

SYLLABUS DE LA ASIGNATURA

1. Identificación de la Asignatura

CURSO: Bioinformática y Genómica

CÓDIGO: BIOQ380

PERÍODO: VIII semestre

COORDINADOR DEL CURSO: Dr. Eduardo Castro eduardo.castro@unab.cl

PROFESOR(ES): Katterinne Mendez (KM), Eduardo Castro (EC)

2. Descripción General

Tipo de Actividad ¹	Teórica	Ayudantía	Laboratorio	Taller	Terreno	Clínica	Total	Horas Personales
N° horas semanales ²				3				6

Tipo de Actividad	Horas por semana	Sesiones por semana	Semanas por semestre
Teórica			18
Taller	3	1	

3. Aprendizajes Esperados y Unidades de Contenido.

I. Aprendizajes Esperados	II. Contenidos
1. Relacionar bases de datos con información biológica disponible para búsqueda de literatura científica y secuencias biológicas. 2. Aplicar alineamientos de secuencias y árboles filogenéticos para caracterizar sistemas biológicos.	UNIDAD I: HOMOLOGÍA Y BÚSQUEDA DE SECUENCIAS - Homología vs. identidad de secuencia - Organización de datos biológicos y tipos de secuencias

¹ Teórica, ayudantía, laboratorio, taller, terreno, clínica y trabajo personal.

² Considerar horas pedagógicas (Horas UNAB)

<p>3. Diseñar experimentos a escala genómica utilizando bases de datos de secuenciación masiva para comprender fenómenos biológicos.</p> <p>4. Interpretar distintos tipos de experimentos metagenómicos para el estudio de la microbiota de ecosistemas complejos.</p>	<ul style="list-style-type: none"> - Diseño de partidores y vectores de clonamiento <p>UNIDAD II: ALINEAMIENTO DE SECUENCIAS Y FILOGENÉTICA</p> <ul style="list-style-type: none"> - Alineamiento múltiple de secuencias - Alineamiento local: BLAST, BWT - Filogenética molecular <p>UNIDAD III: SECUENCIAMIENTO MASIVO Y GENÓMICA</p> <ul style="list-style-type: none"> - Tecnologías de secuenciación masiva - Procesamiento de datos genómicos - Ensamblaje de genomas - Variabilidad genética y expresión génica <p>UNIDAD IV: METAGENÓMICA</p> <ul style="list-style-type: none"> - 16S rRNA, ITS, y otros marcadores taxonómicos - Metagenómica y metatranscriptómica - Metabarcoding y DNA ambiental
---	---

4. Clase a clase (Calendario)³

N° de sesión ⁴ o semana	Tipo de actividad	Descripción de la actividad (didáctica o evaluativa)	A.E. Relacionado
Sesión 1 31 julio	Taller	Se dará a los estudiantes una pequeña introducción al curso señalando los temas a estudiar, las reglas generales, organización y funcionamiento del curso. Se pondrán apunto los elementos computacionales para el resto de los talleres del semestre.	AE1, AE2
Sesión 2 7 de agosto	Taller	Se desarrollará el tema homología e identidad de secuencia de manera teórica y práctica. El práctico comienza con un	AE1, AE2

⁴ La planificación puede realizarse por semana o por sesión, quedando un margen de flexibilidad de acuerdo a los criterios utilizados por el docente.

		control de entrada sobre lecturas dadas en la sesión pasada.	
Sesión 3 14 de agosto	Taller	Se desarrollará el tema de organización de datos biológicos y se realizarán presentaciones de artículos asignados la sesión anterior.	AE1, AE2
Sesión 4 21 de agosto	Taller	Se desarrollará el tema de diseño de partidores y vectores de clonación	AE1, AE2
Sesión 5 28 de agosto	Solemne I	Prueba escrita que comprende todos los temas vistos en las sesiones 1, 2, 3 y 4.	AE1, AE2
Sesión 6 4 de septiembre	Taller	Se abordarán temas relativos a los fundamentos y diferencias entre distintos tipos de alineamientos y sus aplicaciones más comunes.	AE2
Sesión 7 11 de septiembre	Taller	Se aplicarán conceptos de alineamiento progresivo para generar un alineamiento compatible para inferir filogenias. El práctico comienza con un control de entrada sobre lecturas dadas en la sesión pasada.	AE2
Sesión 8 25 de septiembre	Taller	Se desarrollará el tema de tecnologías de secuenciamiento masivo y procesamiento de datos genómicos.	AE2, AE3
Sesión 9 2 de octubre	Taller	Se desarrollará el tema mapeo de fragmentos de ADN en contra de una referencia y búsqueda de SNPs.	AE2, AE3
Sesión 10 9 de octubre	Taller	A partir de artículos entregados en la sesión 8, se discutirán aspectos clave relativos al ensamblaje de novo de genomas procariontes y eucariontes.	AE2, AE3
Sesión 11 16 de octubre	Solemne II	Prueba escrita que comprende todos los temas vistos en las sesiones 6, 7, 8, 9 y 10	AE2, AE3
Sesión 12 23 de octubre	Taller	Se revisarán conceptos clave relativos a metagenómica y naturaleza de comunidades de microorganismos.	AE4
Sesión 13 30 de octubre	Taller	Se desarrollará el tema secuenciación masiva de genes marcadores de taxonomía de microorganismos	AE4
Sesión 14 6 de noviembre	Taller	Se desarrollará el tema de metagenómica y metatranscriptómica. El práctico comienza con un control de entrada sobre lecturas dadas en la sesión pasada.	AE4
Sesión 15	Taller	Se desarrollará el tema ADN ambiental y su utilidad para caracterizar sistemas	AE4

13 de noviembre		biológicos. Se discutirán aspectos clave respecto a los artículos entregados en la sesión 14.	
Sesión 16 20 de noviembre	Solemne III	Prueba escrita que comprende todos los temas vistos en las sesiones 12, 13, 14 y 15.	AE4
Sesión 17 27 de noviembre	Semana de exámenes	Examen según programación de la facultad	AE1, AE2, AE3, AE4

5. Evaluación

N° Evaluación	Tipo de evaluación ⁵	Grupo (indicar "SI" o "NO")	Ponderación de la evaluación	N° de sesión	Aprendizaje esperado	Indicador (es) de logro (lo que se espera que el estudiante demuestre en la evaluación)
1	Control	NO	7	2	AE1, AE2	Indicadores de solemnes I
2	Presentación	SÍ	7	3	AE1, AE2	Indicadores de solemnes I
3	Solemne I	NO	20	5	AE1, AE2	Explica conceptos básicos de homología y evolución. Puede usar eficazmente bases de datos públicas de información biológica.
4	Control	NO	7	7	AE2, AE3	Indicadores de solemnes II
5	Presentación	SÍ	7	10	AE2, AE3	Indicadores de solemnes II
6	Solemne II	NO	20	11	AE2, AE3	Explica y distingue distintos métodos para alinear secuencias de ADN. Maneja estrategias y algoritmos usados para ensamblar genomas usando tecnologías de secuenciación masiva
7	Control	NO	6	14	AE4	Indicadores de solemnes III
8	Presentación	SÍ	6	15	AE4	Indicadores de solemnes III
9	Solemne III	NO	20	16	AE4	Distingue y explica distintas estrategias y algoritmos usados típicamente en metagenómica.

⁵ Tipo de evaluación, (solemnes, seminarios, controles, ensayos, talleres, presentaciones, análisis de un caso, etc.)

Nota: Este documento está sujeto a modificaciones en función de la contingencia semestral.

6. Condiciones de Aprobación

A.- La nota final del curso corresponderá a la nota de presentación ponderada en 70% y la nota del examen ponderada en 30%.

B.- Aquellos estudiantes que tengan nota de presentación de 5,0 (cinco coma cero) o superior, sin nota bajo 4,0 (cuatro coma cero) en las evaluaciones parciales, podrán eximirse de rendir examen y la nota final del curso corresponderá a la nota de presentación.

C.- Se considerarán aprobados todos los estudiantes que, habiendo rendido las evaluaciones y el examen, tengan un promedio de notas igual o superior a 4,0 (cuatro coma cero).

D.- Esta asignatura no contempla pruebas recuperativas. Si un estudiante falta a una prueba solemne, por razones debidamente justificadas, tendrá la obligación de rendir examen y la nota obtenida en éste reemplazará la nota de la prueba solemne a la que haya faltado. Si un estudiante falta a dos pruebas solemnes, por razones debidamente justificadas, sólo una de ellas podrá ser reemplazada por la del examen y la otra se reemplazará por una interrogación oral que se realizará al final del semestre. Si un estudiante falta a una prueba solemne sin razones debidamente justificadas, será calificado con la nota mínima (1,0).

E.- De acuerdo a la resolución N° 88023-2016 de la Facultad de Ciencias de la Vida se establecen requisitos especiales de asistencia a las actividades prácticas. La asistencia a las actividades de tipo laboratorio, seminario u otra complementaria a la cátedra, es de 100% y sólo se permitirá un máximo de 20% de inasistencias debidamente justificadas. Si un estudiante excede este porcentaje de inasistencias será calificado con nota 1,0 en las restantes evaluaciones y no tendrá derecho a rendir el examen final.

F.- El curso está regulado, además, por el Reglamento del Alumno de Pregrado vigente, a excepción del Artículo 35, donde se hace referencia a la posibilidad de eliminar una calificación parcial por semestre. De este modo no se eliminarán notas de solemnes y tampoco el examen reemplazará la nota más baja de las solemnes.

7. Bibliografía

Obligatoria:

- Lesk, A. (2017). Introduction to genomics. Oxford University Press. 3rd Edition

Complementaria:

-
- Lesk, A. (2014). Introduction to bioinformatics. Oxford University Press. 4th Edition
 - Izard J, Rivera M. (2015). Metagenomics for Microbiology. Academic Press. 1st Edition

Nota: Este documento está sujeto a modificaciones en función de la contingencia semestral.