



UNIVERSIDAD DE ANTOFAGASTA
 FACULTAD : CIENCIAS DE LA SALUD
 DEPARTAMENTO : BIOMEDICO
 CARRERA : BIOQUIMICA



PROGRAMA DE ASIGNATURA

ANTECEDENTES GENERALES

NOMBRE DE LA ASIGNATURA	BIOINFORMATICA
CÓDIGO DE LA ASIGNATURA	BQ 752
CARRERA	BIOQUIMICA
CURSO	IV AÑO
COORDINADOR RESPONSABLE	DR. JORGE ESCOBAR
EQUIPO DOCENTE	DR. HERNAN VERA DR. JORGE ESCOBAR
ATENCIÓN ALUMNOS	JUEVES 16.00 A 18:00 HRS
ÁREA DE LA ASIGNATURA	OBLIGATORIO
RÉGIMEN DE ESTUDIO	SEMESTRAL
CARACTERÍSTICAS DE LAS HORAS	03 HORAS TEORICO-PRACTICAS
ASIGNATURAS PREVIAS	BQ 643 BIOLOGIA MOLECULAR I
REQUISITO PARA	BQ 845 GENETICA MOLECULAR
FECHA DE INICIO	07 DE ABRIL DE 2025
FECHA DE TERMINO	01 DE AGOSTO DE 2025

DESCRIPCIÓN DE LA ASIGNATURA

Esta asignatura pretende entregar los conceptos básicos que permiten abordar el tratamiento y análisis de la información biológica, mediante el uso de procedimientos, métodos y sistemas basados en las tecnologías de la información. Se conocerán los principales programas y herramientas disponibles en la red para el análisis de secuencias de DNA y proteínas.

OBJETIVOS

1. OBJETIVO GENERAL

Presentar los conceptos básico y fuentes de información para el análisis de las secuencias nucleotídica, bases de datos genómicas y/o proteicas y uso de herramientas computacionales para la comparación de secuencias y filogenia.

2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Describir la arquitectura básica de un computador
- Distinguir la utilidad entre las diferentes bases de datos
- Clasificar una base de datos según la información que almacena
- Calcular los mecanismos de puntuación PAM y BLOSUM
- Explicar algunas relaciones evolutivas, funcionales y/o estructurales entre las secuencias.
- Realizar análisis filogenéticos para establecer parentescos entre genes y/o proteínas
- Examinar programas que reconocen ORFs en una secuencia de ADN
- Analizar computacionalmente la predicción de genes procariontes y eucariotas

UNIDADES DE APRENDIZAJE

Bases de datos: estructura y manejo.

I UNIDAD: INTRODUCCIÓN

Origen y definición de la Bioinformática, Breve reseña de conceptos de la arquitectura de computadores, Navegadores de la red y protocolos de transferencias (http, ftp, html y url), Conceptos de la biología del ADN, genes y proteínas

II UNIDAD: BASES DE DATOS

Conceptos Básicos, Bases de datos más utilizadas, Clasificación de bases de datos (primarias, secundarias y compuestas), Bases de datos de secuencias de genes, genomas y proteínas, Bases de datos de estructuras de proteínas

III UNIDAD: METODOS Y ALGORITMOS INFORMATICOS PARA EL PROCESAMIENTO DE LA INFORMACIÓN BIOLÓGICA

Análisis, comparación y alineamiento de secuencias, Alineamiento de pares de secuencias, Matrices de puntuación, Alineamiento múltiple de secuencias, Homología e identidad, Filogenia, Búsqueda de secuencias en bases de datos FASTA, BLAST, PSI-BLAST, y otros, Búsqueda de patrones. Relación secuencia-función, estructura-función

IV UNIDAD: USO DE APLICACIONES PARA EL ANALISIS FUNCIONAL E INTERPRETACIÓN BIOLÓGICA

Herramientas bioinformáticas para la predicción de ORF y genes, Búsqueda de motivos de modificación post-traduccionales, Modelamiento entre servidores y con programa MODELLER, Predicción de estructuras secundarias de proteínas y sus funciones, Fundamentos de microarray, Aplicaciones bioinformáticas

METODOLOGÍA

1. ESTRATEGIAS DEL APRENDIZAJE

Las clases se realizarán en modalidad presencial por exposición de los contenidos de cada unidad temática por parte de profesor, manteniendo los cuidados preventivos de forma de respetar las normativas de autocuidado por la contingencia sanitaria actual. Adicionalmente si lo amerita la situación de salud se podrán realizar clases en modalidad online, utilizando plataformas como Zoom y/o microsoft teams, que permiten la comunicación por video conferencia en tiempo real.

2. TECNOLOGÍA, AUXILIARES DIDÁCTICOS Y EQUIPOS AUDIOVISUALES

Las clases teóricas se realizan básicamente auxiliados por presentaciones PowerPoint proyectadas en la plataforma utilizada. Los alumnos serán incentivados a profundizar algunos temas de interés científico o profesional, mediante lecturas complementarias, preparación de informes y exposiciones orales, y búsqueda de información en Internet.

EXIGENCIAS DE LA ASIGNATURA

- Asistencia 100% a todas las clases prácticas (laboratorios)
- Presentación de trabajos en fecha y hora estipulada.
- Asistencia 100% a las evaluaciones y pruebas.

EVALUACIÓN

Los procedimientos de evaluación y el rendimiento académico se rigen por el Reglamento General del estudiante de Pregrado (RGE) de la Universidad de Antofagasta.

En la evaluación del curso se considerará pruebas de ensayo y pruebas objetivas con variedad de ítems (selección múltiple, completación de frases, preguntas de verdadero y falso, columnas pareadas, completación de esquemas y/o preguntas de desarrollo)

La asignatura será evaluada de acuerdo a las actividades y ponderaciones que se indican a continuación:

02 prueba teórica :	70% de la nota final
01 prueba teórico-practico:	30% de la nota final

* El trabajo de investigación se realizará sobre una temática bioinformática que deberá ser desarrollada usando herramientas teórico-practica que serán tratadas en el curso. El trabajo deberá ser realizado en forma individual y eventualmente pudiese ser presentado en una exposición oral al grupo curso.

De acuerdo al Art. 28 del Reglamento del Estudiante de pre-grado, la asistencia a trabajos prácticos y laboratorios es obligatoria en un 100%.

- De acuerdo al Art. 29 del Reglamento del Estudiante de pre-grado, el alumno que no asista a una situación de evaluación será calificado con la nota mínima (1.0). Podrán ser evaluados en forma especial, aquellos alumnos que justifiquen su inasistencia al Departamento Biomédico dentro de los tres días hábiles siguientes.
- Los alumnos que no asistan a la realización de una evaluación teórica o práctica deberán justificarse junto al profesor coordinador de la asignatura inmediatamente terminada la licencia médica para acordar la fecha de realización de la evaluación pendiente.
- Las evaluaciones pendientes no se realizan a final de semestre
- El alumno que obtenga nota inferior a 4.0 en el practico no es causal de reprobación de la asignatura.

De acuerdo al Reglamento del Estudiante de Pregrado vigente, el examen final será aplicado sólo a alumnos que han obtenido una calificación final ponderada igual o mayor a 3,0 e inferior a 4,0. La calificación final de la asignatura y el examen, tendrán una ponderación de 60% y 40%, respectivamente. El examen final podrá ser rendido en dos oportunidades mediante un control escrito u oral que evaluará los contenidos teóricos y prácticos desarrollados en la asignatura

BIBLIOGRAFÍA

- Introducción a la Bioinformática; Teresa K. Attwood y David J. Parry-Smith; Editorial Prentice Hall, 2002, Madrid
- Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis; David W. Mount; Editorial CSHL Press; 2001, New York

COMPLEMENTARIA

- Libros que están disponibles online: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books>

CRONOGRAMA DE LA ASIGNATURA**TEORIA:** Jueves 10:15 a 12:30 hrs (Lab. Genética-MECE)**PRACTICA:** Jueves 10:15 a 12:30 (Lab. Genética-MECE)

SEMANA	ACTIVIDAD	PROFESOR *
1 10-04	Introducción al curso. Breve introducción a conceptos de Biología Molecular: ADN, genes, proteínas	JE
2 17-04	Introducción a la Bioinformática: definición, clasificaciones Nociones, panorama y uso de la Bioinformática	JE
3 24-04	Definición de Bases de datos Biológicas: primarias y secundarias y Servidores de Datos Búsquedas de secuencias en base de datos genómicas y proteínas	JE
4 01-05	FERIADO	JE
5 08-05	Análisis comparativo y alineamiento de secuencias	JE
6 15-05	Algoritmos de alineamiento de secuencias Métodos utilizados para el procesamiento de la información biológica: algoritmos FASTA, BLASTA Construcción matrices de alineamiento (Programación Dinámica)	JE
7 22-05	PRACTICO 1: Utilización de bases de datos y construcción de matrices de alineamiento. Alineamiento de secuencias: Utilización de Blast en la mayoría de sus formas (BlastN, BlastP, BlastX, TblastN)	JE
8 29-05	Matrices de sustitución (PAM, BLOSUM)	JE
9 05-06	SEMANA SALUD MENTAL	JE
10 12-06	PRUEBA TEORICA 1 (CLASES 1-7)	
11 19-06	Análisis Filogenia de secuencias: Homología, distancia filogenética	JE
12 26-06	Herramientas bioinformáticas para la predicción de ORF y genes, Búsqueda de motivos de modificación post-traduccionales	JE
13 03-07	PRUEBA TEORICA 2 (CLASES 10, 11 , 12)	JE
14 10-07	PRACTICO 2: Diseño partidores para PCR, con software (primerBlast, primer3plus) y generación de mapas de restricción de una secuencia problema (NEBcutter). Herramientas bioinformáticas para la predicción de ORF (Genscan, Fgenesh, Augustus)	HV
15 17-07	PRACTICO 3: Elaboración de árboles filogenéticos con software MEGA y ClustalX, explicando los conceptos relacionados y presentando una breve descripción de las diferentes metodologías	HV
16 24-07	PRACTICO 4: Curación de secuencias provenientes de diferentes metodologías de secuenciación y creación de Contigs a través de softwares de ensamblaje	HV
17 31-07	PRUEBA TEORICO-PRACTICA	HV

* HV: Dr. Hernán Vera; JE: Dr. Jorge Escobar