FICHA IDENTIFICATIVA

Datos de la Asignatura

Código	42587
Nombre	Bioinformática evolutiva
Ciclo	Máster
Créditos ECTS	6.0
Curso académico	2022 - 2023

Titulación(es)

Titulación	Centro	Curso	Periodo
2116 - M.U. en Bioinformática 12-V.1	Escuela Técnica Superior de Ingeniería	1	Segundo cuatrimestre

Materias

Titulación	Materia	Caracter
2116 - M.U. en Bioinformática 12-V.1	5 - Bioinformática evolutiva	Obligatoria

Coordinación

Nombre	Departamento
GONZALEZ CANDELAS, FERNANDO	194 - Genética
PALERO PASTOR, FERRAN	194 - Genética

RESUMEN

La Bioinformática Evolutiva tiene como principal objetivo entender la forma y la función de los organismos teniendo en cuenta su historia evolutiva, los factores que han actuado a lo largo de ella sobre sus ancestros y los que ejercen en la actualidad su influencia para determinar su distribución y abundancia. Para ello, recupera la información genética y las huellas que sobre la misma han dejado distintos procesos, haciendo un amplio uso del análisis comparativo mediante la reconstrucción de filogenias y genealogías. La asignatura cubre los fundamentos conceptuales de la evolución molecular y los procesos evolutivos que actúan sobre genes y genomas, en poblaciones y especies, y hace énfasis especial en el conocimiento y uso práctico de los principales métodos, algoritmos y programas utilizados en este ámbito.

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

Haber superado las materias básicas Evolución, Genética, Bioquímica y Biología Molecular

COMPETENCIAS

2116 - M.U. en Bioinformática 12-V.1

- 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.

- Aplicar las herramientas bioinformáticas necesarias para estudiar e interpretar la evolución de las macromoléculas biológicas o de los organismos que las portan.
- Abordar estudios de genómica comparada para descifrar la evolución de la organización, complejidad y la variabilidad de los genomas de los organismos, tanto en investigación básica como en el desarrollo de aplicaciones (Farmacogenómica, Nutrigenómica, etc.).

RESULTADOS DE APRENDIZAJE

• Conocer los fundamentos biológicos, matemáticos y computacionales empleados en los métodos bioinformáticos usados en la inferencia de procesos evolutivos a distintos niveles.

• Aplicar los diferentes métodos de acuerdo con los requisitos y condiciones adecuados para cada uno de ellos.

• Asesorar sobre los métodos o implementaciones de los mismos más adecuadas para la resolución de problemas.

• Diseñar nuevas estrategias en la resolución de problemas del ámbito de la asignatura.

• Conocer las principales implementaciones en programas, rutinas o “suites” informáticas de los métodos estudiados.

DESCRIPCIÓN DE CONTENIDOS

1. Alineamientos múltiples

Alineamientos múltiples de secuencias: basados en secuencia primaria, estructura secundaria, alineamiento y filogenia. Evaluación de alineamientos.

2. Evolución de secuencias

El cambio evolutivo en las secuencias. Tasas y patrones de evolución de macromoléculas

3. Reconstrucción filogenética avanzada

Reconstrucción filogenética avanzada. Evaluación de la señal filogenética. Máxima verosimilitud. Búsqueda heurística. Optimización de parámetros. Métodos bayesianos de reconstrucción filogenética.

4. Recombinación y conversión génica

La recombinación, definida como cambio de material genético, es una fuerza evolutiva universal. Junto con la mutación, la recombinación genera combinaciones genéticas nuevas en los genomas. Por su importancia en evolución genómica y en inferencias evolutivas, se han desarrollado diferentes aproximaciones bioinformáticas para detectar y caracterizar sucesos de recombinación. En esta unidad se presentarán conceptos relacionados con la recombinación y (desequilibrio de ligamento, mecanismos de recombinación, tasa de recombinación) y algunos de los programas bioinformáticos que detectan recombinación (Simplot, RDP3).

Especificación de contenidos de la unidad: Análisis de recombinación y conversión génica molecular. Métodos basados en filogenia: evaluación de la incongruencia. Métodos de reconstrucción de evolución reticular: redes.

5. Selección a nivel molecular

Análisis de selección a nivel molecular. Selección en regiones codificantes. Selección en regiones no codificantes. Selección y recombinación

6. Filodinámica y filogeografía

Especificación de contenidos de la unidad Filodinámica y filogeografía. Reconstrucción con datación en nodos y/o hojas terminales. Métodos de reloj relajado. Modelos demográficos y modelos geográficos

7. Filogenómica y transferencia horizontal de genes

Nuestra capacidad para entender el impacto y la importancia de los procesos evolutivos depende en gran medida de ser capaces de reconstruir las relaciones evolutivas de los taxones estudiados. Este ha sido el objetivo de la filogenética desde que los primeros árboles filogenéticos fueron inferidos. En estos días es posible comparar la información genómica de miles de organismos a diferentes escalas de divergencia, desde poblaciones hasta dominios. Es por ello que las aproximaciones filogenéticas tradicionales deben adaptarse al cambio de escala que ellos supone. En esta UT mostraremos cómo aprovechar la información genómica para hacer inferencias evolutivas basándonos en el uso de herramientas filogenéticas y cómo dichas herramientas pueden ser usadas para revelar el impacto en el genoma de diferentes procesos evolutivos. Dicha aplicación será ilustrada con ejemplos sobre la detección de transferencia génica horizontal tanto en eucariotas como en procariotas.

Especificación de contenidos de la unidad Introducción a la filogenómica. Supermatrices. Superárboles. Otros caracteres filogenómicos. Evaluación e interpretación de las incongruencias filogenéticas. Aplicación a la detección de transferencia génica horizontal.

8. Divergencia funcional y coevolución

La divergencia funcional entre genes homólogos permite la diversificación y especialización de los organismos en diferentes nichos ecológicos. En esta UT se analizarán los diversos modelos de duplicación y divergencia génica existentes y se aprenderá a analizar la historia evolutiva de las familias génicas. Se aprenderá a distinguir entre genes ortólogos y parálogos mediante análisis filogenéticos, y se estudiarán los procesos de divergencia funcional y evolución concertada en familias génicas. Además, se discutirá cómo la divergencia funcional se ve afectada por la coevolución entre diferentes proteínas. Las tasas y patrones de duplicación génica serán analizadas en base a modelos de nacimiento y muerte y otras aproximaciones. Se presentarán también casos de divergencia funcional después de duplicaciones genómicas y de divergencia en proteomas. Finalmente, se realizarán ejercicios prácticos de análisis de familias génicas en los que se investigarán varios de los procesos presentados.

Especificación de contenidos de la unidad: Divergencia funcional. Análisis de divergencia funcional en genes parálogos. Evolución divergente, evolución concertada y evolución por nacimiento y muerte. Análisis de divergencia funcional del proteoma. Coevolución.

VOLUMEN DE TRABAJO

ACTIVIDAD	Horas	% Presencial
Clases de teoría	21,00	100
Prácticas en laboratorio	9,00	100
Elaboración de trabajos individuales	10,00	0
Estudio y trabajo autónomo	30,00	0
Lecturas de material complementario	10,00	0
Preparación de actividades de evaluación	10,00	0
Preparación de clases de teoría	15,00	0
Preparación de clases prácticas y de problemas	15,00	0
Resolución de casos prácticos	30,00	0
TOTAL	**150,00**	

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

En la evaluación se tendrán en cuenta los siguientes apartados y contenidos:

1. Evaluación continua (10%), basada en la asistencia a las clases para lo que se controlará la asistencia mediante hoja de firmas. A medida que se pierdan más de 2 clases no justificadas se reducirá proporcionalmente la nota de este apartado.

2. Laboratorio (60%). Valoración del trabajo autónomo de realización e interpretación de los resultados de los 10 ejercicios prácticos a partir de la memoria correspondiente a cada uno de ellos.

3. Examen (30%). Cuestionario breve sobre los principales conceptos vistos en el curso.

Es imprescindible alcanzar una nota mínima de 4 sobre 10 en cada uno de los apartados para que se pueda considerar en la calificación final, que se obtendra como media ponderada de los mismos.

REFERENCIAS

Básicas

- Referencia b1: Lemey P, Salemi M, Vandamme AM, editors. The phylogenetic handbook. A practical approach to phylogenetic analysis and hypothesis testing. 2nd ed. Cambridge: Cambridge University Press; 2009.
- Referencia b2: Nielsen R, editor. Statistical Methods in Molecular Evolution. Springer-Verlag. 2005.
- Referencia b3: Yang, Z. Computational Molecular Evolution. Oxford: Oxford Univ. Press; 2006.
- Referencia b4:
  Felsenstein J. Inferring Phylogenies. Sunderland: Sinauer Assoc. 2004.
- Referencia b5: Gascuel O, Steeel MA, editors. Reconstructing Evolution: New Mathematical and Computational Advances. Oxford: Oxford University Press; 2007.

- Referencia b6: Gascuel O. Mathematics of Evolution and Phylogeny. Oxford: Oxford University Press; 2005.

Complementarias

- Referencia c1: Lynch M. The Origins of Genome Architecture. Sunderland: Sinauer Assoc., 2007.
- Referencia c2: Caetano-Anollés G. Evolutionary Genomics and Systems Biology. John Wiley & Sons; 2010.