

Bioinformàtica

Código: 100948
Créditos ECTS: 3

Titulación	Tipo	Curso	Semestre
2500253 Biotecnología	OB	3	1

Contacto

Nombre: Alicia Roque Cordova
Correo electrónico: Alicia.Roque@uab.cat

Uso de idiomas

Lengua vehicular mayoritaria: catalán (cat)
Algún grupo íntegramente en inglés: No
Algún grupo íntegramente en catalán: No
Algún grupo íntegramente en español: No

Equipo docente

Susana Navarro Cantero

Prerequisitos

No existen prerrequisitos para esta asignatura, pero es imprescindible haber repasado los conceptos adquiridos en las asignaturas de "Genética y Biología Molecular" y "Tecnología del DNA recombinante" impartidas durante el segundo curso.

Objetivos y contextualización

La materia impartida durante este curso constituye una visión introductoria a la bioinformática. Esta asignatura está dirigida a estudiantes de Biotecnología de tercer curso (5e semestre) y corresponde a un asignatura teórica de 3 créditos. Se han definido los objetivos y contenidos de esta asignatura teniendo en cuenta que dentro de la misma materia (Biología Molecular de Sistemas) se encuentra la asignatura de "Genómica, Proteómica e interactómica".

Los objetivos principales son: Proporcionar a los estudiantes los conocimientos bioinformáticos básicos que les permita tanto el uso de herramientas para realizar búsquedas de información en las bases de datos moleculares como abordar el análisis computacional de secuencias y estructuras de ácidos nucleicos y proteínas.

Competencias

- Aplicar los recursos informáticos para la comunicación, la búsqueda de información, el tratamiento de datos y el cálculo.
- Aprender nuevos conocimientos y técnicas de forma autónoma.
- Buscar y gestionar información procedente de diversas fuentes.
- Buscar, obtener e interpretar la información de las principales bases de datos biológicos, bibliográficos y de patentes y usar las herramientas bioinformáticas básicas.
- Hacer una presentación oral, escrita y visual de un trabajo a una audiencia profesional y no profesional, tanto en inglés como en las lenguas propias.
- Interpretar resultados experimentales e identificar elementos consistentes e inconsistentes.

- Obtener información de bases de datos y utilizar el software necesario para establecer correlaciones entre estructura, función y evolución de macromoléculas.
- Razonar de forma crítica.
- Trabajar de forma individual y en equipo.

Resultados de aprendizaje

1. Aplicar los recursos informáticos para la comunicación, la búsqueda de información, el tratamiento de datos y el cálculo.
2. Aprender nuevos conocimientos y técnicas de forma autónoma.
3. Buscar y gestionar información procedente de diversas fuentes.
4. Establecer relaciones estructurales, funcionales y evolutivas a partir de la información existente en las bases de datos biológicas.
5. Hacer una presentación oral, escrita y visual de un trabajo a una audiencia profesional y no profesional, tanto en inglés como en las lenguas propias.
6. Interpretar resultados experimentales e identificar elementos consistentes e inconsistentes.
7. Obtener, interpretar y utilizar la información existente en las bases de datos biológicas, bibliográficas, de patentes, de mercados, etc.
8. Razonar de forma crítica.
9. Trabajar de forma individual y en equipo.

Contenido

1.- Introducción. Bancos de datos en Biología Molecular. Motores de búsqueda: Entrez y SRS. Bancos de datos primarios y secundarios. Búsqueda en bases de datos especializadas. Identificación de proteínas mediante búsquedas en bases de datos.

2.- Análisis de la información secuencial del ADN. Mapas de restricción (clonación). Diseño de sondas y de oligonucleótidos para PCR para la detección y cuantificación de una secuencia, clonación o mutagénesis dirigida. Estructura secundaria del RNA.

3- Proyectos Genoma y Navegadores genómicos. Secuenciación, ensamblaje y anotaciones de genomas. Identificación de las secuencias codificantes y promotoras.

4.- Alineamientos de secuencias. Conceptos de homología y similitud. Algoritmos de alineamiento por pares de secuencias. Dot-Plot. Alineamiento global y local. Matrices de puntuación. Gaps. Búsquedas por similitud en bases de datos: BLAST y FASTA.

5. Creación y análisis de alineamientos múltiples de secuencias: Alineamiento múltiple de secuencias. Programas de edición y visualización. Evaluación de regiones conservadas de proteínas. Diseño de sondas y de oligonucleótidos para PCR a partir de un alineamiento múltiple de secuencias de proteínas. Árboles filogenéticos.

6.-Predicción de la función de proteínas: identificación de homólogos, motivos, dominios y familias proteicas. Identificación de homólogos lejanos mediante PSI-Blast. Modelos estadísticos que relajan la frecuencia de un aminoácido en una posición concreta (matrices PSSM, perfiles, y modelo de Markov oculto HMM). Predicción de motivos y dominios. Bases de datos de motivos, dominios y familias proteicas. Representación de LOGOS de motivos huellas.

7. Predicción de la estructura secundaria de proteínas: Métodos de predicción de estructura de proteínas globulares, ab-initio based, basados en homología y redes neuronales. Evaluación de la fiabilidad de los métodos de predicción. Predicción de la estructura de proteínas de membrana con hélice transmembrana y de barril beta. Predicción de "coiled-coil".

8. Análisis y predicción de la estructura tridimensional: Métodos de predicción de la estructura terciaria. El banco de estructuras PDB. Visualización y comparación de estructuras. Clasificación estructural de proteínas.

9. Análisis y predicción del plegamiento y agregación de proteínas. Predicciones basadas en secuencia, identificación de dianas terapéuticas. Predicciones basadas en estructura. Rediseño de la solubilidad proteica.

Metodología

Clases Teóricas

Clases para transmitir los conceptos básicos y la información necesaria para desarrollar un aprendizaje autónomo. Fomento de la participación activa de los estudiantes. Apoyo de las presentaciones en PowerPoint que

estarán en disposición del alumno en el Campus Virtual.

Prácticas de aula de informática o Problemas

Esta actividad se llevará a cabo en las aulas de informática de la Facultad y se realizará en grupos de 30-40 alumnos. Estas prácticas se organizarán a partir de problemas planteados por los profesores y que el alumno deberá resolver usando las diferentes herramientas y análisis bioinformáticos. El profesor en cada sesión planteará diferentes problemas, de los que se resolverá un como ejemplo (en la sesión o poco antes de la sesión), los otros problemas deberán ser resueltos por los alumnos en esa misma sesión del aula de informática. Al final de cada una de las sesiones los alumnos deberán entregar los problemas que hayan logrado resolver. Esta entrega se hará a través del campus virtual.

Tutorías

Sesiones individuales o en grupos pequeños para la resolución de dudas relacionadas con la asignatura. Este tipo de actividad se realizará por petición de los alumnos.

Actividades

Título	Horas	ECTS	Resultados de aprendizaje
Tipo: Dirigidas			
Clases de teoría	6	0,24	2, 1, 3, 4, 7
Prácticas en el aula de informática	20	0,8	2, 1, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9
Tipo: Supervisadas			
Tutorías	5	0,2	1, 3, 6, 7, 8
Tipo: Autónomas			
Estudio	40	1,6	2, 1, 3, 4, 6, 7, 8, 9

Evaluación

Las competencias de esta materia serán evaluadas mediante evaluación continua. Habrá dos tipos de evaluación:

- pruebas escritas
 - resolución de los problemas en las sesiones del aula de informática o entregas vía plataforma Moddle.
- a) pruebas escritas,

Consistirá en dos pruebas parciales, una correspondiente a los temas 1-4 y la segunda correspondiente a los temas 5-9. Las pruebas constarán de preguntas cortas y de la resolución de problemas. Se realizarán preferiblemente en las aulas de informática de la Facultad, de manera que el alumno tendrá a su disposición todas las herramientas bioinformáticas necesarias para responder a las preguntas y problemas planteados.

El peso de cada prueba parcial será del 42.5% de la nota final.

Para superar cada prueba hay que alcanzar una nota mínima de 5 sobre 10 puntos. Los alumnos que no superen cada prueba parcial con una nota igual o superior a 5 podrán recuperarla en la prueba en cuestión en el examen de recuperación programado al final del semestre, siempre que cumpla los requisitos establecidos para presentarse a dicha prueba (ver prueba de recuperación).

b) resolución de problemas en las sesiones del aula de informática,

Es una evaluación en grupo (2 alumnos por grupo) que consistirá en la evaluación de los problemas entregados por los alumnos. Serán evaluados 2 problemas (o sesiones) escogidos por el profesor del total de problemas entregados. Entregas vía plataforma Moodle (temas 1-4, y 5-9).

El peso de esta evaluación será del 15% de la nota final.

La nota obtenida en esta actividad de evaluación sólo podrá hacer media con la nota de las pruebas escritas si se ha obtenido una nota superior o igual a 5 sobre 10 en cada parcial.

Prueba de recuperación y mejora de nota

Para participar en la recuperación, el alumnado debe haber estado previamente evaluado en un conjunto de actividades el peso de las cuales equivalga a un mínimo de dos terceras partes de la calificación total de la asignatura o módulo. Por tanto, el alumnado obtendrá la calificación de "No Avaluable" cuando las actividades de evaluación realizadas tengan una ponderación inferior al 67% en la calificación final

El examen de recuperación, tendrá el mismo formato que las pruebas parciales, es decir: preguntas cortas y resolución de problemas. También se hará en las aulas de informática de la Facultad en la fecha programada.

Los alumnos que quieran mejorar nota podrán presentarse a un examen de mejora de nota al final del semestre, en la fecha y lugar programada para el examen de recuperación. El grado de dificultad de esta prueba se corresponderá con el objetivo de la misma y, por tanto, podrá ser superior a las otras pruebas escritas. El alumno que se presente a mejorar la nota renuncia a la nota obtenida previamente en la evaluación de la prueba escrita que recupere.

Consideraciones generales sobre la evaluación

Para superar la asignatura es necesario obtener una calificación final igual o superior a 5. La nota final se obtendrá haciendo la media ponderada de las tres actividades de evaluación. No se hará promedio con las entregas si no se obtiene una nota igual o superior a 5 en cada prueba escrita o en su recuperación. Si la nota de las pruebas escritas y / o de la recuperación es inferior a 5 no se podrá superar la asignatura.

La revisión de las pruebas escritas se realizará en día y lugar concertado, entre 1 y 7 días hábiles de la publicación de las notas.

Los alumnos que no puedan asistir a una prueba escrita por causa justificada y aporten la documentación oficial correspondiente al Coordinador de Grado, tendrán derecho a realizar en otra fecha una prueba que podría combinar la resolución de problemas y la respuesta oral a preguntas planteadas por el profesor / a.

Coordinador de Grado velará por la concreción de esta con el profesor de la asignatura afectada.

Cualquier aspecto que no esté contemplado en esta guía seguirá la normativa de evaluación de la Facultad de Biociencias.

Actividades de evaluación

Título	Peso	Horas	ECTS	Resultados de aprendizaje
Entrega de problemas realizados en las sesiones del aula de informática.	15%	0	0	2, 1, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9
Evaluación parcial 1	42.5%	2	0,08	2, 1, 3, 4, 6, 7, 8, 9
Evaluación parcial 1	42.5%	2	0,08	2, 1, 3, 4, 6, 7, 8, 9

Bibliografía

Attwood T.K. i Parry-Smith, J. 1999. Introduction to Bioinformatics Longman. UK.

Xiong, J. 2006. Essential bioinformatics. Cambridge Univ. Press.

Sheehan, D., Physical biochemistry : principles and applications 2nd ed. Chichester: John Wilwy & Sons, 2008.

Dear, P.H., 2007. Bioinformatics, Methods Express.

Prevsner, j, 2015. Bioinformatic and functional genomics, 3rd edition. Wiley-Blackwel. ISBN 978-1-118-58178-0.

Lesk, A. 2014. Introduction to bioinformatics, 4th edition. Oxford University. ISBN: 9780199651566.

Web sources: www.youtube.com/user/NCBINLM

www.youtube.com/user/RCSBProteinDataBank