

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

Codi	43459
Nom	Bioinformàtica
Cicle	Màster
Crèdits ECTS	3.0
Curs acadèmic	2024 - 2025

Titulació/titulacions

Titulació	Centre	Curs	Període
2210 - M.U. Invest. Biol.Mol.Cel	Facultat de Ciències Biològiques	1	Primer quadrimestre

Matèries

Titulació	Matèria	Caràcter
2210 - M.U. Invest. Biol.Mol.Cel	4 - Bioinformàtica	Obligatòria

Coordinació

Nom	Departament
PALERO PASTOR, FERRAN	194 - Genètica

RESUM

L'assignatura Bioinformàtica és fonamentalment pràctica i per aquesta raó els coneixements teòrics seran impartits simultàniament amb els pràctics a l'aula d'informàtica.

Originalment la bioinformàtica va ser definida com una matèria interdisciplinària que incloïa els camps de la biologia, la informàtica, les matemàtiques i l'estadística amb l'objectiu d'analitzar les dades de seqüències biològiques, els continguts i estructures dels genomes, i la predicció i funció de les proteïnes. Amb l'arribada de les tècniques "-òmiques", la bioinformàtica ha estès el seu camp d'estudi a l'anàlisi de multitud de dades biològiques, o Big Data, incloent els derivats de genomes complets i per tant té actualment una gran importància en la recerca biomèdica.



CONEIXEMENTS 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

Els estudiants han de tindre coneixements bàsics de biologia molecular, estadística, i danàlisi de seqüències.

2210 - M.U. Invest. Biol.Mol.Cel

- Que els estudiants sàpiguen comunicar les conclusions (i els coneixements i les raons últimes que les sustenten) a públics especialitzats i no especialitzats d'una manera clara i sense ambigüitats.
- Ser capaços d'accedir a la informació necessària (bases de dades, articles científics, etc.) i tenir prou criteri per a la seua interpretació i utilització.
- Ser capaç de buscar en la red informació sobre secuencias de ácidos nucleicos y proteínas y adquirir la capacidad de manejar software relacionado con el análisis de secuencias.
- Ser capaç de processar i extraure informació a partir de les dades proporcionats per un servici de seqüenciació i convertir la dita informació a un format que permeta la seua anàlisi amb diferents programes d'anàlisi de seqüències.
- Ser capaç de recol·lectar informació sobre un organisme o element biològic, a partir de l'emmagatzemada en els servidors públics, organitzar-la i sintetitzar-la.

L'estudiant, per a superar aquesta assignatura, haurà de demostrar:

1. Ser capaç de manejar un programa d'assemblatge de seqüències, des dels passos inicials de preparació de les lectures de seqüència, fins l'assemblatge final i anàlisi de mutacions.
2. Ser capaç de treballar a un nivell bàsic amb seqüències derivades de sistemes de seqüenciació de nova generació en un programari d'assemblatge i conèixer els algorismes d'assemblatge de seqüències.
3. Ser capaç d'anotar genomes de procariotes i eucariotes, reconeixent la diversitat de patrons que es poden trobar en diferents organismes.

DESCRIPCIÓ DE CONTINGUTS



1. Introducció a la Bioinformàtica amb GALAXY (Setmana 4: 4h)

1. Introducció a la informàtica i ús de GALAXY.
2. Tècniques de seqüenciació: qualitat de seqüències i formats de fitxer habituals.

2. Bases de dades i recerca de seqüències (Setmana 5: 4h)

3. Introducció a l'ús de Genbank i ENA
4. Recerca de seqüències mitjançant BLAST

3. Alineaments, distàncies genètiques i filogènies (Setmana 6: 2h)

5. Alineament de seqüències, importància i mètodes més freqüents. Càlcul de distàncies genètiques. Filogènies moleculars.

4. Assemblatge de genomes (Setmanes 6 i 7: 4h)

7. Conceptes i mètodes/algorithmes més freqüents. Assemblatge de seqüències derivades de tecnologies NGS
8. Avaluació de l'assemblatge genòmic. Paràmetres descriptius i bases de dades genòmiques.

5. Anotació de genomes i visors genòmics (Setmanes 7 i 8: 4h)

9. Anotació de genomes bacterians i eucariotes
10. Visors genòmics

6. Mapatge de seqüències, anàlisi de variants i genòmica de poblacions (Setmanes 8 i 10: 4h)

11. Mapatge de seqüències: metodologies principals i conceptes. Ús de minimap2.
12. Passos implicats en la cerca de variants. Tipus de formats de dades i software disponible.

7. Anàlisi de transcriptomes (Setmana 12: 4h)

13. Introducció a R. Paquets estadístics per a bioinformàtica: BIOCONDUCTOR.
14. Anàlisi de dades d'expressió gènica. Anàlisi de components principals. Anàlisi de conglomerats (clustering).



VOLUM DE TREBALL

ACTIVITAT	Hores	% Presencial
Pràctiques en aula informàtica	26,00	100
Altres activitats	4,00	100
Elaboració de treballs en grup	15,00	0
Estudi i treball autònom	15,00	0
Preparació de classes pràctiques i de problemes	15,00	0
TOTAL	75,00	

METODOLOGIA DOCENT

El desenvolupament de l'assignatura s'estructura en treballs presencials i no presencials:

Treball presencial:

A) Sessions de classes en aula d'informàtica amb una introducció teòrica pel sistema de classe magistral i una part pràctica basada en la resolució d'exercicis i problemes.

B) Tutories

C) Examen

Treball no presencial:

A) Exercicis pràctics i problemes bioinformàtics resolts fóra de l'horari de classe.

B) Estudi dels continguts i preparació prèvia de les classes.

AVALUACIÓ

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

1) Un examen teòric-pràctic que es realitzarà en l'aula d'informàtica i que podrà constar tant de preguntes sobre els coneixements de teoria com d'exercicis que s'hauran de resoldre utilitzant els programes estudiats en el curs. Aquesta prova permetrà obtenir fins a 7 punts i es realitzarà després de la finalització de les classes.



2) Avaluació continua basada en el treball en classe i en la resolució d'exercicis i problemes bioinformàtics. Aquest apartat valdrà fins a 3 punts.

En la segona convocatòria, l'estudiant podrà acollir-se a dues opcions: 1) realitzar un examen teòric-pràctic en el qual podrà obtenir fins a 10 punts i 2) en el cas que l'estudiant haguera obtingut nota en l'avaluació continua de la primera convocatòria, aquests punts seran sumats als de l'examen, el qual valdrà fins a 7 punts.

REFERÈNCIES

Bàsiques

- Bioinformatics and Functional Genomics, por Jonathan Pevsner (2015) publicado por Wiley_Blackwell. Tercera edición. Una introducción a la bioinformática y la genómica fácil de seguir y de entender los conceptos. Incluye muchos ejercicios prácticos y direcciones web., y está disponible en línea (https://trobes.uv.es/permalink/34CVA_UV/1b8uv2g/alma991009853672206258).

Complementàries

- Bioinformatics with Python Cookbook : Use Modern Python Libraries and Applications to Solve Real-World Computational Biology Problems (2022), también disponible en línea (https://trobes.uv.es/permalink/34CVA_UV/1bttdu2/alma991009923653906258).
- R Bioinformatics Cookbook : Utilize R Packages for Bioinformatics, Genomics, Data Science, and Machine Learning (2023), disponible en línea (https://trobes.uv.es/permalink/34CVA_UV/1bttdu2/alma991010329590506258)