

**Bioinformática**

Código: 101909  
Créditos ECTS: 6

Titulación	Tipo	Curso	Semestre
2501230 Ciencias Biomédicas	OB	3	2

**Contacto**

Nombre: Leonardo Pardo Carrasco  
Correo electrónico: Leonardo.Pardo@uab.cat

**Uso de idiomas**

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

**Equipo docente**

Ramón Guixa González  
Arnaud Cordomi Montoya  
Angel González Wong

**Prerequisitos**

No hay prerequisitos

**Objetivos y contextualización**

Este curso introduce a los estudiantes en 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 a 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 aspectos más relevantes de la quimioinformática, con especial énfasis en el descubrimiento de fármacos.
- Conocer los conceptos de informática médica y la integración de bases de datos genéticas y clínicas

## **Competencias**

- 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.
- Generar propuestas innovadoras y competitivas en la investigación y en la actividad profesional.

## **Resultados de aprendizaje**

1. Desarrollar estrategias de aprendizaje autónomo.
2. Desarrollar un pensamiento y un razonamiento crítico y saber comunicarlos de manera efectiva, tanto en las lenguas propias como en una tercera lengua.
3. Generar propuestas innovadoras y competitivas en la investigación y en la actividad profesional.

## **Contenido**

### 1. Introducción al curso. Bases de datos en Bioinformática

- NCBI - Entrez
- Bases de datos bibliográficas
- Secuencias de proteínas. UniProt
- Secuencias de nucleótidos. GenBank

### 2. Genómica

- Anotaciones de genomas
- Búsqueda de genes
- proyecto Genoma
- navegadores genómicos
- proyecto Encode
- proyecto HapMap
- Catalogue de genes humanos y desórdenes genéticos: OMIM
- Bases de datos de SNPs
- Estudios de asociación del genoma complejo (GWAS)

### 3. Alineamiento de secuencias

- Métodos de comparación de secuencias
- Matrices de sustitución
- Programación Dinámica
- Alineamiento local y global
- Búsqueda por similaridad (BLAST)
- Alineamiento múltiple de secuencias
- Representación de LOGOS de Secuencias
- Alineamientos progresivos. Uso de ClustalW

### 4. Análisis filogenéticos

### 5. Bioinformática estructural

- Estructura secundaria de proteínas
- Estructura terciaria de proteínas. interacciones moleculares
- Métodos experimentales para la determinación de la estructura terciaria de proteínas. Difracción de Rayos-X y RMN. El formato PDB
- Estructura cuaternaria de proteínas
- Alineamiento estructural de proteínas, cavidades moleculares, potencial electrostática molecular

- Membrana celular, proteínas de membrana, predicción de la estructura secundaria y de segmentos de transmembrana
- Clasificación estructural de proteínas: homólogos, motivos, dominios y familias proteicas
- Modelización por homología

## 6. Modos de acción de fármacos

- Receptores acoplados a proteínas G
- Cinasas
- Factores de crecimiento

## 7. Quimioinformática

- Formatos de representación de entidades químicas. SMILES y coeficiente de Tanimoto
- Relación Estructura-Actividad. Modelos de farmacóforo
- Acoplamiento molecular proteína-ligando (Docking)
- ADME / Tox

## **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 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.

Además del amplio abanico de recursos web de Bioinformática al alcance de todos, que estarán instalados en el aula de informática.

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 softwares seleccionados.

Las prácticas se llevarán a cabo individualmente o por parejas.

Proyecto de investigación:

Se pretende que el estudiante desarrolle habilidades en la resolución de una hipótesis biológica utilizando las herramientas y recursos bioinformáticos impartidos.

## **Actividades**

Título	Horas	ECTS	Resultados de aprendizaje
--------	-------	------	---------------------------

Tipo: Dirigidas			
Clases prácticas	24	0,96	2, 3
Clases teóricas	24	0,96	2
Presentación proyecto de investigación	5,5	0,22	2
Tipo: Supervisadas			
Prácticas de consolidación y tutorización	10	0,4	2
Tipo: Autónomas			
Estudio	71	2,84	1
Proyecto de investigación	10	0,4	2

## Evaluación

Las competencias de la asignatura se evaluarán según los siguientes criterios:

Parte teórica-práctica:

Dos exámenes parciales de conocimientos teóricos-prácticos y preguntas conceptuales [pruebas T1 (32.5%) y T2 (32.5%)]

Parte Práctica:

Asistencia a prácticas y presentación de los informes correspondientes [AI (15%)]

Elaboración y presentación de un proyecto [PJ (20%)]

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

La parte práctica es indispensable para poder ser evaluado, si bien no habrá mínimos.

Se considerará que un estudiante obtendrá la calificación de "No evaluable" 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.

Habrá un examen final: bien de recuperación para aquellos alumnos que no superen la asignatura, bien por los que deseen subir nota (con afectación negativa). Este examen representará el 65% de la nota final dado que la parte práctica contará el 35% restante.

Los alumnos repetidores podrán escoger entre hacer prácticas o no. En caso de no hacerlas la evaluación sería T1 40%, T2 40% y PJ 20%.

## Actividades de evaluación

Título	Peso	Horas	ECTS	Resultados de aprendizaje
Asistencia a prácticas y presentación de los informes correspondientes	15%	4	0,16	1, 3
Elaboración y presentación proyecto	20%	1	0,04	1
Exámenes teóricos-prácticos	65%	0,5	0,02	2, 3

## Bibliografía

### Bibliografia específica

Attwood, T.K., Parry-Smith, D.J., Introducción a la Bioinformática, 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.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/>

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

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

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

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

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

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