

**Bioinformàtica**

Código: 101000  
Créditos ECTS: 6

Titulació	Tipo	Curso	Semestre
2500502 Microbiología	FB	2	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: Isidre Gibert

Correo electrónico: Isidre.Gibert@uab.cat

**Uso de idiomas**

Lengua vehicular mayoritaria: catalán (cat)

Algún grupo íntegramente en inglés: No

Algún grupo íntegramente en catalán: Sí

Algún grupo íntegramente en español: No

**Equipo docente**

Daniel Yero Corona

Oscar Conchillo Solé

**Prerequisitos**

Es conveniente que el alumno repase los conceptos básicos adquiridos en las asignaturas de Genética, Microbiología, Biología Molecular de Eucariotas y de Bioquímica.

**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 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 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**

- Capacidad de análisis y de síntesis, de organización y planificación y de toma de decisiones.
- Conocer y utilizar las herramientas de las ómicas (genómica, transcriptómica, proteómica, metagenómica, etc.) microbianas.
- Identificar y resolver problemas.

**Resultados de aprendizaje**

1. Capacidad de análisis y de síntesis, de organización y planificación y de toma de decisiones.
2. Comprender los fundamentos del análisis bioinformático.
3. Conocer y utilizar las bases de datos bioinformáticas, los algoritmos y programas utilizados en la anotación y análisis de los genomas, transcriptomas, proteomas y metabolomas.
4. Establecer las relaciones entre estructura, función y evolución de genes y genomas.
5. Identificar y resolver problemas.
6. Utilizar e interpretar las fuentes de datos de genomas y macromoléculas de cualquier especie microbiana.

## **Contenido**

Tema 1. Bases de datos de interés para las biociencias. Bases de datos bibliográficas. Estrategias de búsqueda. Búsquedas exhaustivas. Alertas automáticas. Análisis bibliométrico. Bases de datos moleculares. Herramientas y estrategias de búsqueda. Formatos de secuencias. Bases de datos al NCBI. Herramientas para el análisis, la visualización y la edición de secuencias.

Tema 2. Alineamiento de secuencias. Alineamiento de parejas. Alineamiento local y global. Matrices de puntuación: similitud. Penalización por gaps. Programación dinámica. Algoritmos heurísticos. Alineamiento múltiple de secuencias. Alineamientos progresivos. Aplicaciones de los alineamientos múltiples.

Tema 3. Búsquedas por similitud. Algoritmos para la búsqueda de secuencias similares: BLAST. Tipos de BLAST y aplicaciones. Búsqueda de homólogos remotos.

Tema 4. Proteínas: análisis de la secuencia. Relación secuencia-estructura. Base de datos Uniprot. Identificación de Dominios; perfiles y HMM. Predicciones a partir de secuencia proteica.

Tema 5. Proteínas: análisis de la estructura. El banco de estructuras PDB. Alineamiento estructural. Modelado por homología. Visualización y representación.

Tema 6. Genómica. Bases de datos de genomas microbianos y navegadores genómicos. Herramientas para la anotación y descripción de genomas. Genómica comparativa. Detección de intercambio genético. Metagenómica.

Tema 7. Reconstrucción filogenética molecular. La filogenia molecular. Métodos de inferencia filogenética. Ejemplos de reconstrucción filogenética. Herramientas bioinformáticas para la epidemiología molecular.

## **Metodología**

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

### 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.

### Clases de Prácticas de aula de informática

Estas prácticas se organizarán a partir de problemas planteados por los profesores que se resuelvan usando las diferentes herramientas y estrategias de análisis bioinformático. La asistencia a las sesiones de prácticas es de carácter obligatorio.

### Tutorías

Individuales o en grupos reducidos para la resolución de dudas relacionadas con la asignatura. Este tipo de actividad se podrá realizar 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
Tipo: Dirigidas			
Clases de teoría	11	0,44	2, 3, 4, 5, 1, 6
Prácticas de Aula de Informática	36	1,44	2, 3, 4, 5, 1, 6
Tipo: Supervisadas			
Tutorías	4	0,16	3, 5, 1, 6
Tipo: Autónomas			
Búsqueda bibliográfica	8	0,32	2, 3, 4, 5, 1, 6
Elaboración de trabajos	33	1,32	2, 3, 4, 5, 1, 6
Estudio	40	1,6	2, 3, 4, 5, 1, 6
Lectura de textos	10	0,4	2, 3, 4, 5, 1, 6
Realización de cuestionarios	2	0,08	2, 3, 4, 5, 1, 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.

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

En detalle estas actividades son:

### Actividades de evaluación

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

Actividad 1. Evaluación Parcial 1. Peso de aproximadamente un 30%.

Actividad 2. Evaluación parcial 2. Peso de aproximadamente un 30%.

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 30% y la segunda de un 30%.

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.

#### Actividad 3. 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.

#### Actividad 4. 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 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.

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 0,30) + (Evaluación 2 x 0,30) + (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 1 (contenidos teóricos-prácticos)	35	3	0,12	2, 3, 5, 1, 6
Evaluación 2 (contenidos teóricos-prácticos)	25	3	0,12	2, 3, 4, 5, 1, 6
Evaluación continuada (Cuestionarios)	20	0	0	2, 3, 4, 5, 1, 6
Trabajo Integrador (grupal)	20	0	0	2, 3, 4, 5, 1, 6

## Bibliografía

- Christensen, Henrik (Ed.). 2018. Introduction to Bioinformatics in Microbiology. Springer International Publishing. (ISBN 9783319992792) (<https://link.springer.com/book/10.1007%2F978-3-319-99280-8>)
- Claverie, J-M. & Notredame, C. 2007 (2nd ed.). Bioinformatics for dummies. Hoboken, NJ; Wiley, cop. (ISBN 9780470089859).
- Lesk, Arthur M. 2014 (4th ed.). Introduction to bioinformatics. Oxford University Press. (ISBN 9780199651566).
- Taştan Bishop, Özlem (Ed.). 2014. Bioinformatics and Data Analysis in Microbiology. Caister Academic Press. (ISBN 9781908230393).

## Software

- 7zip (instalación local): Programa para comprimir y descomprimir ficheros en diversos formatos.
- 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/>
- MEGAX (instalación local): Plataforma integrada para realizar análisis filogenéticos. <https://www.megasoftware.net/>
- Mendeley (instalación local): Gestor de referencias (institucional UAB).
- Notepad++ (instalación local): Programa para editar y visualizar documentos en formato "txt" (ascii i utf8)
- Pymol (instalación local): Programa para visualizar y analizar estructuras 3D de moléculas biológicas.
- SMS Sequence Manipulation Suite (programario en JavaScript). Conjunto de programas de edición y análisis de secuencias de DNA y proteínas. (<https://www.bioinformatics.org/sms2/>)
- SNAP (interfaz web): Calcula tasas de sustitución sinónimas y no sinónimas basadas en alineamientos de codones. <https://hcv.lanl.gov/content/sequence/SNAP/SNAP.html>
- Zotero (instalación local): Gestor de referencias Open-Source. (<https://www.zotero.org/>)