

## Cronograma de Actividades

**Nombre del Curso:** Herramientas Básicas de Bioinformática I

**El profesor participante de todo el curso:** Crisalejandra Rivera Pérez

FECHA	Objetivo de aprendizaje o competencia	TEMA	Medios que se utilizan materiales didácticos	Actividades de Aprendizaje	Criterios de aprobación
Semana 1: 28 de Febrero al 6 de marzo Horario: Flexible	<i>Cognitivas</i> El alumno adquirirá conocimiento sobre las herramientas básicas de análisis de ácidos nucleicos y será capaz de resolver y analizar problemas bioinformáticos relacionados.	<b>NCBI/BLAST</b> 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 las herramientas BLAST para inferir homología y predecir función.	Plataforma Moodle (se empleará el recurso de quiz y foro)  Páginas web (NCBI)	Laboratorio: Ejercicios prácticos Examen: Ejercicios prácticos	Examen: mínimo aprobatorio 8.0
Semana 2: 7 – 13 de marzo  Horario: Flexible	Cognitivas El alumno adquirirá conocimiento sobre las bases teóricas de los alineamientos de secuencias y los diferentes métodos de búsqueda, así mismo la identificación de secuencias por homología.	<b>Blast II/Genómica comparativa</b> 2.1. Bases Teóricas del BLAST 2.2. Búsquedas mediante Blast: blastp, PSI-Blast, translated Blast. 2.3. Inferencia de homología.	Plataforma Moodle (se empleará el recurso de quiz y foro) Páginas web (NCBI)	Laboratorio: Ejercicios prácticos Examen: Ejercicios prácticos	Examen: mínimo aprobatorio 8.0

## Cronograma de Actividades

<p>Semana 3: 14-20 de marzo Horario: Flexible</p>	<p><i>Cognitivas</i> El alumno adquirirá conocimiento del alineamiento de secuencias múltiple empleando diferentes plataformas en la web y será capaz de implementarlas para identificar secuencias conservadas.</p>	<p><b>Alineamiento de secuencias múltiple (MSA)</b> 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.</p>	<p>Plataforma Moodle (se empleará el recurso de quiz y foro) Páginas web (NCBI)</p>	<p>Laboratorio: Ejercicios prácticos Examen: Ejercicios prácticos</p>	<p>Examen: mínimo aprobatorio 8.0</p>
<p>Semana 4: 21-27 de marzo Horario Flexible</p>	<p>El estudiante implementará los conocimientos adquiridos en las semanas 1-3 para la resolución de problemas bioinformáticos.</p>	<p><b>Resumen del curso.</b> 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.</p>	<p>Plataforma Moodle (se empleará el recurso de quiz y foro) Páginas web (NCBI)</p>	<p>Laboratorio: Ejercicios prácticos Examen: Ejercicios prácticos</p>	<p>Examen: mínimo aprobatorio 8.0</p>