

## SYLLABUS DE LA ASIGNATURA

### 1. Identificación de la Asignatura

CURSO: Bioinformática

CÓDIGO: BIOL311

PERÍODO: Segundo semestre 2018

COORDINADOR DEL CURSO: Dr. Danilo González (danilo.gonzalez@unab.cl)

PROFESOR(ES): Dr. Danilo González y Dr. Eduardo Castro (eduardo.castro@unab.cl)

Jonathan Canan (jonathancanan@gmail.com) y Katterinne Méndez  
(mendez.katterinne@gmail.com)

### 2. Descripción General

Tipo de Actividad <sup>1</sup>	Teórica	Ayudantía	Laboratorio	Taller	Terreno	Clínica	Total	Horas Personales
N° horas semanales <sup>2</sup>	3	0	0	2	0	0	10	15

Tipo de Actividad	Horas por semana	Sesiones por semana	Semanas por semestre
Teórica	3	1	18
Taller	2	2	

<sup>1</sup> Teórica, ayudantía, laboratorio, taller, terreno, clínica y trabajo personal.

<sup>2</sup> Considerar horas pedagógicas (Horas UNAB)

### 3. Aprendizajes Esperados y Unidades de Contenido.

I. Aprendizajes Esperados	II. Contenidos
1.- Integrar conocimientos extraídos de bases de datos genómicas en el estudio de sistemas biotecnológicos.	UNIDAD I: INTRODUCCIÓN A LA GENÓMICA - Homología y evolución. Búsqueda en Bases de Datos. - Alineamiento de secuencias y diseño de partidores. - Introducción a genómica de procariontes y eucariontes. - Filogenética y sus aplicaciones. - Metagenómica, Metatranscriptómica y microbioma humano.
2. Aplicar herramientas de bioinformática estructural para visualizar y comparar estructuras de proteínas.	UNIDAD II: BIOINFORMÁTICA ESTRUCTURAL - Estructura de proteínas y ácidos nucleicos: visualización, comparación y clasificación - Predicción de estructura secundaria y terciaria de proteínas. - Búsqueda de proteínas homólogas. Redes de similitud. Modelado por homología.
3. Integrar conceptos de Simulación Molecular en el estudio de sistemas biológicos a nivel molecular y su aplicación en biotecnología	UNIDAD III: SIMULACIÓN MOLECULAR DE PROTEÍNAS - Introducción y aplicación de métodos de acoplamiento molecular proteína-ligando. - Bioinformática integrativa: casos de estudio.

### 4. Clase a clase (Calendario)<sup>3</sup>

N° de sesión <sup>4</sup> o semana	Tipo de actividad	Descripción de la actividad (didáctica o evaluativa)	A.E. Relacionado
Sesión 1	Clase teórica +	Homología y Evolución + Bases de Datos	AE 1

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

3 de agosto	Taller	Biológicas y de Literatura + Búsqueda en Bases de Datos	
Sesión 2 10 de agosto	Clase teórica + Taller	Alineamiento de Pares de Secuencias, Múltiple y Perfiles (HMM's) + Diseño de Partidores + BLAST	AE 1
Sesión 3 17 de agosto	Clase teórica + Taller	Ensamblaje de Genomas + Predicción de Genes - Parte I	AE1
Sesión 4 24 de agosto	Clase teórica + Taller	Ensamblaje de Genomas + Predicción de Genes - Parte II	AE1
Sesión 5 31 de agosto	Clase teórica + Taller	Modelos de Sustitución Nucleotídica y Proteica + Filogenética Molecular	AE1
Sesión 6 7 de septiembre	<b>Solemne I</b>	Evaluación de los contenidos desarrollados en las sesiones 1 a la 5.	AE1
Sesión 7 14 de septiembre	Clase teórica + Taller	Metagenómica, Metatranscriptómica y Microbioma humano	AE2
Sesión 8 28 de septiembre	Clase teórica + Taller	Visualización, Comparación y Clasificación de Estructura de Proteínas	AE2
Sesión 9 5 de octubre	Clase teórica + Taller	Predicción de Estructura Secundaria y Terciaria de Proteínas	AE2
Sesión 10 12 de octubre	<b>Solemne II</b>	Evaluación de los contenidos desarrollados en las sesiones 7 a la 9.	AE2
Sesión 11 19 de octubre	Clase teórica + Taller	Búsqueda de proteínas homólogas + Redes de similitud + Modelado por homología	AE3
Sesión 12 26 de octubre	Clase teórica + Taller	Bioinformática Estructural	AE3
Sesión 13 9 de noviembre	Clase teórica + Taller	Introducción a la Simulación Molecular, campos de fuerza y estrategias de simulación molecular aplicadas a sistemas de interés biotecnológico.	AE3

Sesión 14 16 de noviembre	Clase teórica + Taller	Aplicación de la Simulación Molecular en ingeniería de proteínas	AE3
Sesión 15 23 de noviembre	<b>Solemne III</b>	Evaluación de los contenidos desarrollados en las sesiones 11 a la 14.	AE3
Sesión 16 Semana del 26 de noviembre	<b>Examen</b>	Evaluación de todos los contenidos revisados en el semestre.	AE1 AE2 AE3

### 5. Evaluación

Nº Evaluación	Tipo de evaluación <sup>5</sup>	Grupo (indicar "SI" o "NO")	Ponderación de la evaluación	Nº de sesión	Aprendizaje esperado	Indicador (es) de logro (lo que se espera que el estudiante demuestre en la evaluación)
1	Solemne I	NO	25%	6	AE1	Explica conceptos básicos de homología y evolución. Explica y distingue distintos métodos para alinear secuencias de ADN. Maneja estrategias y algoritmos usados para ensamblar genomas usando tecnologías de secuenciación masiva.

<sup>5</sup> Tipo de evaluación, (solemnos, seminarios, controles, ensayos, talleres, presentaciones, análisis de un caso, etc.)

						Puede usar eficazmente bases de datos públicas de información biológica
2	Solemne II	NO	15%	10	AE2	Distingue y explica distintas estrategias y algoritmos usados típicamente en metagenómica. Explica conceptos básicos de visualización molecular y sus diferentes formatos, aprende a utilizar softwares para evaluar propiedades estructurales y distinguir motivos estructurales a través de visualización. Se describen métodos de simulación de acoplamiento proteína-ligando, muestreo conformacional y métodos de evaluación energética.
3	Solemne III	NO	20%	15	AE3	Explica conceptos básicos de simulación molecular, específicamente, métodos básicos de dinámica molecular, campos de fuerzas y métodos de análisis estructural y energético. Se discuten sus ventajas y limitaciones en aplicaciones

						biotecnológicas a través de la discusión de casos de estudios.
4	Trabajo de taller	NO	20%	1-14	AE1-3	Indicadores de solemnnes 1 a 3
5	Controles de taller	NO	20%		AE1-3	Indicadores de solemnnes 1 a 3
6	Examen	NO	30%	17	AE1 AE2 AE3	Indicadores de solemnnes 1 a 3

## 6. Condiciones de Aprobación

Las ponderaciones de las tres pruebas solemnnes serán 25%, 15% y 20%, respectivamente. Además, las ponderaciones de los controles y trabajos de taller serán 20% y 20%, respectivamente. Con estas ponderaciones se obtendrá la nota de presentación a examen (NP), la cual corresponderá al 70% de la nota final (NF). El 30% restante de la NF estará dado por la nota del examen.

Para la eximición del examen el alumno deberá tener una NP igual o superior a un 5,0 y ninguna nota inferior a 4,0 en alguna de las solemnnes. En caso de cumplir con los requisitos de eximición del examen, la NF será equivalente a la NP.

Toda inasistencia a solemnnes no justificada debidamente, será calificada con nota 1,0.

Esta asignatura no contempla pruebas recuperativas. Si un estudiante falta a una prueba solemnne, por razones debidamente justificadas, tendrá la obligación de rendir examen y la nota obtenida en éste reemplazará la nota de la prueba solemnne a la que haya faltado. Si un estudiante falta a dos pruebas solemnnes, 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 solemnne sin razones debidamente justificadas, será calificado con la nota mínima (1,0).

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 solemnnes y tampoco el examen reemplazará la nota más baja de las solemnnes.

Los alumnos que ingresaron a la Universidad vía admisión "Talentos Deportivos" deben identificarse al inicio del curso con el profesor con el propósito de establecer un calendario de recuperación de evaluaciones que presenten tope de horario con competencias deportivas.

---

## 7. Bibliografía

Obligatoria:

- Leach, A. (2001). Molecular Modelling: Principles and Applications 2nd Edition.
- 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.