



# Licenciatura en **CIENCIAS GENÓMICAS**

## Formato para proponer cursos Semestre 2024-1

El curso ya ha sido impartido: Sí  No

<b>1. Indicar modalidad:</b> (Optativo, Seminario, curso regular (con profesor invitado) Curso regular	
<b>2. Título:</b> Se sugiere que sea conciso y refleje el contenido general <b>Introducción a la aBioinformática</b>	
<b>3. Tutor responsable:</b>	
Nombre completo	<b>LI Heladia Salgado Osorio</b>
Entidad académica	Programa de Genómica Computacional, Centro de Ciencias Genómicas
<b>6. Descripción del curso</b> El objetivo del curso es familiarizar al alumno con las herramientas bioinformáticas básicas más importantes y de uso más frecuente en el área: el sistema operativo Linux y los conceptos básicos de bioinformática como son las bases de datos biológicas, formatos y manejo de secuencias y genomas.	
<b>Biología</b>	
1. Introducción	
2. Secuencias y genomas	
a. Tipos de secuencias	
b. Código Genético	
c. Genoma (GenBank)	
d. Formatos de secuencias (FASTA)	
3. Bases de datos biológicas	
a. NCBI: Genomes, Nucleotide, PubMed, etc	
b. EMBL	
c. DDBJ	
4. Alineamientos de pares y múltiples secuencias	
a. Alineamientos de pares (match, mismatch, gap, identidad, cobertura, etc)	
b. Herramienta BLAST	
5. Homología entre secuencias	
a. Homólogo	

- b. Ortólogo
- c. Parálogo
- d. Xenólogo
- e. Indel
- f. Especiación
- g. Duplicación

**Computación**

1. ¿Qué es el Shell?
2. Navegando en el sistema de archivos Linux
3. Trabajando con archivos y directorios
4. Tuberías y Filtros
5. Conteos y análisis con el Shell
6. Usando el Shell para transformar texto libre
7. Automatizando lo repetitivo con ciclos
8. Variables
9. Shell scripts

**7. Características para la impartición del curso:**

Lugar donde se realizará	Centro de Ciencias Genómicas
Duración en horas por sesión y número de sesiones	2 horas por sesión, 28 sesiones (miércoles y viernes de 12:00 – 14:00 hrs)
Disponibilidad de impartirlo por videoconferencia	Sí <u>X</u> No <u>    </u> Curso Presencial, pero también estará en funcionamiento el modo virtual.

**8. Método de evaluación:**

Por favor incluya en este apartado el % de la contribución relativa de:

Participación en clase	10%
Presentación en clase	
Proyecto de investigación	30%
Trabajos	50%
Otros: exámenes	10%

**10. Bibliografía**

Referencias:

Referencias:

- Buffalo, V. (2015). Bioinformatics data skills: Reproducible and robust research with open source tools. " O'Reilly Media, Inc."
- Shotts Jr, W. E. (2012). The Linux command line: a complete introduction. No Starch Press

