

**FITXA IDENTIFICATIVA****Dades de l'Assignatura**

<b>Codi</b>	33142
<b>Nom</b>	Bioinformàtica
<b>Cicle</b>	Grau
<b>Crèdits ECTS</b>	4.5
<b>Curs acadèmic</b>	2024 - 2025

**Titulació/titulacions**

<b>Titulació</b>	<b>Centre</b>	<b>Curs</b>	<b>Període</b>
1109 - Grau en Bioquímica i Ciències Biomèdiques	Facultat de Ciències Biològiques	4	Segon quadrimestre

**Matèries**

<b>Titulació</b>	<b>Matèria</b>	<b>Caràcter</b>
1109 - Grau en Bioquímica i Ciències Biomèdiques	14 - Matèria d'assignatures optatives	Optativa

**Coordinació**

<b>Nom</b>	<b>Departament</b>
BRACHO LAPIEDRA, MARIA ALMA	194 - Genètica

**RESUM**

La Bioinformàtica va ser originalment definida com una matèria interdisciplinària que incloïa els camps de la biologia, la informàtica, les matemàtiques i l'estadística. El seu objectiu era analitzar les dades de seqüències biològiques, els continguts i estructures dels genomes, i la predicció i funció de les proteïnes. Amb l'arribada de l'era dels genomes, la bioinformàtica ha estès el seu camp d'estudi a l'anàlisi de multitud de dades biològiques, entre elles les derivades dels éssers humans i per tant té actualment una gran importància en la investigació biomèdica.

Els continguts d'aquesta assignatura han estat adaptats als de les altres assignatures impartides en el pla d'estudis del Grau en Bioquímica i Ciències Biomèdiques de manera que es puguin realitzar activitats pràctiques relacionades amb els continguts teòrics adquirits en assignatures obligatòries com la genòmica i optatives com l'Evolució molecular i bioquímica. Els coneixements i habilitats que s'adquiriran en aquest curs han de ser definits com una introducció a la bioinformàtica, ja que aquesta és una disciplina molt àmplia tant en relació a les seves aplicacions com a les eines que utilitza.



## CONEXEMENTS PREVIS

### Relació amb altres assignatures de la mateixa titulació

No heu especificat les restriccions de matrícula amb altres assignatures del pla d'estudis.

### Altres tipus de requisits

En aquesta assignatura es realitzaran, entre daltres, pràctiques d'ús dels bancs de dades de seqüències, pràctiques d'anotació de gens i de filogenètica molecular, la teoria de les quals es desenvolupa en extens en l'assignatura optativa Evolució Molecular i Bioquímica. És recomanable cursar les dues assignatures per tenir una visió teòrica i pràctica més integrada.

### 1101 - Grau Bioquímica i Biomèdiques

- Saber utilitzar les diferents fonts bibliogràfiques i bases de dades biològiques i usar les eines bioinformàtiques.
- Conèixer els mètodes que permeten manejar grans quantitats de dades derivades de les tècniques òmiques.
- Conèixer els mecanismes evolutius a escala molecular.
- Saber utilitzar els principals mètodes bioinformàtics.
- Accedir a les principals bases de dades biològiques i recuperar i usar la informació que contenen.
- Aplicar correctament els mètodes d'inferència filogenètica i interpretar-ne els resultats.

1. Obtenció i interpretació d'arbres filogenètics
2. Realització d'alineaments múltiples de seqüències
3. Realització de recerques en bases de dades biològiques
4. Predicció de gens
5. Cerques de dominis i motius conservats en proteïnes

## DESCRIPCIÓ DE CONTINGUTS

### 1. Bases de dades moleculars, alineament de seqüències i filogenètica molecular

Anàlisi elemental de seqüències. Extracció d'informació de bases de dades moleculars i genòmiques. Cerques per similitud de seqüència. Alineament de seqüències de nucleòtids i aminoàcids. Algorismes d'alineament de seqüències i de cerca per similitud. El canvi evolutiu en les seqüències i la seua estimació. Reconstrucció filogenètica. Taxes i patrons de substitució nucleotídica. Programes de reconstrucció filogenètica.



## 2. Anotació de genomes de bacteris i eucariotes

L'algorisme BLAST. Mètodes per a identificar les CDS, els gens d'RNA no codificant i els pseudogens en els genomes de procariotes. Mètodes per a anotar gens en genomes d'eucariotes.

## 3. Genòmica bàsica i translacional. Transcriptòmica

Introducció bàsica a l'ús de la línia de comandos en Linux i a l'anàlisi massiva de seqüències. Mètodes i estratègies de seqüenciació de genomes. Genòmica translacional en biomedicina. Transcriptòmica. Seqüenciació d'RNA en procariotes i eucariotes.

## VOLUM DE TREBALL

ACTIVITAT	Hores	% Presencial
Pràctiques en aula informàtica	26,00	100
Classes de teoria	16,00	100
Tutories reglades	3,00	100
Elaboració de treballs en grup	12,00	0
Estudi i treball autònom	31,50	0
Preparació de classes de teoria	12,00	0
Preparació de classes pràctiques i de problemes	12,00	0
<b>TOTAL</b>	<b>112,50</b>	

## METODOLOGIA DOCENT

## AVALUACIÓ

L'avaluació de l'aprenentatge dels estudiants en primera convocatòria es realitzarà mitjançant la valoració dels següents apartats:

- 1) Examen. Un examen sobre coneixements teòrics i interpretació de resultats derivats de l'aplicació d'eines bioinformàtiques. Aquesta prova permetrà obtenir fins a 7 punts.
- 2) Treball pràctic. La resolució d'exercicis pràctics. Aquest apartat valdrà fins a 3 punts.

La segona convocatòria es regeix per les mateixes normes que la primera. L'examen valdrà fins a 7 punts al qual se sumaran les notes obtingudes en la resolució dels exercicis realitzats durant el curs (fins a 3 punts).

Per a poder superar l'assignatura es requereix una nota mínima global de 5 sobre 10 i haver tret en el examen al menys 4 punts sobre 10.



## REFERÈNCIES

### Bàsiques

- J. Pevsner (2015) Bioinformatics and Functional Genomics, 3rd Edition Wiley-Blackwell.
- Vince Buffalo (2015) Bioinformatics Data Skills. Publisher(s): O'Reilly Media, Inc. ISBN: 9781449367503

### Complementàries

- Nei, M. and Kumar, S. (2000). Molecular Evolution and Phylogenetics. Oxford University Press.
- Mount, D. (2004). Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis, Second Edition. Cold Spring Harbor Press.
- T.K. Attwood y D. J. Parry-Smith (2002). Introducció a la Bioinformàtica. Prentice Hall.
- W-H. Li. (1997). Molecular Evolution. Sinauer Associates Inc