

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 involucrados 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>3. Experiencia básica en el análisis de datos biológicos: descarga de datos on-line, alineamientos de secuencias y análisis filogenéticos, ensamblaje de genomas y transcriptomas a partir de datos de secuenciación. Análisis de secuencia y estructura de proteínas, dinámica molecular y docking.</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	<b>Introducción a la Bioinformática, Sistemas Linux y Bases de Datos Biológicas</b>	3
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: <i>Bioinformatics in Tropical Disease Research: A Practical and Case-Study Approach.</i> National Center for Biotechnology Information (US); 2008.</li> <li>- <b>Capítulo 1:</b> Pevsner J. <i>Introduction.</i> IN: <i>Bioinformatics and Functional Genomics.</i> 3<sup>a</sup> Edición. Willey Blackwell; 2015.</li> <li>- <b>Capítulo 2:</b> Pevsner J. <i>Access to Sequence Data</i></li> </ul>

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

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>	3
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. 3<sup>a</sup> 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. 3<sup>a</sup> Edición. Willey Blackwell; 2015.</li> <li>- <b>Capítulo 5:</b> Pevsner J. <i>Advanced Database Searching</i>. IN: Bioinformatics and Functional Genomics. 3<sup>a</sup> Edición. Willey Blackwell; 2015.</li> <li>- <b>Capítulo 6:</b> Pevsner J. <i>Multiple Sequence Alignment</i>. IN: Bioinformatics and Functional Genomics. 3<sup>a</sup> Edición. Willey Blackwell; 2015.</li> </ul>

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

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>	6
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> <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 <i>novo</i> de transcriptomas y basado</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. 3<sup>a</sup> Edición. Willey Blackwell; 2015.</li> <li>- <b>Capítulo 9:</b> Pevsner J. <i>Analysis of Next-Generation Sequence Data</i>. IN: Bioinformatics and Functional Genomics. 3<sup>a</sup> Edición. Willey Blackwell; 2015.</li> <li>- <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.</li> </ul>

	en genomas de 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	<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>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- <b>Capítulo 5:</b> LeskAM. <i>Structural Bioinformatics and Drug Discovery</i>. IN: Introduction to Bioinformatics. 5ª Edición. Oxford University Press; 2019</li> </ul>

Metodologías	Requisitos de Aprobación y Evaluaciones del Curso
El curso comprende actividades teóricas y prácticas. Las actividades prácticas corresponden a laboratorios de computación guiados por el docente coordinador, profesores invitados y ayudantes.	<p>Las evaluaciones del curso comprenden:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Evaluación 1: 30%</li> <li>- Evaluación 2: 30%</li> <li>- Evaluación continua tareas: 20%</li> <li>- Proyecto 20%</li> </ul>

<p>Las evaluaciones son en formato de 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>La asistencia a las actividades prácticas es obligatoria en un 100%. Las actividades prácticas son irrecuperables. En caso de ausencia, debe justificarse a través del protocolo de la Facultad.</p> <p>Luego de cada actividad práctica se les asignará realizar una tarea e informe de la actividad práctica, esta deberá ser entregada antes de la próxima sesión de práctico a través de U-Cursos. Esta se realizará en equipos de 2 personas (libre elección).</p> <p>A lo largo del curso deberán desarrollar un proyecto en equipos de 5 personas (libre elección).</p> <p><b>Aprobación del curso:</b> El promedio ponderado debe ser igual o superior a 4.0</p> <p><b>Examen:</b> Los alumnos que no aprueben el curso con las notas sumativas del semestre, deberán rendir examen. El examen tiene una ponderación de 40% de la nota final.</p>
<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>	2025
<b>Equipo responsable del programa:</b>	Vinicius Maracaja Coutinho (Coordinador)

**Calendario - Bioinformática - 2025**  
**Laboratorio de Matemáticas**  
**(Sala de Computación)**

Módulo	Semana	Fecha	Día	Hora	Temática	Profesor
1	1	20 agosto	Miércoles	10:20-12:55	Introducción al curso y a la Bioinformática	Dr. Vinicius Maracaja
		21 agosto	Jueves	14:00-16:35	Sistema Operativo Linux & Shell Scripting (Teórico-Práctico)	Dr. Vinicius Maracaja Dr(c) Allan

						Peñaloza	
	2	27 agosto	Miércoles	10:20-12:55	Sistema Operativo Linux & Shell Scripting (Práctico)	Dr(c) Allan Peñaloza	
		28 agosto	Jueves	14:00-16:35	Bases de datos biológicas y Formatos de Archivos	Dr. Vinicius Maracaja	
	3	3 septiembre	Miércoles	10:20-12:55	Bases de datos biológicas y Formatos de Archivos (Práctico)	Dr(c) Allan Peñaloza	
		4 septiembre	Jueves	14:00-16:35	<b>JUEGOS OLÍMPICOS ESTUDIANTILES</b>		
2	4	10 septiembre	Miércoles	10:20-12:55	Filogenia molecular, evolución y análisis filogenético	Dr. Diego Pérez-Stuardo	
		11 septiembre	Jueves	14:00-16:35	Filogenia molecular, evolución y análisis filogenético	Dr. Diego Pérez-Stuardo	
		17 septiembre	Miércoles	-	<b>1<sup>er</sup> RECESO ESTUDIANTES (UCHILE)</b>		
		18 septiembre	Jueves	-			
	5	24 septiembre	Miércoles	10:20-12:55	Filogenia molecular, evolución y análisis filogenético (Práctico)	Dr. Diego Pérez-Stuardo (Virtual)	
3		25 septiembre	Jueves	14:00-16:35	Introducción a la genómica y análisis de datos en proyectos genómicos	Dr. Vinicius Maracaja (Virtual o en otra sala)	
	6	1 octubre	Miércoles	10:20-12:55	Control de calidad de datos NGS (Práctico)	Dr(c) Allan Peñaloza	
		2 octubre	Jueves	14:00-16:35	Introducción al ensamblado de genomas y predicción de genes	Dr. Vinicius Maracaja	
		7	8 octubre	Miércoles	10:20-12:55	Ensamblaje de Genomas (Práctico)	Dr(c) Allan Peñaloza
			9 octubre	Jueves	14:00-16:35	Avance proyecto grupal (Práctico)	Dr. Vinicius Maracaja Dr(c) Allan Peñaloza
		8	15 octubre	Miércoles	10:20-12:55	Predicción de genes y comparación de secuencias	Dr. Vinicius Maracaja
			16 octubre	Jueves	14:00-16:35	Anotación funcional de genes	Dr. Vinicius Maracaja

	9	22 octubre	Miércoles	10:20-12:55	Predicción de genes y comparación de secuencias. Anotación funcional de genes (Práctico)	Dr(c) Allan Peñaloza	
		23 octubre	Jueves	14:00-16:35	Reconstrucción de transcriptomas, cuantificación y expresión diferencial	Dr. Vinicius Maracaja	
	-	29 octubre	Miércoles	10:20-12:55	2° RECESO ESTUDIANTES (FACIQYF)		
		30 octubre	Jueves	14:00-16:35			
	10	5 noviembre	Miércoles	10:20-12:55	Reconstrucción de transcriptomas, cuantificación y expresión diferencial (Práctico)	Dr(c) Allan Peñaloza	
		6 noviembre	Jueves	14:00-16:35	Metagenómica	Dr. Raúl Arias-Carrasco	
	11	12 noviembre	Miércoles	10:20-12:55	Metagenómica (Práctico)	Dr. Raúl Arias-Carrasco	
		13 noviembre	Jueves	14:00-16:35	Evaluación 1		
	4	12	19 noviembre	Miércoles	10:20-12:55	Introducción a la Bioinformática Estructural	Dr. Pablo Villalobos
			20 noviembre	Jueves	14:00-16:35	Predicción de Estructura de Proteínas (Práctico)	Dr. Pablo Villalobos
13		26 noviembre	Miércoles	10:20-12:55	Simulación Molecular	Dr. Pablo Villalobos	
		27 noviembre	Jueves	14:00-16:35	Simulación Molecular (Práctico)	Dr. Pablo Villalobos	
14		3 diciembre	Miércoles	10:20-12:55	Docking Molecular	Dr. Pablo Villalobos	
		4 diciembre	Jueves	14:00-16:35	Docking Molecular (Práctico)	Dr. Pablo Villalobos	
15		10 diciembre	Miércoles	10:20-12:55	Evaluación 2		
		11	Jueves	14:00-	ENTREGA DE PROYECTOS		

		diciembre		16:35	
	16				PRUEBAS RECUPERATIVAS
					PRUEBAS RECUPERATIVAS / EXÁMENES
	17				EXÁMENES