

Aspectos generales

Título:	Introducción a la Biología de Sistemas con Aplicaciones en Aprendizaje de Máquina
Programas de posgrado o planes de estudio en donde se ofertará adicionalmente:	
	Posgrado en ciencias Biológicas y posgrado en ciencias bioquímicas ambos de la UNAM.
Área del conocimiento:	Genética, genómica y bioinformática
Semestre:	2027-1
Modalidad:	Tópico selecto
Horario:	Serán todos los jueves del 13 de agosto 2026 hasta el 27 de noviembre 2026 en horario de 9am a 1pm.
No. sesiones:	16
Horas por sesión:	4.0
Total alumnos PDCB:	10
Total alumnos:	20
Videoconferencia:	No
Lugar donde se imparte:	C3- UNAM
Informes:	oresendis@inmegen.gob.mx

Métodos de evaluación

MÉTODO	PORCENTAJE	NOTAS
Exposiciones	30%	Participación en clase
Proyecto final	40%	desarrollo de proyecto integrador
Tareas	30%	Tareas a casa

Contribución de este curso/tópico en la formación del alumnado del PDCB:

El curso proporciona las bases de temas selectos de biología de sistemas, proveyendo una visión mas holística de la biología contemporánea.

Profesor (a) responsable

Nombre:	Resendis Antonio Osbaldo
Teléfono:	(55) 53 50 19 00 Ext. 1198
Email:	resendis@ccg.unam.mx

Profesores (as) participantes

PARTICIPANTE	ENTIDAD O ADSCRIPCIÓN	SESIONES
RESENDIS ANTONIO OSBALDO Responsable	Facultad de Medicina	Introducción Modelación de redes metabólicas Modelación de Redes metabólicas Modelos basados en datos Modelos basados en datos Modelos Booleanos Proyectos Teoría de redes
VÁZQUEZ JIMÉNEZ AARÓN Integrante	Facultad de Medicina	Modelos basados en datos Modelos basados en datos Modelos dinámicos Modelos dinámicos Modelos dinámicos Modelos dinámicos Modelos dinámicos Proyectos

Introducción

La biología de sistemas estudia los procesos biológicos mediante métodos de abstracción matemática y análisis de datos de tecnologías de última generación. Esta estrategia permite comprender de manera integral los procesos biológicos y profundizar en el entendimiento de cómo sus interacciones internas y con otros sistemas desencadenan sus propiedades emergentes. La descripción que plantea la biología de sistemas va desde el modelado de interacciones entre genes, gen-fenotipo, interacción molecular en vías de señalización, descripción metabólica en enfermedades como cáncer, hasta la interacción y propagación epidemiológica de una enfermedad considerando variables de interacción humana. La biología de sistemas se apoya de la bioinformática y de tecnologías de alto rendimiento que permite alimentar a los modelos con datos para poder responder preguntas en espacios multidimensionales; que van desde descripción interacción-interacción hasta evaluación de fármacos y terapias personalizadas.

El objetivo del curso es que el estudiante tenga una nueva perspectiva de análisis de un sistema biológico, mediante la inclusión de herramientas computacionales, matemáticas y de aprendizaje de máquina. El curso plantea un desarrollo de la biología de sistemas desde sus fundamentos y generalidades hasta tener aplicaciones particulares en el área de biología. De forma concreta se cubrirán tres puntos centrales: 1) Aprender las bases teóricas, 2) discutir los avances en el área seleccionando algunos tópicos de relevancia actual y 3) discutir aplicaciones y evaluar las perspectivas de actualidad de la biología de sistemas en México.

Temario

Temario

Unidad 1: Introducción 13 de Agosto 2026

Profesor encargado: Dr. Osbaldo Resendis

1.1 Introducción

1.2 Representación matemática de circuitos genéticos

Unidad 2: Teoría de redes. Profesor encargado: Dr. Osbaldo Resendis 20 de Agosto 2026

2.1 Topología de redes

2.1.1 Redes Erdos-Renyi

2.1.2 Leyes de potencia

2.1.3 Coeficiente de clustering

2.1.4 Organización modular de redes

Unidad 3: Modelos dinámicos. Profesor encargado: Dr. Aarón Vázquez, Todos los jueves del 27 de agosto al 24 de septiembre 2026.

3.1 Dinámica no lineal

3.2 Modelado de sistemas mediante ecuaciones diferenciales ordinarias

3.2.1 Ventajas y limitantes de los modelos deterministas

3.3 Motivos estructurales

3.3.1 Lazos de retroalimentación

3.3.2 Multiestabilidad

3.3.3 Osciladores

3.3.4 FeedForward Loop

3.4 Biología sintética

3.5 Representación de sistemas complejos

Unidad 4: Modelado Booleano. Profesor encargado: Dr. Osbaldo Resendis, 1 y 8 de octubre 2026

4.1 Representación Booleana

4.2 Clasificación de atractores

4.4. Circuitos genéticos

Unidad 5: Modelación de redes. Profesor encargado: Dr. Osbaldo Resendis, 15 y 22 de octubre 2026.

5.1 Fundamentos en el Modelado de redes metabólicas

5.2 Reconstrucción metabólica y sus propiedades topológicas

5.3 Análisis de balance de flujos

5.4 Modelado dinámica de metabolismo

Unidad 6: Modelos Basados en Datos. Profesor encargado: Dr. Osbaldo Resendis y Dr. Aarón Vázquez, jueves del 29 de octubre al 12 de noviembre.

6.1 No Supervisado

6.1.1 PCA

6.1.2 PLDA

6.1.3 No lineales

6.2 Regresión

6.3 Algoritmos clasificación

6.3.1 ML-Random Forest

6.4 Modelado metabólico de Microbiota (MICOM)

Unidad 7: Proyección de la biología de sistemas en la investigación. Profesor encargado: Dr. Osbaldo Resendis y Dr. Aarón Vázquez. Jueves 19 y 26 de noviembre 2026.

7.4 Presentación de proyectos

Bibliografía

- Alon, Uri. An Introduction to Systems Biology: Design Principles of Biological Circuits. Chapman & Hall / CRC, 2006. ISBN: 9781584886426.
- Nowak, M. A. Evolutionary Dynamics: Exploring the Equations of Life. Belknap Press, 2006. ISBN: 9780674023383.
- Bruce. Essential Cell Biology. Garland Science, 2009. ISBN: 9780815341291.
- Strogatz, Steven H. Nonlinear Dynamics and Chaos: With Applications to Physics, Biology, Chemistry, and Engineering. Westview Press, 2014. ISBN: 9780813349107.
- Banzhaf M, Resendis-Antonio O, Zepeda-Mendoza ML. Uncovering the dynamic mechanisms of the Pseudomonas aeruginosa quorum sensing and virulence networks using Boolean modelling. IEEE Trans Nanobioscience. 2020, PMID: 32142451
- Diener C, Gibbons SM, Resendis-Antonio O. MICOM: Metagenome-Scale Modeling To Infer Metabolic Interactions in the Gut Microbiota. mSystems. 2020. Doi: 10.1128/mSystems.00606-19.
- Diener C, Muñoz-Gonzalez F, Encarnación S, Resendis-Antonio O. The space of enzyme regulation in HeLa cells can be inferred from its intracellular metabolome. Sci Rep. 2016, PMID:27335086
- Robinson JL, Kocaba? P, Wang H, Cholley PE, Cook D, Nilsson A, Anton M, Ferreira R, Domenzain I, Billa V, Limeta A, Hedin A, Gustafsson J, Kerkhoven EJ, Svensson LT, Palsson BO, Mardinoglu A, Hansson L, Uhlén M, Nielsen An atlas of human metabolism. J. Sci Signal. 2020. PMID: 32209698.
- Lieven C, Beber ME, Olivier BG et al. MEMOTE for standardized genome-scale metabolic model testing. Nat Biotechnol. 2020 PMID:32123384
- Huang S, Kauffman S. How to escape the cancer attractor: rationale and limitations of multi-target drugs. Semin Cancer Biol. 2013 Aug;23(4):270-8. doi: 10.1016/j.semcancer.2013.06.003. Epub 2013 Jun 20. Review. PMID:23792873
- Hausser J, Alon U. Tumour heterogeneity and the evolutionary trade-offs of cancer. Nat Rev Cancer. 2020 Apr;20(4):247-257. doi: 10.1038/s41568-020-0241-6. Epub 2020 Feb 24. Review. PMID:3209454

Observaciones

El curso incluye fundamentos teóricos en matemáticas y el uso de herramientas computacionales en la biología de sistemas. A pesar de no ser un curso de programación, es necesario que el alumno tenga interés en aprender lenguajes de programación. Es deseable que el estudiante cuente con equipo de cómputo básico (Laptop, mínimo de 8GB, preferible de 16GB, de RAM y memoria física para almacenamiento) para realizar algunos ejercicios de programación.