

# Temario

**CURSO:** HERRAMIENTAS BÁSICAS DE BIOINFORMÁTICA I

**Lugar/Sede:** Campus virtual CIBNOR

**Horario:** Plataforma abierta

**Visión:**

Formar un grupo de personas capacitadas en la implementación y desarrollo de herramientas en bioinformática para el análisis de datos derivados de biología molecular.

**Misión:**

Establecer y desarrollar la bioinformática como herramientas para el análisis de la información proveniente de biología molecular.

**Objetivo:**

Presentar a los participantes el uso y manejo de herramientas básicas de bioinformática, principalmente de la red, basadas en programas y bases de datos libres y responder preguntas relevantes en el campo de la biología.

**Coordinación general:**

Dra. Crisalejandra Rivera Pérez

**Instructores participantes/Institución:**

Dra. Crisalejandra Rivera Pérez/ Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste

# Temario

## **Temario.**

### **Semana 1**

**Expositor:** Crisalejandra Rivera Pérez

**Tema:** NCBI/BLAST

#### **Subtema:**

- 1.1. Teoría sobre base de datos disponibles para ácidos nucleicos y proteínas.
- 1.2. Exploración de los recursos disponibles en NCBI (National Center for Biotechnology Information) de National Library of Medicine en Estados Unidos
- 1.3. Uso de la herramientas BLAST para inferir homología y predecir función.

### **Semana 2**

**Expositor:** Crisalejandra Rivera Pérez

**Tema:** Blast II/Genómica comparativa

#### **Subtema:**

- 2.1. Bases Teóricas del BLAST
- 2.2. Búsquedas mediante Blast: blastp, PSI-Blast, translated Blast.
- 2.3. Inferencia de homología.

### **Semana 3**

**Expositor:** Crisalejandra Rivera Pérez

**Tema:** Alineamiento de secuencias múltipla (MSA)

#### **Subtema:**

- 3.1. Bases teóricas sobre alineamiento de secuencias.
- 3.2. Alineamiento de secuencias empleando Clustal, DiAlign y MAFFT
- 3.3. Aplicaciones del alineamiento de secuencias. Identificación de residuos conservados.

### **Semana 4**

**Expositor:** Crisalejandra Rivera Pérez

**Tema:** Resumen del curso

# Temario

## **Subtema:**

- 4.1. Uso de bases de datos NCBI.
- 4.2. Uso de Blast/Genómica comparativa.
- 4.3. Análisis de secuencias múltiples.
- 4.4. Examen final.