

Unidad Académica			Tipo de actividad curricular	
Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas			Obligatoria	
Semestre	SCT	Horas de trabajo presencial	Horas de trabajo no presencial	
8	5	5	2,5	
Nombre de la actividad curricular			Requisitos	
Bioinformática			Estructura y Función de Proteínas; Genética Molecular de Eucariontes	
Competencias a las que contribuye el curso			Sub-competencias	
<p>1. Aplicar el método científico para proponer y resolver problemas básicos y/o aplicados en sistemas biológicos, integrando el conocimiento de resultados experimentales y los mecanismos moleculares y las transformaciones químicas involucradas en los procesos biológicos.</p> <p>2. Indagar literatura científica y técnica, utilizando criterios de selección y pertinencia, discriminando lo relevante y dominando diversas herramientas de búsqueda de información.</p>			<p>1.1. Utiliza diferentes fuentes de acceso a la información científica, discriminando su confiabilidad, rigor y validez, con la finalidad de obtener, procesar e interpretar datos.</p> <p>1.2. Busca, obtiene e interpreta la información de la literatura científica y de las principales bases de datos biológicos.</p> <p>1.3. Maneja herramientas bioinformáticas para procesar la información científica.</p> <p>2.2. Plantea hipótesis fundamentadas, integrando los conocimientos y abordando los problemas desde diferentes perspectivas.</p> <p>2.4. Evalúa la validez de la hipótesis, mediante el análisis y la interpretación crítica de los datos experimentales.</p>	
PROPÓSITO GENERAL DEL CURSO				
<p>El propósito de este curso es que el estudiante resuelva de manera autónoma problemas del ámbito de la bioquímica y genética molecular usando de manera integrativa herramientas computacionales aplicadas a estudios genómicos, transcriptómicos y proteómicos.</p> <p>Ejecuta procedimientos computacionales para abordar el estudio de problemas relacionados con la genómica, transcriptómica y modelamiento de proteínas. Además, analiza e interpreta críticamente los resultados obtenidos a través de estos análisis computacionales.</p> <p>La metodología del curso contempla clases teórico-prácticas y talleres computacionales.</p>				

RESULTADOS DE APRENDIZAJE

RA1: Aplica conceptos computacionales necesarios para iniciar proyectos bioinformáticos utilizando plataforma Linux y Shell Scripting.

RA2: Distingue las bases conceptuales de algoritmos de comparaciones de secuencias para utilizarlos en la resolución de distintos problemas bioinformáticos relacionados con la genómica comparativa y análisis filogenético.

RA3: Analiza e interpreta datos genómicos y transcriptómicos usando herramientas de bioinformática.

RA4: Aplica conocimientos de modelamiento y *docking* molecular para predecir la estructura de macromoléculas y sitios de unión de ligandos.

RA a que contribuye la Unidad	Número	Nombre de la Unidad	Duración en Semanas
RA1	1	Introducción a la Bioinformática, Sistemas Linux y Bases de Datos Biológicas	2
Contenidos		Indicadores de desempeño	Bibliografía por unidad
<ul style="list-style-type: none"> - Introducción a la Bioinformática. - Sistema Operativo Linux. - Shell Scripting. - Acceso y búsqueda en bases de datos biológicas. - Formatos de archivos para análisis de datos en Bioinformática. 		<ul style="list-style-type: none"> - Utiliza el Sistema Operativo Linux para ejecutar programas computacionales y manipular formatos de archivos normalmente utilizados en la temática usando Shell Scripting. - Selecciona y utiliza bases de datos públicas para la búsqueda de información biológica. 	<ul style="list-style-type: none"> - Capítulo 1: Durham AM; Gubitoso MD. <i>Using Linux</i>. Chapter A1. IN: <i>Bioinformatics in Tropical Disease Research: A Practical and Case-Study Approach</i>. National Center for Biotechnology Information (US); 2008. - Capítulo 1: Pevsner J. <i>Introduction</i>. IN: <i>Bioinformatics and Functional Genomics</i>. 3^a Edición. Willey Blackwell; 2015. - Capítulo 2: Pevsner J. <i>Access to Sequence Data</i>

		<i>and Related Information.</i> IN: Bioinformatics and Functional Genomics. 3 ^a Edición. Willey Blackwell; 2015.
--	--	--

RA a que contribuye la Unidad	Número	Nombre de la Unidad	Duración en Semanas
RA2	2	Comparaciones de Secuencias, Genómica Comparativa y Análisis Filogenético	2
Contenidos		Indicadores de desempeño	Bibliografía por unidad
<ul style="list-style-type: none"> - Programación dinámica. - Alineamiento de a pares de secuencias. - Alineamiento múltiple de secuencias (en inglés MSA). - Herramientas básicas de búsqueda de alineamientos locales y múltiples (familia BLAST y Clustal). - Filogenia molecular y evolución. - Análisis filogenético. 		<ul style="list-style-type: none"> - Diferencia los métodos para comparación y alineamiento de secuencias. - Ejecuta softwares computacionales para realización de alineamiento de a pares y múltiple de secuencias. - Determina relaciones filogenéticas de nucleótidos y proteínas entre organismos. - Ejecuta programas computacionales para análisis filogenéticos. 	<ul style="list-style-type: none"> - Capítulo 3: Pevsner J. <i>Pairwise Sequence Alignment</i>. IN: Bioinformatics and Functional Genomics. 3^a Edición. Willey Blackwell; 2015. - Capítulo 4: Pevsner J. <i>Basic Local Alignment Search Tool (BLAST)</i>. IN: Bioinformatics and Functional Genomics. 3^a Edición. Willey Blackwell; 2015. - Capítulo 5: Pevsner J. <i>Advanced Database Searching</i>. IN: Bioinformatics and Functional Genomics. 3^a Edición. Willey Blackwell; 2015. - Capítulo 6: Pevsner J. <i>Multiple Sequence Alignment</i>. IN: Bioinformatics and Functional Genomics. 3^a Edición. Willey Blackwell; 2015.

		Blackwell; 2015. - Capítulo 7: Pevsner J. <i>Molecular Phylogeny and Evolution</i> . IN: Bioinformatics and Functional Genomics. 3 ^a Edición. Willey Blackwell; 2015.
--	--	--

RA a que contribuye la Unidad	Número	Nombre de la Unidad	Duración en Semanas
RA3	3	Análisis de Datos de Secuenciación Genómica y Transcriptómica	7
Contenidos		Indicadores de desempeño	Bibliografía por unidad
<ul style="list-style-type: none"> - Métodos de secuenciación masiva. - Ensamblajes de genomas y transcriptomas. - Predicción de genes codificantes y no codificantes de proteínas. - Anotación funcional de proteínas. - Análisis diferencial de la expresión génica. 		<ul style="list-style-type: none"> - Analiza estrategias de ejecución progresiva para la reconstrucción de genomas, predicción y anotación funcional de genes codificantes y no codificantes de proteínas. - Ejecuta programas computacionales para realización del ensamblaje de genomas, predicción y anotación de genes codificantes y no codificantes de proteínas. - Analiza estrategias de ejecución progresiva para la reconstrucción de transcriptomas, anotación funcional y análisis de expresión diferencial de transcritos. - Ejecuta programas computacionales de sistemas operativos Unix para la realización del ensamblaje de novo basado en genomas de 	<ul style="list-style-type: none"> - Capítulo 8: Pevsner J. <i>DNA: The Eukaryotic Chromosome</i>. IN: Bioinformatics and Functional Genomics. 3^a Edición. Willey Blackwell; 2015. - Capítulo 9: Pevsner J. <i>Analysis of Next-Generation Sequence Data</i>. IN: Bioinformatics and Functional Genomics. 3^a Edición. Willey Blackwell; 2015. - Capítulo 10: Pevsner J. <i>Bioinformatic Approaches to Ribonucleic Acid (RNA)</i>. IN: Bioinformatics and Functional Genomics. 3^a Edición. Willey Blackwell; 2015.

	referencia, su anotación funcional y análisis diferencial de expresión génica.	
--	--	--

RA a que contribuye la Unidad	Número	Nombre de la Unidad	Duración en Semanas
RA4	4	Dinámica Molecular y Modelamiento de Proteínas	4
Contenidos		Indicadores de desempeño	Bibliografía por unidad
<ul style="list-style-type: none"> - Comparación de secuencias y estructura de proteínas. - Introducción a la simulación molecular, Aproximación de Born-Oppenheimer, Dinámica Hamiltoniana, Campos de fuerza, Integración de las leyes de Newton. - Métodos en Simulación molecular, Minimización energética, Dinámica molecular. -Modelamiento comparativo. - Docking Molecular y diseño de Fármacos. 		<ul style="list-style-type: none"> - Analiza macromoléculas a través de la simulación y <i>docking</i> molecular. - Ejecuta programas computacionales para la simulación y <i>docking</i> molecular. 	<ul style="list-style-type: none"> - Capítulo 5: LeskAM. <i>Structural Bioinformatics and Drug Discovery</i>. IN: Introduction to Bioinformatics. 5ª Edición. Oxford University Press; 2019

Metodologías	Requisitos de Aprobación y Evaluaciones del Curso
<p>El curso comprende actividades prácticas y teóricas. Las actividades prácticas corresponden a laboratorios de computación guiados por el docente coordinador y profesores invitados.</p> <p>Las evaluaciones son en formato de</p>	<ul style="list-style-type: none"> - Evaluación 1: 33,333% - Evaluación 2: 33,333% - Evaluación 3: 33,333% - La asistencia a los laboratorios es obligatoria en un 100%. - Las actividades de laboratorio son

<p>pruebas, con el objetivo de evaluar el manejo de las herramientas computacionales, la capacidad de generar hipótesis y el grado de autoaprendizaje del estudiante.</p>	<p>irrecuperables. En caso de ausencia, debe justificarse a través del protocolo de la Facultad.</p>
<p>Bibliografía Obligatoria</p>	
<ul style="list-style-type: none"> - Lesk AM. Introduction to Bioinformatics. 5ª Edición. Oxford University Press; 2019 - Pevsner J. Bioinformatics and Functional Genomics. 3ª Edición. Willey Blackwell; 2015. - Mount DW. Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis. 2ª Edición. CSHL Press; 2004. 	
<p>Año de vigencia del programa:</p>	<p>2022</p>
<p>Equipo responsable del programa:</p>	<p>Vinicius Maracaja Coutinho (Coordinador)</p>

Calendario - Bioinformática - 2022

Semana	Fecha	Día	Hora	Módulo	Temática	Profesor
1	16 agosto	Miércoles	10:20-12:55	1	Introducción al curso y a la Bioinformática	Dr. Vinicius Maracaja
	17 agosto	Jueves	14:55-16:35		Sistema Operativo Linux & Shell Scripting	Dr. Vinicius Maracaja
2	23 agosto	Miércoles	10:20-12:55		Sistema Operativo Linux & Shell Scripting	Dr. Vinicius Maracaja
	24 agosto	Jueves	14:55-16:35		Sistema Operativo Linux & Shell Scripting (practico)	Dr. Vinicius Maracaja
3	30 agosto	Miércoles	10:20-12:55		Bases de datos biológica & Formatos de Archivos	Dr. Vinicius Maracaja
	31 agosto	Jueves	14:55-16:35		Bases de datos biológica & Formatos de Archivos	Dr. Vinicius Maracaja
4	6 septiembre	Miércoles	10:20-12:55	2	Filogenia molecular, evolución y análisis filogenético	Dr. Eduardo Martínez (Híbrida)
	7 septiembre	Jueves	14:55-16:35	JUEGOS OLÍMPICOS ESTUDIANTILES		
-	13 septiembre	Miércoles	10:20-12:55	RECESO ESTUDIANTES (UCHILE)		
	14 septiembre	Jueves	14:55-16:35			
5	20 septiembre	Miércoles	10:20-12:55	2	Filogenia molecular, evolución y análisis filogenético	Dr. Eduardo Martínez (Híbrida)
	21 septiembre	Jueves	14:55-16:35		Filogenia molecular, evolución y análisis filogenético	Dr. Eduardo Martínez (Híbrida)
6	27 septiembre	Miércoles	10:20-12:55		Filogenia molecular, evolución y análisis filogenético	Dr. Eduardo Martínez (Híbrida)
	28 septiembre	Jueves	14:55-16:35	1-2	Evaluación 1	
7	4 octubre	Miércoles	10:20-12:55	3	Introducción a la genómica y análisis de datos en proyectos genómicos	Dr. Vinicius Maracaja
	5	Jueves	14:55-		Control de calidad de datos NGS (practico).	Dr. Vinicius

	octubre	s	16:35			Maracaja	
8	11 octubre	Miércoles	10:20-12:55		Introducción al ensamblado de genomas y predicción de genes	Dr. Vinicius Maracaja	
	12 octubre	Jueves	14:55-16:35		Predicción de genes y comparación de secuencias	Dr. Vinicius Maracaja	
9	18 octubre	Miércoles	10:20-12:55		Anotación funcional de genes y bases de datos biológicas	Dr. Vinicius Maracaja	
	19 octubre	Jueves	14:55-16:35		Reconstrucción de transcriptomas, cuantificación y expresión diferencial	Dr. Vinicius Maracaja	
10	25 octubre	Miércoles	10:20-12:55		Human Cell Atlas Workshop - LIBRE		
	26 octubre	Jueves	14:55-16:35				
-	1 noviembre	Miércoles	10:20-12:55	RECESO ESTUDIANTES (FACIQYF)			
	2 noviembre	Jueves	14:55-16:35				
11	8 noviembre	Miércoles	10:20-12:55	3	Reconstrucción de transcriptomas, cuantificación y expresión diferencial	Dr. Vinicius Maracaja	
	9 noviembre	Jueves	14:55-16:35		Metagenómica	Dr. Raúl Arias-Carrasco	
12	15 noviembre	Miércoles	10:20-12:55		Metagenómica	Dr. Raúl Arias-Carrasco	
	16 noviembre	Jueves	14:55-16:35		Evaluación 2		
13	22 noviembre	Miércoles	10:20-12:55		4	Introducción a la Bioinformática Estructural	Dr. Pablo Villalobos
	23 noviembre	Jueves	14:55-16:35			Predicción de Estructura de Proteínas	Dr. Pablo Villalobos
14	29 noviembre	Miércoles	10:20-12:55	Simulación Molecular		Dr. Pablo Villalobos	
	30 noviembre	Jueves	14:55-16:35	Simulación Molecular		Dr. Pablo Villalobos	
15	6	Miércoles	10:20-	Docking Molecular		Dr. Pablo	

	diciembre	les	12:55			Villalobos
	7 diciembre	Jueves	14:55-16:35		Docking Molecular	Dr. Pablo Villalobos
16	13 diciembre	Miércoles	10:20-12:55		Evaluación 3	