

Pharmaceutical and Biotechnological
Innovation-Services SAS de CV

www.pharbiois.com



Empresa con registro RENIECYT-CONAHCYT: 2000001

Diplomado en Bioinformática, Inmunoinformática y Modelado Molecular

*Temario actualizado,
diplomado en proceso de registro en STPS y SEP-CONOCER*



100 % online asincrónico

Duración: 150 horas: julio-diciembre 2024, los lunes se envían 3 clases por semana mediante la plataforma www.rcampus.com (<https://youtu.be/6XH2CcrnAQw>, <https://youtu.be/GyZmA2dJtBc> y <https://youtu.be/g1jcxMkbVRc>, seguimiento con foros de discusión). EDUCACIÓN 4.0

Inicia: 8 de julio del 2024

www.pharbiois.com

RENIECYT-CONACYT: 2000001

Fresno Norte No 14. San Miguel Tehuisco, Alcaldia Tlalpan C.P.14500
pharmacologicalandbiotechnology@gmail.com



PROGRAMA

Módulo 1

Bioinformática General (módulo actualizado)

1. Presentación del curso
2. Arquitectura de Computadores
3. Sistemas Operativos
4. Generalidades Linux
5. Introducción a las Redes
6. Programación Perl para Bioinformática
7. Conceptos generales de biología de ácidos nucleicos y proteínas
8. OMICS: Proteómica, metabolómica, lipidómica
9. Sistemática y Evolución (árboles filogenéticos)
10. Quimioinformática (pequeñas-moléculas)
11. Bases de datos moleculares (macro-moléculas)
12. Comparación de Secuencias biológicas-1
13. Comparación de Secuencias biológicas-2
14. Comparación de Secuencias biológicas y alineamiento múltiple
15. Identificación de Genes
16. Análisis de Variación Poblacional (SNPs)



17. Fundamentos de Biotecnología (microarreglos)
18. Estadística bioinformática
19. Ejercicio final (alineamiento múltiple, árboles filogenéticos etc con proteína de su interés).

Módulo 2

Modelado Molecular General (módulo actualizado)

1. Presentación del curso
2. Grupos Funcionales, Cargas atómicas, conformación y configuración, LogP, Efectos electrónicos y estéricos
3. Descriptores químicos y QSAR
4. Descripción de aminoácidos y Estructura de proteínas
5. Conceptos de inmuno-informática
6. Diseño de fármacos considerando propiedades ADMET, virtual screening, PCAs y Drug screening workflow systems
7. Mecánica molecular (generalidades)
8. Métodos semi-empíricos y Mecánica cuántica
9. Conceptos de folding (plegamiento de proteínas)
10. Docking ligando-proteína
11. Docking macromolecular-macromolécula (proteína-proteína)



12. Dendrímeros como nano-acarreadores
13. Principios básicos de Dinámica molecular

Módulo 3

Inmunoinformática

1. Inmunidad innata y adaptativa
2. Reconocimiento de péptidos por MHC
3. MHC-Péptidos-TCR
4. Estudios de QSAR en MHC
5. Criterios para selección de proteína antigénica
6. Búsqueda de secuencias y alineamiento múltiple para obtención de secuencia consenso
7. Búsquedas en bases de datos de estructuras terciarias
8. Construcción y refinamiento de proteínas
9. Evaluación de una estructura terciaria
10. Predicción de epítopes lineales e inmunoproteosoma
11. Predicción de epítopes conformacionales
12. Obtención de epítopes usando complejos proteína-anticuerpo
13. Construcción e tercera dimensión y refinamiento estructural de epítopes



14. Estudios de acoplamiento sobre MHC-I y MHCII
15. Dendrímeros como nanoacarreadores de péptidos
16. Estudio de acoplamiento péptido-dendrímero

Módulo 4

Acoplamiento molecular (docking)

1. Presentación
2. Grupos-funcionales-conformación-configuración
3. Propiedades fisicoquímicas
4. Propiedades ADMET
5. Interacciones-no-covalentes
6. Scoring-Sampling-Function (exploración y cálculo de energía)
7. Preparación-Ligandos-docking
8. Obtención-blanco-para-docking
9. Instalación-Autodock-ADT-preparación-archivos
10. Continuación-preparación-archivos para docking
11. Análisis de resultados de docking
12. Continuación-análisis-docking-validación
13. Validación-docking



14. Validación-docking-final

15. ACTIVIDAD FINAL

Módulo 5

Dinámica molecular en proteína

1. Presentación.
2. Estructura de proteínas.
3. Aplicación de dinámica molecular (DM) en el área farmacéutica.
4. Aplicación de DM en el área biotecnológica.
5. Generalidades sobre Campos de Fuerza (force fields).
6. Conceptos, (RMSD, RMSF, Rg, superficies accesibles a solvente, cambios conformacionales).
7. Ejercicios de visualización con VMD.
8. Archivos requeridos para una DM.
9. Preparación de archivos para correr DM.
10. Minimización de estructura para DM.
11. Simulación de DM en NAMD.
12. Continuación de simulación de DM en NAMD.

Pharmaceutical and Biotechnological Innovation-Services SAS de CV



13. Análisis de resultados por VMD.
14. Análisis de resultados por CARMA.
15. Continuación de análisis de resultados por CARMA y fin del módulo.

COSTOS: \$ 5,500.00 MXN (314 USD)

Nota: Estudiante de licenciatura tienen un 10 % de descuento, estudiante de posgrado tienen un 5 % de descuento (se requiere que envíes evidencia oficial de estudiante) o haber tomado otro curso en www.pharbiois.com. El pago también puede ser diferido por módulos, cada módulo 1,200 MXN (66.5 USD). Para inscribirse, en nuestra página www.pharbiois.com puedes pagar por PayPal o Mercado Pago (Mercado Libre) o hacer pago en cuenta CLABE SANTANDER: 0141-8065-5079-1315-04, a nombre de Pharmaceutical and Biotechnological Innovation Services SAS De CV. El comprobante se manda al correo: pharmaceuticalandbiotechnology@gmail.com

Evaluación por los usuarios

1. El curso me pareció bastante bueno.
2. Creo que está bastante estructurado los temas y pasos a seguir, además los artículos que envió el doctor son muy actualizados.
3. Creo que esto contribuye a que no solo hagamos un docking a nivel usuario, si no que podemos estructurar experimentos porque sabemos que hace el programa.
4. Con respecto a su curso realmente me fue de mucha ayuda y lo sigue siendo porque continué viendo y volviendo a ver los materiales, como estudiante de posgrado en el área de bioinformática y específicamente en el área de modelado y dinámica me parece muy completo el curso, actualizado y claro.
5. El curso está muy bien diseñado y el Dr. Correa siempre está atento y dispuesto para responder dudas. Como retroalimentación sugiero lo siguiente: 1.- Sería bueno que nos proporcionaran archivos del programa ya hechos. Eso nos ayudaría a visualizar como es el programa terminado y serviría para que nosotros lo desentrañemos. 2.- Buscar alguna manera de motivar a los participantes a que exploten la herramienta que es el foro.
6. Buenos días, sobre la respuesta con la autoevaluación. Me parece un curso muy interesante y de verdad que he aprendido muchísimo, solamente tengo un pero y es sobre los videos que manda el Dr. pienso que se puede mejorar la calidad de audio ya que en muchos elis calidad no es buena y la verdad no se escucha casi nada. Es el único pero que tengo y espero que se pueda mejorar ese aspecto no solo con este curso si es el mismo caso para los demás que ofrecen que sea así. Por mi parte es todo y espero sigan ofreciendo estos cursos para seguir ampliando nuestro background; les mando saludos cordiales.
7. La didáctica es muy buena, el grabar la clase da la oportunidad al estudiante a que revise en cualquier momento nuevamente el material disponible y permite estudiar detenida y detalladamente los temas contenidos.
8. La explicación del Dr. es excelente, indiscutiblemente demuestra su vasta experiencia y conocimiento, lo que le da un alto impacto a cada clase grabada en video ya que la información que comparte con los estudiantes por medio de estos es clara y concisa, personalmente sus explicaciones me gustan y la información me queda muy clara.
9. Los cuestionarios también me parecen una herramienta muy apropiada para complementar y reforzar lo aprendido en cada clase.
10. De manera general, esta perfecto el contenido de los temas, y la forma en la que se plantea el curso, solo creo que podría complementarse con el apoyo de otras plataformas que son un poco más didácticas, como lo es Google classroom o cualquier otra, en donde no se requiere de una contraseña para ingresar a las clases, sino que al inicio del curso el profesor envía la liga o la clave de la clase y ahí carga las clases, el alumno puede ingresar a ella en cualquier momento.
11. Otra sugerencia que también enriquecería mucho el curso es que se pudiera programar una sesión de práctica (exclusivamente una) en línea vía Google meet o zoom o mediante cualquier otra plataforma, en la que se tuviera la oportunidad de trabajar

Fresno Norte No 14. San Miguel Tehuisco, Alcaldía Tlalpan C.P.14500
pharmacologicalandbiotechnology@gmail.com

Pharmaceutical and Biotechnological Innovation-Services SAS de CV

www.pharbiois.com



directamente con el profesor para poder aclarar dudas que surgen en el momento preciso de trabajar con las plataformas de bioinformática, y que esta fuera grabada y quedara disponible su visualización para aquellos estudiantes que no tuvieran la oportunidad de participar en tiempo real en ella y para futuras consultas y revisión de contenidos.

12. También sería una buena idea, que al finalizar cada tema, además de resolver los cuestionarios, se resolviera un ejercicio práctico en las plataformas empleadas en cada Tema, sería muy útil para los estudiante con lo que podrían generar habilidad y destreza en el uso de ellas en el momento adecuado y así no olvida contenidos.
13. En realidad no tengo ninguna objeción sobre el curso, al contrario para mi esta perfecto así como lo imparten yo no tendría inconveniente en que continúen impartiendo tal y como fué.