

MAESTRÍA

MAESTRÍA INTERNACIONAL EN
BIOINFORMÁTICA APLICADA AL DESARROLLO
DE MEDICAMENTOS

esneca
BUSINESS SCHOOL

LMAS836

- DIPLOMA ACREDITADO POR APOSTILLA DE LA HAYA -



aen
asociación española
de escuelas de negocios



DESTINATARIOS

El Programa está especialmente diseñado para aquellas personas que estén interesadas en adquirir conocimientos sobre **Bioinformática Aplicada al Desarrollo de Medicamentos** y que quieran asegurarse un recorrido ascendente en esta área, con una especial elevación y consolidación de competencias.

Permite conocer las normas de calidad y ética, en el empleo de programas informáticos utilizados en bioinformática, los componentes principales, la aplicación de herramientas de software, entre otros conceptos relacionados. Además, al final de cada unidad didáctica el/la alumno/a encontrará ejercicios de autoevaluación que le permitirá hacer un seguimiento del curso de forma autónoma.

El alumno recibirá acceso a un curso inicial donde encontrará información sobre la metodología de aprendizaje, la titulación que recibirá, el funcionamiento del Campus Virtual, qué hacer una vez el alumno haya finalizado e información sobre Grupo Esneca Formación. Además, el alumno dispondrá de un servicio de **clases en directo**.

FICHA TÉCNICA

CARGA HORARIA
600H



MODALIDAD
ONLINE



*La modalidad incluye módulos con clases en directo

CURSO INICIAL
ONLINE



TUTORIAS
PERSONALIZADAS



IDIOMA
CASTELLANO



DURACIÓN
HASTA UN AÑO

*Prorrogable



IMPORTE

VALOR ORIGINAL: 2976\$

VALOR ACTUAL: 744\$

*Importe expresado en Dólares Americanos

CERTIFICACIÓN OBTENIDA

Una vez finalizados los estudios, el alumno recibirá un diploma que certifica que ha superado con éxito el “**MAESTRÍA INTERNACIONAL EN BIOINFORMÁTICA APLICADA AL DESARROLLO DE MEDICAMENTOS**” de Grupo Esneca Formación. Nuestro centro de estudios está avalado por nuestra condición de socios de la CECAP y AEEN, máximas instituciones españolas en formación y calidad.

Los diplomas, además, llevan el sello de Notario Europeo, que da fe de la validez, contenidos y autenticidad del título a nivel nacional e internacional.

Los diplomas llevan la Apostilla de la Haya, mediante la que se reconoce y garantiza la autenticidad y validez del Diploma en cualquier país firmante del convenio.

REDES SOCIALES



www.facebook.com/esneca.lat



www.esneca.lat



[@esneca.lat](https://www.instagram.com/esneca.lat)



www.esneca.lat/blog-esneca

CONTENIDO FORMATIVO

PARTE 1. BIOINFORMÁTICA

MÓDULO 1. NORMAS DE CALIDAD Y ÉTICA EN EL EMPLEO DE PROGRAMAS INFORMÁTICOS UTILIZADOS EN BIOINFORMÁTICA

UNIDAD DIDÁCTICA 1. COMPONENTES PRINCIPALES DE LOS EQUIPOS Y PROGRAMAS INFORMÁTICOS

1. Unidades funcionales: Procesador, memoria y periféricos.
2. Arquitecturas: Microprocesadores RISC y CISC.
3. Redes y comunicaciones.
4. Sistemas operativos: Visión funcional -servicios suministrados, procesos, gestión y administración de memoria, sistemas de entrada y salida y sistemas de ficheros-.
5. Tipos de periféricos en biotecnología.
6. Herramientas de navegación.

UNIDAD DIDÁCTICA 2. PROGRAMAS INFORMÁTICOS APLICADOS A BIOTECNOLOGÍA

1. Sistemas de almacenamiento de datos de origen biológico.
2. Sistemas de control distribuido.
3. Herramientas de software para diseño de bases de datos relacionales.
4. Bases de datos de biología molecular.
5. Lenguajes y programas especializados de utilización en biotecnología.
6. Programas de estadística y de representación gráfica.
7. Herramientas de depuración informática.
8. Optimizadores de consultas.

UNIDAD DIDÁCTICA 3. APLICACIÓN DE NORMAS DE CALIDAD Y DE ÉTICA A LA BIOINFORMÁTICA

1. Normas de calidad para el funcionamiento de los dispositivos y herramientas de software.
2. Normas de calidad para detectar anomalías en el funcionamiento del hardware y el software.
3. Copias de seguridad de la información de los datos del equipo.
4. Libro de registro de las copias de seguridad.
5. Manuales de herramientas de búsqueda.
6. Procesos de optimización y algoritmos aplicables en biotecnología.
7. Programas relacionados con el análisis de secuencias de ácidos nucleicos y otras moléculas.
8. Programas relacionados con análisis de variabilidad genética mediante marcadores moleculares.
9. Administración, seguridad y ética en entornos informáticos.
10. Privacidad de la información genética.
11. Proceso éticamente adecuado de la información genética gestionada.

MÓDULO 2. APLICACIÓN DE HERRAMIENTAS DE SOFTWARE Y MÉTODOS COMPUTACIONALES A LA INFORMACIÓN BIOTECNOLÓGICA

UNIDAD DIDÁCTICA 1. EMPLEO DE PROGRAMAS INFORMÁTICOS DE APLICACIÓN EN BIOTECNOLOGÍA

1. Introducción a la programación de Bases de Datos.
2. Aplicaciones de uso biotecnológico en ordenadores y herramientas web relacionadas (Consultas de Bases de datos en biología molecular: SRS).
3. Herramientas de navegación.
4. Manejo de programas de representación gráfica.
5. Adaptación de la programación mediante scripts en Perl.
6. Sistemas de almacenamiento de datos de origen biológico.
7. Tipos de bases de datos biológicas.
8. Modelos de integración.
9. Programas relacionados con el análisis de secuencias de ácidos nucleicos y otras moléculas.
10. Programas relacionados con análisis de variabilidad genética mediante marcadores moleculares.

UNIDAD DIDÁCTICA 2. EMPLEO DE PROGRAMAS Y BASES DE DATOS PARA IDENTIFICAR Y MODELAR GENES

1. Localización y enmascaramiento de secuencias repetidas.
2. Métodos de comparación.
3. Análisis de la secuencia de ADN a nivel de nucleótido.
4. Análisis de señales.
5. Búsqueda en bases de datos de secuencias expresadas.
6. Tipos de bases de datos biológicas.
7. Referencias cruzadas con otras bases de datos.
8. Bases de datos de secuencias.
9. Principales bases de datos:
 - De nucleótidos.
 - De proteínas.
 - De genomas.

UNIDAD DIDÁCTICA 3. SISTEMAS DE ALMACENAMIENTO DE DATOS DE ORIGEN BIOLÓGICO

1. Microchip.
2. Memoria RAM.
3. Disco duro.
4. Dispositivos portátiles: CD-ROM , DVD , Memoria USB.

MÓDULO 3. ORGANIZACIÓN, DOCUMENTACIÓN Y COMUNICACIÓN DE DATOS BIOTECNOLÓGICOS

UNIDAD DIDÁCTICA 1. APLICAR LA BIOINFORMÁTICA EN EL ANÁLISIS DE SECUENCIA Y GENOMAS

1. Análisis de secuencias y genomas: Algoritmos para el alineamiento de secuencias y búsquedas en bases de datos.

2. Detección y modelado de genes.
3. Herramientas para el análisis de genomas.
4. Comparación de genomas.
5. Selección de rutas metabólicas.
6. Métodos para el análisis de datos masivos en genómica funcional y proteómica.
7. Algoritmos y estrategias básicas en biología molecular.
8. Métodos de reconstrucción filogenético.

UNIDAD DIDÁCTICA 2. APLICAR LA BIOINFORMÁTICA PARA PREDECIR LA ESTRUCTURA DE PROTEÍNAS Y ANÁLISIS DE DATOS DE GENÓMICA ESTRUCTURAL

1. Estructura de proteínas y DNA.
2. Comparación de estructura de proteínas.
3. Métodos de encaje entre proteínas, y entre moléculas pequeñas y proteínas.
4. Comparación de genomas.
5. Selección de rutas metabólicas.
6. Métodos para el análisis de datos masivos en genómica funcional y proteómica.

PARTE 2. BIOINFORMÁTICA APLICADA AL DESARROLLO DE MEDICAMENTOS

UNIDAD DIDÁCTICA 1. INTRODUCCIÓN A LA BIOINFORMÁTICA

1. Intentando definir la bioinformática.
2. Relevancia actual de la bioinformática.
3. Formatos de ficheros y bases de datos.
4. Proveedores institucionales de datos.
5. Herramientas locales y de internet.

UNIDAD DIDÁCTICA 2. HERRAMIENTAS COMPUTACIONALES

1. Sistemas operativos alternativos: introducción a Unix/Linux.
2. Órdenes en línea de comandos y filosofía de órdenes encadenadas (pipes).
3. Lenguajes de programación: Perl como ejemplo.
4. Estructuras de datos, entrada/salida y funciones en Perl.
5. Herramientas estadísticas: R como ejemplo.
6. Librerías específicas de bioinformática: Bioconductor como ejemplo.
7. Gestores de bases de datos: SQL como ejemplo.
8. Detrás de las páginas web: HTML, Formularios, CGI, PHP, gestores de contenidos.

UNIDAD DIDÁCTICA 3. ALGORITMOS

1. Búsqueda de patrones en secuencias.
2. Alineamiento de secuencias: Dotplots y programación dinámica.
3. Algoritmos heurísticos: FastA, BLAST y Clustal.

UNIDAD DIDÁCTICA 4. BIOINFORMÁTICA APLICADA

1. Análisis de secuencias genómicas (FastA y BLAST).
2. Más allá de BLAST: Prosite (búsqueda de patrones).
3. Transcriptómica (microarrays y qRT-PCR).
4. Minería en datos masivos (high throughput screening).

5. Biología de sistemas: Gene Ontology database (GO).
6. Análisis de la variación (polimorfismos).
7. Análisis de las relaciones evolutivas (filogenias).
8. Biología estructural tridimensional: PDB.