

Bioinformàtica

Código: 100948
Créditos ECTS: 3

Titulación	Tipo	Curso	Semestre
2500253 Biotecnología	OB	3	1

Contacto

Nombre: Susana Navarro Cantero

Correo electrónico: susanna.navarro.cantero@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: Sí

Otras observaciones sobre los idiomas

Este módulo se impartirá parcialmente en castellano.

Equipo docente

Nathalia Varejao Nogueira

Prerequisitos

No existen prerequisites para esta asignatura, pero es imprescindible haber repasado los conceptos adquiridos en las asignaturas de "Bioquímica", "Genética y Biología Molecular" y "Tecnología del DNA recombinante" impartidas durante el primer y 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.
- Proporcionar una perspectiva amplia del potencial de esta disciplina tanto en el ámbito de la investigación como en el profesional.

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

Tema 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.

Tema 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.

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

Tema 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.

Tema 5- Multialiniamientos: 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.

Tema 6-Proteínas: análisis de la función: 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 y huellas.

Tema 7-Proteínas:análisis de la estructura: Métodos de predicción de estructura de proteínas globulares, ab-initio based, basados en homología y redes neuronales. Evaluación de la fiabilidad de la métodos de predicción. Predicción de la estructura de proteínas de membrana con hélice transmembrana y de barril beta. Predicción de "coiled-coil". Métodos de predicción de la estructura terciaria.El banco de estructuras PDB. Visualización y comparación de estructuras. Clasificación estructural de proteínas.

Tema 8- Proteínas: análisis y predicción del plegamiento y agregación. Predicciones basadas en secuencia, identificación de dianas terapéuticas. Predicciones basadas en estructura. Rediseño de la solubilidad proteica.

Metodología

La metodología docente incluye dos tipos de actividades distintas: clases de teoría y clases prácticas en el aula de informática.

Clases Teóricas

Clases para transmitir los conceptos básicos y la información necesaria para desarrollar un aprendizaje autónomo. Las clases de teoría seran no presenciales y seran impartidas mediante soporte audiovisual.

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 20 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 que se realizaran en cada sesión o se deberán resolver por los alumnos como trabajo autónomo. Al final de cada una de las sesiones los alumnos deberán entregar los problemas correspondientes a cada sesión. Esta entrega se hará a través del campus virtual.

La asistencia a las sesiones y la entrega de problemas son de carácter obligatorio.

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.

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	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
- entrega de los problemas realizados en las sesiones del aula de informática
- entrega del trabajo integrador

a) Pruebas escritas,

Consistirá en dos pruebas parciales, una correspondiente a los temas 1-4 y la segunda correspondiente a los temas 5-8. Las pruebas constarán de preguntas tipo test 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 35% de la nota final.

Para poder calcular la nota media de la asignatura es imprescindible haber obtenido una nota mínima de 4 en ambos exámenes parciales. En el caso de no haber alcanzado una nota mínima de 4 en alguna de las dos pruebas escritas, el alumno deberá presentarse obligatoriamente a la prueba de recuperación de la prueba suspendida.

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

Es una evaluación individual que consistirá en la entrega de todos los problemas realizados en el laboratorio. La entrega solo se podrá realizar a través del Campus Virtual en el intervalo de tiempo propuesto por el profesor. La no entrega de alguna de las prácticas será penalizado. Así mismo, también se evaluará el trabajo integrador.

El peso de esta evaluación será del 30% 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 promedio de ambas pruebas superior o igual a 5.

Prueba 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. 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 tipo test y resolución de problemas. También se hará en las aulas de informática de la Facultad en la fecha programada.

Mejora de la nota final

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.

Las notas de las entregas de problemas no podrán ser modificadas.

Fórmula de la ponderación de la nota final

Nota final = (Evaluación 1 * 0.35) + (Evaluación 2 * 0.35) + (Problemas 1 * 0.15) + (Problemas 2 * 0.15)

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.

El 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.	30%	0	0	2, 1, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9
Evaluación parcial 1	35%	2	0,08	2, 1, 3, 4, 6, 7, 8, 9
Evaluación parcial 1	35%	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 Willy & 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.

Software

Programa JalView (www.jalview.org). representación de multialiniamentos

Links a bases de datos y aplicaciones:

NCBI/nucleotide

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/>

NCBI/Gene

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/>

Uniprot

<http://www.uniprot.org/>

BRENDA

<http://www.brenda-enzymes.org/>

Swiss-2DPAGE

<http://us.expasy.org/ch2d/>

Proteome SD-PAGE database

<http://web.mpiib-berlin.mpg.de/cgi-bin/pdbs/2d-page/extern/index.cgi>

String

<http://string-db.org/>

OMIM

<http://www.omim.org/>

Phosphosite

<http://www.phosphosite.org/homeAction.do;jsessionid=117096AF4D54A36677C243A7D586DF45>

Nebcutter

<http://tools.neb.com/NEBcutter2/>

Netprimer

<http://www.premierbiosoft.com/netprimer/>

Primer3plus

<http://www.bioinformatics.nl/cgi-bin/primer3plus/primer3plus.cgi>

PrimerBlast

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/primer-blast/>

ClustalW 2

<http://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalw2/>

Jalview

<http://www.jalview.org/download>

Uniprot

<https://www.uniprot.org/>

Paquete T-COFFE

<http://tcoffee.vital-it.ch/apps/tcoffee/index.html>

Predictor NPSA:

http://npsa-pbil.ibcp.fr/cgi-bin/npsa_automat.pl?page=/NPSA/npsa_server.html

Jalview

<http://www.jalview.org/download>

Prosite:

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

InterProScan 4

<http://www.ebi.ac.uk/Tools/pfa/iprscan/>

PRATT

<http://web.expasy.org/pratt/>

WebLogo

<http://weblogo.berkeley.edu/logo.cgi>

JPred3

<http://www.compbio.dundee.ac.uk/www-jpred/>

Predict Protein

<https://predictprotein.org/>

COILS

http://embnet.vital-it.ch/software/COILS_form.html

Phobius

<http://phobius.sbc.su.se/>

Signal Peptide

<http://www.cbs.dtu.dk/services/SignalP/>

PRED TMBB

<http://bioinformatics.biol.uoa.gr/PRED-TMBB/input.jsp>

RCSB PDB

<http://www.rcsb.org/pdb/home/home.do>

PDBsum

<http://www.ebi.ac.uk/pdbsum/>

VAST

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/VAST/vast.shtml>

Dali

http://ekhidna.biocenter.helsinki.fi/dali_lite/start

EXPASY:

www.expasy.org

Aggrescan:

<http://bioinf.uab.es/aggrescan/>

Aggrescan 3D

<http://biocomp.chem.uw.edu.pl/A3D2/>