

**FICHA IDENTIFICATIVA****Datos de la Asignatura**

<b>Código</b>	42584
<b>Nombre</b>	Nociones básicas de bioinformática y genómica
<b>Ciclo</b>	Máster
<b>Créditos ECTS</b>	6.0
<b>Curso académico</b>	2022 - 2023

**Titulación(es)**

<b>Titulación</b>	<b>Centro</b>	<b>Curso</b>	<b>Periodo</b>
2116 - Máster Universitario en Bioinformática	Escuela Técnica Superior de Ingeniería	1	Segundo cuatrimestre

**Materias**

<b>Titulación</b>	<b>Materia</b>	<b>Carácter</b>
2116 - Máster Universitario en Bioinformática	1 - Nociones básicas de bioinformática y genómica	Obligatoria

**Coordinación**

<b>Nombre</b>	<b>Departamento</b>
ARNAU LLOMBART, VICENTE	240 - Informática

**RESUMEN**

Este curso está orientado a la bioinformática básica, entendida como las metodologías de propósito general para el análisis de secuencias y genomas. Se dará una panorámica general de las bases de datos disponibles así como sus correspondientes interfaces más comúnmente usados. Se revisarán los programas de dominio público más comunes para las operaciones básicas de análisis de secuencias como alineamiento, búsqueda por similitud, identificación de distintos tipos de dominios tales como motivos regulatorios y dominios funcionales en proteínas. Se estudiarán los entornos genómicos más usados (ENSEMBL y UCSC) y sus posibilidades para extraer información sobre genes, transcripción, variación, función, conservación, etc., así como las posibilidades de comparar genomas y resolver cuestiones complejas sobre genómica.



## 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

No hay

## COMPETENCIAS (RD 1393/2007) // RESULTADOS DEL APRENDIZAJE (RD 822/2021)

### 2116 - Máster Universitario en Bioinformática

- Que los/las estudiantes sepan aplicar los conocimientos adquiridos y su capacidad de resolución de problemas en entornos nuevos o poco conocidos dentro de contextos más amplios (o multidisciplinares) relacionados con su área de estudio.
- Que los/las estudiantes sean capaces de integrar conocimientos y enfrentarse a la complejidad de formular juicios a partir de una información que, siendo incompleta o limitada, incluya reflexiones sobre las responsabilidades sociales y éticas vinculadas a la aplicación de sus conocimientos y juicios.
- Que los/las estudiantes sepan comunicar sus conclusiones y los conocimientos y razones últimas que las sustentan a públicos especializados y no especializados de un modo claro y sin ambigüedades.
- Que los/las estudiantes posean las habilidades de aprendizaje que les permitan continuar estudiando de un modo que habrá de ser en gran medida autodirigido o autónomo.
- Ser capaces de acceder a la información necesaria (bases de datos, artículos científicos, etc.) y tener suficiente criterio para su interpretación y empleo.
- Poseer y comprender conocimientos que aporten una base u oportunidad de ser originales en el desarrollo y/o aplicación de ideas, a menudo en un contexto de investigación.
- Ser capaces de acceder a herramientas de información en otras áreas del conocimiento y utilizarlas apropiadamente.
- Ser capaces de valorar la necesidad de completar su formación científica, histórica, en lenguas, en informática, en literatura, en ética, social y humana en general, asistiendo a conferencias o cursos y/o realizando actividades complementarias, autoevaluando la aportación que la realización de estas actividades supone para su formación integral.
- Desarrollar la iniciativa personal y ser capaces de realizar una toma rápida y eficaz de decisiones en su labor profesional y/o investigadora.
- Trabajar en equipo con eficiencia en su labor profesional y/o investigadora y con personas de diferente procedencia.



- Dominar los conceptos básicos de bioinformática que incluyen el conocimiento de las bases de datos más comunes así como los programas básicos de alineamiento, búsqueda por similitud y búsqueda de motivos y dominios en secuencias biológicas.  
?
- Usar entornos genómicos con todas sus posibilidades de explotación de la información sobre genes, variantes, funciones, etc así como sus capacidades de comparación entre especies.

## **RESULTADOS DE APRENDIZAJE (RD 1393/2007) // SIN CONTENIDO (RD 822/2021)**

Dominar los conceptos básicos de bioinformática que incluyen el conocimiento de las bases de datos más comunes y útiles así como su manejo.

Conocer los programas básicos de alineamiento, búsqueda por similitud y búsqueda de motivos y dominios de interés en las secuencias biológicas.

Entender los algoritmos y las técnicas básicas de búsqueda y clasificación de datos, localización de motivos y análisis de la secuencias biológicas, en general.

Usar un entorno genómico con todas sus posibilidades de explotación de la información sobre genes, variantes, funciones, etc así como sus capacidades de comparación entre especies.

## **DESCRIPCIÓN DE CONTENIDOS**

### **1. Bases de datos de secuencias, proteínas, genomas y otros datos biomédicos**

Se accederá y describirán las principales bases de datos Bioinformática que existen en la comunidad científica.

### **2. Alineamiento de secuencias**

Un alineamiento de secuencias en bioinformática es una forma de representar y comparar dos o más secuencias, que podrían indicar relaciones funcionales o evolutivas entre los genes o proteínas consultados. Se analizarán las principales algoritmos de alineamiento y se estudiarán sus resultados.

### **3. Búsquedas por similitud**

Se estudiará uno de los procesos más realizados en la Bioinformática, la búsqueda de similitudes de una secuencia con las secuencias contenidas en una base de datos.



#### 4. Identificación de motivos y dominios de proteínas y genes

Un aspecto importante en el análisis de secuencias además de su alineación es la similitud funcional que existe entre diferentes secuencias.

La funcionalidad y propósito de determinadas proteínas en muchas ocasiones está determinado por la intervención y existencia de patrones reducidos en su composición.

Se estudiarán estos conceptos.

#### 5. Entornos de visualización de genomas (EMBL, UCSC)

Se estudiarán las principales herramientas de visualización de genomas.

### VOLUMEN DE TRABAJO

ACTIVIDAD	Horas	% Presencial
Clases de teoría	30,00	100
Elaboración de trabajos en grupo	10,00	0
Elaboración de trabajos individuales	20,00	0
Estudio y trabajo autónomo	30,00	0
Lecturas de material complementario	20,00	0
Preparación de actividades de evaluación	10,00	0
Preparación de clases de teoría	5,00	0
Preparación de clases prácticas y de problemas	15,00	0
Resolución de casos prácticos	10,00	0
<b>TOTAL</b>	<b>150,00</b>	

### METODOLOGÍA DOCENTE

MD1 - Tareas formativas del proceso de enseñanza-aprendizaje entorno a la interacción en el aula mediante sesiones expositivas. Incluyen las tareas previas de preparación (búsqueda de información, lectura de textos facilitados por el profesorado), las propias sesiones lectivas y el trabajo posterior de profundización.

MD2 – Aprendizaje mediante resolución de problemas y casos de estudio, a través de los cuales se va adquiriendo competencias sobre los diferentes aspectos de las materias y asignaturas.

MD3 - Actividades prácticas de laboratorio. Incluyen preparación, realización de las prácticas con el seguimiento y apoyo del profesor, trabajo autónomo on-line y elaboración de informes de las prácticas.



MD4 - Competencias transversales. Incluyen asistencia a cursos, conferencias o mesas redondas organizadas por la CCA del Máster y/o realización de un trabajo bibliográfico sobre temas que contribuyan a la formación integral. Se elabora una memoria de las actividades.

## EVALUACIÓN

SE1 Evaluación continua: mínimo 5 y máximo 15.

SE2 Actividades: mínimo 10 y máximo 50.

SE3 Laboratorio: mínimo 25 y máximo 75.

## REFERENCIAS

### Básicas

- Referencia b1: GENETICA. J.A. GRIFFITHS, MCGRAW-HILL / INTERAMERICANA DE ESPAÑA, S.A., 2008. ISBN 9788448160913
- Referencia b2: Molecular Biology of the Gene, 6/E. James D. Watson, et. alt. ISBN: 9780805395921. Publisher: Benjamin Cummings. 2008

### Complementarias

- Referencia c1: Genética Humana. Fundamentos y aplicaciones en Medicina. Alberto Juan Solari EAN: 9789500602693. Edición: 4ª