



MARE NOSTRUM
BUSINESS SCHOOL

MAESTRÍA

MAESTRÍA INTERNACIONAL EN BIOINFORMÁTICA

- DIPLOMA ACREDITADO POR APOSTILLA DE LA HAYA -

LMNBS161



METODOLOGÍA

Esta **Maestría Internacional en Bioinformática** está dirigida a profesionales, técnicos y a todas aquellas personas que estén interesadas en este ámbito profesional.

La presente maestría permitirá al alumnado adquirir las competencias profesionales necesarias para obtener e intercambiar datos biotecnológicos utilizando redes telemáticas y técnicas de bioinformática. Permite conocer las normas de calidad y ética en el empleo de programas informáticos utilizados en bioinformática, la aplicación de herramientas de software y métodos computacionales a la información biotecnológica y la organización, documentación y comunicación de datos biotecnológicos, entre otros aspectos relacionados.

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 la Escuela Mare Nostrum. Además, el alumno dispondrá de un servicio de **clases en directo**.

FICHA TÉCNICA



CARGA HORARIA
DE 600H



MODALIDAD
ONLINE



DURACIÓN DE
HASTA UN AÑO



CURSO INICIAL
ONLINE



TUTORÍAS
INDIVIDUALES



IDIOMA
CASTELLANO





IMPORTE TOTAL

VALOR ACTUAL:
4380\$ 1095\$

PAGO
FRACCIONADO
DISPONIBLE

DIFERENTES
MÉTODOS DE
PAGO

ENVÍO DEL
DIPLOMA
INCLUIDO

RECONOCIMIENTO

Una vez finalizados los estudios y superadas las pruebas de evaluación, el alumno recibirá un diploma que certifica la “**MAESTRÍA INTERNACIONAL EN BIOINFORMÁTICA**”, de la ESCUELA MARE NOSTRUM, avalada por nuestra condición de socios de la AEEN, asociación española de escuelas de negocios y CECAP. 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.

Además, el alumno podrá solicitar una Certificación Universitaria Internacional de la Universidad Católica de Cuyo – DQ y Universidad de CLEA con un reconocimiento de 24 ECTS.



PLAN DE ESTUDIOS

UNIDAD FORMATIVA 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.

- Sistemas de almacenamiento de datos de origen biológico.
7. Sistemas de control distribuido.
 8. Herramientas de software para diseño de bases de datos relacionales.
 9. Bases de datos de biología molecular.
 10. Lenguajes y programas especializados de utilización en biotecnología.
 11. Programas de estadística y de representación gráfica.
 12. Herramientas de depuración informática.
 13. 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.

UNIDAD FORMATIVA 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:
10. - De nucleótidos.
11. - De proteínas.
12. - 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.

UNIDAD FORMATIVA 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.