



UNIVERSIDAD NACIONAL MAYOR DE SAN MARCOS

Universidad del Perú. Decana de América

“Año de la recuperación y consolidación de la economía peruana”

Genómica Evolutiva

SÍLABO

Denominación del programa	:Diplomado en Bioinformática Aplicada a la Salud Pública
Profesor responsable	:Mg. Víctor Alberto Jiménez Vásquez
Correo electrónico	: vr.jimenez.vs@gmail.com , vjimenez@ins.gob.pe

2025

1. INFORMACIÓN GENERAL

1.1.Nombre de la asignatura	: Genómica Evolutiva
1.2.Tipo de asignatura	: Perfeccionamiento
1.3.Profesor	: Mg. Víctor Alberto Jiménez Vásquez
1.4.Programa	: Diplomado en Bioinformática Aplicada a la Salud Pública
1.5.Mención	: --
1.6.Código de asignatura	: B4S40122
1.7.Créditos	: 2.0
1.8.Nº de horas semanales	: 16 horas
1.9.Nº de horas por semestre	: 32 horas
1.10.Semestre académico	: 2025-I
1.11.Duración	: 2 semanas
1.12.Fecha de inicio	: 13 mayo 2025
1.13.Fecha de finalización	: 20 mayo 2025
1.14.Local y aula	: No presencial – Google Meet: https://meet.google.com/tjk-heuo-qat
1.15.Horario	: Lunes – viernes de 3 – 9 pm

2. FUNDAMENTOS DE LA ASIGNATURA

2.1 Sumilla

Asignatura que corresponde al periodo de especialización, es de naturaleza teórica y de modalidad no presencial. Tiene por propósito comprender la composición, organización y estructura de los genomas y cómo estos cambian bajo el efecto de diferentes fuerzas evolutivas. Asimismo, conocer los principios centrales de la genómica evolutiva, la genética de poblaciones y la genómica, la evolución molecular y la filogenia.

Las unidades son:

- I. Genómica.
- II. Evolución del Genoma I.
- III. Evolución del Genoma II.

2.2. Competencia General

- Capacidad de comunicación oral y escrita
- Capacidad de investigación

2.3 Competencias específicas.

- Aplica herramientas bioinformáticas modernas para la detección temprana y la respuesta a brotes y enfermedades infecciosas emergentes y reemergentes, así como enfermedades no infecciosas.

ASIGNATURA

3. CONTENIDO TEMÁTICO

3.1. Unidad de aprendizaje I: Genómica

Semana	Temas	Fecha
1	Introducción al Curso. Biología Evolutiva. Implicancias de la Biología Evolutiva en el mundo moderno. Ciencia y Sociedad. Bases de datos genómicas. <i>Práctica I: Obtención de información de secuenciación genómica.</i> Biodiversidad y Genómica. Principios de Genómica evolutiva. Métodos de secuenciación masiva. Estructura genómica de virus, bacterias y arqueas. <i>Práctica II: Ensamblaje y anotación de genomas bacterianos.</i>	13 mayo
1	Estructura genómica de eucariontes (parásitos, vegetales y animales). <i>Práctica I: Identificación de factores de virulencia bacteriana.</i> Genética de poblaciones, selección natural, identificación de regiones génicas bajo selección. Mecanismos de resistencia antimicrobiana. <i>Práctica II: Ensamblaje de genomas bacterianos a partir de secuencias nanopore y evaluación de la calidad.</i>	14 mayo

Semana	Temas	Fecha
1	PRIMERA EVALUACION (PARCIAL)	15 mayo

3.2 Unidad de aprendizaje II: Evolución del Genoma I.

Semana	Temas	Fecha
1	Filogenética. Concepto filogenético de especie. Métodos de construcción filogenética por Máxima Verosimilitud e Inferencia Bayesiana. <i>Práctica I: estrategias para la obtención de árboles de máxima verosimilitud.</i> Radiación evolutiva y divergencia entre especies. Delimitación de especies de bacterianas a través de criterios genómicos. <i>Práctica II: Compilación de metadatos.</i>	15 mayo
1	Epidemiología molecular. Reloj molecular y estimaciones de tiempos de divergencia. Implicancias de la genómica evolutiva en la Salud. <i>Práctica I: Modelos demográficos.</i> Filogeografía aplicada a organismos infecciosos. <i>Práctica II: Filodinámica y obtención de árboles filogenómicos anotados</i>	16 mayo

3.3 Unidad de aprendizaje III: Evolución del Genoma II.

1	Metagenómica y metataxonómica. Genómica post-pandémica. Elementos genéticos móviles. Tipos de transposones. Identificación bioinformática de MGEs. <i>Práctica I: Identificación metagenómica y visualización de resultados.</i> Pangenómica y su relevancia en la salud. <i>Práctica II: Identificación de regiones homólogas y análisis pangenómico</i>	19 mayo
2	SEGUNDA EVALUACIÓN (FINAL)	20 mayo

4. MEDIOS Y MATERIALES

- Medios audiovisuales y electrónicos
- Material pedagógico: presentaciones, herramientas virtuales, laptop, equipo de cómputo, etc.

5. ESTRATEGIAS METODOLÓGICAS

Clase magistral, Foros, Talleres, Aprendizaje basado en problemas ABP.

6. ESTRATEGIAS DE EVALUACIÓN

6.1. Modalidades de evaluación:

Exámenes, informes.

6.2. Criterios de evaluación

Ponderación de cada una de las modalidades

Modalidades	Porcentaje
1. Exámenes (parcial + final)	80%
3. Intervenciones diarias	20%
Total	100%

6.3. Obtención del promedio final:

Promedio de exámenes (80%) + Promedio de intervenciones diarias (20%)

Nota aprobatoria mínima: 14

6.4. Requisitos para aprobar la asignatura:

Asistencia virtual al 70% de las clases.

7. REFERENCIAS

- Anisimova, M. (2019). Evolutionary Genomics (2.a ed.). Humana New York, NY.
<https://doi.org/10.1007/978-1-4939-9074-0>
- Cerca, J., Cotoras, D. D., Bieker, V. C., De-Kayne, R., Vargas, P., Fernández-Mazuecos, M., López-Delgado, J., White, O., Stervander, M., Geneva, A. J., Guevara Andino, J. E., Meier, J.

- I., Roebke, L., Brée, B., Patiño, J., Guayasamin, J. M., Torres, M. de L., Valdebenito, H., Castañeda, M. del R., ... Martin, M. D. (2023). Evolutionary genomics of oceanic island radiations. *Trends in Ecology & Evolution*, 38(7), 631-642. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2023.02.003>
- Itan, Y., Gerbault, P., & Pines, G. (2015). Evolutionary Genomics: Supplement Aims and Scope. *Evolutionary Bioinformatics*, 11s2, EBO.S39729. <https://doi.org/10.4137/EBO.S39729>
 - Rasmus Grønfeldt Winther. (2023). *Our Genes: A Philosophical Perspective on Human Evolutionary Genomics*. Cambridge University Press.
 - Aguirre-Liguori, J. A., Ramírez-Barahona, S., & Gaut, B. S. (2021). The evolutionary genomics of species' responses to climate change. *Nature Ecology & Evolution*, 5(10), 1350-1360. <https://doi.org/10.1038/s41559-021-01526-9>
 - Bankevich, A., Nurk, S., Antipov, D., Gurevich, A. A., Dvorkin, M., Kulikov, A. S., Lesin, V. M., Nikolenko, S. I., Pham, S., Prjibelski, A. D., Pyshkin, A. V., Sirotkin, A. V., Vyahhi, N., Tesler, G., Alekseyev, M. A., & Pevzner, P. A. (2012). SPAdes: A New Genome Assembly Algorithm and Its Applications to Single-Cell Sequencing. *Journal of Computational Biology*, 19(5), 455-477. <https://doi.org/10.1089/cmb.2012.0021>
 - Bolger, A. M., Lohse, M., & Usadel, B. (2014). Trimmomatic: A flexible trimmer for Illumina sequence data. *Bioinformatics*, 30(15), 2114-2120. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu170>
 - Calvet-Seral, J., Crespo-Yuste, E., Mendoza-Losana, A., & Gonzalo-Asensio, J. (2024). A Historical Perspective to Decrypt AMR in Mycobacterium: From Classic Discoveries to Genomics Approaches. En V. Soni & A. S. Akhade (Eds.), *Antimicrobial Resistance: Factors to Findings: Omics and Systems Biology Approaches* (pp. 41-74). Springer International Publishing. https://doi.org/10.1007/978-3-031-65986-7_2
 - Chacón, R. D., Sánchez-Llatas, C. J., L. Pajuelo, S., Diaz Forero, A. J., **Jimenez-Vasquez, V.**, Médico, J. A., Soto-Ugaldi, L. F., Astolfi-Ferreira, C. S., & Piantino Ferreira, A. J. (2024). Molecular characterization of the meq oncogene of Marek's disease virus in vaccinated Brazilian poultry farms reveals selective pressure on prevalent strains. *Veterinary Quarterly*, 44(1), 1-13. <https://doi.org/10.1080/01652176.2024.2318198>
 - Chen, S., Zhou, Y., Chen, Y., & Gu, J. (2018). fastp: An ultra-fast all-in-one FASTQ preprocessor. *Bioinformatics*, 34(17), i884-i890. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bty560>
 - Condori-Yujra, F. J., **Jimenez-Vasquez, V.**, Enríquez-Alva, G. W., Gordillo-Vilchez, S. M., & Cabezudo-Pillpe, N. E. (2018). Genotipificación molecular de las cepas del virus sarampión en el Perú, 2018. *Anales de la Facultad de Medicina*, 79(1), 94-95. <https://doi.org/10.15381/anales.v79i1.14599>
 - Condori-Yujra, F. J., **Jiménez-Vásquez, V.**, Enríquez-Alva, G. W., & Cabezudo-Pillpe, N. E. (2018). Caracterización genética del virus de varicela zoster aislado de casos clínicos complicados en Perú en 2016 y 2017. *Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Pública*, 35(3), 533. <https://doi.org/10.17843/rpmesp.2018.353.3706>
 - de la Fuente, R., Díaz-Villanueva, W., Arnau, V., & Moya, A. (2023). Genomic Signature in Evolutionary Biology: A Review. *Biology*, 12(2). <https://doi.org/10.3390/biology12020322>
 - Grubaugh, N. D., Gangavarapu, K., Quick, J., Matteson, N. L., De Jesus, J. G., Main, B. J., Tan, A. L., Paul, L. M., Brackney, D. E., Grewal, S., Gurfield, N., Van Rompay, K. K. A., Isern, S., Michael, S. F., Coffey, L. L., Loman, N. J., & Andersen, K. G. (2019). An amplicon-based sequencing framework for accurately measuring intrahost virus diversity using PrimalSeq and iVar. *Genome Biology*, 20(1), 8. <https://doi.org/10.1186/s13059-018-1618-7>
 - Hernández-Plaza, A., Szklarczyk, D., Botas, J., Cantalapiedra, C. P., Giner-Lamia, J., Mende, D. R., Kirsch, R., Rattei, T., Letunic, I., Jensen, L. J., Bork, P., von Mering, C., & Huerta-Cepas, J. (2023). eggNOG 6.0: Enabling comparative genomics across 12 535 organisms. *Nucleic Acids Research*, 51(D1), D389-D394. <https://doi.org/10.1093/nar/gkac1022>
 - Herrera, M. and R. (2023). Anemonefishes: A model system for evolutionary genomics [version 2; peer review: 2 approved]. En *F1000Research* (Vol. 12, Número 204). <https://f1000research.com/articles/12-204/v2>
 - Ishige, T. (2024). Chapter Two—Molecular biology of SARS-CoV-2 and techniques of diagnosis and surveillance. En G. S. Makowski (Ed.), *Advances in Clinical Chemistry* (Vol. 118, pp. 35-85). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/bs.acc.2023.11.003>
 - **Jimenez-Vasquez, V.**, Calvay-Sanchez, K., Zarate-Sulca, Y., Ruiz, J., & Mendoza-Mujica, G. (2022). In-silico identification of potential antigenic proteins in Bartonella bacilliformis for the serological diagnosis of Carrion's disease [Preprint]. *Microbiology*. <https://doi.org/10.1101/2022.06.06.494961>
 - **Jimenez-Vasquez, V.**, Millán, B., Machahua, M., Kahn, F., Ramirez, R., Pintaud, J.-C., & Roncal,

- J. (2017). Dry season characteristics in western Amazonia underlie the divergence of *Astrocaryum* section Huicungo (Arecaceae) and evaluation of potential anatomical adaptations. *Botanical Journal of the Linnean Society*, 185(3), 291-306. <https://doi.org/10.1093/botlinnean/box060>
- **Jimenez-Vasquez, V.**, Vargas-Herrera, N., Bárcena-Flores, L., Hurtado, V., Padilla-Rojas, C., & Araujo-Castillo, R. V. (2024). Dispersion of SARS-CoV-2 lineage BA.5.1.25 and its descendants in Peru during two COVID-19 waves in 2022. *Genomics & Informatics*, 22(1), 5. <https://doi.org/10.1186/s44342-024-00006-3>
 - Kehlet-Delgado, H., Montoya, A. P., Jensen, K. T., Wendlandt, C. E., Dexheimer, C., Roberts, M., Torres Martínez, L., Friesen, M. L., Griffiths, J. S., & Porter, S. S. (2024). The evolutionary genomics of adaptation to stress in wild rhizobium bacteria. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 121(13), e2311127121. <https://doi.org/10.1073/pnas.2311127121>
 - Kumar, S., Stecher, G., & Tamura, K. (2016). MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets. *Molecular Biology and Evolution*, 33(7), 1870-1874. <https://doi.org/10.1093/molbev/msw054>
 - Li, H., & Durbin, R. (2010). Fast and accurate long-read alignment with Burrows–Wheeler transform. *Bioinformatics*, 26(5), 589-595. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btp698>
 - Lu, J., Breitwieser, F. P., Thielen, P., & Salzberg, S. L. (2017). Bracken: Estimating species abundance in metagenomics data. *PeerJ Computer Science*, 3, e104. <https://doi.org/10.7717/peerj-cs.104>
 - Maruki, T., Ye, Z., & Lynch, M. (2022). Evolutionary Genomics of a Subdivided Species. *Molecular Biology and Evolution*, 39(8), msac152. <https://doi.org/10.1093/molbev/msac152>
 - Matuszewska, M., Murray, G. G. R., Harrison, E. M., Holmes, M. A., & Weinert, L. A. (2020). The Evolutionary Genomics of Host Specificity in *Staphylococcus aureus*. *Trends in Microbiology*, 28(6), 465-477. <https://doi.org/10.1016/j.tim.2019.12.007>
 - Mestanza, O., Lizarraga, W., Padilla-Rojas, C., **Jimenez-Vasquez, V.**, Hurtado, V., Molina, I. S., Bárcena, L., Acedo, S., Nuñez, A., Gordillo, S., Sevilla, N., Medrano, P., Bailon, H., Cáceres, O., Galarza, M., Rojas-Serrano, N., Vargas-Herrera, N., Lope-Pari, P., Huayra, J., Solari, L. (2022). Genomic surveillance of the Lambda SARS-CoV-2 variant in a global phylogenetic context. *Journal of Medical Virology*, 94(10), 4689-4695. <https://doi.org/10.1002/jmv.27889>
 - Molina, I. S., **Jimenez-Vasquez, V.**, Lizarraga, W., Sevilla, N., Hurtado, V., & Padilla-Rojas, C. (2023). Sub-lineage B.1.6 of hMPXV in a global context: Phylogeny and epidemiology. *Journal of Medical Virology*, 95(9), e29056. <https://doi.org/10.1002/jmv.29056>
 - Pampa-Espinoza, L., Padilla-Rojas, C., Silva-Valencia, J., **Jimenez-Vasquez, V.**, Silva, I., Mestanza, O., Lope Pari, P., Cáceres, O., Bailón-Calderón, H., Bárcena-Flores, L., Galarza, M., García Mendoza, M., Gavilán, R., Rojas Serrano, N., Palomino Rodriguez, M., Huaranga, M., Rios Monteza, P., Ordoñez, L., Fernandez-Navarro, M., Solari, L. (2022). Confirmed Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 Reinfections After a Second Wave With Predominance of Lambda in Lima and Callao, Peru. *Open Forum Infectious Diseases*, 9(6), ofac134. <https://doi.org/10.1093/ofid/ofac134>
 - Ramírez, R., Solis, M., Ampuero, A., Morín, J., **Jimenez-Vasquez, V.**, Ramirez, J. L., Congrains, C., Temoche, H., & Shiga, B. (2020). Identificación molecular y relaciones evolutivas de *Pomacea nobilis*, base para la autenticación específica del churo negro de la Amazonia peruana. *Revista Peruana de Biología*, 27(2), 139-148. <https://doi.org/10.15381/rpb.v27i2.17875>
 - Rasmus Grønfeldt Winther. (2023). *Our Genes: A Philosophical Perspective on Human Evolutionary Genomics*. Cambridge University Press.
 - Rose, J., Gilbert, M. T. P., Outerbridge, M., & Morales, H. E. (2024). Evolutionary genomics analysis reveals a unique lineage of *Megachile pruina* found in an isolated population in Bermuda. *Insect Conservation and Diversity*. <https://doi.org/10.1111/icad.12776>
 - Seemann, T. (2014). Prokka: Rapid prokaryotic genome annotation. *Bioinformatics*, 30(14), 2068-2069. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu153>
 - Sevilla, N., Lizarraga, W., **Jimenez-Vasquez, V.**, Hurtado, V., Molina, I. S., Huarca, L., Lope-Pari, P., Vargas, I., Arotinco, G., & Padilla-Rojas, C. (2024). Highly pathogenic avian influenza A (H5N1) virus outbreak in Peru in 2022–2023. *Infectious Medicine*, 3(2), 100108. <https://doi.org/10.1016/j.imj.2024.100108>
 - Vilca-Machaca, L. S., Calvay-Sanchez, K. D., Zarate-Sulca, Y., **Jimenez-Vasquez, V.**, Ramirez, P., & Mendoza-Mujica, G. (2024). Baculovirus-Assisted Production of *Bartonella bacilliformis* Proteins: A Potential Strategy for Improving Serological Diagnosis of Carrion's Disease. *Pathogens*, 13(8). <https://doi.org/10.3390/pathogens13080690>
 - Wernersson, R. (2006). Virtual Ribosome—A comprehensive DNA translation tool with support for integration of sequence feature annotation. *Nucleic Acids Research*, 34(suppl_2), W385-W388. <https://doi.org/10.1093/nar/gkl252>
 - Wood, D. E., Lu, J., & Langmead, B. (2019). Improved metagenomic analysis with Kraken 2. *Genome Biology*, 20(1), 257. <https://doi.org/10.1186/s13059-019-1891-0>

- Zarate-Sulca, Y., Calvay-Sanchez, K. D., **Jimenez-Vasquez, V.**, Ruiz, J., Acosta-Conchucos, O., & Mendoza-Mujica, G. (2023). Single-nucleotide polymorphisms in *ialB*, *gltA* and *rpoB* genes of *Bartonella bacilliformis* isolated from patients in endemic Peruvian regions. PLOS Neglected Tropical Diseases, 17(10), e0011615. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0011615>
- Aliaga, F., Zapata-Cruz, M., & Valverde-Zavaleta, S. A. (2024). Plastid genome of *Chenopodium petiolare* from Trujillo, Peru. BMC Research Notes, 17(1), 69. <https://doi.org/10.1186/s13104-024-06705-y>
- Figueroa, D., More, M., Gutiérrez, G., & Ponce de León, F. A. (2024). Identificación bioinformática de Polimorfismos de Nucleótido Simple (PNSs) en genes de proteínas asociadas a queratinas en alpacas (*Vicugna pacos*). Revista Peruana de Biología, 31(1), e24889. <https://doi.org/10.15381/rpb.v31i1.24889>
- Ponce de León, F. A., Guo, Y., & Crooker, B. (2020). Secuenciación de moléculas individuales de ácidos nucleicos en tiempo real (SMRT) para caracterizar transcriptomas e isoformas de ARNm. Revista Peruana de Biología, 27(1), 091-094. <https://doi.org/10.15381/rpb.v27i1.17585>
- Siddaramappa, S. (2021). Comparative genomics of the *Pasteurella multocida* toxin. Genome, 64(7), 679-692. <https://doi.org/10.1139/gen-2020-0176>

Recursos electrónicos:

<http://sisbib.unmsm.edu.pe>
<https://clades.nextstrain.org/>
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>
<https://cov-lineages.org/resources/pangolin.html>
<https://github.com/>
<https://www.ebi.ac.uk/ena/browser/home>
<https://microreact.org/>
<https://itol.embl.de/>

Ciudad Universitaria, 17 abril de 2025



Blgo. Victor Alberto Jiménez Vásquez