

Bioinformàtica

Código: 100780
Créditos ECTS: 6

Titulació	Tipo	Curso	Semestre
2500250 Biología	OB	3	2

Contacto

Nombre: Daniel Yero Corona

Correo electrónico: Daniel.Yero@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

Otras observaciones sobre los idiomas

El Catalán es la lengua más utilizada en el curso pero también se utiliza Español.

Equipo docente

Josep Antoni Pérez Pons

Rosa Maria Tarrio Fernandez

Raquel Egea Sánchez

Prerequisitos

Es conveniente que el alumno repase los conceptos básicos adquiridos en las asignaturas de Genética, Genética Molecular, Microbiología, Estructura y Función de Biomoléculas y de Ampliación de Biología Celular.

Son recomendables conocimientos de inglés.

Objetivos y contextualización

El tratamiento y el análisis informático de datos moleculares ha adquirido un protagonismo fundamental en la biología actual y la materia que se impartirá en esta asignatura constituye una visión introductoria básica a la bioinformática. Los objetivos principales son:

- Proporcionar los conocimientos bioinformáticos básicos que permita el uso de herramientas para realizar búsquedas de información en las bases de datos de interés para las biociencias y abordar el análisis computacional de secuencias de ácidos nucleicos y proteínas.
- Dar una perspectiva del potencial de esta disciplina tanto en el ámbito de la investigación como en el profesional.

Competencias

- Aplicar recursos estadísticos e informáticos en la interpretación de datos

- Capacidad de análisis y síntesis
- Capacidad de organización y planificación.
- Desarrollar estrategias de aprendizaje autónomo
- Desarrollar un pensamiento y un razonamiento crítico y saber comunicarlos de manera efectiva, tanto en las lenguas propias como en una tercera lengua
- Obtener información, diseñar experimentos e interpretar los resultados biológicos.

Resultados de aprendizaje

1. Aplicar recursos estadísticos e informáticos en la interpretación de datos
2. Capacidad de análisis y síntesis
3. Capacidad de organización y planificación
4. Desarrollar estrategias de aprendizaje autónomo
5. Desarrollar un pensamiento y un razonamiento crítico y saber comunicarlos de manera efectiva, tanto en las lenguas propias como en una tercera lengua
6. Utilizar e interpretar las fuentes de datos y comprender los fundamentos del análisis bioinformático para establecer las relaciones correspondientes entre estructura, función y evolución

Contenido

Tema 1. Bases de datos de interés para las biociencias. Bases de datos moleculares. Motores de búsqueda. Depósito y extracción de secuencias de las bases de datos primarias de DNA. Formatos para las secuencias. El NCBI y sus bases de datos. Herramientas de visualización, edición y análisis de secuencias de DNA.

Tema 2. Alineamientos pareados. Alineamiento de pares de secuencias. Método de Dot-Plot. Alineamiento local y global. Métodos basados en programación dinámica. Matrices de sustitución: identidad y similitud. Penalización por *gaps*.

Tema 3. Búsquedas por similitud. Algoritmos heurísticos. Algoritmos para la búsqueda de secuencias por similitud en bases de datos: estrategia BLAST y FASTA. Tipos de BLAST y aplicaciones. Anotación por homología de secuencias de DNA y proteínas. Búsqueda de homólogos remotos.

Tema 4. Alineamiento múltiple de secuencias. Alineamiento progresivo, fundamentos. Matrices de distancia. Aplicación de los alineamientos múltiples. Matrices de posición o peso.

Tema 5. Programación de **scripts** para la automatización de tareas bioinformáticas. El análisis bioinformático estándar. Perl. Variables. Módulos. Bioperl.

Tema 6. Anotación de genes y dominios proteicos. Búsqueda de genes *ab-initio*. Anotación de dominios proteicos con InterProScan. Anotación funcional con Gene Ontology.

Tema 7. Genómica comparativa. Phylogenetic footprinting/shadowing. Búsqueda de ortólogos y parálogos. Sinténia.

Tema 8. Reconstrucción filogenética molecular. La evolución biológica. La filogenia molecular. Métodos de inferencia filogenética (UPGMA, Neighbor-Joining). Ejemplos de reconstrucción filogenética.

Tema 9. Variación genética y selección natural. Tipos de variación genética. Teoría neutralista de la evolución molecular. Pruebas de neutralidad (K_a/K_s). Ejemplos de selección natural.

Tema 10. Proteínas: análisis de la secuencia. Relación secuencia-estructura-función. Bases de datos primarias. Cálculos a partir de la secuencia y predicción de la sub-localización celular.

Tema 11. Proteínas: análisis de la función. Predicción de la función. Cerca de homólogos remotos. Identificación de motivos, dominios i familias proteicas. Bases de datos secundarias. Bases de datos integradas.

Tema 12. Proteínas: análisis de la estructura. El banco de estructuras PDB. Búsqueda de homólogos estructurales. Predicción de características estructurales. Modelado de la estructura tridimensional. Clasificación estructural de proteínas.

Metodología

La metodología docente incluye dos tipos de actividades diferenciadas: clases de teoría y clases prácticas en el aula de informática. El aprendizaje también contará con una tutorización individual y/o colectiva de los estudiantes que servirá de apoyo para resolver problemas más concretos o que lo requieran por su complejidad o dificultad.

Clases teóricas

Clases para transmitir los conceptos básicos y la formación necesaria para desarrollar un aprendizaje autónomo. Motivar la participación activa de los estudiantes.

Clases de Practicas en el aula de informática

Estas prácticas se organizarán a partir de problemas planteados por los profesores que se deberán resolver usando las diferentes herramientas y análisis bioinformáticos. La asistencia a las sesiones de práctica es de carácter obligatorio. Para agilizar estas clases, los estudiantes tienen a su disposición algunos videos tutoriales desarrollados por los profesores de la asignatura que facilitan la realización de procedimientos rutinarios como búsquedas en las bases de datos y el uso de algunos programas.

Tutorías

Individual o en grupos pequeños para resolver dudas relacionadas con la asignatura. Este tipo de actividad se realizará a petición de los alumnos.

Actividades

Título	Horas	ECTS	Resultados de aprendizaje
Tipo: Dirigidas			
Clases de teoría	25	1	1, 5, 2, 6
Prácticas Aula Informática	27	1,08	1, 5, 2, 6
Tipo: Supervisadas			
Tutoría	3	0,12	5, 2
Tipo: Autónomas			
Búsqueda Bibliográfica	4	0,16	1, 4, 5, 2, 6
Estudio	40	1,6	1, 4, 5, 2, 6
Lectura de textos	10	0,4	1, 4, 5, 2, 6
Resolución de problemas en grupos	30	1,2	1, 4, 5, 2, 6

Evaluación

El sistema de evaluación se organiza en cuatro actividades principales y habrá, además, un examen de recuperación y una actividad opcional de mejora de la nota final. En detalle estas actividades son:

Actividades de evaluación principal

Evaluaciones parciales (1 y 2). Peso global 60%

- Evaluación parcial 1. Peso de aproximadamente un 40%.
- Evaluación parcial 2. Peso de aproximadamente un 20%.

Las evaluaciones parciales son pruebas combinadas que pueden contar de preguntas sobre contenidos teóricos y/o prácticos de tipo test, de respuestas escritas y/o de resolución de problemas.

Los pesos de cada una de las evaluaciones dependerán de la distribución de las clases en el calendario académico. A modo orientativo, la primera evaluación tendrá un peso de aproximadamente un 40% y la segunda de un 20%.

Ninguna de las actividades de evaluación representará más del 50% de la nota final.

Para superar estas dos evaluaciones se tiene que alcanzar una nota mínima de 4,0 en cada una de ellas.

Evaluaciones continuadas. Peso global 40%.

A lo largo de todo el curso los profesores plantearán problemas o preguntas relativas a la materia impartida (o con contenidos nuevos no necesariamente introducidos por los profesores) que los alumnos tendrán que resolver en forma de evaluaciones o entregas esporádicas. Habrá dos tipologías diferentes: evaluación continuada de la resolución de un problema integrador en grupos (trabajo integrador) y evaluación continuada de los contenidos mediante cuestionarios individuales.

- Trabajo grupal integrador. Peso global 20%

El trabajo consistirá en la resolución de un problema que englobará preguntas relativas a los diferentes bloques temáticos presentados durante las clases de teoría y de prácticas.

Estos trabajos se realizarán en grupos de 3-4 alumnos y son de carácter autónomo. El profesorado tutorizará los trabajos y solucionará dudas y preguntas generales sobre el planteamiento del problema.

Los alumnos entregarán periódicamente resultados relativos a este trabajo a los profesores siguiendo las directivas establecidas sobre contenido, presentación y plazos de entrega.

Para superar esta actividad se debe alcanzar una nota mínima de 4,0.

- Cuestionarios individuales. Peso global 20%.

Cuestionarios tipo test esporádicos con preguntas y ejercicios de diferentes tipos (respuesta múltiple, respuesta corta, i/o respuesta numérica) para repasar los contenidos aprendidos en cada unidad. Se utilizará la plataforma Moodle y las preguntas tendrán retroacción. La no participación en un cuestionario es equivalente a una nota de cero en ese cuestionario.

Para superar esta actividad se debe alcanzar una nota mínima de 4,0 (promedio de todos los cuestionarios).

Examen de recuperación

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

Se podrán recuperar los exámenes parciales (1 y 2) y la nota, si es superior o igual a 4,0, hará promedio con las aprobadas. En caso que en la/las pruebas recuperadas no se alcance un mínimo de 4,0, al no poder promediar, no se aprueba la asignatura.

En caso de presentarse a la recuperación de las dos evaluaciones parciales, el cálculo de la nota se hará de manera conjunta para las dos pruebas.

La nota obtenida en los cuestionarios individuales se podrá recuperar siempre que el número de actividades realizadas sea superior o igual al 50% de las programadas. La nota obtenida en el trabajo integrador no se puede recuperar.

Mejora de la nota final

Los alumnos que habiendo superado las evaluaciones parciales 1 y 2, quieran mejorar su nota final, podrán optar por una prueba final. Esta prueba incluirá la totalidad de la materia. No es posible mejorar la nota mediante trabajos u otros tipos de actividades, ni mejorar la nota de las actividades de evaluación continuada.

El grado de dificultad de esta prueba se corresponderá con los objetivos de la materia y, por tanto, podrá ser superior al de las evaluaciones parciales.

El alumno que se presenta a esta prueba renuncia a las notas previas y por tanto, la nota de esta prueba de mejora será la que prevalecerá en la nota final aunque esta sea inferior a las obtenidas en los parciales. La nueva nota obtenida no se podrá utilizar para obtener matrícula de honor.

Fórmula de ponderación de la nota final

Nota final = [(Evaluación 1 x 0,40) + (Evaluación 2 x 0,20) + (Trabajo integrador x 0,20) + (Cuestionarios individuales x 0,20)]

Aprobado

La asignatura se considera aprobada si la nota final global es $\geq 5,0$ y se han superado todas las actividades de evaluación principal (parciales 1 y 2, cuestionarios individuales y trabajo integrador).

No evaluable

El alumnado obtendrá la calificación de "No Avaluable" cuando las actividades de evaluación realizadas tengan una ponderación inferior al 67% en la calificación final.

Actividades de evaluación

Título	Peso	Horas	ECTS	Resultados de aprendizaje
Evaluación Parcial 1 (contenidos teórico-prácticos)	40	3	0,12	1, 5, 2, 6
Evaluación Parcial 2 (contenidos teórico-prácticos)	20	3	0,12	1, 5, 2, 6
Evaluación continua (Cuestionarios)	20	2	0,08	1, 4, 5, 2, 3, 6
Trabajo Integrador en grupos	20	3	0,12	1, 4, 5, 2, 3, 6

Bibliografía

- 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.