

**PROGRAMA DE CURSO**

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>				

La metodología del curso contempla clases teórico-prácticas y talleres computacionales.

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

		<p>Edición. Willey Blackwell; 2015.</p> <p>- <b>Capítulo 2:</b> Pevsner J. <i>Access to Sequence Data and Related Information</i>. IN: Bioinformatics and Functional Genomics. 3ª Edición. Willey Blackwell; 2015.</p>
--	--	--

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

		<p>Edición. Willey Blackwell; 2015.</p> <p>- <b>Capítulo 6:</b> Pevsner J. <i>Multiple Sequence Alignment</i>. IN: Bioinformatics and Functional Genomics. 3ª Edición. Willey Blackwell; 2015.</p> <p>- <b>Capítulo 7:</b> Pevsner J. <i>Molecular Phylogeny and Evolution</i>. IN: Bioinformatics and Functional Genomics. 3ª Edición. Willey Blackwell; 2015.</p>
--	--	---

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

	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Analiza estrategias de ejecución progresiva para la reconstrucción de transcriptomas, anotación funcional y análisis de expresión diferencial de transcritos.</li> <li>- Ejecuta programas computacionales de sistemas operativos Unix para la realización del ensamblaje de <b> novo</b> basado en genomas de referencia, su anotación funcional y análisis diferencial de expresión génica.</li> </ul>	<p>Functional Genomics. 3<sup>a</sup> Edición. Willey Blackwell; 2015.</p> <p>- <b>Capítulo 10:</b> Pevsner J. <i>Bioinformatic Approaches to Ribonucleic Acid (RNA)</i>. IN: Bioinformatics and Functional Genomics. 3<sup>a</sup> Edición. Willey Blackwell; 2015.</p>
--	---	--

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

--	--	--

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 pruebas en línea, con el objetivo de evaluar el manejo de las herramientas computacionales, la capacidad de generar hipótesis y el grado de autoaprendizaje del estudiante.</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Evaluación en línea 1: 33,333%</li> <li>- Evaluación en línea 2: 33,333%</li> <li>- Evaluación en línea 3: 33,333%</li>   <li>- La asistencia a los laboratorios es obligatoria en un 100%.</li> <li>- Las actividades de laboratorio son irrecuperables. En caso de ausencia, debe justificarse a través del protocolo de la Facultad.</li> </ul>
<b>Bibliografía Obligatoria</b>	
<ul style="list-style-type: none"> <li>- Lesk AM. Introduction to Bioinformatics. 5ª Edición. Oxford University Press; 2019</li> <li>- Pevsner J. Bioinformatics and Functional Genomics. 3ª Edición. Willey Blackwell; 2015.</li> <li>- Mount DW. Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis. 2ª Edición. CSHL Press; 2004.</li> </ul>	
<b>Año de vigencia del programa:</b>	2021
<b>Equipo responsable del programa:</b>	Vinicius Maracaja Coutinho (Coordinador)

### Calendario - Bioinformática - 2021

Semana	Fecha	Módulo	Temática	Profesor	
2	18 Octubre <b>Lunes</b> 14:00-16:30	1	Introducción al curso y a la Bioinformática	Dr Vinicius Maracaja	
	19 Octubre <b>Martes</b> 14:00-15:40		Sistema Operativo Linux & Shell Scripting	Dr Vinicius Maracaja	
3	25 Octubre <b>Lunes</b> 14:00-16:30		Sistema Operativo Linux & Shell Scripting	Dr Vinicius Maracaja	
	26 Octubre <b>Martes</b> 14:00-15:40		Bases de datos biológica & Formatos de Archivos	Dr Vinicius Maracaja	
Receso	01 Noviembre <b>Lunes</b> 14:00-16:30		Feriado		
	02 Noviembre <b>Martes</b> 14:00-15:40		Receso		
4	08 Noviembre <b>Lunes</b> 14:00-16:30		Bases de datos biológica & Formatos de Archivos	Dr Vinicius Maracaja	
	09 Noviembre <b>Martes</b> 14:00-15:40		2	Filogenia molecular, evolución y análisis filogenético	Dra Mónica Saldarriaga
5	15 Noviembre <b>Lunes</b> 14:00-16:30	Filogenia molecular, evolución y análisis filogenético		Dra Mónica Saldarriaga	
	16 Noviembre <b>Martes</b> 14:00-15:40	Filogenia molecular, evolución y análisis filogenético		Dra Mónica Saldarriaga	

6	22 Noviembre <b>Lunes</b> 14:00-16:30		Filogenia molecular, evolución y análisis filogenético	Dra Mónica Saldarriaga
	23 Noviembre <b>Martes</b> 14:00-15:40	1 y 2	<b>Evaluación Asíncrona 1</b>	
Receso	29 Noviembre <b>Lunes</b> 14:00-16:30	-	Receso	
	30 Noviembre <b>Martes</b> 14:00-15:40			
7	06 Diciembre <b>Lunes</b> 14:00-16:30	3	Introducción a la genómica, control de calidad de datos NGS y ensamblado de genomas.	Dr Vinicius Maracaja
	07 Diciembre <b>Martes</b> 14:00-15:40		Introducción a la genómica, control de calidad de datos NGS y ensamblado de genomas.	Dr Vinicius Maracaja
8	13 Diciembre <b>Lunes</b> 14:00-16:30		Introducción a la genómica, control de calidad de datos NGS y ensamblado de genomas.	Dr Vinicius Maracaja
	14 Diciembre <b>Martes</b> 14:00-15:40		Predicción y anotación funcional de genes	Dr Vinicius Maracaja
9	20 Diciembre <b>Lunes</b> 14:00-16:30		Predicción y anotación funcional de genes	Dr Vinicius Maracaja
	21 Diciembre <b>Martes</b> 14:00-15:40		Reconstrucción de transcriptomas, cuantificación y expresión diferencial	Dr Vinicius Maracaja
	27 Diciembre			

Receso	<b>Lunes</b> 14:00-16:30	-	Receso	
	28 Diciembre <b>Martes</b> 14:00-15:40			
10	03 Enero <b>Lunes</b> 14:00-16:30	3	Reconstrucción de transcriptomas, cuantificación y expresión diferencial	Dr Vinicius Maracaja
	04 Enero <b>Martes</b> 14:00-15:40		Metagenómica	Dr Raúl Arias
11	10 Enero <b>Lunes</b> 14:00-16:30		Metagenómica	Dr Raúl Arias
	11 Enero <b>Martes</b> 14:00-15:40	3	<b>Evaluación Asíncrona 2</b>	
12	17 Enero <b>Lunes</b> 14:00-16:30	4	Introducción a la Bioinformática Estructural	Dr Pablo Villalobos
	18 Enero <b>Martes</b> 14:00-15:40		Predicción de Estructura de Proteínas	Dr Pablo Villalobos
13	24 Enero <b>Lunes</b> 14:00-16:30		Simulación Molecular	Dr Pablo Villalobos
	25 Enero <b>Martes</b> 14:00-15:40		Simulación Molecular	Dr Pablo Villalobos

Receso	01 a 28 Febrero	-	<b>Receso</b>	
14	01 Marzo <b>Martes</b> 14:00-15:40	4	Docking Molecular	Dr Pablo Villalobos
15	07 Marzo <b>Martes</b> 14:00-15:40		Docking Molecular	Dr Pablo Villalobos
	08 Marzo <b>Martes</b> 14:00-15:40	4	<b>Evaluación Asíncrona 3</b>	
	14 Marzo Lunes 14:00-16:30		Examen 1	
	15 Marzo Lunes 14:00-16:30		Examen 2	