



Registro RENIECYT-CONACYT: 2000001

Diplomado en Bioinformática avanzada y plegamiento de proteínas



Profesor

Dra Gema Lizbeth Ramirez Salinas, SNI 1
<https://scholar.google.com/citations?user=YYPRn0cAAAAJ&hl=es>

Duración: 130 horas: mayo-agosto 2024

Inicia: el 27 de mayo del 2024

100 % online, asincrónico en plataforma www.Rcampus.com

Acerca del diplomado

Acerca del diplomado

En este diplomado el alumno aprenderá conceptos de informática, linux, perl así como conceptos de ácidos nucleicos, de proteínas además de análisis de secuencias, alineamiento múltiple, árboles filogenéticos, etc. Este diplomado es

Fresno Norte No 14. San Miguel Tehuisco, Alcaldia Tlalpan C.P.14500
pharmacologicalandbiotechnology@gmail.com



teórico-práctico coordinado por un profesor investigador con amplia experiencia en el campo.

TEMARIO

Módulo 1 INFORMÁTICA, LINUX Y SECUENCIAS

1. Arquitectura de computadoras
2. Sistemas operativos
3. Instalar LINUX
4. Manejo de comandos básicos de LINUX
5. Práctica en editores de texto en LINUX
6. Instalación de PERL
7. Creación de script básicos en PERL
8. Conceptos de biología molecular
9. Secuencias de ácido nucleicos
10. Bases de datos de secuencias de ácido nucleicos



11. Secuencias de proteínas
12. Bases de datos de secuencias de proteínas

Módulo 2

LENGUAJE DE PERL EN BIOINFORMÁTICA

Programación en Perl y la Bioinformática.

1. Breve introducción a la Bioinformática
2. El problema de la integración de datos.
3. ¿Por qué Perl?
4. Estrategias de programación.

Introducción en Perl.

1. Características
2. Herramientas para programar
3. Instalación

Variables.

1. Variables escalares y operaciones con escalares
2. Matrices (*arrays*) y operaciones con matrices
3. Matrices asociativas (*hashes*)
4. Ejercicio práctico.

Secuencias y cadenas

1. Entrada y salida del programa



2. Comandos y operaciones básicas
3. Lectura y escritura de archivos
4. Ejercicio práctico.

Control de flujo

1. Instrucciones condicionales
2. Operadores
3. Bucles
4. Ejercicio práctico.

Expresiones regulares.

1. Búsqueda de patrones
2. Meta-caracteres
3. Extracción de patrones
4. Substitución de cadenas
5. Ejercicio práctico.

Módulo 3

ALINEAMIENTO MÚLTIPLE DE SECUENCIAS DE ÁCIDOS NUCLEICOS

Introducción a los alineamientos

- 1) Aspectos biológicos detrás del análisis comparativo de secuencias.
- 2) Alineamientos globales y locales.



3) Alineamientos de dos secuencias y alineamientos múltiples.

Técnicas de alineamientos múltiples.

- 1) Introducción a las técnicas para el cálculo de alineamientos de múltiples secuencias.
- 2) Clasificación de las técnicas para el cálculo de alineamientos múltiples.

Taller de alineamientos múltiples.

- 1) Métodos progresivos para el alineamiento múltiple de secuencias.
- 2) Métodos reiterativos y cooperativos para el alineamiento de secuencias.
- 3) Métodos estadísticos para el alineamiento múltiple de secuencias.

Evaluación y Análisis de alineamientos

- 1) Edición y evaluación de alineamientos múltiples.
- 2) Introducción a los modelos ocultos de Markov y su utilidad práctica para el análisis de secuencias.

Alineamientos múltiples de secuencias de nucleótidos.

- 1) Alineamiento de secuencias nucleotídicas codificantes.



- 2) Método de traducción inversa.
- 3) Alineamiento por codones.

Módulo 4

ALINEAMIENTO DE SECUENCIAS DE PROTEÍNAS Y FILOGENIA

1. Comparación de secuencias de proteína
2. Conservación de su estructura y función
3. Homologos cercanos
4. Homologos remotos
5. Algoritmos de alineamiento
6. Taller práctico de alineamiento múltiple en servidores gratuitos
7. Matrices de sustitución de aminoácidos
8. Modelos evolutivos de proteínas
9. Taller práctico para árboles evolutivos en servidores gratuitos

Módulo 5



PREDICCIÓN DE ESTRUCTURA 3D DE PROTEÍNAS

Introducción a métodos de predicción de proteínas

- 1) Aspectos biológicos de las proteínas.
- 2) Clasificación de técnicas de predicción de proteínas.
 - a) Modelado por homología
 - b) Modelado por homología remota.
 - c) Modelado por *ab initio*.

Taller de técnicas de predicción de proteínas.

- 1) Alineamientos para la búsqueda del cristal de la proteína de interés.
- 2) Utilización de las bases de datos PDB.
- 3) Selección de la técnica de predicción proteínas.
- 4) Predicción de modelado por homología.
 - a) Utilización del programa Modeller (Métodos básicos).
 - b) Utilización del programa Modeller (Métodos intermedios).



- c) Utilización del programa Modeller (Métodos avanzado).
- d) Utilización del servidor SwissModel.
- 5) Predicción de métodos iterativos.
 - a) Utilización del programa I-Tasser.
- 6) Predicción de proteínas por medio de métodos *ab-initio*.
 - a) Utilización del programa Robetta-Rosseta

Evaluación de las estructuras tridimensionales o cuaternarias predichas por los diferentes métodos.

- 1) Evaluación de los modelos por medio gráficas de Ramachandra.
- 2) Evaluación de los modelos mediante ERRAT.
- 3) Evaluación de los modelos por medio de VERIFY 3D.

COSTO: \$ 5,250.00 MXN (300 USD). **Nota:** Estudiante de licenciatura tienen un 10 % de descuento, estudiante de posgrado tienen un 5 % de descuento (se requiere que envíes evidencia oficial de estudiante) o haber tomado otro curso en www.pharbiois.com. Damos **factura y constancia una vez terminado el diplomado, posterior a evaluación del mismo**. El pago también puede ser diferido por módulos, cada módulo 1,200.00 MXN, 66.5 USD. Para inscribirse en México o fuera de México, en nuestra página <https://bit.ly/3qGSpfJ> puedes pagar por PayPal o Mercado Pago (Mercado Libre) y stripe. En México puede pagar en cuenta CLABE SANTANDER: 0141-8065-5079-1315-04, a nombre de Pharmaceutical and Biotechnological Innovation Services SAS De CV. El comprobante se manda al correo: pharmaceuticalandbiotechnology@gmail.com, informes, cotizaciones etc: ventas@pharbiois.com