

Titulació	Tipus	Curs
2500253 Biotecnologia	OB	3

Professor/a de contacte

Nom: Susanna Navarro Cantero

Correu electrònic: susanna.navarro.cantero@uab.cat

Equip docent

Nathalia Varejao Nogueira

Idiomes dels grups

Podeu consultar aquesta informació al [final](#) del document.

Prerequisits

No existeixen prerequisits per aquesta assignatura, però és imprescindible haver repassat els conceptes adquirits a les assignatures de "Bioquímica", "Genètica i Biologia Molecular" i "Tecnologia del DNA recombinat" impartides durant el primer i segon curs.

Són molt recomanables coneixements d'anglès.

Objectius

La matèria impartida durant aquest curs constitueix una visió introductòria a la bioinformàtica. Aquesta assignatura esta dirigida a estudiants de Biotecnologia de tercer curs (5e semestre) i correspon a un assignatura teorica de 3 crèdits. S'han definit els objectius i continguts d'aquesta assignatura tenint en compte que dins de la mateixa materia (Biologia Molecular de Sistemes) es troba la assignatura de "Genomica, Proteomica e Interactomica".

Els objectius principals són:

- Proporcionar als estudiants els coneixements bioinformàtics bàsics que els permeti tant l'ús d'eines per realitzar cerques d'informació a les bases de dades moleculars com abordar l'anàlisi computacional de seqüències i estructures d'àcids nucleics i proteïnes.
- Donar una perspectiva àmplia del potencial d'aquesta disciplina tant en l'àmbit de la recerca com en el professional.

Resultats d'aprenentatge

1. CM25 (Competència) Treballar en equip i de manera col·laborativa per a la resolució de problemes en l'àmbit de la biologia de sistemes.
2. KM25 (Coneixement) Descriure les bases físiques i químiques de la metodologia i instrumentació emprada en l'anàlisi genòmica, transcriptòmica, proteòmica, interactòmica i metabolòmica.
3. KM25 (Coneixement) Descriure les bases físiques i químiques de la metodologia i instrumentació emprada en l'anàlisi genòmica, transcriptòmica, proteòmica, interactòmica i metabolòmica.
4. SM25 (Habilitat) Analitzar la informació de bases de dades i programari necessari per a l'estudi de les correlacions entre estructura, funció i evolució de macromolècules.

Continguts

Tema 1- Introducció. Bancs de dades en Biologia Molecular. Motors de cerca: Entrez i SRS. Bancs de dades primaris i secundaris. Cerca en bases de dades especialitzades. Identificació de proteïnes mitjançant cerques en bases de dades.

Tema 2- Anàlisi de la informació seqüencial del DNA. Mapes de restricció (clonatge). Disseny de sondes i d'oligonucleòtids per PCR per a la detecció i quantificació d'una seqüència, clonatge o mutagènesis dirigida. Estructura secundària de l'RNA.

Tema 3- Projectes Genoma i Navegadors genòmics. Seqüenciació, ensemblatge i anotacions de genomes. Identificació de les seqüències codificants i promotores.

Tema 4- Alineaments de seqüències. Conceptes d'homologia i similitud. Algorismes d'alineament per parells de seqüències. Dot-Plot. Alineament global i local. Matrius de puntuació. Gaps. Cerques per similitud en bases de dades: BLAST i FASTA.

Tema 5- Multialiniaments: Creació y anàlisi de alineaments múltiples de seqüències: Alineament múltiple de seqüències. Programes d'edició i visualització. Avaluació de regions conservades de proteïnes. Disseny de sondes i d'oligonucleòtids per PCR a partir de un alineament múltiple de seqüències de proteïnes. Arbres filogenètics.

Tema 6- Proteïnes: anàlisi de la funció: identificació d'homòlegs, motius, dominis i famílies proteiques. Identificació d'homòlegs llunyans mitjançant PSI-Blast. Models estadístics que relaxen la freqüència d'un aminoàcid en una posició concreta (matrius PSSM, perfils, i model de Markov ocult HMM). Predicció de motius i dominis. Bases de dades de motius, dominis i famílies proteiques. Representació de LOGOS de motius o emprentes.

Tema 7- Estructura de Proteïnes: predicció, classificació i anàlisi. Mètodes de predicció d'estructura de proteïnes globulars, *ab-initio based*, basats en homologia i xarxes neuronals. Avaluació de la fiabilitat de del mètodes de predicció. Predicció de l'estructura de proteïnes de membrana amb hèlix transmembrana i de barril beta. Predicció de "coiled-coil". Mètodes de predicció de l'estructura terciària. El banc d'estructures PDB. Visualització i comparació d'estructures. Prediccions basades en seqüència, identificació de dianes terapèutiques. Prediccions basades en estructura. Redisseny de la solubilitat proteica.

Activitats formatives i Metodologia

Títol	Hores	ECTS	Resultats d'aprenentatge
-------	-------	------	--------------------------

Tipus: Dirigides

Classes teòriques	6	0,24
Pràctiques de laboratori a l'aula d'informàtica	20	0,8
Tipus: Supervisades		
Tutories	5	0,2
Tipus: Autònomes		
Estudi i Resolució de problemes	40	1,6

La metodologia docent inclou dos tipus d'activitats diferenciades: classes de teoria i classes pràctiques d'aula d'informàtica. L'aprenentatge també comptarà amb estudi i resolució de problemes autònoms.

Classes Teòriques

Classes per transmetre els conceptes bàsics i la informació necessària per desenvolupar un aprenentatge autònom. Les classes de teoria seran presencials i s'impartiran mitjançant suport audiovisual.

Classes de Pràctiques de laboratori d'informàtica o Problemes

Aquesta activitat es durà a terme en les aules d'informàtica de la Facultat i es realitzarà en grups de 20 alumnes aproximadament, i tindrà una durada de 8 sessions. Aquestes pràctiques s'organitzaran a partir de problemes plantejats pels professors i que l'alumne haurà de resoldre usant les diferents eines i anàlisis bioinformàtiques. Al final de cada una de les sessions els alumnes hauran de lliurar els problemes que hagin aconseguit resoldre. Aquest lliurament és de caràcter obligatori, i es farà en parelles a través del campus virtual.

Per agilitzar les classes, els estudiants tenen a la seva disposició tutorials i material de suport al campus virtual.

L'assistència i entrega a les sessions de pràctiques és de caràcter obligatori.

Tutories

Sessions individuals o en parelles per a la resolució de dubtes relacionats amb l'assignatura. Aquest tipus d'activitat es realitzarà per petició dels alumnes.

Nota: es reservaran 15 minuts d'una classe, dins del calendari establert pel centre/titulació, per a la complementació per part de l'alumnat de les enquestes d'avaluació de l'actuació del professorat i d'avaluació de l'assignatura/mòdul.

Avaluació

Activitats d'avaluació continuada

Títol	Pes	Hores	ECTS	Resultats d'aprenentatge
Avaluació Parcial 1	35%	2	0,08	KM25, SM25
Avaluació Parcial 2	35%	2	0,08	KM25, SM25
Lliurament de problemes realitzats en les sessions de l'aula	30%	0	0	CM25, KM25, SM25

Les competències d'aquesta matèria seran avaluades mitjançant avaluació continuada, que es basarà en els següents ítems:

- Proves escrites
- Lliurament dels problemes realitzats en les sessions de l'aula d'informàtica.
- Lliurament del treball integrador

a) Proves escrites:

Consistiran en dues proves parcials (temes 1-4, part 1; temes 5-7, part 2) que constaran de preguntes curtes i/o preguntes tipus test de resposta múltiple per relacionar conceptes i resolució de problemes. Es realitzaran preferiblement a les aules d'informàtica de la Facultat, de manera que l'alumne tindrà al seu abast totes les eines bioinformàtiques necessàries per respondre a les preguntes, així com un llistat dels enllaços treballats.

El pes de cada prova parcial serà del 35% de la nota final.

La nota obtinguda en les activitats d'avaluació només podrà fer mitjana amb la nota dels problemes si la mitjana dels dos exàmens parcials és superior o igual a 5.

b) Resolució de problemes en les sessions de l'aula d'informàtica:

És una avaluació que consistirà en el lliurament, en grups de dues persones, de tots els problemes realitzats al laboratori. El lliurament de les pràctiques només es podrà realitzar a través del Campus Virtual en el període proposat pel professor. La no entrega de les pràctiques a través del Campus Virtual serà penalitzada amb la qualificació de 0. Així mateix, s'avaluarà el lliurament del treball integrador de l'assignatura, que comptarà un 20%.

El pes d'aquesta avaluació serà del 30% de la nota final.

Avaluació única:

L'avaluació única consistirà en: una primera part on s'avaluaran els continguts teòric-pràctics impartits durant el curs (el pes d'aquesta part serà d'un 70%); una segona part on s'hauran de resoldre problemes o comentar casos treballats durant les pràctiques d'aula (el pes d'aquesta part serà d'un 30%).

Prova de recuperació i millora de nota:

Per participar en la recuperació, l'alumnat ha d'haver estat prèviament avaluat en un conjunt d'activitats el pes de les quals equivalgui a un mínim de dues terceres parts de la qualificació total de l'assignatura o mòdul. Per tant, l'alumnat obtindrà la qualificació de "No avaluable" quan les activitats d'avaluació realitzades tinguin una ponderació inferior al 67% en la qualificació final.

L'examen de recuperació tindrà el mateix format que les proves escrites, és a dir: preguntes tipus test i resolució de problemes. També es farà a les aules d'informàtica de la Facultat en la data programada.

Millora de la qualificació final:

Els alumnes que vulguin millorar la nota podran presentar-se a un examen de millora de nota al final del semestre, en la data i lloc programats per a l'examen de recuperació. El grau de dificultat d'aquesta prova es correspondrà amb l'objectiu de la mateixa i, per tant, podrà ser superior a les altres proves escrites. L'alumne que es presenti a millorar la nota renuncia a la nota obtinguda prèviament.

La qualificació obtinguda en les pràctiques de laboratori no es podrà modificar.

Fórmula de ponderació de la nota final:

Nota final = (Avaluació 1 * 0,35) + (Avaluació 2 * 0,35) + (Problemes 1 * 0,15) + (Problemes 2 * 0,15)

Consideracions generals sobre l'avaluació:

Per superar l'assignatura és necessari obtenir una qualificació final igual o superior a 5. La nota final s'obtindrà fent la mitjana ponderada de les tres activitats d'avaluació. No es farà mitjana si no s'obté una nota igual o superior a 5 en les proves escrites o de recuperació. Si la nota de les proves escrites i/o de la recuperació és inferior a 5 no es podrà superar l'assignatura.

Els alumnes que no puguin assistir a una prova escrita per causa justificada i aportin la documentació oficial corresponent al Coordinador de Grau, tindran dret a realitzar en una altra data una prova que podria combinar la resolució de problemes i la resposta oral a preguntes plantejades pel professor/a.

El Coordinador de Grau vetllarà per la concreció d'aquesta amb el professor de l'assignatura afectada.

Qualsevol aspecte que no estigui contemplat en aquesta guia seguirà la normativa d'avaluació de la Facultat de Biociències.

Bibliografia

Baxevanis, A. D., Bader, G. D., & Wishart, D. S. (2020). Bioinformatics (Fourth edition). Wiley.

Pevsner, J. (2015). Bioinformatics and Functional Genomics. (3rd ed.). John Wiley & Sons.

Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis (Fourth Edition) (2021) by David W. Mount

Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins (Fourth Edition) (2017) by Andreas D. Baxevanis, B. F. Francis Ouellette, and Michael J. E. Sternberg

Introduction to Bioinformatics (Fourth Edition) (2018) by Arthur M. Lesk

Bioinformatics Data Skills: Reproducible and Robust Research with Open Source Tools (Second Edition) (2020) by Vince Buffalo

Exploring Bioinformatics: A Project-Based Approach (Third Edition) (2018) by Caroline St. Clair and Jonathan E. Visick

Programari

Programa JalView (www.jalview.org). representació de multialiniaments

PyMol

Links a bases de dades i aplicacions:

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/>

Llista d'idiomes

Nom	Grup	Idioma	Semestre	Torn
(PLAB) Pràctiques de laboratori	431	Català/Espanyol	primer quadrimestre	matí-mixt
(PLAB) Pràctiques de laboratori	432	Català/Espanyol	primer quadrimestre	matí-mixt
(PLAB) Pràctiques de laboratori	433	Espanyol	primer quadrimestre	matí-mixt
(PLAB) Pràctiques de laboratori	434	Espanyol	primer quadrimestre	matí-mixt
(TE) Teoria	43	Català/Espanyol	primer quadrimestre	matí-mixt