Associates.
- Maynard Smith John and Szathmáry Eörs. *The Origins of Life. From the Beginning of Life to the Origins of Language*. Oxford University Press. 1999

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- *Encyclopedia of Life Sciences*
- Artículos originales de revistas científicas.

PRINCIPIOS DE PROGRAMACIÓN

OBJETIVO: Que el alumno conozca las bases y antecedentes de la computación, así como que comprenda los conceptos básicos de programación, adquiriendo un pensamiento abstracto que le permita resolver problemas mediante la implementación de programas computacionales. Que el alumno se inicie en la programación mediante la implementación de programas computacionales en diversos lenguajes de programación.

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Wirth, N. *Algoritmos y Estructuras de Datos*. Prentice Hall, 1987.
- Lipschutz, S. *Estructura de Datos*. Serie Schaum en Computación. McGraw-Hill, 1988.
- Wirth, N. *Algoritmos + Estructuras de Datos = Programas*. Dossat, 1992.
- Dijkstra, E.W. *A Discipline of Programming*. Prentice Hall, 1997.
- Knuth, D.E. *The Art of Computer Programming Vol. 1, 2, and 3* (3rd Ed.). Addison Wesley, 1997.
- Sudkamp, T. A. *Languages and Machines: An Introduction to the Theory of Computer Science* (2nd Ed.). Addison-Wesley, 1998.
- Hopcroft, J. E., Motwani, R. and Ullman, J. D. *Introduction to Automata Theory, Languages and Computation* (2nd Ed.). Addison-Wesley Longman, 2000.
- Kernighan, B.W., y Ritchie, D.M. *El Lenguaje de Programación C* (2da Ed.). Prentice Hall, 1991.
- Schwartz, R.L., and Phoenix, T. *Learning Perl* (3rd Ed.). O'Reilly, 2001.
- Wall, L., Christiansen, T., and Orwant, J. *Programming Perl* (3rd Ed.). O'Reilly, 2000.
- Ralston, A., Reilly, E. D. and Hemmendinger, D. *Encyclopedia of Computer Science* (4th Ed.). Nature Publishing Group, 2000.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Turing, A. (1950). Computing machinery and intelligence. *Mind* LIX: 433-460.
- Benenson Y., Adar R., Paz-Elizur T., Livneh Z., Shapiro E. DNA molecule provides a computing machine with both data and fuel. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* **100(5)**, 2191-2196. 2003.
- Benenson Y, Gil B, Ben-Dor U, Adar R, Shapiro E. An autonomous molecular computer for logical control of gene expression. *Nature*. **429(6990)**, 423-429. 2004.
- Hayes, B. Computing comes to life. *American Scientist*. **89(3)**, 204-208. 2001.
- Chen J., Wood D.H. Computation with biomolecules. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* **97(4)**, 1328-1330. 2000.
- Hayes, B. Graph Theory in Practice: Part I. *American Scientist*. **88(1)**, 9-13. 2000.
- Hayes, B. Graph Theory in Practice: Part II. *American Scientist*. **88(2)**, 104-109. 2000.
- Ravasz E., Somera A.L., Mongru D.A., Oltvai Z.N., Barabasi A.L. Hierarchical organization of modularity in metabolic networks. *Science*. **297(5586)**, 1551-1555. 2002.
- Agar, J. and Turney, J. *Turing and the Universal Machine: The Making of the Modern Computer*. Totem Books Press, 2001.
- Aho, A. V. and Hopcroft, J. E. *The Design and Analysis of Computer Algorithms*. Addison-Wesley Longman, 1974.
- Atallah, M. J., Fox, S. and Lassandro, S. *Algorithms and Theory of Computation Handbook*. CRC Press, 1998.
- Cormen, T.H., Leiserson, C.E., Rivest, R.L. and Stein, C. *Introduction to Algorithms* (2nd Ed.). The MIT Press, 2001.
- Baase, S. and Van Gelder, A. *Computer Algorithms: Introduction to Design and Analysis* (3rd Ed.). Addison-Wesley Longman, 1999.
- Kingston, J. H. *Algorithms and Data Structures: Design, Correctness* (2nd Ed.). Addison-Wesley Longman, 1997.
- Knuth, D. E. and Greene, D. H. *Mathematics for the Analysis of Algorithms* (3rd Ed.). Birkhauser Boston Press, 1999.
- Okasaki, C. *Purely Functional Data Structures*. Cambridge University Press, 1999.
- Skiena, S. S. *The Algorithm Design Manual*. Springer-Verlag, 1997.

SEMINARIO 1

OBJETIVO: Que el alumno conozca y sepa utilizar diferentes recursos bioinformáticos que le permitan resolver aquellos problemas más frecuentes en las ciencias genómicas; que conozca las bases de datos y herramientas más importantes y de uso más frecuente, así como la información que puede obtener de cada una de ellas y cómo interpretarla; además, que descubra las aplicaciones de la bioinformática, sus métodos, alcances y limitaciones, en distintas áreas de estudio de las ciencias genómicas.

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Claverie, J.M. and Notredame, C.; *Bioinformatics for Dummies*; Wiley Publishing Group.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Malcom Campbell & Laurie J. Heyer.; *Genomics, Proteomics, & Bioinformatics*; CSHL Press.

MATEMÁTICAS 1

OBJETIVO: Que el alumno maneje, a nivel introductorio, una serie de temas, los cuales resultarán complementarios a otros cursos, útiles como herramientas en materias posteriores y a lo largo de su vida profesional. Si bien no se abarcarán todos los temas a profundidad, se espera que el alumno adquiera una base sólida sobre la cual pueda construir posteriormente si así lo requiere. Este curso es además un primer acercamiento a la formalidad matemática. Como tal, se espera que el alumno realice sus primeras demostraciones, que empiece a entender la idea de estructura y que adquiera la confianza necesaria para resolver problemas y acercarse a temas con contenido matemático.

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Cárdenas H., Lluís E., Raggi F., Tomás F.; *Álgebra Superior*; ed. Trillas.
- Grimaldi R.P. ; *Matemáticas Discreta y Combinatoria*; ed. Addison Wesley.
- Shifrin T., Adams M.; *Linear Algebra, a geometric approach*. Freeman and Company, 2002
- Wallis W.D.; *A beginner's Guide to Discrete Mathematics*; ed. Birkhauser.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Pérez Seguí M.L.; *Combinatoria*; Cuadernos de Olimpiada de Matemáticas.

Semestre 2

PRINCIPIOS DE ESTADÍSTICA

OBJETIVO: Que el alumno comprenda los conceptos y principios básicos de la estadística adquiriendo una visión intuitiva de la probabilidad, para después poder aplicar estos conocimientos en el análisis de datos y validar hipótesis mediante herramientas estadísticas.

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- D. D. Wackerly, W. MendelHall III & R. L. Scheaffer; *Estadística Matemática con Aplicaciones*; Thomson; 2002; Sexta edición.
- R. G. D. Steel & J. H. Torrie; *Principles and Procedures of Statistics. A Biometrical Approach*; McGraw Hill; 1980; Segunda Edición.
- S. Lipschutz & M. Lipson; *Probabilidad*; McGraw Hill; 2001; Segunda Edición.
- M. R. Spiegel; *Estadística*; McGraw Hill; 1996.
- R. I. Levin & D. S. Rubin; *Estadística*; Prentice Hall; 1996; Sexta edición

GENÉTICA

OBJETIVO: Que el alumno conozca, entienda y pueda explicar los conceptos y principios básicos de genética, empleando estos conceptos para obtener una visión evolutiva de la biología, resolver problemas relacionados y comprender el contexto de las ciencias genómicas.

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Griffiths, A.J., et al.; *An Introduction to Genetic Analysis*; WH Freeman & Col Ltd.; 2007; 9 Rev Ed edition.
- Brown, T.; *Genomes 3*; Garland Pub.; 2006; 3rd edition.
- Pasternak, J.J.; *Introduction to Human Molecular Genetics*; Wiley-Liss; 2005; 2nd edition.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- *Encyclopedia of Life Sciences*

Artículos originales de revistas científicas.

MATEMÁTICAS 2

OBJETIVO: Que el alumno entienda la teoría y conceptos respecto de los espacios vectoriales como una estructura básica en matemáticas y con múltiples aplicaciones, tales como el estudio de ecuaciones diferenciales, que se usan frecuentemente para realizar modelos en ciencias genómicas.

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- S. Friedberg, A. J. Insel, L. E. Spence; *Linear Algebra*; Prentice Hall; 3ra edición.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Artículos originales de revistas científicas.

COMPUTACIÓN

OBJETIVO: Que el alumno comprenda y se familiarice con el análisis y diseño de algoritmos; la gestión de memoria dinámica, y su utilidad en el desarrollo de programas computacionales; el paradigma de programación orientada a objetos; los métodos numéricos básicos y su importancia para las ciencias

genómicas y ejercite este conocimiento mediante el desarrollo de programas aplicados a la bioinformática y las ciencias genómicas.

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Aho, A.V., Hopcroft, J.E., and Ullman, J.D. *Data Structures and Algorithms*. Addison-Wesley, 1983.
- Knuth, D.E. *The Art of Computer Programming: Fundamental Algorithms* (Vol. 2, 3rd Ed.). Addison Wesley, 1997.
- Graham, R., Patashnik, O. and Knuth, D.E. *Concrete Mathematics: A Foundation for Computer Science* (2nd Ed.). Addison-Wesley, 1994.
- Papadimitriou, C.H. and Steiglitz, K. *Combinatorial Optimization: Algorithms and Complexity*. Dover Publications, 1998.
- Garey, M.R., and Johnson D.S. *Computers and Intractability: A Guide to the Theory of NP-Completeness*. W.H. Freeman and Company, 1979.
- Johnsonbaugh, R. *Discrete Mathematics* (5th Ed.). Prentice Hall, 2000.
- Suppes, P. y Hill, S. *Introducción a la Lógica Matemática*. Editorial Reverté, 1990.
- Chang, C.-L. and Lee, R.C.-T. *Symbolic Logic and Mechanical Theorem Proving*. Academic Press, 1987.
- Kernighan, B.W., y Ritchie, D.M. *El Lenguaje de Programación C* (2da Ed.). Prentice Hall, 1991.
- Martín, J., y Odell, J.J. *Análisis y Diseño Orientado a Objetos*. Prentice Hall, 1994.
- Burden, R.L., y Faires, J.L. *Análisis Numérico*. Editorial Iberoamérica, 1996.
- Scraton, R.E. *Métodos Numéricos Básicos*. McGraw-Hill, 1996.
- Knuth, D.E. *The Art of Computer Programming: Seminumerical Algorithms* (Vol. 2, 3rd Ed.). Addison Wesley, 1997.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Press, W.H., Flannery, B.P., Teukolsky, S.A., Vetterling, W.T. *Numerical Recipes in C: The Art of Scientific Computing* (2nd Ed.). Cambridge University Press, 1992.
- Baase, S. and Van Gelder, A. *Computer Algorithms: Introduction to Design and Analysis* (3rd Ed.). Addison-Wesley Longman, 1999.
- Kingston, J. H. *Algorithms and Data Structures: Design, Correctness* (2nd Ed.). Addison-Wesley Longman, 1997.
- Knuth, D. E. and Greene, D. H. *Mathematics for the Analysis of Algorithms* (3rd Ed.). Birkhauser Boston Press, 1999.
- Knuth, D. E. *Selected Papers on Analysis of Algorithms*. C S L I Publications, 2000.
- Silverman, J.H.H. *A Friendly Introduction to Number Theory* (2nd Ed.). Prentice Hall, 2001.
- Rosen, K. H. H. *Discrete Mathematics and its Applications: Student Guide* (4th Ed.). McGraw-Hill, 1998.
- Swan, T. *Mastering Borland C++*. Sams Publishing, 1992.
- Press, W.H. (Editor), Teukolsky, S.A. (Editor), Vetterling, W.T., Flannery, B.P. *Numerical Recipes in C++: The Art of Scientific Computing* (2nd Ed.). Cambridge University Press, 1992.

PRINCIPIOS DE EVOLUCIÓN

OBJETIVO: Que el alumno conozca los diferentes procesos y mecanismos que participan en la generación de la diversidad biológica y aprenda los conceptos que permiten su valoración cualitativa y cuantitativa, así como que asimile los conceptos que definen a la especie como la unidad biológica, taxonómica y evolutiva. Que el alumno analice las distintas teorías evolutivas, sus alcances, limitaciones y su relevancia en el estudio de la evolución genómica

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Freeman, Scott; Herron, Jon C.; *Evolutionary Analysis*; Benjamin Cummings; Prentice Hall; 2007; 4th edition.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Artículos originales de revistas científicas.

SEMINARIO 2

OBJETIVO: Que el alumno conozca los fundamentos teóricos de las metodologías generales empleadas para el análisis de ácidos nucleicos, proteínas, la secuenciación y análisis de genomas, así como las metodologías más recientes empleadas en las ciencias genómicas.

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Watson, J.D., Caudy, A. A., Myers, R.M. and Witkowski, J.A.; *Recombinant DNA: Genes and Genomes — A Short Course*; Third Edition; Cold Spring Harbor Lab. Press; CSH New York; 2007.
- Baum, S. J., Scott-Ennis, R. J., and Hill, J W; *Chemistry and Life: An Introduction to General, Organic and Biological Chemistry*; Prentice Hall; 1999.
- *Biophysics Textbook Online*; <http://www.biophysics.org/btol/>
- Creighton, T. E.; *Proteins: Structures and Molecular Properties*; W.H. Freeman & Co., 1992.
- Crothers, D. M., Kill, J., Tinoco, I., Hearst, J. E., Wemmer, D. E., and Bloomfield, V. A.; *Nucleic Acids: Structures, Properties, and Functions*; University Science Books; 2000.
- Cheng, J., and Kricka, L.; *Biochip Technology*; Taylor & Francis, Inc.; 2001.
- Gait, M. G., and Blackburn, G. M.; *Nucleic Acids in Chemistry and Biology*; Oxford University Press Inc.; 1995.
- Jordan, B.; *DNA Microarrays: Gene Expression Applications*; Springer-Verlag; 2001.
- Schena, M.; *Microarray Biochip Technology*; Eaton Publishing Company/Bio Techniques Books Division; 2000.
- van Holde, K.E., Johnson, W.C., and Ho, P.S.; *Principles of Physical Biochemistry*; Prentice Hall Inc.; 1998.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Artículos originales de revistas científicas.

Semestre 3

MATEMÁTICAS 3

OBJETIVO: Que el alumno conozca la teoría y aplicaciones prácticas del cálculo diferencial e integral y del planteamiento, resolución y propiedades de las soluciones de las ecuaciones diferenciales.

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- J. Stewart; *Cálculo Diferencial e Integral*; International Thomson Editores; 1998.
- R. Greenwell, N. Ritchey & M. Lial; *Calculus for the Life Sciences*; Addison-Wesley; 2003.
- W. A. Granville, P. F. Smith & W. R. Longley; *Cálculo Diferencial e Integral*; Limusa; 2007.
- C. Bosch-Giral, M. Guerra Tejada, C. Hernández GarcíaDiego, E. Oteyza de Oteyza; *Cálculo Diferencial e Integral*; Publicaciones Culturales; 1991.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Artículos originales de revistas científicas.

GENÓMICA FUNCIONAL 1

OBJETIVO: Que el alumno estudie a profundidad los conceptos y mecanismos básicos de la biología molecular de los organismos, adquiriendo conocimientos avanzados y detallados sobre procesos fundamentales como la replicación, transcripción y traducción en organismos procariontes y eucariontes.

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Brown, T. A.; *Genomes*; Garland Sciences Publishing; 2007; 3rd edition.
- Lodish et al.; *Molecular Cell Biology*; W. H. Freeman and Company; 2004; 5th edition.
- Lewin B.; *Genes IX*; Jones & Bartlett Publishers, Inc.; 2007; 9th edition.
- Strachan, T., and Read, A. P.; *Human Molecular Genetics*; Garland Sciences Publishing; 2004; 3rd edition.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Artículos originales de revistas científicas.

GENÓMICA EVOLUTIVA 1

OBJETIVO: Que el alumno obtenga una sólida base de conocimientos teóricos y prácticos sobre aspectos fundamentales de la inferencia filogenética y evolución molecular, abarcando desde el escrutinio de bases de datos de secuencias mediante BLAST, determinación e interpretación de homología, el alineamiento de múltiples secuencias, la interconversión de formatos y el ajuste de modelos de sustitución a los datos, hasta la edición e interpretación de las topologías obtenidas mediante diversos métodos de reconstrucción.

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Felsenstein, J.; *Inferring Phylogenies*; Sinauer Associates, INC.; Sunderland, MA.; 2004.
- Futuyma, D.J.; *Evolution*; Sinauer Associates, INC.; Sunderland, MA.; 2005.
- Graur, D., Li, W.H.; *Fundamentals of Molecular Evolution*; Sinauer Associates, Inc., Sunderland. 2000.
- Nei, M., Kumar, S.; *Molecular Evolution and Phylogenetics*; Oxford University Press, Inc., NY; 2000.

- Page, R.D.M., Holmes, E.C.; *Molecular Evolution - A Phylogenetic Approach*; Blackwell Science Ltd, Oxford; 1998.
- Swofford, D.L., Olsen, G.J., Waddell, P.J., Hillis, D.M.; *Phylogenetic Inference*; 1996.
- In: Hillis, D.M., Moritz, C., Mable, B.K.; *Molecular Systematics*; Sinauer Associates, Sunderland, MA.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Artículos originales de revistas científicas.

BIOINFORMÁTICA Y ESTADÍSTICA 1

OBJETIVO: Que el alumno comprenda a detalle y profundidad los principales algoritmos utilizados en las ciencias genómicas para el análisis de secuencias, análisis de moléculas y análisis de datos masivos..

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- R web page : <http://www.r-project.org/>

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- van Helden J. Regulatory sequence analysis tools. *Nucleic Acids Res.* 2003 Jul 1;31(13):3593-6.
- van Helden J, Rios AF, Collado-Vides J. Discovering regulatory elements in non-coding sequences by analysis of spaced dyads. *Nucleic Acids Res.* 2000 Apr 15;28(8):1808-18.
- van Helden J, André B, Collado-Vides J. Extracting regulatory sites from the upstream region of yeast genes by computational analysis of oligonucleotide frequencies. *J Mol Biol.* 1998 Sep 4;281(5):827-42.
- Stormo GD. Consensus patterns in DNA. *Methods Enzymol.* 1990;183:211-21.
- Hertz GZ, Hartzell GW 3rd, Stormo GD. Identification of consensus patterns in unaligned DNA sequences known to be functionally related. *Comput Appl Biosci.* 1990 Apr;6(2):81-92.
- Schug J, Overton GC. Modeling transcription factor binding sites with Gibbs Sampling and Minimum Description Length encoding. *Proc Int Conf Intell Syst Mol Biol.* 1997;5:268-71.
- Zhou Q, Liu JS. Modeling within-motif dependence for transcription factor binding site predictions. *Bioinformatics.* 2004 Apr 12;20(6):909-16. Epub 2004 Jan 29.
- Bailey TL, Baker ME, Elkan CP. An artificial intelligence approach to motif discovery in protein sequences: application to steroid dehydrogenases. *J Steroid Biochem Mol Biol.* 1997 May;62(1):29-44.
- Ortiz AR, Strauss CE, Olmea O. MAMMOTH (matching molecular models obtained from theory): an automated method for model comparison. *Protein Sci.* 2002 Nov;11(11):2606-21.
- Contreras-Moreira B, Branger PA, Collado-Vides J. TFmodeller: comparative modelling of protein-DNA complexes. *Bioinformatics.* 2007 Jul 1;23(13):1694-6. Epub 2007 Apr 25

MODELOS GENÓMICOS

OBJETIVO: Que el alumno revise y estudie los organismos modelo más utilizados en las ciencias genómicas, sus características principales y ventajas que los hacen ser buenos modelos biológicos, así como sus características genómicas.

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Artículos originales de revistas científicas.
- Blattner FR, et al.; "The Complete Genome Sequence of Escherichia coli K-12"; *Science*; 1997; 277(5331):1453 – 1462.
- González V, et al.; "The partitioned Rhizobium etli genome: genetic and metabolic redundancy in seven interacting replicons"; *Proc. Natl. Acad. Sci.*; 2006;103(10):3834-3839.
- Philippsen P, et al.; "The nucleotide sequence of Saccharomyces cerevisiae chromosome XIV and its evolutionary implications"; *Nature*; 1997;387:93-98.
- Arabidopsis Genome Initiative; "Analysis of the genome sequence of the flowering plant Arabidopsis thaliana"; *Nature*; 2000; 408:796-815.
- Gardner MJ, et al.; "Genome sequence of the human malaria parasite Plasmodium falciparum"; *Nature*; 2002; 419:498-511.
- Loftus B, et al.; "The genome of the protist parasite Entamoeba histolytica"; *Nature*; 2005; 433:865-868.

- C. elegans Sequencing Consortium; "Genome sequence of the nematode C. elegans: a platform for investigating biology"; *Science*; 1998; 282(5396):2012-2018.
- Adams MD, et al.; "The genome sequence of Drosophila melanogaster"; *Science*; 2000; 287(5461):2185-2195.
- International Chicken Genome Sequencing Consortium; "Sequence and comparative analysis of the chicken genome provide unique perspectives on vertebrate evolution"; *Nature*; 2004; 432:695-716.
- Lindblad-Toh K, et al.; "Genome sequence, comparative analysis and haplotype structure of the domestic dog"; *Nature*; 2005; 438:803-819.
- Mouse Genome Sequencing Consortium et al.; "Initial sequencing and comparative analysis of the mouse genome"; *Nature*; 2002; 420:520-562.
- Gibbs RA, et al.; "Genome sequence of the Brown Norway rat yields insights into mammalian evolution"; *Nature*; 2004; 428:493-521.
- Chimpanzee Sequencing and Analysis Consortium; "Initial sequence of the chimpanzee genome and comparison with the human genome"; *Nature*; 2005; 437:69-87.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Galagan JE, et al.; "The genome sequence of the filamentous fungus *Neurospora crassa*"; *Nature*; 2003; 422:859-68.
- The French-Italian Public Consortium for Grapevine Genome Characterization; "The grapevine genome sequence suggests ancestral hexaploidization in major angiosperm phyla"; *Nature*; 2007; 449: 463-468.
- Nene V, et al.; "Genome sequence of *Aedes aegypti*, a major arbovirus vector"; *Science*; 2007; 316(5832):1718-1723.
- Honeybee Genome Sequencing Consortium; "Insights into social insects from the genome of the honeybee *Apis mellifera*"; *Nature*; 2006; 443:931-949.
- Aparicio S, et al.; "Whole-genome shotgun assembly and analysis of the genome of *Fugu rubripes*"; *Science*; 2002; 297(5585):1301-1310.
- Jaillon O, et al.; "Genome duplication in the teleost fish *Tetraodon nigroviridis* reveals the early vertebrate proto-karyotype"; *Nature*; 2004; 431:946-957.
- Pontius JU, et al.; "Initial sequence and comparative analysis of the cat genome"; *Genome Res.*; 2007; 17(11):1675-1689.
- Rhesus Macaque Genome Sequencing and Analysis Consortium et al.; "Evolutionary and biomedical insights from the rhesus macaque genome"; *Science*; 2007; 316(5822):222-234.
- Lander ES, et al.; "Initial sequencing and analysis of the human genome"; *Nature*; 2001; 409:860-921.

International Human Genome Sequencing Consortium; "Finishing the euchromatic sequence of the human genome"; *Nature*; 2004; 431:931-945

SEMINARIO 3

OBJETIVO: Que el alumno profundice en temas de actualidad en las ciencias genómicas sobre un grupo de organismos.

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Artículos originales de revistas científicas.
- Williamson, Shannon J. et al. ; "The Sorcerer II Global Ocean Sampling Expedition: Metagenomic Characterization of Viruses within Aquatic Microbial Samples"; *PLoS ONE*, 2008, 3(1):e1456.
- Bhaya, Devaki, et al.; "Population level functional diversity in a microbial community revealed by comparative genomic and metagenomic analyses"; *The ISME Journal*, 2007 Dec, 1(8):703-13.
- Fierer, Noah, et al.; "Metagenomic and Small-Subunit rRNA Analyses Reveal the Genetic Diversity of Bacteria, Archaea, Fungi, and Viruses in Soil"; *Applied and Environmental Microbiology*; Vol. 73, no. 21, pp. 7059-7066.
- Jones, Brian V; Marchesi, Julian R; Accessing the mobile metagenome of the human gut microbiota; *Molecular bioSystems*, 2007 Nov, 3(11):749-58.
- McHardy, Alice C; Rigoutsos, Isidore;" What's in the mix: phylogenetic classification of metagenome sequence samples"; *Current Opinion in Microbiology*, 2007 Oct, 10(5):499-503.
- Raes, Jeroen; Foerstner, Konrad Ulrich; Bork, Peer; "Get the most out of your metagenome: computational analysis of environmental sequence data"; *Current Opinion in Microbiology*, 2007 Oct, 10(5):490-8.
- Koonin, EV; "Metagenomic sorcery and the expanding protein universe"; *Nature Biotechnology*; Vol. 25, no. 5, pp. 540-542.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Artículos originales de revistas científicas.

Semestre 4

MATEMÁTICAS 4

OBJETIVO: Que el alumno aprenda y entienda la aplicación de las transformaciones lineales de espacios vectoriales para la solución de ecuaciones diferenciales con aplicaciones a la biología de sistemas.

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- D. G. Zill & M. R. Cullen; *Ecuaciones Diferenciales con Problemas de Valores en la Frontera*; Thomas Learning; 2002; Quinta edición.
- J. W. Dettman; *Introduction to Linear Algebra and Differential Equations*; Dover Publications, 1986.
- R. Greenwell, N. Ritchey & M. Lial; *Calculus for the Life Sciences*; Addison-Wesley, 2003.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Artículos originales de revistas científicas.

GENÓMICA FUNCIONAL 2

OBJETIVO: Que el alumno estudie a profundidad los conceptos y mecanismos básicos de la biología molecular de los organismos, adquiriendo conocimientos avanzados y detallados sobre procesos fundamentales como la replicación, transcripción y traducción en organismos procariontes y eucariontes.

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Brown, T. A.; *Genomes*; Garland Sciences Publishing; 2007; 3rd edition.
- Lodish et al.; *Molecular Cell Biology*; W. H. Freeman and Company; 2004; 5th edition.
- Lewin B.; *Genes IX*; Jones & Bartlett Publishers, Inc.; 2007; 9th edition.
- Strachan, T., and Read, A. P.; *Human Molecular Genetics*; Garland Sciences Publishing; 2004; 3rd edition.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Artículos originales de revistas científicas.

BIOINFORMÁTICA Y ESTADÍSTICA 2

OBJETIVO: Que el alumno entienda y aplique las diversas metodologías y técnicas aplicadas en la conceptualización de un sistema, siendo capaz de modelar un sistema usando ontologías o modelos de esquemas de datos (ER). Además, que aprenda a manejar una base de datos relacional y realice la construcción de una interfaz Web que permita consultar, agregar y desplegar información de los datos contenidos en una base de datos con contenido biológico.

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Codd E.F.; *A Relational Model of Data for Large Shared Data Banks*; Communications of the ACM, Vol. 13, No. 6, June 1970, pp. 377-387.
- Bulger Brad, Greenspan Jay, Wall David; *MySQL/PHP Database Applications*; Wiley Publishing USA 2004, 2a edición.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

SQL

- <http://www.mailxmail.com/curso/informatica/disenobasesdatosrelacionales/capitulo2.htm>
- http://es.wikipedia.org/wiki/Base_de_datos
- mysql.com
- <http://www.webestilo.com/mysql/intro.phtml>
- <http://mysql.conclase.net/curso/>

PERL

- Perl en español <http://www.merelo.net/tutoperl/indice.html>
- Curso de Perl <http://www.geocities.com/SiliconValley/Station/8266/perl/>
- Rex Swain's Perl 5 Reference Guide <http://www.rexswain.com/perl5.html>
- Data structures cookbook <http://www.perl.com/doc/FMTEYEWTK/pdsc/>
- Perl for Biologists <http://www.internetbiologists.org/IB-perl/index.html>
- Perl Programming for Biologists <http://www3.interscience.wiley.com/cgi-bin/bookhome/109855598>
- Beginning Perl for Bioinformatics <http://proquest.safaribooksonline.com/0596000804>
- Mastering Perl for Bioinformatics <http://proquest.safaribooksonline.com/0596003072>
- Bioinformatics Biocomputing and Perl <http://www3.interscience.wiley.com/cgi-bin/bookhome/110522440>
- perl.com <http://www.perl.com/>
- Beginning Perl http://learn.perl.org/library/beginning_perl/
- Programming Perl <http://proquest.safaribooksonline.com/0596000278>
- Perl Cookbook <http://proquest.safaribooksonline.com/0596003137>

Bioperl

- Bioperl tutorial <http://bioperl.org/Core/Latest/bptutorial.html>
- Bioperl course <http://www.pasteur.fr/recherche/unites/sis/formation/bioperl/>

Interfaz DBI

- A Short Guide to DBI <http://www.perl.com/pub/a/1999/10/DBI.html>
- Perl DBI Tutorial (The Basics) <http://sol4.net/projects/project4.shtml>
- How To Use Perl DBI For Database Programming <http://perl.about.com/od/perldbiprogramming/>
- Perl and Databases http://dc.pm.org/talks/perl_db.html
- Using Perl DBI to interface to MySQL <http://www.danchan.com/feature/2000/10/16/mysql/mysql3.htm>
- Programming the Perl DBI <http://proquest.safaribooksonline.com/1565926994>
- Bioinformatics and Functional Genomics <http://www3.interscience.wiley.com/cgi-bin/bookhome/109870841>
- Koders <http://www.koders.com/>

GENÓMICA EVOLUTIVA 2

OBJETIVO: Que el alumno conozca, entienda y pueda explicar los conceptos y principios básicos de la genética de poblaciones, empleando estos conceptos para obtener una visión evolutiva de la biología, resolver problemas relacionados y comprender el contexto de las ciencias genómicas.

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Gillespie, J.H.; *Population genetics: A Concise Guide*; The John Hopkins University Press; Baltimore and London; 2007.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Ewens, W.J.; *Mathematical Population Genetics: Theoretical Introduction*; Springer; 2005; (2nd. Ed).
- Futuyma, D.J.; *Evolution*; Sinauer Associates Inc.; Sunderland, Mass.; 2005.
- Hartl, D.L., Clark, A.G.; *Principles of Population Genetics*; Sinauer Associates Inc.; Sunderland, Mass.; 2006.
- Hein, J., Schierup, M.H., Wiuf, C.; *Gene Genealogies, Variation and Evolution: A Primer in Coalescent Theory*; Oxford University Press; London; 2005.
- Hedrick, P.W.; *Genetics of Populations*; Jones and Bratlett Publ.; 2004.
- Templeton, A.R.; *Population Genetics and Microevolutionary Theory*; Wiley-Liss; 2006.

GENÓMICA HUMANA

OBJETIVO: Que el alumno conozca a profundidad conceptos relacionados con el genoma humano desde una perspectiva genómica, evolutiva, funcional, etc.; cómo obtener, manejar y analizar la información relacionada a éste y discuta su importancia e impacto en áreas como la medicina, la ética, la legislación, entre otras.

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Strachan, T., and Read, A. P.; *Human Molecular Genetics*; Garland Sciences Publishing; 2004; 3rd edition.
- Lander ES, et al.; "Initial sequencing and analysis of the human genome"; *Nature*; 2001; 409:860-921.
- International Human Genome Sequencing Consortium; "Finishing the euchromatic sequence of the human genome"; *Nature*; 2004; 431:931-945.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Artículos originales de revistas científicas.
- International Chicken Genome Sequencing Consortium; "Sequence and comparative analysis of the chicken genome provide unique perspectives on vertebrate evolution"; *Nature*; 2004; 432:695-716.
- Lindblad-Toh K, et al.; "Genome sequence, comparative analysis and haplotype structure of the domestic dog"; *Nature*; 2005; 438:803-819.
- Pontius JU, et al.; "Initial sequence and comparative analysis of the cat genome"; *Genome Res.*; 2007; 17(11):1675-1689.
- Mouse Genome Sequencing Consortium et al.; "Initial sequencing and comparative analysis of the mouse genome"; *Nature*; 2002; 420:520-562.
- Gibbs RA, et al.; "Genome sequence of the Brown Norway rat yields insights into mammalian evolution"; *Nature*; 2004; 428:493-521.
- Rhesus Macaque Genome Sequencing and Analysis Consortium et al.; "Evolutionary and biomedical insights from the rhesus macaque genome"; *Science*; 2007; 316(5822):222-234.
- Chimpanzee Sequencing and Analysis Consortium; "Initial sequence of the chimpanzee genome and comparison with the human genome"; *Nature*; 2005; 437:69-87.
- ENCODE Project Consortium, et al. (2007). "Identification and analysis of functional elements in 1% of the human genome by the ENCODE pilot project." *Nature*; 447: 799-816.
- Ross, M. T., D. V. Grafham, et al. (2005). "The DNA sequence of the human X chromosome." *Nature*; 434(7031): 325-337.
- Graves, J. A. M. (2006). "Sex Chromosome Specialization and Degeneration in Mammals." *Cell*; 124(5): 901-914.
- The International HapMap, C. (2005). "A haplotype map of the human genome." *Nature*; 437(7063): 1299-1320.
- Feuk, L., A. R. Carson, et al. (2006). "Structural variation in the human genome." *Nat Rev Genet*; 7: 85-97.

SEMINARIO 4

OBJETIVO: Que el alumno conozca los conceptos y fundamentos de bioética y la relación que tienen con las ciencias genómicas, así como la importancia de reconocer el impacto que estas tendrán en la vida cotidiana. Que el alumno domine, de manera particular la temática del ELSI (Ethical, Legal, and Social Issues) derivados a partir de la secuenciación del genoma humano.

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Garrard Post, S., *Encyclopedia of Bioethics*. 3 Sub edition ed. 2003: MacMillan Reference Books. 3000.
- Gert, B., C.M. Culver, and K.D. Clouser, *Bioethics: A Systematic Approach*. 2 edition ed. 2006: Oxford University Press. 384.

- Lazer, D., *DNA and the Criminal Justice System: The Technology of Justice*. 2004: The MIT Press. 432.
- Saada, A. and D. Valadés, *Panorama sobre la legislación en materia de genoma humano en América Latina y el Caribe*. 1era edición ed. 2006: Instituto de investigaciones jurídicas. UNAM. 230.
- Steinbock, B., *The Oxford Handbook of Bioethics*. 1 edition ed. 2007: Oxford University Press. 768.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Artículos originales de revistas científicas.

Semestre 5

GENÓMICA INTEGRATIVA 1 (2)

OBJETIVO: Que el alumno comprenda el panorama de la biología del desarrollo evolutiva, fundamentada en los avances crecientes de la ciencia genómicas. El curso cubrirá los conceptos básicos de la biología del desarrollo y la descripción de procesos moleculares y celulares fundamentales en el desarrollo de los organismos, el análisis se hará en los organismos modelo donde existe aplicación de las ciencias genómicas.

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Gilbert, S.F.; *Developmental Biology*; Sinauer Associates Inc.; 2006; 8th edition.
- Laubichler, M.D. and J. Maienschein; *From Embryology to Evo-Devo: A History of Developmental Evolution*; The MIT Press; 2007; 1st edition.
- Schlosser, G. and G.P. Wagner; *Modularity in Development and Evolution*; University of Chicago Press; 2004; 1st edition.
- Wolpert, L., et al.; *Principles of Development*; Oxford University Press; 2006; 3rd edition.
- Carrol, S.B.; *Endless Forms Most Beautiful: The New Science of Evo Devo and the Making of the Animal Kingdom*; WW Norton & Company; 2005; 1st edition.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Artículos originales de revistas científicas.

Semestre 5 y 6

FRONTERAS DE LA GENÓMICA 1(2,3,4)

OBJETIVO: Que el alumno consolide su formación mediante contacto directo con líderes en distintas áreas de la genómica; tales como: bioinformática, genómica funcional, genómica evolutiva, genómica humana, genómica bacteriana, análisis computacional y experimental, genómica comparativa, estadística y tecnología. Esto les brindará una excelente perspectiva para continuar sus estudios en diferentes áreas de las ciencias genómicas.

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- *Artículos originales de revistas de investigación sugeridos por el investigador invitado.*
- Flores, M., et al., Prediction, identification, and artificial selection of DNA rearrangements in *Rhizobium*: Toward a natural genomic design. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2000. 97(16): p. 9138-9143.
- Flores, M., et al., Recurrent DNA inversion rearrangements in the human genome. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2007. 104(15): p. 6099-6106.
- Ivanova, N., et al., Genome sequence of *Bacillus cereus* and comparative analysis with *Bacillus anthracis*. *Nature*, 2003. 423(6935): p. 87-91.
- Kapatral, V., et al., Genome Analysis of *F. nucleatum* sub spp *vincentii* and Its Comparison With the Genome of *F. nucleatum* ATCC 25586. *Genome Res.*, 2003. 13(6a): p. 1180-1189.
- Boffelli, D., et al., Intraspecies sequence comparisons for annotating genomes. *Genome Res.*, 2004. 14(12): p. 2406-2411.
- Berg, K., The ethics of benefit sharing. *Clinical Genetics*, 2001. 59(4): p. 240-243.
- Cambon-Thomsen, A., The social and ethical issues of post-genomic human biobanks. *Nat Rev Genet*, 2004. 5(11): p. 866-873.
- Brenner, S.E., Errors in genome annotation. *Trends in Genetics*, 1999. 15(4): p. 132-133.
- Engelhardt, B.E., et al., Protein Molecular Function Prediction by Bayesian Phylogenomics. *PLoS Computational Biology*, 2005. 1(5): p. e45.
- Thomas, S.A., A.M. Matsumoto, and R.D. Palmiter, Noradrenaline is essential for mouse fetal development. *Nature*, 1995. 374(6523): p. 643-646.
- Zhou, Q.-Y. and R.D. Palmiter, Dopamine-deficient mice are severely hypoactive, adipsic, and aphagic. *Cell*, 1995. 83: p. 1197-1209.
- Bustamante, C.D., et al., Natural selection on protein-coding genes in the human genome. *Nature*, 2005. 437(7062): p. 1153-1157.
- Lazzaro, B.P., T.B. Sackton, and A.G. Clark, Genetic Variation in *Drosophila melanogaster* Resistance to Infection: A Comparison Across Bacteria. *Genetics*, 2006. 174(3): p. 1539-1554.
- Enright, A., et al., MicroRNA targets in *Drosophila*. *Genome Biology*, 2003. 5(1): p. R1.
- Giraldez, A.J., et al., Zebrafish MiR-430 Promotes Deadenylation and Clearance of Maternal mRNAs. *Science*, 2006. 312(5770): p. 75-79.
- Ding, S.-W. and O. Voinne, Antiviral Immunity Directed by Small RNAs. *Cell*, 2007. 130: p. 413-426.
- Wang, X.-H., et al., RNA Interference Directs Innate Immunity Against Viruses in Adult *Drosophila*. *Science*, 2006. 312(5772): p. 452-454.
- Lopez, S. and C.F. Arias, Multistep entry of rotavirus into cells: a Versaillesque dance. *Trends in Microbiology*, 2004. 12(6): p. 271-278.
- Lopez, T., et al., Silencing the Morphogenesis of Rotavirus. *J. Virol.*, 2005. 79(1): p. 184-192.
- Bieber, F.R., Turning Base Hits into Earned Runs: Improving the Effectiveness of Forensic DNA Data Bank Programs. *The Journal of Law, Medicine & Ethics*, 2006. 34(2): p. 222-233.
- Bieber, F.R., C.H. Brenner, and D. Lazer, HUMAN GENETICS: Finding Criminals Through DNA of Their Relatives. *Science*, 2006. 312(5778): p. 1315-1316.
- Cheng, Z., et al., A genome-wide comparison of recent chimpanzee and human segmental duplications. *Nature*, 2005. 437(7055): p. 88-93.
- Tuzun, E., et al., Fine-scale structural variation of the human genome. *Nat Genet*, 2005. 37(7): p. 727-732.
- Huang, S., Back to the biology in systems biology: What can we learn from biomolecular networks? *Brief Funct Genomic Proteomic*, 2004. 2(4): p. 279-297.
- Huang, S., et al., Cell Fate as High-Dimensional Attractor States of a Complex Gene Regulatory Network. *Physical Review Letters*, 2005. 94(128701): p. 1-4.
- Jordan, I.K., L. Marino-Ramirez, and E.V. Koonin, Evolutionary significance of gene expression divergence. *Gene*, 2005. 345(1): p. 119-126.
- Jordan, I.K., et al., Conservation and Coevolution in the Scale-Free Human Gene Coexpression Network. *Mol Biol Evol*, 2004. 21(11): p. 2058-2070.

- Salmeron, J. and L.R. Herrera-Estrella, Plant biotechnology: Fast-forward genomics for improved crop production. *Current Opinion in Plant Biology*, 2006. 9(2): p. 177-179.

APLICACIONES DE LA GENÓMICA 1(2,3,4)

OBJETIVO: Que el alumno consolide su formación mediante la discusión de proyectos de investigación que presenten un componente genómico importante. Esta discusión se realizará directamente con investigadores de instituciones nacionales y extranjeras líderes en su área de investigación; esto brindará nuevas oportunidades de desarrollo de los estudiantes, así como proponer nuevos enfoques en los proyectos de investigación discutidos.

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- *Artículos originales de revistas científicas.*
- Copeland, N.G., N.A. Jenkins, and D.L. Court, Recombineering: a powerful new tool for mouse functional genomics. *Nat Rev Genet*, 2001. 2(10): p. 769-779.
- Yu, D., et al., An efficient recombination system for chromosome engineering in *Escherichia coli*. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2000. 97(11): p. 5978-5983.
- Brom, S., et al., Transfer of the Symbiotic Plasmid of *Rhizobium etli* CFN42 Requires Cointegration with p42a, Which May Be Mediated by Site-Specific Recombination. *J. Bacteriol.*, 2004. 186(22): p. 7538-7548.
- Canizales-Quinteros, S., et al., A novel ARH splice site mutation in a Mexican kindred with autosomal recessive hypercholesterolemia. *Human Genetics*, 2005. 116(1): p. 114-120.
- Clement, H., et al., Isolation and characterization of a novel toxin from the venom of the spider *Grammostola rosea* that blocks sodium channels. *Toxicon*, 2007. 50(1): p. 65-74.
- Cruz-Ramirez, A., et al., Phospholipase DZ2 plays an important role in extraplastidic galactolipid biosynthesis and phosphate recycling in *Arabidopsis* roots. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2006. 103(17): p. 6765-6770.
- The International HapMap Project. *Nature*, 2003. 426(6968): p. 789-796.
- Genome sequence of the Brown Norway rat yields insights into mammalian evolution. *Nature*, 2004. 428(6982): p. 493-521.
- Estrada-Navarrete, G., et al., *Agrobacterium rhizogenes* Transformation of the *Phaseolus* spp.: A Tool for Functional Genomics. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 2006. 19(12): p. 1385-1393.
- Gonzalez, V., et al., The partitioned *Rhizobium etli* genome: Genetic and metabolic redundancy in seven interacting replicons. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2006. 103(10): p. 3834-3839.
- Guerrero, C.A., et al., Salt-dependent expression of ammonium assimilation genes in the halotolerant yeast, *Debaryomyces hansenii*. *Current Genetics*, 2005. 47(3): p. 163-171.
- Hernandez, G., et al., Phosphorus Stress in Common Bean: Root Transcript and Metabolic Responses. *Plant Physiol.*, 2007. 144(2): p. 752-767.
- Huertas-Vazquez, A., et al., Familial Combined Hyperlipidemia in Mexicans: Association With Upstream Transcription Factor 1 and Linkage on Chromosome 16q24.1. *Arterioscler Thromb Vasc Biol*, 2005. 25(9): p. 1985-1991.
- Rubin, D., S. Dudoit, and M.J. van der Laan, A Method to Increase the Power of Multiple Testing Procedures Through Sample Splitting. UC Berkely Division of Biostatistics Working Paper Series, 2006. Working Paper 171.
- Wang, Y., L.P. Zhao, and S. Dudoit, A Fine-Scale Linkage-Disequilibrium Measure Based on Length of Haplotype Sharing. *The American Journal of Human Genetics*, 2006. 78(4): p. 615-628.
- Monroy-Lagos, O., et al., Improvement of an Unusual Twin-Arginine Transporter Leader Peptide by a Codon-Based Randomization Approach. *Appl. Environ. Microbiol.*, 2006. 72(5): p. 3797-3801.
- Osuna, J., et al., Protein evolution by codon-based random deletions. *Nucl. Acids Res.*, 2004. 32(17): p. e136-.
- Piñero, S., et al., Tyrosinase from *Rhizobium etli* Is Involved in Nodulation Efficiency and Symbiosis-Associated Stress Resistance. *Journal of Molecular Microbiology and Biotechnology*, 2007. 13(1-3): p. 35-44.
- Ramirez, M., et al., Sequencing and Analysis of Common Bean ESTs. Building a Foundation for Functional Genomics. *Plant Physiol.*, 2005. 137(4): p. 1211-1227.
- Romero, S., et al., Metabolic Engineering of *Bacillus subtilis* for Ethanol Production: Lactate Dehydrogenase Plays a Key Role in Fermentative Metabolism. *Appl. Environ. Microbiol.*, 2007. 73(16): p. 5190-5198.
- Velázquez-Arellano, A. and S. Encarnación, Role of Proteomics in the Study of Nutrition. *Journal of Nutrigenetics and Nutrigenomics*, 2008. 1(1-2): p. 55-58.
- Velazquez-Cruz, R., et al., Association of PDCD1 polymorphisms with childhood-onset systemic lupus erythematosus. *Eur J Hum Genet*, 2007. 15(3): p. 336-341.
- Ajo-Franklin, C.M., et al., Rational design of memory in eukaryotic cells. *Genes Dev.*, 2007. 21(18): p. 2271-2276.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- *Artículos originales de revistas científicas.*

Semestre 6

GENÓMICA INTEGRATIVA 3 (4)

OBJETIVO: Que el alumno comprenda los conceptos centrales de la biología de sistemas y se familiarice con los fundamentos teóricos que subyacen los principales formalismos así como con temas de investigación en esta disciplina con distintos enfoques, tipos de modelaje y herramientas experimentales; con el fin de que adquiera una habilidad crítica de este tipo de análisis; así como que conozca las herramientas de modelaje disponibles y adquiera las habilidades para poder dominar otras. Que el alumno ponga en uso el conocimiento adquirido durante su carrera, en el reto de una visión integrativa de organismos y sistemas en algunos de los retos actuales de esta disciplina.

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

- Artículos originales y actualizados de revistas científicas.
 - Alon, U., *An Introduction to Systems Biology: Design Principles of Biological Circuits*. 1 edition ed. 2006: Chapman & Hall/CRC. 320.
 - Davidson, E.H., *Genomic Regulatory Systems: Development and Evolution*. 1st edition ed. 2001: Academic Press. 261.
 - Hucka, M., et al., The systems biology markup language (SBML): a medium for representation and exchange of biochemical network models. *Bioinformatics*, 2003. 19(4): p. 524-531.
 - Ideker, T., T. Galitski, and L. Hood, A NEW APPROACH TO DECODING LIFE: Systems Biology. *Annual Review of Genomics and Human Genetics*, 2001. 2(1): p. 343-372.
 - Kitano, H., *Foundations of Systems Biology*. 1 edition ed. 2001: The MIT Press. 320.
 - Kitano, H., Systems Biology: A Brief Overview. *Science*, 2002. 295(5560): p. 1662-1664.
 - Newman, M., A.L. Barabasi, and D.J. Watts, *The Structure and Dynamics of Networks*. 1 edition ed. 2006: Princeton University Press. 624.
 - Palsson, B.O., *Systems Biology: Properties of Reconstructed Networks*. 1 edition ed. 2006: Cambridge University Press. 334.
 - Weckwerth, W., METABOLOMICS IN SYSTEMS BIOLOGY. *Annual Review of Plant Biology*, 2003. 54(1): p. 669-689.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA

Libros y revistas científicas en consonancia con el programa de trabajo establecido.

Semestre 7 y 8

TRABAJO DE INVESTIGACIÓN 1(2,3,4,5,6)

OBJETIVO: Que el alumno adquiriera una formación integral en las ciencias genómicas a través de su trabajo en proyectos de investigación o actividades profesionales, así mismo que adquiriera la capacidad de interactuar con grupos de trabajo en ciencias genómicas en la generación de resultados, discusión y evaluación.

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

Libros y revistas científicas en consonancia con el programa de trabajo establecido.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

Libros y revistas científicas en consonancia con el programa de trabajo establecido.

SEMINARIO DE INVESTIGACIÓN 1 (2)

OBJETIVO: Que el alumno adquiriera una formación integral en las ciencias genómicas a través de su capacidad de interactuar, discutir y cuestionar en seminarios con grupos de trabajo en ciencias genómicas, con lo que formará su criterio de investigación.

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

Libros y revistas científicas en consonancia con el programa de trabajo establecido.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

Libros y revistas científicas en consonancia con el programa de trabajo establecido.

TÓPICO SELECTO 1 (2,3,4)

OBJETIVO: Que el alumno tome cursos especializados sobre temas de interés y relevancia para su Trabajo de Investigación que le permitan completar su formación teórica de acuerdo a necesidades específicas del área de interés.

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA:

Libros y revistas científicas en consonancia con el programa de trabajo establecido.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

Libros y revistas científicas en consonancia con el programa de trabajo establecido.