

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

Codi	42584
Nom	Nocions bàsiques de bioinformàtica i genòmica
Cicle	Màster
Crèdits ECTS	6.0
Curs acadèmic	2024 - 2025

Titulació/titulacions

Titulació	Centre	Curs	Període
2116 - Màster Universitari en Bioinformàtica	Escola Tècnica Superior d'Enginyeria	1	Segon quadrimestre

Matèries

Titulació	Matèria	Caràcter
2116 - Màster Universitari en Bioinformàtica	1 - Nocions bàsiques de bioinformàtica i genòmica	Obligatòria

Coordinació

Nom	Departament
ARNAU LLOMBART, VICENTE	240 - Informàtica

RESUM

Aquest curs està orientat a la bioinformàtica bàsica, entesa com les metodologies de propòsit general per a l'anàlisi de seqüències i genomes. Es donarà una panoràmica general de les bases de dades disponibles així com els seus corresponents interfícies més comunament usats. Es revisaran els programes de domini públic més comuns per a les operacions bàsiques d'anàlisi de seqüències com alineament, cerca per similitud, identificació de diferents tipus de dominis com ara motius regulatoris i dominis funcionals en proteïnes. S'estudiaran els entorns genòmics més usats (ENSEMBL i UCSC) i les seves possibilitats per extreure informació sobre gens, transcripció, variació, funció, conservació, etc., Així com les possibilitats de comparar genomes i resoldre qüestions complexes sobre genòmica.



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

No hi ha

COMPETÈNCIES (RD 1393/2007) // RESULTATS DE L'APRENTATGE (RD 822/2021)

2116 - Màster Universitari en Bioinformàtica

- Que els estudiants sàpiguen aplicar els coneixements adquirits i la seua capacitat de resolució de problemes en entorns nous o poc coneguts dins de contextos més amplis (o multidisciplinaris) relacionats amb la seua àrea d'estudi.
- Que els estudiants siguen capaços d'integrar coneixements i afrontar la complexitat de formular judicis a partir d'una informació que, sent incompleta o limitada, incloga reflexions sobre les responsabilitats socials i ètiques vinculades a l'aplicació dels seus coneixements i judicis.
- 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.
- Que els estudiants posseïsquen les habilitats d'aprenentatge que els permeten continuar estudiant d'una forma que haurà de ser en gran manera autodirigida o autònoma.
- 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.
- Posseir i comprendre coneixements que aportin una base o oportunitat de ser originals en el desenvolupament i / o aplicació d'idees, sovint en un context de recerca.
- Ser capaços d'accedir a ferramentes d'informació en altres àrees del coneixement i utilitzar-les apropiadament.
- Ser capaços de valorar la necessitat de completar la seva formació científica, històrica, en llengües, en informàtica, en literatura, en ètica, social i humana en general, assistint a conferències o cursos i / o realitzant activitats complementàries, autoavaluant l'aportació que la realització d'aquestes activitats suposa per a la seva formació integral.
- Desenvolupar la iniciativa personal i ser capaces de realitzar una presa ràpida i eficaç de decisions en la seua labor professional i/o investigadora.
?
?
- Treballar en equip amb eficiència en la seua labor professional y/o investigadora i amb persones de diferent procedència.



- 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 entorns genòmics amb totes les seues possibilitats d'explotació de la informació sobre gens, variants, funcions, etc així com les seues capacitats de comparació entre espècies.

RESULTATS D'APRENTATGE (RD 1393/2007) // SENSE CONTINGUT (RD 822/2021)

Dominar els conceptes bàsics de bioinformàtica que inclouen el coneixement de les bases de dades més comunes i útils així com el seu maneig. Conèixer els programes bàsics d'alineament, cerca per similitud i recerca de motius i dominis d'interès en les seqüències biològiques. Entendre els algorismes i les tècniques bàsiques de recerca i classificació de dades, localització de motius i anàlisi de la seqüències biològiques, en general. Utilitza un entorn genòmic amb totes les seues possibilitats d'explotació de la informació sobre gens, variants, funcions, etc així com les seues capacitats de comparació entre espècies.

DESCRIPCIÓ DE CONTINGUTS

1. Bases de dades de seqüències, proteïnes, genomes i altres dades biomèdiques

S'accedeix i descriuran les principals bases de dades Bioinformàtica que existeixen en la comunitat científica.

2. Alineament de seqüències

Un alineament de seqüències en bioinformàtica és una forma de representar i comparar dos o més seqüències, que podrien indicar relacions funcionals o evolutives entre els gens o proteïnes consultats. S'analitzaran les principals algorismes d'alineament i s'estudiaran els seus resultats.

S'estudiarà un dels processos més realitzats a la Bioinformàtica, la recerca de similituds d'una seqüència amb les seqüències contingudes en una bases de dades

3. Visualització de dades òmiques

S'estudiaran els mètodes i les eines més freqüents en la visualització de dades òmiques mitjançant xarxes i diferents tipus de representacions gràfiques.



4. Identificació de motius i dominis de proteïnes i gens

Un aspecte important en l'anàlisi de seqüències més de la seva alineació és la similitud funcional que existeix entre diferents seqüències. La funcionalitat i propòsit de determinades proteïnes en moltes ocasions està determinat per la intervenció i existència de patrons reduïts en la seva composició. S'estudiaran aquests conceptes.

5. Entorns de visualització de genomes (EMBL, UCSC)

S'estudien les principals eines de visualització de genomes.

VOLUM DE TREBALL

ACTIVITAT	Hores	% Presencial
Classes de teoria	30,00	100
Elaboració de treballs en grup	10,00	0
Elaboració de treballs individuals	20,00	0
Estudi i treball autònom	30,00	0
Lectures de material complementari	20,00	0
Preparació d'activitats d'avaluació	10,00	0
Preparació de classes de teoria	5,00	0
Preparació de classes pràctiques i de problemes	15,00	0
Resolució de casos pràctics	10,00	0
TOTAL	150,00	

METODOLOGIA DOCENT

MD1 - Tasques formatives del procés d'ensenyament-aprenentatge entorn a la interacció a l'aula mitjançant sessions expositives. Inclouen les tasques prèvies de preparació (recerca d'informació, lectura de textos facilitats pel professorat), les pròpies sessions lectives i el treball posterior d'aprofundiment. MD2 - Aprenentatge mitjançant resolució de problemes i casos d'estudi, a través dels quals es va adquirint competències sobre els diferents aspectes de les matèries i assignatures. MD3 - Activitats pràctiques de laboratori. Inclouen preparació, realització de les pràctiques amb el seguiment i suport del professor, treball autònom en línia i elaboració d'informes de les pràctiques. MD4 - Competències transversals. Inclouen assistència a cursos, conferències o taules rodones organitzades per la CCA del Màster i / o realització d'un treball bibliogràfic sobre temes que contribueixin a la formació integral. S'elabora una memòria de les activitats.



AVALUACIÓ

SE1 Avaluació contínua: mínim 5 i màxim 15.

SE2 Activitats: mínim 10 i màxim 50.

SE3 Laboratori: mínim 25 i màxim 75.

REFERÈNCIES

Bàsiques

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

Complementàries

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