

Titulació	Tipus	Curs
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 està dirigida a estudiants de Biotecnologia de tercer curs (5e semestre) i correspon a una assignatura teòrica de 3 crèdits. S'han definit els objectius i continguts d'aquesta assignatura tenint en compte que dins de la mateixa matèria (Biologia Molecular de Sistemes) es troba la assignatura de "Genòmica, Proteòmica i Interactòmica".

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

- CM25 (Treballar en equip i de manera col·laborativa per a la resolució de problemes en l'àmbit de la biologia de sistemes.) Treballar en equip i de manera col·laborativa per a la resolució de problemes en

l'àmbit de la biologia de sistemes.

- KM25 (Descriure les bases físiques i químiques de la metodologia i instrumentació emprada en l'anàlisi genòmica, transcriptòmica, proteòmica, interactòmica i metabolòmica.) Descriure les bases físiques i químiques de la metodologia i instrumentació emprada en l'anàlisi genòmica, transcriptòmica, proteòmica, interactòmica i metabolòmica.
- SM25 (Analitzar la informació de bases de dades i programari necessari per a l'estudi de les correlacions entre estructura, funció i evolució de macromolècules.) 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- 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 4- Projectes Genoma i Navegadors genòmics. Seqüenciació, ensemblatge i anotacions de genomes. Identificació de les seqüències codificants i promotores.

Tema 5- Multialiniaments: Creació i anàlisi d'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 d'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 empremtes.

Tema 7- Estructura de Proteïnes: predicció, classificació i anàlisi. Mètodes de predicció d'estructura de proteïnes globulars, basats ab initio, basats en homologia i xarxes neuronals. Avaluació de la fiabilitat dels 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.

Títol	Hores	ECTS	Resultats d'aprenentatge
Estudi i Resolució de problemes	40	1,6	SM25
Tutories	5	0,2	SM25
Pràctiques de laboratori a l'aula d'informàtica	20	0,8	CM25, SM25
Classes teòriques	6	0,24	KM25

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. El contingut impartit a les classes de teoria serà avaluat en les proves escrites.

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 dels lliuraments a les sessions de pràctiques és de caràcter obligatori.

No es podran realitzar canvis en els dies i/o grups de pràctiques. El canvi de grup de pràctiques únicament és permès en el cas que es faci una permuta amb algun company/a.

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, perquè els alumnes completin les enquestes d'avaluació de l'actuació del professorat i d'avaluació de l'assignatura.

Nota: es reservaran 15 minuts d'una classe, dins del calendari establert pel centre/titulació, perquè l'alumnat completi les enquestes d'avaluació de l'actuació del professorat i d'avaluació de l'assignatura.

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 d'informàtica.	30%	0	0	CM25, 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 les pràctiques/problemes realitzats al laboratori. El lliurament de les pràctiques es podrà realitzar únicament a través del Campus Virtual en el període proposat pel professor. El retard o 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 5% de la nota corresponent als lliuraments de la part 2.

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

L'avaluació única no es correspondrà amb l'examen de recuperació i consistirà en: una primera part on s'avaluaran els continguts teòric-pràctics impartits durant el curs (el pes d'aquesta part serà d'un 60%); 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 40%).

Prova de recuperació:

Per participar en la recuperació, l'alumnat ha d'haver estat prèviament avaluat en els exàmens parcials i en un conjunt d'activitats. Per tant, l'alumnat obtindrà la qualificació de "No evaluable" quan les activitats d'avaluació no s'hagin realitzat com es descriu a la guia docent.

L'examen de recuperació tindrà el mateix format que les proves parcials, 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.

La qualificació obtinguda en les pràctiques de laboratori no es podrà considerar quan les entregues no s'hagin realitzat en el termini establert pel professor.

Fórmula de ponderació de la nota final:

$$\text{Nota final} = (\text{Avaluació 1} * 0,35) + (\text{Avaluació 2} * 0,35) + (\text{Problemes 1} * 0,15) + (\text{Problemes 2} * 0,15)$$

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.

Les persones que no puguin assistir a una prova d'avaluació individual per causa justificada (com ara per malaltia, defunció d'un familiar de primer grau o accident) i aportin la documentació oficial corresponent a la Coordinació del Grau i al professorat de teoria, tindran dret a realitzar la prova en una altra data.

La realització de qualsevol irregularitat en un acte d'avaluació (frau acadèmic, plagi o ús indegut de la IA, tret que aquest ús estigui autoritzat expressament a la guia docent), que pugui conduir a una variació significativa de la qualificació, suposa que aquest acte es qualificarà amb un 0. En cas que la guia docent prevegi que per superar l'assignatura sigui requisit imprescindible haver obtingut una nota mínima en aquest acte d'avaluació o que es produeixin diverses irregularitats en els actes d'avaluació d'una mateixa assignatura, la qualificació final d'aquesta assignatura és 0. Al marge d'això, es podrà instruir un procés disciplinari a l'estudiant que incorri en alguna d'aquestes irregularitats.

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

Ús de la IA:

En aquesta assignatura no és permès l'ús de tecnologies d'Intel·ligència Artificial (IA) en cap de les seves fases. Qualsevol treball que inclogui fragments generats amb IA serà considerat una falta d'honestat acadèmica i pot comportar una penalització parcial o total en la nota de l'activitat, o sancions majors en casos de gravetat.

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

Bibliografia

Buffalo, Vince. (2015). Bioinformatics data skills : [reproducible and robust research with open source tools]. (1st ed.) O'Reilly.

https://bibcercador.uab.cat/permalink/34CSUC_UAB/1fbc57r/alma991010834431706709

- Lesk, Arthur M. (2019). Introduction to bioinformatics. (5th ed.) Oxford University Press.

- Mount, David W. (2004). Bioinformatics : sequence and genome analysis. (2nd ed.) Cold

Spring Harbor Laboratory Press.

- Ouellette, B. F. Francis & Baxevanis, Andreas D. (2005). Bioinformatics : a practical guide to the analysis of genes and proteins. (3^a ed.) Wiley-Interscience
- Pevsner, Jonathan. (2015). Bioinformatics and functional genomics. (3rd ed.) Wiley-Blackwell
- St. Clair, Caroline & Visick, Jonathan. (2015). Exploring bioinformatics : a project-based approach. (2nd ed.) Jones & Bartlett Learning
- Wishart, David Scott [i altres]. (2020). Bioinformatics. (4th ed.) Wiley

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/>

Grups i idiomes de l'assignatura

La informació proporcionada és provisional fins al 30 de novembre.
A partir d'aquesta data, podreu consultar l'idioma de cada grup a través d'aquest [enllaç](#). Per accedir a la informació, caldrà introduir el CODI de l'assignatura

Tipus de docència	Grup	Idioma	Semestre	Torn
(TE) Teoria	43	Català/Castellà	primer quadrimestre	matí-mixt
(PLAB) Pràctiques de laboratori	431	Català/Castellà	primer quadrimestre	matí-mixt
(PLAB) Pràctiques de laboratori	432	Català/Castellà	primer quadrimestre	matí-mixt

(PLAB) Pràctiques de laboratori	433	Català/Castellà	primer quadrimestre	matí-mixt
(PLAB) Pràctiques de laboratori	434	Català/Castellà	primer quadrimestre	matí-mixt