

**Bioinformàtica****2013/2014**

Codi: 101909

Crèdits: 6

Titulació	Tipus	Curs	Semestre
2501230 Ciències Biomèdiques	OB	3	2

**Professor de contacte**

Nom: Leonardo Pardo Carrasco

Correu electrònic: Leonardo.Pardo@uab.cat

**Utilització d'idiomes**

Llengua vehicular majoritària: espanyol (spa)

Algun grup íntegre en anglès: No

Algun grup íntegre en català: No

Algun grup íntegre en espanyol: No

**Prerequisits**

No hi ha prerequisits.

**Objectius**

Aquest curs introdueix els estudiants el camp de la Bioinformàtica, una especialitat que utilitza bases de dades informàtiques per emmagatzemar, recuperar i ajudar en la comprensió de la informació biològica. Els projectes de seqüenciació de genomes a gran escala així com el progrés en la determinació d'estructures tridimensionals de proteïnes han conduït a una explosió de seqüències genètiques i dades estructurals disponibles per a l'anàlisi automatitzada. A l'estudiant se li mostra com l'anàlisi de seqüències genòmiques i d'estructures de proteïnes poden conduir a una comprensió molt més completa dels processos biològics. Els estudiants seran introduïts als conceptes bàsics i eines de Bioinformàtica i de la Biologia Computacional. Les sessions pràctiques complementaran aquests coneixements, permetent els estudiants a familiaritzar-se amb els detalls i l'ús de les eines més utilitzades i recursos en línia de l'especialitat.

Objectius:

- Presentació general del camp de la Bioinformàtica.
- Iniciació als tipus de dades que són objecte d'anàlisi a Bioinformàtica i les seves bases de dades.
- Introduir a l'ús de les eines i algorismes comunament usats en l'especialitat.
- Desenvolupar habilitats en la recerca, obtenció i anàlisi de seqüències i estructures de proteïnes.
- Conèixer els aspectes més rellevants de la quimioinformàtica, amb especial èmfasi en el descobriment de fàrmacs.
- Conèixer els conceptes d'informàtica mèdica i la integració de bases de dades genètiques i clíniques

**Competències**

- Ciències Biomèdiques
- Desenvolupar estratègies d'aprenentatge autònom.
- Desenvolupar un pensament i un raonament crítics i saber comunicar-los de manera efectiva, tant en les llengües pròpies com en una tercera llengua.
- Generar propostes innovadores i competitives en la recerca i en l'activitat professional.

**Resultats d'aprenentatge**

1. Desenvolupar estratègies d'aprenentatge autònom.
2. Desenvolupar un pensament i un raonament crítics i saber comunicar-los de manera efectiva, tant en les llengües pròpies com en una tercera llengua.
3. Generar propostes innovadores i competitives en la recerca i en l'activitat professional.

## Continguts

### 1. Introducció al curs. Bases de dades en Bioinformàtica

- Bases de Dades Bioinformàtiques
  - NCBI - Entrez
  - Bases de dades bibliogràfiques
  - Seqüències de proteïnes. UniProt
  - Seqüències de nucleòtids. Genbank

### 2. Alineament de seqüències

- Mètodes de comparació de seqüències. Dot Plots
- Matrius de substitució
- Programació Dinàmica
- Alineament local i global
- Recerca per similaritat (BLAST)
- Cerca d'homòlegs remots (PSI-BLAST)
- Alineament multiple de seqüències.
- Representació de LOGOS de Seqüències
- Alineaments progressius. Ús de CLUSTALW

### 3. Anàlisis filogenètiques

### 4. Genòmica

- Anotacions de genomes
- Recerca de gens
- Projecte Encode
- Projecte HapMap
- Estudis d'associació del genoma comple (GWAS)
- Catalogue de gens humans i desordres genètics: OMIM
- Bases de dades de SNPs

### 5. Anàlisi de seqüències de Proteïnes

- Identificació d'homòlegs, motius, dominis i famílies proteiques
- Models de Markov
- Bases de dades: PFAM, SMART, CDD, InterPro
- Predicció de l'estructura secundària de proteïnes
- Predicció de segments de transmembrana

### 6. Anàlisi d'estructura de Proteïnes

- Mètodes experimentals per a la determinació d'estructures de proteïnes. Difracció de Raigs-X, RMN
- El format PDB
- Interaccions moleculars. Campos de força (force field)
- Cavitats moleculars i potencial electrostàtic molecular
- Alineament estructural de proteïnes
- Plegament de proteïnes i motius estructurals. CATH i SCOP
- Cinases i receptors acoplats a proteïnes G

### 7. Quimioinformàtica

- Formats de representació d'entitats químiques. SMILES i coeficient de Tanimoto
- Bases de dades: BindingDB, ZINC, DRUGBANK
- Relació Estructura-Activitat. Models de farmacòfor
- Acoblament molecular Proteïna-Lligand (Docking)
- Recerca Virtual de composts (Virtual Screening)

8. Biologia de sistemes

9. Marc ètic i social de les noves tecnologies

## Metodologia

L'orientació de l'assignatura és eminentment pràctica amb la utilització de programari de bioinformàtica.

Classes de teoria:

Les classes teòriques s'impartiran amb la metodologia de tipus presencial -classes magistrals- encara que es possibilitarà i estimularà al màxim la interacció i participació de l'alumnat. Les classes tindran suport de medis audiovisuals.

El material utilitzat a classe pel professor estarà disponible al Campus Virtual de l'assignatura; es recomana als alumnes que l'imprimeixin i el portin a classe, per utilitzar-lo com a suport a l'hora de prendre apunts.

S'animarà l'alumne a aprofundir en els coneixements adquirits en classe mitjançant la utilització de la bibliografia i programari de simulació recomanats.

Classes pràctiques:

Donat el caràcter i l'orientació de l'assignatura aquestes classes jugaran un paper clau en el seu desenvolupament i en l'aprenentatge de la matèria i són un punt fonamental per al correcte compliment dels objectius de l'assignatura.

A més de l'ampli ventall de recursos web de Bioinformàtica a l'abast de tothom, els alumnes disposaran dels programes Geneious Pro i Molecular Conceptor que estaran instal·lats a l'aula d'informàtica.

En elles l'alumne haurà de resoldre casos pràctics, prèviament seleccionats. L'aprenentatge contempla tant la introducció i manipulació de dades, com l'ús de les principals facilitats que ofereixen els programaris seleccionats.

Les pràctiques duran a terme individualment o per parelles.

Projecte de recerca:

Es pretén que l'estudiant desenvolupi habilitats en la resolució d'una hipòtesi biològica utilitzant les eines i recursos bioinformàtics impartits.

## Activitats formatives

Títol	Hores	ECTS	Resultats d'aprenentatge
Tipus: Dirigides			
Classes Pràctiques	24	0,96	2, 3
Classes Teòriques	24	0,96	2
Presentació Projecte Recerca	5,5	0,22	2

Tipus: Supervisades			
Pràctiques de consolidació i tutoritzacions	10	0,4	2
Tipus: Autònomes			
Estudi	70	2,8	1
Projecte de recerca	10	0,4	2

## Avaluació

Les competències de l'assignatura s'avaluaran segons els següents criteris:

Part teòrica:

- 2 exàmens parcials de coneixements teòrics i preguntes conceptuals [proves T1 (25%) i T2 (25%)]

Part Pràctica:

- 2 exàmens parcials pràctics a les aules de informàtica [proves PR1 (10%) i PR2 (10%)]
- Assistència a pràctiques i presentació dels informes corresponents [AI (10%)]
- Elaboració i presentació d'un projecte [PJ (20%)]

Exàmens teòrics	T	50%
	T1	25%
	T2	25%
Exàmens pràctics	PR	20%
	PR1	10%
	PR2	10%
Assistència a pràctiques i presentació dels informes corresponents	AI	10%
Elaboració i presentació projecte	PJ	20%

- La qualificació mínima global necessària per superar l'assignatura serà de 5 punts.
- La part pràctica es indispensable per poder ser avaluat, si bé no hi hauran mínims.
- Es considerarà que un estudiant obtindrà la qualificació de "No Presentat" si: la valoració de totes les activitats d'avaluació realitzades no li permeti assolir la qualificació global de 5 en el supòsit que hagués obtingut la màxima nota en totes elles.
- Hi haurà un examen final: bé de recuperació per aquells alumnes que no superin l'assignatura, bé per els que desitgin pujar nota (sense afectació negativa). Aquest examen representarà el 50% de la nota final donat que la part pràctica contarà el 50% restant.

## Activitats d'avaluació

Títol	Pes	Hores	ECTS	Resultats d'aprenentatge
Assistència i presentació d'informes de pràctiques	10%	1	0,04	1
Exàmens pràctics	20%	2	0,08	1, 3

Exàmens teòrics	50%	3	0,12	1
Presentació Projecte Recerca	20%	0,5	0,02	2, 3

## Bibliografia

### Bibliografia específica

Attwood, T.K., Parry-Smith, D.J., Introducció a la Bioinformàtica, Pearson Education, 2002.

### Bibliografia de consulta

Baldi, P., Brunak, S., Bioinformatics, MITPress, 1998.

Baxebanis, A.D., Oullette, F., Bioinformatics, John Wiley & Sons, 1998.

Lesk, A. Introduction to Bioinformatics. Oxford University Press, 2005.

Waterman, M.S., Introduction to computational biology maps, sequences and genomes, Chapman & Hall/CRC, 2000.

### Recursos d'Internet

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

<http://www.embl.de/>

<http://www.uniprot.org/>

<http://www.pdb.org/>

<http://genes.mit.edu/GENSCAN.html>

<http://expasy.org/prosite/>

<http://prodom.prabi.fr/>

<http://pfam.sanger.ac.uk/>

<http://www.cbs.dtu.dk/services/TMHMM/>

<http://scop.mrc-lmb.cam.ac.uk/scop/>

<http://www.cathdb.info/>

[http://ekhidna.biocenter.helsinki.fi/dali\\_server/](http://ekhidna.biocenter.helsinki.fi/dali_server/)

<http://www.vcclab.org/lab/edragon/>

<http://www.genome.gov/>

<http://matisse.ucsd.edu/itp-bioinfo/links.html>

<http://sites.univ-provence.fr/~wabim/english/logligne.html>