



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
PROGRAMA DE POSGRADO
MAESTRÍA EN CIENCIAS (NEUROBIOLOGÍA)
 Programa de actividad académica



Denominación: Bioinformática y Análisis Genómico			
Clave:	Semestre(s):	Campo de Conocimiento: Bioinformática Genómica	No. Créditos: 4
Carácter: Optativo		Horas	Horas por semana
Tipo: teórico y práctico		Teoría: 6	Práctica: 26
Modalidad: curso		Duración del programa: Una semana	

Seriación: Sin Seriación (X) Obligatoria () Indicativa ()
Objetivo general: El estudiante aprenderá las herramientas bioinformáticas básicas para el análisis individual y masivo de secuencias de ácidos nucleicos.
Objetivos específicos: El estudiante : <ul style="list-style-type: none"> • Aprenderá el manejo básico del sistema operativo Linux, expresiones regulares y programa R para análisis estadístico. • Conocerá las herramientas y elementos de búsqueda de uso regular para la obtención de datos individuales y masivos a partir de bases de datos públicas. • Aprenderá estrategias de alineamiento, ensamble y caracterización de secuencias de ácidos nucleicos. • Aprenderá estrategias de análisis de transcriptomas para la identificación de genes diferencialmente expresados. • Aprenderá los principios básicos de ontología para correlacionar grupos de genes con funciones biológicas.

Índice Temático			
Unidad	Tema	Horas	
		Teóricas	Prácticas
1	Bases de datos y herramientas de análisis individual de secuencias.	2	5
2	Uso de la herramienta en línea Galaxy para el análisis masivo de datos	1	5
3	Linux, Expresiones Regulares y R	1	5
4	Ensamblajes Genómicos	1	5
5	Análisis Transcriptómico	1	6
Total de horas:		6	26
Suma total de horas:		32	

Contenido Temático

Unidad	Tema y Subtemas
1	GenBank, UCSC, Blast y ClustalW
2	Ejemplos específicos del uso de Galaxy
3	Comandos básicos de Linux, sistema de archivos, manipulación de archivos de texto, introducción al programa R y uso de expresiones regulares como herramienta de patrones de búsqueda y minería de textos.
4	Introducción a la secuenciación de segunda generación y plataformas, análisis de calidad de secuencias, ensamble de secuencias genómicas y sistemas de anotación de genes.
5	Análisis de expresión de genes en poblaciones experimentales, análisis estadístico por pruebas exactas, evaluación individual de la expresión génica y su correlación con funciones biológicas.

Bibliografía Básica:
Textos desarrollados por los coordinadores y ponentes del curso que serán entregados durante las distintas sesiones.
Bibliografía Complementaria:

<p>Sugerencias didácticas:</p> <p>Exposición oral (x)</p> <p>Exposición audiovisual (x)</p> <p>Ejercicios dentro de clase (x)</p> <p>Ejercicios fuera del aula ()</p> <p>Seminarios ()</p> <p>Lecturas obligatorias ()</p> <p>Trabajo de Investigación ()</p> <p>Prácticas de taller o laboratorio ()</p> <p>Prácticas de campo ()</p> <p>Otros: ()</p>	<p>Mecanismos de evaluación de aprendizaje de los alumnos:</p> <p>Exámenes parciales ()</p> <p>Examen final escrito ()</p> <p>Trabajos y tareas fuera del aula ()</p> <p>Exposición de seminarios por los alumnos ()</p> <p>Participación en clase ()</p> <p>Asistencia (x)</p> <p>Seminario ()</p> <p>Otras: Para aprobar satisfactoriamente este curso, el estudiante deberá realizar un reporte técnico conteniendo los resultados y conclusiones de cada práctica también deberá asistir por lo menos al 80% de las sesiones programadas para este curso.</p>
---	---

Perfil profesiográfico:
El docente debe contar con grado de maestro o doctor y tener experiencia en docencia e investigación en el campo