

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

Codi	33190
Nom	Bioinformàtica
Cicle	Grau
Crèdits ECTS	4.5
Curs acadèmic	2019 - 2020

Titulació/titulacions

Titulació	Centre	Curs	Període
1102 - Grau de Biotecnologia	Facultat de Ciències Biològiques	4	Segon quadrimestre

Matèries

Titulació	Matèria	Caràcter
1102 - Grau de Biotecnologia	100 - Bioinformàtica	Optativa

Coordinació

Nom	Departament
MARTINEZ TORRES, DAVID	194 - Genètica
SILVA MORENO, FRANCISCO J.	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 dissenyats de manera que per cada tema teòric es puguin realitzar activitats pràctiques relacionades per tal de assentar els aspectes fonamentals. 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.



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

COMPETÈNCIES

1102 - Grau de Biotecnologia

- Posseir i comprendre els coneixements en biotecnologia.
- Saber aplicar aquests coneixements al món professional.
- Capacitat d'interpretar dades rellevants.
- Capacitat per transmetre idees, problemes i solucions dins la biotecnologia.
- Saber utilitzar la llengua anglesa en la redacció d'informes i per interpretar informació a partir de protocols, manuals i bases de dades.
- Analitzar a nivell molecular el resultat de la manipulació d'un organisme.
- Ser capaç d'abordar l'anàlisi de l'estructura de macromolècules a fi de modificar-la amb finalitats biotecnològiques.

RESULTATS DE L'APRENTATGE

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

DESCRIPCIÓ DE CONTINGUTS

**1. Bases de dades moleculars i alineament de seqüències**

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. Algoritmes d'alineament de seqüències i de recerca per similitud

2. Filogenètica molecular

Filogenètica molecular. El canvi evolutiu en les seqüències i la seva estimació. Reconstrucció filogenètica. Taxes i patrons de substitució nucleotídica. Programes de reconstrucció filogenètica.

3. Aplicacions i eines per a l'anàlisi de les seqüències

Editat i manipulació informàtica de seqüències. Anàlisi de seqüències. ESTs. Predicció de gens en eucariotes i en procariotes. Introducció als microarrays. Predicció informàtica d'estructures d'àcids nucleics i proteïnes

VOLUM DE TREBALL

ACTIVITAT	Hores	% Presencial
Classes de teoria	28,00	100
Pràctiques en aula informàtica	14,00	100
Tutories reglades	3,00	100
Elaboració de treballs individuals	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
TOTAL	112,50	

METODOLOGIA DOCENT

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

Treball presencial:

- A) Classes teòriques d'una hora de durada amb el sistema de lliçó magistral
- B) Classes pràctiques en aula d'informàtica on es plantejaran problemes i es resoldran exercicis que servisquen per a il·lustrar els principals aspectes dels temes presentats en les classes de teoria.
- C) Tutories. Es realitzaran tutories grupals en què es discutiran els resultats obtinguts pels diferents grups formats en les sessions d'aula d'informàtica (veure més a baix).



D) Examen

Treball no presencial:

A) Exercicis pràctics i problemes bioinformàtics que hauran de ser resolts pels estudiants en grups reduïts. Els seus resultats així com les diferents aproximacions desenvolupades pels diferents grups es discutiran en les sessions de tutories grupals.

B) Estudi dels continguts i preparació prèvia de les classes. S'indicarà als estudiants els capítols dels llibres recomanats on poden llegir abans de la classe el seu contingut o altres materials equivalents.

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 8 punts.

2) Treball pràctic. La resolució d'un exercici pràctic el treball que es realitzarà en grup. Aquest apartat valdrà fins a 2 punts.

En la **segona convocatòria**, es realitzarà un examen equivalent al de la primera el qual permetrà obtenir fins a 10 punts. Si l'estudiant hagués obtingut nota del treball pràctic, en la primera convocatòria, aquesta s'afegirà a la nota del examen que aleshores puntuarà fins a 8 punts. No és possible presentar el treball pràctic en la segona convocatòria.

En ambdues convocatòries:

La nota mínima per superar l'assignatura és 5.

La nota mínima de l'examen de teoria necessària per aprovar l'assignatura és un 4 sobre 10.

REFERÈNCIES

Bàsiques

- 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.



Complementàries

- 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.

ADDENDA COVID-19

Aquesta addenda només s'activarà si la situació sanitària ho requereix i previ acord del Consell de Govern