# FICHA IDENTIFICATIVA

## Datos de la Asignatura

| | |
|---|---|
| **Código** | 33142 |
| **Nombre** | Bioinformática |
| **Ciclo** | Grado |
| **Créditos ECTS** | 4.5 |
| **Curso académico** | 2020 - 2021 |

## Titulación(es)

| Titulación | Centro | Curso | Periodo |
|---|---|---|---|
| 1109 - Grado de Bioquímica y Ciencias Biomédicas (2015) | Facultad de Ciencias Biológicas | 4 | Segundo cuatrimestre |

## Materias

| Titulación | Materia | Caracter |
|---|---|---|
| 1109 - Grado de Bioquímica y Ciencias Biomédicas (2015) | 14 - Materia de asignaturas optativas | Optativa |

## Coordinación

| Nombre | Departamento |
|---|---|
| SILVA MORENO, FRANCISCO J. | 194 - Genética |

# RESUMEN

La Bioinformática fue originalmente definida como una materia interdisciplinar que incluía los campos de la biología, la informática, las matemáticas y la estadística y cuyo objetivo era analizar los datos de secuencias biológicas, los contenidos y estructuras de los genomas, y la predicción y función de las proteínas. Con la llegada de la era de los genomas, la bioinformática ha extendido su campo de estudio al análisis de multitud de datos biológicos, entre ellos los derivados de los seres humanos y por tanto tiene actualmente una gran importancia en la investigación biomédica.

Los contenidos de esta asignatura han sido adaptados a los de las otras asignaturas impartidas en el plan de estudios del Grado en Bioquímica y Ciencias Biomédicas de forma que se puedan realizar actividades prácticas relacionadas con los contenidos teóricos adquiridos en asignaturas obligatorias como la genómica y optativas como la Evolución molecular y bioquímica. Los conocimientos y habilidades que se adquirirán en este curso deben ser definidos como una introducción a la bioinformática, ya que ésta es una disciplina muy amplia tanto en relación a sus aplicaciones como a las herramientas que utiliza.

## CONOCIMIENTOS PREVIOS

### Relación con otras asignaturas de la misma titulación

No se han especificado restricciones de matrícula con otras asignaturas del plan de estudios.

### Otros tipos de requisitos

En esta asignatura se realizarán, entre otras, prácticas de evolución y filogenética molecular cuya teoría se desarrolla en extenso en la asignatura Evolución molecular y bioquímica. Es recomendable cursar las dos asignaturas para tener una visión teórico/práctica más integrada.

## COMPETENCIAS

### 1101 - Grado de Bioquímica y Ciencias Biomédicas

- Saber utilizar las diferentes fuentes bibliográficas y bases de datos biológicos y usar las herramientas bioinformáticas.
- Conocer los métodos que permiten manejar grandes cantidades de datos derivados de las técnicas ómicas.
- Conocer los mecanismos evolutivos a escala molecular.
- Saber utilizar los principales métodos bioinformáticos.
- Acceder a las principales bases de datos biológicos y recuperar y emplear la información contenida en ellas.
- Aplicar correctamente los métodos de inferencia filogenética e interpretar los resultados.

## RESULTADOS DE APRENDIZAJE

1. Obtención e interpretación de árboles filogenéticos
2. Realización de alineamientos de múltiples de secuencias
3. Realización de búsquedas en bases de datos biológicas
4. Predicción de genes
5. Búsqueda de dominios y motivos conservados en proteínas

## DESCRIPCIÓN DE CONTENIDOS

### 1. Bases de datos moleculares, alineamiento de secuencias y filogenética molecular

Análisis elemental de secuencias. Extracción de información de bases de datos moleculares y genómicas. Búsquedas por similitud de secuencia. Alineamiento de secuencias de nucleótidos y aminoácidos. Algoritmos de alineamiento de secuencias y de búsqueda por similitud. El cambio evolutivo en las secuencias y su estimación. Reconstrucción filogenética. Tasas y patrones de sustitución nucleotídica. Programas de reconstrucción filogenética.

### 2. Anotación de genomas de bacterias y eucariotas

El algoritmo BLAST. Métodos para identificar las CDS, los genes de RNA no codificante y los pseudogenes en los genomas de procariotas. Métodos para anotar genes en genomas de eucariotas.

### 3. Genómica básica y translacional. Transcriptómica

Introducción básica al uso de la línea de comandos en Linux y al análisis masivo de secuencias. Métodos y estrategias de secuenciación de genomas. Genómica translacional en biomedicina. Transcriptómica. Secuenciación de RNA en procariotas y eucariotas.

## VOLUMEN DE TRABAJO

| ACTIVIDAD | Horas | % Presencial |
|---|---|---|
| Prácticas en aula informática | 26,00 | 100 |
| Clases de teoría | 16,00 | 100 |
| Tutorías regladas | 3,00 | 100 |
| Elaboración de trabajos en grupo | 12,00 | 0 |
| Estudio y trabajo autónomo | 31,50 | 0 |
| Preparación de clases de teoría | 12,00 | 0 |
| Preparación de clases prácticas y de problemas | 12,00 | 0 |
| **TOTAL** | **112,50** | |

## METODOLOGÍA DOCENTE

**El desarrollo de la asignatura se estructura en trabajos presenciales y no presenciales:**

**Trabajo presencial:**

A) Clases teóricas de una hora de duración con el sistema de lección magistral

B) Clases prácticas en aula de informática donde se plantearán problemas y se resolverán ejercicios que sirvan para ilustrar los principales aspectos de los temas presentados en las clases de teoría.

C) Tutorías. Se realizarán tutorías grupales en que se discutirán los resultados obtenidos por los diferentes grupos formados en las sesiones de aula de informática (ver más abajo).

D) Examen

**Trabajo no presencial:**

A) Ejercicios prácticos y problemas bioinformáticos que deberán ser resueltos por los estudiantes en grupos reducidos. Sus resultados así como las diferentes aproximaciones desarrolladas por los diferentes grupos se discutirán en las sesiones de tutorías grupales.

B) Estudio de los contenidos y preparación previa de las clases. Se indicará a los estudiantes los capítulos de los libros recomendados donde pueden leer antes de la clase su contenido u otros materiales equivalentes.

## EVALUACIÓN

La evaluación del aprendizaje de los estudiantes en primera convocatoria se realizará mediante la valoración de los siguientes apartados:

1) Un examen sobre conocimientos teóricos e interpretación de resultados de aplicación de herramientas bioinformáticas. Esta prueba permitirá obtener hasta 7 puntos.

2) La resolución de ejercicios prácticos. Este apartado valdrá hasta 3 puntos.

La segunda convocatoria se rige por las mismas normas que la primera. El examen valdrá hasta 7 puntos al que se sumarán las notas obtenidas en la resolución de los ejercicios realizados durante el curso (hasta 3 puntos).

Para poder aprobar la asignatura se requiere una nota mínima global de 5 sobre 10 y haber obtenido en el examen al menos 4 puntos sobre 10.

## REFERENCIAS

### Básicas

- Pevsner J. (2015) Bioinformatics and Functional Genomics, 3rd Edition Wiley-Blackwell.

  Pevsner J. (2009) Bioinformatics and Functional Genomics, 2nd Edition Wiley-Blackwell.

### Complementarias

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

## ADENDA COVID-19

**Esta adenda solo se activará si la situación sanitaria lo requiere y previo acuerdo del Consejo de Gobierno**

***1) Contenidos.***

Sin cambios.

***2) Volumen de trabajo.***

Sin cambios.

***3) Metodología.***

**Teoría:**

Las actividades presenciales en aula se sustituirían en función de las herramientas tecnológicas disponibles en el aula en el momento de desarrollo del curso, por las siguientes metodologías:

-Videoconferencia síncrona

-Presentaciones Powerpoint locutadas en Aula Virtual

-Presentaciones Powerpoint con apuntes extendidos en Aula Virtual

**Prácticas en aula de informática:**

Las actividades presenciales en aula se sustituirían en función de las herramientas tecnológicas disponibles por:

-Videoconferencia síncrona

-Presentaciones Powerpoint locutadas en Aula Virtual

-Presentaciones Powerpoint con apuntes extendidos en Aula Virtual

**Tutorías grupales:**

Se utilizarán las siguientes metodologías:

-Chats síncronos en Aula Virtual

-Comunicación directa profesor-estudiante a través del correo institucional

***4) Evaluación.***

En caso de que los exámenes no pudieran ser presenciales, se realizarían ‘on line’ en Aula Virtual mediante las herramientas disponibles. No se modifican ni los apartados de evaluación ni sus pesos en la nota final.