

**Bioinformática**

Código: 100780  
Créditos ECTS: 6

Titulación	Tipo	Curso	Semestre
2500250 Biología	OB	3	2

La metodología docente y la evaluación propuestas en la guía pueden experimentar alguna modificación en función de las restricciones a la presencialidad que impongan las autoridades sanitarias.

**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

Marta Puig Font

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**

- Actuar con responsabilidad ética y con respeto por los derechos y deberes fundamentales, la diversidad y los valores democráticos.
- Actuar en el ámbito de conocimiento propio evaluando las desigualdades por razón de sexo/género.
- Actuar en el ámbito de conocimiento propio valorando el impacto social, económico y medioambiental.
- Aplicar recursos estadísticos e informáticos en la interpretación de datos
- Capacidad de análisis y síntesis
- Capacidad de organización y planificación.
- Introducir cambios en los métodos y los procesos del ámbito de conocimiento para dar respuestas innovadoras a las necesidades y demandas de la sociedad.
- Obtener información, diseñar experimentos e interpretar los resultados biológicos.
- Que los estudiantes hayan demostrado poseer y comprender conocimientos en un área de estudio que parte de la base de la educación secundaria general, y se suele encontrar a un nivel que, si bien se apoya en libros de texto avanzados, incluye también algunos aspectos que implican conocimientos procedentes de la vanguardia de su campo de estudio.
- Que los estudiantes hayan desarrollado aquellas habilidades de aprendizaje necesarias para emprender estudios posteriores con un alto grado de autonomía.
- Que los estudiantes puedan transmitir información, ideas, problemas y soluciones a un público tanto especializado como no especializado.
- Que los estudiantes sepan aplicar sus conocimientos a su trabajo o vocación de una forma profesional y posean las competencias que suelen demostrarse por medio de la elaboración y defensa de argumentos y la resolución de problemas dentro de su área de estudio.
- Que los estudiantes tengan la capacidad de reunir e interpretar datos relevantes (normalmente dentro de su área de estudio) para emitir juicios que incluyan una reflexión sobre temas relevantes de índole social, científica o ética.

## **Resultados de aprendizaje**

1. Actuar en el ámbito de conocimiento propio evaluando las desigualdades por razón de sexo/género.
2. Actuar en el ámbito de conocimiento propio valorando el impacto social, económico y medioambiental.
3. Analizar críticamente los principios, valores y procedimientos que rigen el ejercicio de la profesión.
4. Analizar una situación e identificar sus puntos de mejora.
5. Aplicar recursos estadísticos e informáticos en la interpretación de datos
6. Capacidad de análisis y síntesis
7. Capacidad de organización y planificación
8. Proponer nuevos métodos o soluciones alternativas fundamentadas.
9. Que los estudiantes hayan demostrado poseer y comprender conocimientos en un área de estudio que parte de la base de la educación secundaria general, y se suele encontrar a un nivel que, si bien se apoya en libros de texto avanzados, incluye también algunos aspectos que implican conocimientos procedentes de la vanguardia de su campo de estudio.
10. Que los estudiantes hayan desarrollado aquellas habilidades de aprendizaje necesarias para emprender estudios posteriores con un alto grado de autonomía.
11. Que los estudiantes puedan transmitir información, ideas, problemas y soluciones a un público tanto especializado como no especializado.
12. Que los estudiantes sepan aplicar sus conocimientos a su trabajo o vocación de una forma profesional y posean las competencias que suelen demostrarse por medio de la elaboración y defensa de argumentos y la resolución de problemas dentro de su área de estudio.
13. Que los estudiantes tengan la capacidad de reunir e interpretar datos relevantes (normalmente dentro de su área de estudio) para emitir juicios que incluyan una reflexión sobre temas relevantes de índole social, científica o ética.
14. 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.

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. Lenguajes de programación. Variables. Librerías.

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 (Ka/Ks). Ejemplos de selección natural.

Tema 10. Proteínas: análisis de la secuencia. Relación secuencia-estructura-función. Bases de datos primarias. Cómputos 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.

\*A menos que las restricciones impuestas por las autoridades sanitarias obliguen a una priorización o reducción de estos contenidos.

## **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. La metodología docente propuesta puede experimentar alguna modificación en función de las restricciones a la presencialidad que impongan las autoridades sanitarias.

### 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 Prácticas 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.

Nota: se reservarán 15 minutos de una clase dentro del calendario establecido por el centro o por la titulación para que el alumnado rellene las encuestas de evaluación de la actuación del profesorado y de evaluación de la asignatura o módulo.

## Actividades

Título	Horas	ECTS	Resultados de aprendizaje
<b>Tipo: Dirigidas</b>			
Clases de teoría	25	1	5, 6, 14
Prácticas Aula Informática	27	1,08	5, 6, 14
<b>Tipo: Supervisadas</b>			
Tutoría	3	0,12	6
<b>Tipo: Autónomas</b>			
Búsqueda Bibliográfica	4	0,16	1, 2, 5, 6, 14
Estudio	40	1,6	5, 6, 14
Lectura de textos	10	0,4	5, 6, 14
Realización de cuestionarios	10	0,4	5, 6, 14
Resolución de problemas y elaboración de trabajos en grupos	25	1	1, 2, 3, 4, 5, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 6, 7, 14

## 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. La evaluación propuesta puede experimentar alguna modificación en función de las restricciones a la presencialidad que impongan las autoridades sanitarias. 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 deba 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.

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 i 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	5, 6, 14
Evaluación Parcial 2 (contenidos teórico-prácticos)	20	3	0,12	5, 6, 14
Evaluación continua (Cuestionarios)	20	0	0	5, 9, 12, 13, 6, 7, 14
Trabajo Integrador en grupos	20	0	0	1, 2, 3, 4, 5, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 6, 7, 14

### Bibliografía

- Claverie, J-M. & Notredame, C. 2007 (2nd ed.). Bioinformatics for dummies. Hoboken, NJ; Wiley, cop. [https://cataleg.uab.cat/iii/encore/record/C\\_\\_Rb1622078](https://cataleg.uab.cat/iii/encore/record/C__Rb1622078)
- Lesk, Arthur M. 2014 (4th ed.). Introduction to bioinformatics. Oxford University Press. [https://cataleg.uab.cat/iii/encore/record/C\\_\\_Rb2004020](https://cataleg.uab.cat/iii/encore/record/C__Rb2004020)
- Cristianini, N. Y M. W. Hahn. 2007. Introduction to Computational Genomics. A case studies approach. Cambridge Univ. Press. [https://cataleg.uab.cat/iii/encore/record/C\\_\\_Rb1753918](https://cataleg.uab.cat/iii/encore/record/C__Rb1753918)
- Samuelsson, T. 2012. Genomics and Bioinformatics. Cambridge Univ. Press. [https://cataleg.uab.cat/iii/encore/record/C\\_\\_Rb1882766](https://cataleg.uab.cat/iii/encore/record/C__Rb1882766)
- Xiong, J. 2006. Essential bioinformatics. Cambridge Univ. Press. [https://cataleg.uab.cat/iii/encore/record/C\\_\\_Rb1700657](https://cataleg.uab.cat/iii/encore/record/C__Rb1700657)

### Software

- BLAST (NCBI): (interfaz web) Programa para realizar búsquedas de secuencias de ADN y proteínas en bases de datos mediante alineamientos. <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>
- Python i Biopython: (instalación local) Lenguajes de programación. Instalación a través de Anaconda (para Biopython "Conda install -c cond-forge biopython" desde la terminal de anaconda). <https://www.anaconda.com/products/individual>
- Artemis: (instalación local) Navegador genómico y herramienta de anotación. <https://www.sanger.ac.uk/tool/artemis/>
- Artemis Comparison Tool (ACT): (instalación local) Muestra alineamientos entre dos o más secuencias genómicas. <https://www.sanger.ac.uk/tool/artemis-comparison-tool-act/>
- MEGA X: (instalación local) Plataforma integrada para realizar análisis filogenéticos. <https://www.megasoftware.net/>

- DnaSP v.5: (instalación local) Análisis de polimorfismos de ADN utilizando datos de un solo locus o de varios loci. [http://www.ub.edu/dnasp/index\\_v5.html](http://www.ub.edu/dnasp/index_v5.html)
- Otros programas bioinformáticos y bases de datos biológicos disponibles desde su interfaz web.