

## Asignatura de especialización. Escuela de verano 2021

### I. IDENTIFICACIÓN

<b>Nombre:</b> Diseño Racional de Biofármacos <b>4244026</b>		
<b>Programa:</b> Programa de Doctorado en Biotecnología Molecular		
<b>Unidad Académica Responsable:</b> Facultad de Ciencias Biológicas. Departamento de Farmacología		
<b>Créditos UdeC:</b> 2		<b>Créditos SCT:</b> 2
<b>Modalidad:</b> online	<b>Calidad:</b> especialidad	<b>Duración:</b> Escuela de verano 2021 (18/01/2021 – 22/01/2021)
<b>Prerrequisito:</b>		
<b>Total Horas de Trabajo Académico:</b> 72 horas/semestre		
<b>Horas Teóricas:</b> 36 hrs/semestre	<b>Horas Prácticas:</b>	<b>Horas Laboratorio:</b>
<b>Horas Otras Actividades(*):</b> 36 hrs/ semestre	<b>Horas presenciales:</b> 36 hrs/semestre	<b>Horas No Presenciales:</b> 36 hrs/ semestre

### II. DESCRIPCIÓN

La asignatura tiene como objetivo profundizar en el conocimiento de las herramientas bioinformáticas utilizadas en el diseño de biofármacos. Se demuestra a través de ejemplos, la aplicación de la ingeniería de proteínas y los métodos computacionales, en el diseño y desarrollo de nuevas moléculas de uso farmacéutico.

Las competencias del perfil de egreso a las que contribuye la asignatura son:

- Desarrollar proyectos de investigación, innovación y optimización de procesos biotecnológicos.
- Proponer soluciones que contribuyan al desarrollo de nuevos productos biotecnológicos, a partir del análisis de literatura actualizada.

### III. RESULTADOS DE APRENDIZAJE ESPERADOS

1. Identificar las herramientas de bioinformática y sus aplicaciones para el desarrollo de biofármacos.
2. Relacionar elementos de la estructura y función de las proteínas como base para su aplicación en el diseño racional de fármacos.
3. Identificar los métodos más adecuados para el diseño y modelado de biomoléculas.
4. Aplicar los métodos computacionales para el diseño de nuevos biofármacos.

### IV. CONTENIDOS

Métodos computacionales para el modelado de la estructura 3D de proteínas.

Simulaciones de acoplamiento molecular proteína-ligando.

Métodos QSAR.

Métodos computacionales aplicados a la ingeniería de proteínas.

Ingeniería de anticuerpos y citoquinas.

Ingeniería genética para el desarrollo de biofármacos.

## V. METODOLOGÍA

Se utilizan diversos métodos para el aprendizaje de los contenidos:

- Clase expositiva virtual.
- Seminarios investigativos basados en lectura de artículos científicos.

## VI. EVALUACIÓN

Se aplican evaluaciones diagnósticas, formativas y sumativas en concordancia con los contenidos desarrollados y el nivel de conocimiento que debe alcanzar el estudiante. Se evalúa la comunicación efectiva durante la exposición oral en las actividades grupales y el análisis crítico de la literatura científica.

Instrumentos de evaluación	Modalidad	Ponderación
Evaluaciones diagnóstica	opcional	-
Seminarios	obligatorio	100 %

## VII. BIBLIOGRAFÍA Y MATERIAL DE APOYO

### Bibliografía Básica

- Introduction to Bioinformatics. Autor: Arthur M. Lesk. 5th Edition, 2019, OUP Oxford. eText ISBN: 9780192522849, 0192522841
- Protein Actions: Principles and Modeling. Autores: ByKen Dill, Robert L. Jernigan, Ivet Bahar. 1st Edition, 2017, Garland Science, New York. DOI: 10.1201/9781315212210, eBook ISBN 9781315212210.
- Antibody Engineering. Editors: Nevoltris D, Chames P. Springer, 2018. ISBN 978-1-4939-8648-4.

### Bibliografía Complementaria

Artículos científicos relevantes en las temáticas abordadas para la discusión en seminarios.

Fecha aprobación:
Fecha próxima actualización: