

Titulación	Tipo	Curso
Biotecnología	OB	3

Profesor/a de contacto

Nombre : Susanna Navarro Cantero

Correo electrónico : susanna.navarro.cantero@uab.cat

Equipo docente

Nathalia Varejao Nogueira

Idiomas de los grupos

Puede consultar esta información al [final](#) del documento.

Prerrequisitos

No existen prerrequisitos para esta asignatura, pero es imprescindible haber repasado los conceptos adquiridos en las asignaturas de "Bioquímica", "Genética y Biología Molecular" y "Tecnología del ADN recombinante", impartidas durante el primer y segundo curso.

Se recomiendan encarecidamente conocimientos de inglés.

Objetivos

La materia impartida durante este curso constituye una visión introductoria a la bioinformática. Esta asignatura está dirigida a estudiantes de Biotecnología de tercer curso (5.º semestre) y corresponde a una asignatura teórica de 3 créditos. Se han definido los objetivos y contenidos 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 al estudiantado los conocimientos bioinformáticos básicos que les permitan tanto utilizar herramientas para realizar búsquedas de información en bases de datos moleculares como abordar el análisis computacional de secuencias y estructuras de ácidos nucleicos y proteínas.
- Ofrecer una perspectiva amplia del potencial de esta disciplina tanto en el ámbito de la investigación como en el profesional.

Resultados de aprendizaje

- CM25 (Trabajar en equipo y de forma colaborativa para la resolución de problemas en el ámbito de la biología de sistemas.) Trabajar en equipo y de forma colaborativa para la resolución de problemas en el ámbito de la biología de sistemas.
- KM25 (Describir las bases físicas y químicas de la metodología e instrumentación utilizada en el análisis genómico, transcriptómico, proteómico, interactómico y metabolómico.) Describir las bases físicas y químicas de la metodología e instrumentación utilizada en el análisis genómico, transcriptómico, proteómico, interactómico y metabolómico.
- SM25 (Analizar la información de bases de datos y software necesario para el estudio de las correlaciones entre estructura, función y evolución de macromoléculas.) Analizar la información de bases de datos y software necesario para el estudio de las correlaciones entre estructura, función y evolución de macromoléculas.

Contenidos

Tema 1. Introducción. Bases de datos en Biología Molecular. Motores de búsqueda: Entrez y SRS. Bases de datos primarias y secundarias. 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 ARN.

Tema 3. 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 4. Proyectos Genoma y navegadores genómicos. Secuenciación, ensamblaje y anotación de genomas. Identificación de secuencias codificantes y promotoras.

Tema 5. Alineamientos múltiples. Creación y análisis de alineamientos múltiples 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 modelos ocultos de Markov, HMM). Predicción de motivos y dominios. Bases de datos de motivos, dominios y familias proteicas. Representación de LOGOS de motivos o huellas.

Tema 7. Estructura de proteínas: predicción, clasificación y análisis. Métodos de predicción de la estructura de proteínas globulares, métodos ab initio, métodos basados en homología y redes neuronales. Evaluación de la fiabilidad de los métodos de predicción. Predicción de la estructura de proteínas de membrana con hélices transmembrana y de barril beta. Predicción de coiled-coil. Métodos de predicción de la estructura terciaria. Banco de estructuras PDB. Visualización y comparación de estructuras. Predicciones basadas en secuencia e identificación de dianas terapéuticas. Predicciones basadas en estructura. Rediseño de la solubilidad proteica.

Actividades formativas y Metodología

Título	Horas	ECTS	Resultados de aprendizaje
Estudio	40	1,6	SM25
Tutorías	5	0,2	SM25
Prácticas en el aula de informática	20	0,8	CM25, SM25
Clases de teoría	6	0,24	KM25

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 estudio y resolución autónoma de problemas.

Clases teóricas

Clases destinadas a transmitir los conceptos básicos y la información necesaria para desarrollar un aprendizaje autónomo. Las clases de teoría serán presenciales y se impartirán con apoyo audiovisual. El contenido impartido en las clases de teoría será evaluado en las pruebas escritas.

Clases de prácticas de laboratorio de informática o problemas

Esta actividad se llevará a cabo en las aulas de informática de la Facultad, en grupos de aproximadamente 20 estudiantes, y tendrá una duración de 8 sesiones. Las prácticas se organizarán a partir de problemas planteados por el profesorado que el alumnado deberá resolver utilizando diferentes herramientas y análisis bioinformáticos. Al final de cada sesión, el alumnado deberá entregar los problemas que haya conseguido resolver. Esta entrega es obligatoria y se realizará por parejas a través del Campus Virtual.

Para agilizar las clases, el estudiantado tendrá a su disposición tutoriales y material de apoyo en el Campus Virtual. La asistencia a las sesiones prácticas y la entrega de los trabajos son obligatorias. No se podrán realizar cambios en los días y/o grupos de prácticas. El cambio de grupo de prácticas únicamente estará permitido si se realiza una permuta con algún compañero o compañera.

Tutorías

Sesiones individuales o en parejas para la resolución de dudas relacionadas con la asignatura. Esta actividad se realizará a petición del alumnado.

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

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.

Evaluación

Actividades de evaluación continuada

Título	Peso	Horas	ECTS	Resultados de aprendizaje
Evaluación parcial 1	35%	2	0,08	KM25, SM25
Evaluación parcial 1	35%	2	0,08	KM25, SM25
Entrega de problemas realizados en las sesiones del aula de informática.	30%	0	0	CM25, SM25

Las competencias de esta materia serán evaluadas mediante evaluación continua, basada en los siguientes ítems:

-pruebas escritas

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

-entrega del trabajo integrador

a) Pruebas escritas

Consistirán en dos pruebas parciales (temas 1-4, parte 1; temas 5-7, parte 2) con preguntas cortas y/o preguntas tipo test de respuesta múltiple para relacionar conceptos y resolver problemas. Se realizarán preferentemente en las aulas de informática de la Facultad, de manera que el alumnado tendrá a su alcance las herramientas bioinformáticas necesarias para responder a las preguntas, así como un listado de los enlaces trabajados. El peso de cada prueba parcial será del 35% de la nota final. La nota obtenida en las actividades de evaluación solo podrá hacer media con la nota de los problemas si la media de los dos exámenes parciales es superior o igual a 5.

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

Esta evaluación consistirá en la entrega, en grupos de dos personas, de las prácticas/problemas realizados en el laboratorio. La entrega de las prácticas solo se podrá realizar a través del Campus Virtual en el periodo propuesto por el profesorado. El retraso o la no entrega de las prácticas a través del Campus Virtual será penalizado con una calificación de 0. Asimismo, se evaluará la entrega del trabajo integrador de la asignatura, que contará un 5% de la nota correspondiente a las entregas de la parte 2. El peso de esta evaluación será del 30% de la nota final.

Evaluación única

La evaluación única no se corresponderá con el examen de recuperación y consistirá en una primera parte donde se evaluarán los contenidos teórico-prácticos impartidos durante el curso (60%) y una segunda parte donde se deberán resolver problemas o comentar casos trabajados durante las prácticas de aula (40%).

Prueba de recuperación

Para participar en la recuperación, el alumnado debe haber sido previamente evaluado en los exámenes parciales y en un conjunto de actividades. Por tanto, el alumnado obtendrá la calificación de "No evaluable" cuando las actividades de evaluación no se hayan realizado como se describe en la guía docente. El examen de recuperación tendrá el mismo formato que las pruebas parciales: preguntas tipo test y resolución de problemas. También se realizará en las aulas de informática de la Facultad en la fecha programada. La calificación obtenida en las prácticas de laboratorio no se podrá considerar cuando las entregas no se hayan realizado en el plazo establecido por el profesorado.

Fórmula de ponderación de la nota final: $\text{Nota final} = (\text{Evaluación 1} \times 0,35) + (\text{Evaluación 2} \times 0,35) + (\text{Problemas 1} \times 0,15) + (\text{Problemas 2} \times 0,15)$.

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 media si no se obtiene una nota igual o superior a 5 en las pruebas escritas o de recuperación. Si la nota de las pruebas escritas y/o de la recuperación es inferior a 5, no se podrá superar la asignatura.

Las personas que no puedan asistir a una prueba de evaluación individual por causa justificada (enfermedad, defunción de un familiar de primer grado o accidente) y aporten la documentación oficial correspondiente a la Coordinación del Grado y al profesorado de teoría tendrán derecho a realizar la prueba en otra fecha.

La realización de cualquier irregularidad en un acto de evaluación (fraude académico, plagio o uso indebido de la IA, salvo que este uso esté autorizado expresamente en la guía docente) que pueda conducir a una variación significativa de la calificación supone que dicho acto se calificará con un 0. Si la guía docente prevé

que para superar la asignatura es imprescindible haber obtenido una nota mínima en ese acto de evaluación o si se producen varias irregularidades en los actos de evaluación de una misma asignatura, la calificación final de esta asignatura será 0. Al margen de ello, se podrá instruir un proceso disciplinario al estudiante que incurra en alguna de estas irregularidades.

El Coordinador de Grado velará por la concreción de esta medida con el profesor de la asignatura afectada.

Uso de la IA

En esta asignatura no se permite el uso de tecnologías de Inteligencia Artificial (IA) en ninguna de sus fases. Cualquier trabajo que incluya fragmentos generados con IA será considerado una falta de honestidad académica y puede comportar una penalización parcial o total en la nota de la actividad, o sanciones mayores en casos de gravedad.

Cualquier aspecto no contemplado en esta guía seguirá la normativa de evaluación de la Facultad de Biociencias.

Bibliografía

- Buffalo, Vince. (2015). Bioinformatics data skills: reproducible and robust research with open source tools. (1st ed.). O'Reilly.
- 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. (3rd 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 et al. (2020). Bioinformatics. (4th ed.). Wiley.

Software

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

PyMol

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>

Prosites:

<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

Grupos e idiomas de la asignatura

La información proporcionada es provisional hasta el 30 de noviembre. A partir de esta fecha, podrá consultar el idioma de cada grupo a través de este [enlace](#). Para acceder a la información, será necesario introducir el CÓDIGO de la asignatura

Tipo de docencia	Grupo	Idioma	Semestre	Turno
(TE) Teoría	43	Catalán/Español	primer cuatrimestre	mañana-mixto
(PLAB) Prácticas de laboratorio	431	Catalán/Español	primer cuatrimestre	mañana-mixto
(PLAB) Prácticas de laboratorio	432	Catalán/Español	primer cuatrimestre	mañana-mixto
(PLAB) Prácticas de laboratorio	433	Catalán/Español	primer cuatrimestre	mañana-mixto
(PLAB) Prácticas de laboratorio	434	Catalán/Español	primer cuatrimestre	mañana-mixto