

TALLER DE BIOINFORMÁTICA

Programación estructurada

Manejo de datos e información biológica: conociendo el potencial de Python



ORGANIZADOR

Dr. Eduardo Zúñiga León

PROFESORES QUE IMPARTIRÁN EL TALLER

Dr. Eduardo Zúñiga León.

Mtra. María Fernanda Cerón Moreno

DIVISIÓN

Departamento de Sistemas Biológicos, Área de Productos Biológicos, Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Xochimilco.

Departamento de Biotecnología, Área Ingeniería Genética y Metabolitos Secundarios, Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa.

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

INFORMES: bioinfo01123@gmail.com

INSCRIPCIÓN: <https://forms.gle/ZTpbWwFNCb5cyCzm8>

PROGRAMA DEL TALLER

Día 1 (miércoles 12 de octubre)

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 booleanos.
- Visión general de la estructura del lenguaje.

ESTRUCTURA DEL LENGUAJE

- Cadenas de caracteres.
- Expresiones regulares (`re`).

Día 2 (jueves 13 de octubre)

ESTRUCTURA DEL LENGUAJE

- Listas y tuplas (`list`, `tuple`).
- Diccionarios (`dict`).
- DataFrame (Pandas).

CONTROL DE FLUJO Y FUNCIONES

- Condicionales `if`, `elif` y `else`.
- Bucle `for`.
- Definiendo funciones usando `def`.

Día 3 (viernes 14 de octubre)

EJERCICIOS: APLICACIÓN DE ESTRUCTURAS Y FUNCIONES

- Análisis básico de secuencias de ADN y proteínas.
- Identificación de patrones.
- Descarga y edición de secuencias fasta.
- Calidad de secuencias (Método de Sanger).
- Construcción de base de datos con información biológica.
- Análisis estadísticos básicos (descriptivos).

VISUALIZACIONES

- Gráficos usando Matplotlib.

DURACIÓN, FECHAS Y HORARIOS

Duración: 15 horas, tres sesiones de 5 horas, con un receso de 30 minutos.

Fechas: 12 al y de 14 de octubre de 2022.

Horarios: de 9:00 a 14:00 horas.

ENTREGA DE CERTIFICADO

Se entregará constancia a quienes acumulen el 80% de asistencia.

FORMATO DEL TALLER

El taller se llevará a cabo mediante sesiones sincrónicas en Zoom.

Los instructores emplearán 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), grado académico e institución (si es de la comunidad UAM indicar la Unidad).

Importante: dos semanas previas al taller se darán asesorías personalizadas para la instalación de Python, Jupyter Notebook y paquetes en horario de 9:00 – 11:00 y de 15:00 - 17:00.

REQUERIMIENTOS PARA TRABAJO EN ZOOM

Conexión a Internet, al menos 20 MB de velocidad.

Micrófono y cámara.

Tener instalado Zoom.

CUPO MÍNIMO Y MÁXIMO

20 - 50 participantes.

COSTO

Sin costo.

REQUISITOS COMPUTACIONALES

Conocimientos básicos de computación.

Sistema operativo Windows (10) y Macintosh (Mac).

6 GB de RAM o más, 5 GB de espacio en disco y al menos 4 núcleos.