

Universidad Autónoma del Estado de México Facultad de Ciencias

CURSO

Bioinformática: conociendo el potencial de Python

PROFESOR QUE IMPARTIRÁ EL CURSO:

Dr. en BT. Jesús Eduardo Zúñiga León.

PRESENTACIÓN

Python es un lenguaje de programación de alto nivel, potente y fácil de aprender. Su elegante sintaxis junto con su naturaleza interpretada, lo hacen un lenguaje ideal para el desarrollo de estrategias de análisis de datos biológicos. Aunque este lenguaje es empleado en varias áreas del conocimiento, su potencial en el área biológica no se ha explotado del todo. Python permite desarrollar algoritmos, programas o pipelines para resolver problemas relacionados al análisis de secuencias, tanto de ADN como de proteínas. Además, Python se está convirtiendo en uno de los lenguajes de programación más usados en todo el mundo gracias a su simpleza y potencia.

OBJETIVO

Proporcionar al participante los conocimientos básicos de la programación estructurada en lenguaje Python para el manejo de datos e información biológica en el entorno interactivo Jupyter Notebook.

DIRIGIDO A

Este curso va dirigido a profesores investigadores y alumnos de posgrado interesados en el manejo de datos e información biológica en un entorno interactivo en lenguaje de programación Python.

PROGRAMA DEL CURSO

Sesión 1 (5 horas): Lunes 16 de enero de 2023 INTRODUCCIÓN

Recomendaciones.

Qué es Python.

Características de Python.

Qué es Jupyter Notebook.

Primer acercamiento con Python en Jupyter Notebook.

Texto enriquecido usando Markdown.

Variables.

Operadores boleanos.

Visión general de la estructura del lenguaje.

Sesión 2 (5 horas): Martes 17 de enero de 2023

ESTRUCTURA DEL LENGUAJE

Cadenas de caracteres.

Expresiones regulares (re).

ESTRUCTURA DEL LENGUAJE

Listas y tuplas (list, tuple).

Diccionarios (dict).

DataFrame (Pandas).

Sesión 3 (5 horas): Miércoles 18 de enero de 2023

CONTROL DE FLUJO Y FUNCIONES

Condicionales if, elif y else.

Bucle for.

Definiendo funciones.

Creación de módulos locales.





Sesión 4 (5 horas): Jueves 19 de enero de 2023

EJERCICIOS: APLICACIÓN DE ESTRUCTURAS Y FUNCIONES

Análisis básico de secuencias de ADN y proteínas.

Edición de secuencias fasta.

Identificación de patrones.

Introducción: Secuenciación por el método de Sanger.

Calidad de secuencias (Método de Sanger).

Sesión 5 (5 horas): Viernes 20 de enero de 2023

Análisis de resultados de secuencias 16S (DataFrame).

VISUALIZACIONES

Gráficos usando Matplotlib.

Uso de Widgets.

Creación de entorno interactivo.

Diseño de control interactivo.

Inclusión de visualizaciones.

DURACIÓN, FECHAS Y HORARIOS

Duración: 25 horas, 5 sesiones de 5 horas.

Fechas: 16 al 20 de enero de 2023.

Horarios: de 09:00 a 14:30 hrs; break de 11:00 a 11:30 hrs.

ENTREGA DE CONSTANCIA

Se entregará constancia a quienes acumulen el 80% de asistencia y realicen los ejercicios de tarea.

FORMATO DEL CURSO

El curso se llevará a cabo de manera presencial.

El instructor empleará presentaciones en PowerPoint y Jupyter Notebook como apoyo para explicar conceptos. Para fines prácticos se realizarán ejemplos y ejercicios con archivos ligeros.

Para el registro el participante deberá proporcionar la siguiente información: nombre completo (nombre y apellidos) y grado académico.

CUPO MÍNIMO Y MÁXIMO

15 - 35 participantes.

COSTO

Gratis.

REQUISITOS COMPUTACIONALES

Conocimientos básicos de computación.