

**Bioinformàtica****2014/2015**Código: 102890  
Créditos ECTS: 3

Titulació	Tipo	Curso	Semestre
2502442 Medicina	OT	2	2

**Contacto**Nombre: Mercedes Campillo Grau  
Correo electrónico: Mercedes.Campillo@uab.cat**Uso de idiomas**Lengua vehicular mayoritaria: espanyol (spa)  
Algún grupo íntegramente en inglés: No  
Algún grupo íntegramente en catalán: No  
Algún grupo íntegramente en español: No**Equipo docente**Leonardo Pardo Carrasco  
Angel González Wong**Prerequisitos**

No hay prerequisites.

**Objetivos y contextualización**

Este curso introduce a los estudiantes el campo de la Bioinformática, una especialidad que utiliza bases de datos informáticas para almacenar, recuperar y ayudar en la comprensión de la información biológica. Los proyectos de secuenciación de genomas a gran escala así como el progreso en la determinación de estructuras tridimensionales de proteínas han conducido a una explosión de secuencias genéticas y datos estructurales disponibles para el análisis automatizado.

Al estudiante se le muestra como el análisis de secuencias genómicas y de estructuras de proteínas pueden conducir a una comprensión mucho más completa de los procesos biológicos. Los estudiantes serán introducidos a los conceptos básicos y herramientas de Bioinformática y de la Biología Computacional.

Las sesiones prácticas complementarán estos conocimientos, permitiendo a los estudiantes familiarizarse con los detalles y el uso de las herramientas más utilizadas y recursos en línea de la especialidad.

Objetivos:

- Presentación general del campo de la Bioinformática .
- Iniciación a los tipos de datos que son objeto de análisis en Bioinformática y sus bases de datos.
- Introducir el uso de las herramientas y algoritmos comúnmente usados en la especialidad.
- Desarrollar habilidades en la búsqueda, obtención y análisis de secuencias y estructuras de proteínas.
- Conocer los conceptos de informática médica y la integración de bases de datos genéticas y clínicas.

## Competencias

- Demostrar habilidades investigadoras a nivel básico
- Demostrar que comprende la organización y las funciones del genoma, los mecanismos de transmisión y expresión de la información genética y las bases moleculares y celulares del análisis genético
- Demostrar, en la actividad profesional, un punto de vista crítico, creativo y orientado a la investigación
- Formular hipótesis y recoger y valorar de forma crítica la información para la resolución de problemas siguiendo el método científico
- Mantener y actualizar su competencia profesional, prestando especial importancia al aprendizaje de manera autónoma de nuevos conocimientos y técnicas y a la motivación por la calidad
- Organizar y planificar adecuadamente la carga de trabajo y el tiempo en las actividades profesionales
- Tener capacidad de trabajar en un contexto internacional
- Utilizar las tecnologías de la información y la comunicación en la actividad profesional
- Valorar críticamente y utilizar las fuentes de información clínica y biomédica para obtener, organizar, interpretar y comunicar la información científica y sanitaria

## Resultados de aprendizaje

1. Criticar artículos científicos relativos a la bioinformática.
2. Demostrar habilidades investigadoras a nivel básico
3. Demostrar, en la actividad profesional, un punto de vista crítico, creativo y orientado a la investigación
4. Describir el diagnóstico, pronóstico, prevención y terapia de las patologías genéticas más frecuentes en la población humana.
5. Formular hipótesis y recoger y valorar de forma crítica la información para la resolución de problemas siguiendo el método científico
6. Mantener y actualizar su competencia profesional, prestando especial importancia al aprendizaje de manera autónoma de nuevos conocimientos y técnicas y a la motivación por la calidad
7. Organizar y planificar adecuadamente la carga de trabajo y el tiempo en las actividades profesionales
8. Tener capacidad de trabajar en un contexto internacional
9. Utilizar las tecnologías de la información y la comunicación en la actividad profesional

## Contenido

1. Introducción al curso: Bases de Datos Bioinformáticas. NCBI - Entrez. Secuencias de proteínas: UniProt. Protein data Bank: PDB
2. Alineamiento de secuencias: Métodos de comparación de secuencias.
3. Búsqueda por similitud: BLAST
4. Proyecto Genoma Humano: Navegador MAPVIEW
5. Proyecto ENCODE: Encyclopedia of DNA Elements
6. Proyecto HapMap: Mapa de haplotipos del genoma humano. Proyecto 1000 Genomas
7. Variación genética: dbSNP
8. OMIM: Mendelian Inheritance in Man
9. GWAS: Estudios de asociación del genoma completo
10. Estructuras 3D de proteínas
11. Modo de acción de fármacos

## Metodología

La orientación de la asignatura es eminentemente práctica con la utilización de software de bioinformática.

Clases de teoría:

Las clases teóricas se impartirán con la metodología de tipo presencial -clases magistrales- aunque se posibilitará y estimulará al máximo la interacción y participación del alumnado. Las clases tendrán apoyo de medios audiovisuales.

El material utilizado en clase por el profesor estará disponible en el Campus Virtual de la asignatura; se recomienda a los alumnos que lo impriman y lo lleven a clase, para utilizarlo como apoyo a la hora de tomar apuntes.

Se animará al alumno a profundizar en los conocimientos adquiridos en clase mediante la utilización de la bibliografía y software de simulación recomendados.

Clases prácticas:

Dado el carácter y la orientación de la asignatura estas clases jugarán un papel clave en su desarrollo y en el aprendizaje de la materia y son un punto fundamental para el correcto cumplimiento de los objetivos de la asignatura.

En las Practica se utilizará un amplio abanico de recursos web de Bioinformática al alcance de todos.

En ellas el alumno deberá resolver casos prácticos, previamente seleccionados. El aprendizaje contempla tanto la introducción y manipulación de datos, como el uso de las principales facilidades que ofrecen los programas seleccionados.

Las prácticas se llevarán acabo individualmente o por parejas.

El alumno deberá realizar un trabajo de consolidación que posteriormente se presentará en formato de un congreso.

## Actividades

Título	Horas	ECTS	Resultados de aprendizaje
Tipo: Dirigidas			
Asistencia y presentación de un trabajo en formato congreso	4	0,16	2, 3, 7, 8, 9
Clases de teoría	11	0,44	1, 9
Practicas en las aulas de informática	11	0,44	1, 3, 5
Tipo: Autónomas			
Estudio personal, lectura de textos, realización de esquemas i resúmenes	20	0,8	1, 7
Realización de un trabajo	10	0,4	1, 2, 3, 7
Recursos on-line	14	0,56	2, 8, 9

## Evaluación

Las competencias de la asignatura se evaluarán con un examen práctico en las aulas de informática (prueba P, 30% de la nota), la asistencia y presentación de los informes de prácticas (25% de la nota) y la realización de un trabajo y su presentación (45% de la nota).

La calificación mínima global necesaria para superar la asignatura es de 5 puntos.

Se considerará que un estudiante obtendrá la calificación de "No Presentado" si: la valoración de todas las actividades de evaluación realizadas no le permite alcanzar la calificación global de 5 en el supuesto de que hubiera obtenido la máxima nota en todas ellas.

Habrà un examen final: bien de recuperación para aquellos alumnos que no superen la asignatura, bien por los que deseen subir nota (con afectación negativa).

## Actividades de evaluación

Título	Peso	Horas	ECTS	Resultados de aprendizaje
Examen práctico	30%	3	0,12	1, 4, 5, 7, 9
Informes y asistencia a clases prácticas	25%	1	0,04	6
Presentación de un trabajo	45%	1	0,04	1, 2, 3, 5, 6, 7, 9

## Bibliografía

### Bibliografía específica

- Attwood, T.K., Parry-Smith, D.J., Introducción a la Bioinformática, Pearson Education, 2002.

### Bibliografía 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.nih.gov/>

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

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

<http://www.ebi.ac.uk>

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

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

<http://www.genomesonline.org/index>

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

<http://genome.ucsc.edu/ENCODE/>

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

<http://www.nature.com/encode/#/threads>

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

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

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

<http://omim.org>

<http://www.1000genomes.org/home>

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