# FICHA IDENTIFICATIVA

## Datos de la Asignatura

| | |
|---|---|
| **Código** | 33190 |
| **Nombre** | Bioinformática |
| **Ciclo** | Grado |
| **Créditos ECTS** | 4.5 |
| **Curso académico** | 2019 - 2020 |

## Titulación(es)

| Titulación | Centro | Curso | Periodo |
|---|---|---|---|
| 1102 - Grado de Biotecnología | Facultad de Ciencias Biológicas | 4 | Segundo cuatrimestre |

## Materias

| Titulación | Materia | Caracter |
|---|---|---|
| 1102 - Grado de Biotecnología | 100 - Bioinformática | Optativa |

## Coordinación

| Nombre | Departamento |
|---|---|
| MARTINEZ TORRES, DAVID | 194 - Genética |
| 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 diseñados de forma que por cada tema de teoría se puedan realizar actividades prácticas relacionadas que sirvan para asentar los conceptos fundamentales. 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

## COMPETENCIAS

### 1102 - Grado de Biotecnología

- Poseer y comprender los conocimientos en Biotecnología.
- Saber aplicar esos conocimientos al mundo profesional.
- Capacidad de interpretar datos relevantes.
- Capacidad para transmitir ideas, problemas y soluciones dentro de la Biotecnología.
- Saber utilizar la lengua inglesa en la redacción de informes y para interpretar información a partir de protocolos, manuales y bases de datos.
- Analizar a nivel molecular el resultado de la manipulación de un organismo.
- Ser capaz de abordar el análisis de la estructura de macromoléculas al objeto de modificarla con fines biotecnológicos.

## 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 y alineamiento de secuencias

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

### 2. Filogenética molecular

Filogenética molecular. El cambio evolutivo en las secuencias y su estimación. Reconstrucción filogenética. Tasas y patrones de sustitución nucleotídica. Programas de reconstrucción filogenética.

### 3. Aplicaciones y herramientas para el análisis de las secuencias

Editado y manipulación informática de secuencias. Análisis de secuencias. ESTs. Predicción de genes en eucariotas y en procariotas. Introducción a los microarrays. Predicción informática de estructuras de ácidos nucleicos y proteínas

## VOLUMEN DE TRABAJO

| ACTIVIDAD | Horas | % Presencial |
|---|---|---|
| Clases de teoría | 28,00 | 100 |
| Prácticas en aula informática | 14,00 | 100 |
| Tutorías regladas | 3,00 | 100 |
| Elaboración de trabajos individuales | 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 8 puntos.

2) La resolución de un ejercicio práctico cuyo trabajo se realizará en grupo. Este apartado valdrá hasta 2 puntos.

En la segunda convocatoria, la evaluación incluirá un único examen en el que se podrá obtener hasta 10 puntos. En el caso que el estudiante hubiese obtenido nota en la resolución de los ejercicios de la primera convocatoria estos puntos se sumaran a los del examen, el cual valdrá hasta 8 puntos.

Para poder aprobar la asignatura se requiere una nota mínima global de 5 sobre los 10 totales 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.

  Una introducción a la bioinformática y la genómica fácil de seguir y de entender los conceptos. Incluye muchos ejercicios prácticos y direcciones web. La primera edición del año 2003 también puede usarse al ser similar en muchos capítulos.

## 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

Se mantienen los contenidos inicialmente recogidos en la guía docente

### *2. Volumen de trabajo y planificación temporal de la docencia*

1. Mantenimiento del peso de las distintas actividades que suman las horas de dedicación en créditos ECTS marcad

2. No se mantienen los horarios, se ha dado libertad al estudiante para realizar las actividades programadas de acue

### *3. Metodología docente*

1. Las sesiones presenciales de teoría se sustituyen por presentaciones de diapositivas locutadas disponibles a través

2. Las sesiones prácticas presenciales en aula de informática se sustituyen por videos locutados, disponibles a través programas y se ejecutan los ejercicios prácticos propuestos

3. Se propondrán a través de aula virtual tareas prácticas a desarrollar en grupo de manera virtual.

4. Para las tutorías grupales se contempla la posibilidad de utilizar presentaciones de diapositivas locutadas para la discusión a través de aula virtual.

5. Las tutorías personalizadas se llevan a cabo exclusivamente de manera virtual, por cualquiera de los tres medios consultando directamente al profesor a través del email de la Universidad.

***4. Evaluación***

1.Modificación del peso relativo de las diferentes actividades aumentando el peso en la nota final de la resolución del examen. Así para calcular la nota final se tendrán en cuenta los siguientes apartados con el peso indicado:

a) La resolución de tareas prácticas realizadas en grupos de dos personas a lo largo del curso. Este apartado valdrá

b) Un examen individual sobre conocimientos teóricos, aplicación e interpretación de resultados obtenidos utilizando curso. Esta prueba permitirá obtener hasta 5 puntos. El examen consistirá en una prueba escrita distribuida a través en la autoría del examen, se elaborarán diferentes variantes del mismo y se desarrollará en un tiempo limitado.

2. Para poder aprobar será necesario obtener un mínimo de 2,5 puntos de los 5 posibles en el examen

3. La segunda convocatoria se regirá por los mismos criterios.

***5. Bibliografía***

1.Se sustituye parte de la bibliografía propuesta inicialmente, dado que no está en línea.

a) Se añade al listado de páginas web de la guía inicial el siguiente enlace con recursos pertenecientes al manual pro

http://www.bioinfbook.org/

b) Se añaden a dicho listado los siguientes enlaces con recursos similares a los propuestos en la bibliografía comple

https://www.ebi.ac.uk/training/online/

http://wiki.bio.dtu.dk/teaching/index.php/Computational_Molecular_Evolution:_36615#Week_6_.28March_7.29:_

https://www.ebi.ac.uk/training/online/course/introduction-phylogenetics/learn-more

2.Se Mantiene el listado de recursos web de la guía inicial (al que se añaden los anteriores enlaces).