

Bioinformàtica

Codi: 100780

Crèdits: 6

Titulació	Tipus	Curs	Semestre
2500250 Biologia	OB	3	2

Professor de contacte

Nom: Daniel Yero Corona

Correu electrònic: Daniel.Yero@uab.cat

Utilització d'idiomes a l'assignatura

Llengua vehicular majoritària: català (cat)

Grup íntegre en anglès: No

Grup íntegre en català: No

Grup íntegre en espanyol: No

Equip docent

Josep Antoni Pérez Pons

Sònia Casillas Viladerrams

Prerequisits

Es convenient que l'alumne repassi els conceptes bàsics assolits a les assignatures de Genètica, Genètica Molecular, Microbiologia, Estructura i Funció de Biomolècules i d'Ampliació de Biologia Cel·lular.

Són recomanables coneixements d'anglès.

Objectius

El tractament i l'anàlisi informàtic de dades moleculars ha adquirit un protagonisme fonamental a la biologia actual i la matèria que s'impartirà en aquesta assignatura constitueix una visió introductòria bàsica a la bioinformàtica. Els objectius principals són:

- Proporcionar els coneixements bioinformàtics bàsics que permeti l'ús d'eines per a realitzar cerques d'informació a les bases de dades d'interès per a les biociències i abordar l'anàlisi computacional de seqüències d'àcids nucleics i proteïnes.
- Donar una perspectiva del potencial d'aquesta disciplina tant en l'àmbit de la recerca com en el professional.

Competències

- Aplicar recursos estadístics i informàtics a la interpretació de dades.
- 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.
- Obtenir informació, dissenyar experiments i interpretar els resultats biològics.
- Tenir capacitat d'anàlisi i de síntesi.
- Tenir capacitat d'organització i planificació

Resultats d'aprenentatge

1. Aplicar recursos estadístics i informàtics a la interpretació de dades.
2. Desenvolupar estratègies d'aprenentatge autònom.
3. Desenvolupar un pensament i un raonament crítics i saber comunicar-los de manera efectiva, tant en les llengües pròpies com en una tercera llengua.
4. Tenir capacitat d'anàlisi i de síntesi.
5. Tenir capacitat d'organització i planificació.
6. Utilitzar i interpretar les fonts de dades i comprendre els fonaments de l'anàlisi bioinformàtica per establir les relacions corresponents entre estructura, funció i evolució.

Continguts

Tema 1. Bases de dades d'interès per a les biociències. Introducció a la bioinformàtica. Bases de dades moleculars. Motors de cerca. Dipòsit i extracció de seqüències de les bases de dades primàries de DNA. Formats per a les seqüències. El NCBI i les seves bases de dades. Eines de visualització, edició i anàlisi de seqüències de DNA.

Tema 2. Alineament i comparació de seqüències. Alineament de parelles. Mètode de Dot-Plot. Alineament local i global. Mètodes basats en programació dinàmica. Matrius de substitució: identitat i similitud. Penalització per gaps. Alineament múltiple de seqüències. Alineaments progressius, fonaments. Aplicació dels alineaments múltiples.

Tema 3. Cerques per similitud. Algorismes heurístics. Algorismes per a la cerca de similars en bases de dades: estratègia BLAST i FASTA. Tipus de BLAST i aplicacions. Anotació de seqüències de DNA per homologia.

Tema 4. Programació de scripts per a l'automatització de tasques bioinformàtiques. L'anàlisi bioinformàtica estàndard. Perl. Variables. Mòduls. Bioperl.

Tema 5. Anotació de gens i dominis proteics. Cerca de gens ab-initio. Anotació de dominis proteics amb InterProScan. Anotació funcional amb Gene Ontology.

Tema 6. Genòmica comparativa. Phylogenetic footprinting/shadowing. Cerca d'ortòlegs i paràlegs. Sintènia.

Tema 7. Reconstrucció filogenètica molecular. L'evolució biològica. La filogènia molecular. Mètodes d'inferència filogenètica (UPGMA, Neighbor-Joining). Exemples de reconstrucció filogenètica.

Tema 8. Variació genètica i selecció natural. Tipus de variació genètica. Teoria neutralista de l'evolució molecular. Tests de neutralitat (Ka/Ks). Exemples de selecció natural.

Tema 9. Proteïnes: anàlisi de la seqüència. Relació seqüència-estructura-funció. Bases de dades primàries. Còmput a partir de la seqüència i predicció de la sublocalització cel·lular.

Tema 10. Proteïnes: anàlisi de la funció. Predicció de la funció. Cerca d'homòlegs remots. Identificació de motius, dominis i famílies proteiques. Bases de dades secundàries. Bases de dades integrades.

Tema 11. Proteïnes: anàlisi de l'estructura. El banc d'estructures PDB. Cerca d'homòlegs estructurals. Predicció de característiques estructurals. Modelat de l'estructura tridimensional. Classificació estructural de proteïnes.

Metodologia

La metodologia docent inclou dos tipus d'activitats diferenciades: classes de teoria i classes pràctiques d'aula d'informàtica. L'aprenentatge també comptarà amb una tutorització individual i/o col·lectiva dels estudiants que servirà de recolzament per a resoldre qüestions més concretes o que ho requereixin per la seva complexitat o dificultat.

Classes teòriques

Classes per transmetre els conceptes bàsics i la informació necessària per desenvolupar un aprenentatge autònom. Foment de la participació activa dels estudiants.

Classes de Pràctiques d'aula d'informàtica

Aquestes pràctiques s'organitzaran a partir de problemes plantejats pels professors que caldrà resoldre usant les diferents eines i anàlisis bioinformàtiques. L'assistència a les sessions de pràctiques és de **caràcter obligatori**.

Tutories

Individuals o en grups petits per a la resolució de dubtes relacionats amb l'assignatura. Aquest tipus d'activitat es realitzarà a petició dels alumnes.

Activitats formatives

Títol	Hores	ECTS	Resultats d'aprenentatge
Tipus: Dirigides			
Classes de teoria	22	0,88	1, 3, 4, 6
Pràctiques Aula Informàtica	25	1	1, 3, 4, 6
Tipus: Supervisades			
Tutoria	3	0,12	3, 4
Tipus: Autònomes			
Elaboració de treballs	24	0,96	1, 2, 3, 4, 6
Estudi	45	1,8	1, 2, 3, 4, 6
Lectura de textos	10	0,4	1, 2, 3, 4, 6
Recerca Bibliogràfica	10	0,4	1, 2, 3, 4, 6

Avaluació

El sistema d'avaluació s'organitza en **tres activitats principals** i hi haurà, a més, un examen de **recuperació** i una **activitat opcional de millora de nota final**. Els detalls de les activitats són:

Activitats d'avaluació principal

- **Avaluacions parcials (1 i 2)**. Pes global **60%**

Les avaluacions parcials són proves combinades que poden constar de preguntes de tipus test, de respostes escrites i de resolució de problemes.

Els pes de cadascuna de les avaluacions dependrà de la distribució de les classes en el calendari acadèmic. A títol orientatiu, la primera avaluació tindrà un pes d'aproximadament un **40%** i la segona un **20%** restant.

Per superar aquestes dues avaluacions cal assolir una **nota mínima de 4,0 en cadascuna d'elles**.

- **Treball integrador** . Pes global **20%**

El treball consistirà en la resolució d'un problema que contindrà qüestions relatives als diferents blocs temàtics presentats durant les classes de teoria i de pràctiques.

Aquests treballs es realitzaran en grups de 3-4 alumnes i són de caràcter autònom. El professorat tutoritzarà els treballs i resoldrà dubtes i qüestions de plantejament.

Els alumnes lliuraran els treballs als professors seguint les directrius de continguts, presentació i terminis fixats.

Per superar aquesta activitat cal assolir una **nota mínima de 4,0**.

- **Avaluació continuada.** Pes global **20%**

Al llarg de tot el curs el professorat plantejarà problemes o qüestions relatives a la matèria impartida (o amb nous continguts no necessàriament introduïts pels professors) que l'alumnat haurà de resoldre en forma de avaluacions esporàdiques i curtes.

Per superar aquesta activitat cal assolir una **nota mínima de 4,0**.

Examen de recuperació

Obligatori per a alumnes que en algun dels exàmens d'avaluació parcial 1 i/o 2 no hagin obtingut una nota mínima de 4,0 o bé no s'hagin presentat a una o a les dues proves parcials.

Es podran recuperar les avaluacions individualment i la nota, si és superior o igual a 4,0, farà promig amb les aprovades. En cas que en la/les proves recuperades no s'arribi a un mínim de 4,0, en **no poder promitjar no s'aprova l'assignatura**.

En cas de presentar-se a la recuperació d'ambdós avaluacions parcials, el càlcul de la nota es farà pel conjunt de les dues proves (considerant-ho com a un sol examen).

Millora de la qualificació final

Els alumnes que havent superat les avaluacions 1 i 2 vulguin **millorar la seva qualificació final**, podran optar a una prova final. Aquesta prova inclourà **la totalitat de la matèria**. No es possible millorar la nota mitjançant treballs o altres tipus d'activitats.

El **grau de dificultat** d'aquesta prova es correspondrà amb l'objectiu de la mateixa i, per tant, **podrà ser superior al de les avaluacions parcials**.

L'alumne que es presenta a aquesta prova **renuncia a les qualificacions prèvies** i per tant, la **nota** d'aquesta **prova de millora** serà la que **prevaldrà** en la qualificació final encara que sigui inferior a l'obtinguda per parcials.

Fórmula de ponderació de la nota final avaluació continuada

Nota final = [(Avaluació 1 x 0,40) + (Avaluació 2 x 0,20) + (Treball integrador x 0,20) + (Avaluació continuada x 0,20)]

Aprovat

L'assignatura es considera aprovada si la **nota final global és ≥ 5.0**

No presentat

S'obté la qualificació de "**No Avaluable**" quan el número d'activitats d'avaluació realitzades sigui inferior al 50% de les programades

Activitats d'avaluació

Títol	Pes	Hores	ECTS	Resultats d'aprenentatge
Avaluació continuada	20	2	0,08	1, 2, 3, 4, 5, 6
Avaluació 1 (continguts teòric-pràctics)	40	3	0,12	1, 3, 4, 6
Avaluació 2 (continguts teòric-pràctics)	20	3	0,12	1, 3, 4, 6
Treball Integrador	20	3	0,12	1, 2, 3, 4, 6

Bibliografia

- Attwood, TK. i Parry-Smith, J. 1999. Introduction to Biocomputing. Longman, UK. (Introducción a la Bioinformática. Attwood y Parry-Smith. 2002. Pearson Educación, S.A.)
- Cristianini, N. Y M. W. Hahn. 2007. Introduction to Computational Genomics. A case studies approach. Cambridge Univ. Press.
- Pevzer, P & R Shamir. 2011. Bioinformatics for biologists. Cambridge Univ. Press.
- Samuelsson, T. 2012. Genomics and Bioinformatics. Cambridge Univ. Press.
- Xiong, J. 2006. Essential bioinformatics. Cambridge Univ. Press.