

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

Codi	42587
Nom	Bioinformàtica evolutiva
Cicle	Màster
Crèdits ECTS	6.0
Curs acadèmic	2022 - 2023

Titulació/titulacions

Titulació	Centre	Curs	Període
2116 - M.U. en Bioinformàtica 12-V.1	Escola Tècnica Superior d'Enginyeria	1	Segon quadrimestre

Matèries

Titulació	Matèria	Caràcter
2116 - M.U. en Bioinformàtica 12-V.1	5 - Bioinformàtica evolutiva	Obligatòria

Coordinació

Nom	Departament
GONZALEZ CANDELAS, FERNANDO	194 - Genètica
PALERO PASTOR, FERRAN	194 - Genètica

RESUM

La Bioinformàtica Evolutiva té com a principal objectiu entendre la forma i la funció dels organismes tenint en compte la seua història evolutiva, els factors que han actuat al llarg d'ella sobre els seus ancestres i els que tenen la seua influència actualment per tal de determinar la seua distribució i abundància. Per tal d'aconseguir-ho, la Bioinformàtica Evolutiva recupera la informació genètica i les petjades que sobre la mateixa han deixat diferents processos, fent un ampli ús de l'anàlisi comparativa mitjançant la reconstrucció de filogènies i genealogies. L'assignatura cobreix els fonaments conceptuals de l'evolució molecular i els processos evolutius que actuen sobre gens i genomes, en poblacions i espècies, i fa èmfasi especial en el coneixement i ús pràctic dels principals mètodes, algorismes i programes utilitzats en aquest àmbit.



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

Haver superat les matèries bàsiques Evolució, Genètica i Bioquímica i Biologia Molecular

COMPETÈNCIES

2116 - M.U. en Bioinformàtica 12-V.1

- 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.



- Aplicar les ferramentes bioinformàtiques necessàries per a estudiar i interpretar l'evolució de les macromolècules biològiques o dels organismes que les porten.
- Abordar estudis de genòmica comparada per a desxifrar l'evolució de l'organització, complexitat i la variabilitat dels genomes dels organismes, tant en investigació bàsica com en el desenvolupament d'aplicacions (Farmacogenòmica, Nutrigenòmica, etc.) .

RESULTATS DE L'APRENENTATGE

- Conèixer els fonaments biològics, matemàtics i computacionals emprats en els mètodes bioinformàtics usats en la inferència de processos evolutius a diferents nivells.
- Aplicar els diferents mètodes d'acord amb els requisits i les condicions adequats per a cada un.
- Assessorar sobre els mètodes o implementacions d'aquests més adequades per a la resolució de problemes.
- Dissenyar noves estratègies en la resolució de problemes dins l'àmbit de l'assignatura.
- Conèixer les principals implementacions en programes, rutines o "suïtes" informàtiques dels mètodes estudiats.

DESCRIPCIÓ DE CONTINGUTS

1. Alineaments múltiples

Alineaments múltiples de seqüències: basats en seqüència primària, estructura secundària, alineament i filogènia. Avaluació dels alineaments.

2. Evolució de seqüències

El canvi evolutiu en les seqüències. Taxes i patrons de canvi de macromolècules.

3. Reconstrucció filogenètica avançada

Reconstrucció filogenètica avançada. Avaluació del senyal filogenètic. Màxima versemblança. Cerca heurística. Optimització de paràmetres. Mètodes bayesians de reconstrucció filogenètica.

4. Recombinació i conversió gènica

La recombinació, definida com canvi de material genètic, és una força evolutiva universal. Juntament amb mutació, la recombinació genera combinacions genètiques noves als genomes. Per la seua importància en evolució genòmica i en inferències evolutives, s'han desenvolupat diferents aproximacions bioinformàtiques per detectar i caracteritzar successos de recombinació. En aquesta unitat es presentaran conceptes relacionats amb la recombinació (desequilibri de lligament, mecanismes de recombinació, taxa de recombinació) i alguns dels programes bioinformàtics que detecten



recombinació (Simplot, RDP3).

Especificación de contenidos de la unidad: Anàlisi de recombinació i conversió gènica molecular. Mètodes basats en filogenètica: avaluació de la incongruència. Mètodes de reconstrucció de evolució reticular: xarxes.

5. Selecció a nivell molecular

Anàlisi de la selecció a nivell molecular. Selecció en regions codificants. Selecció en regions no-codificants. Selecció i recombinació.

6. Filodinàmica i filogeografia

Especificación de contenidos de la unidad Filodinàmica i filogeografia. Reconstrucció filogenètica amb datació en nodes i / o fulles terminals. Mètodes de rellotge relaxat. Models demogràfics i models geogràfics

7. Filogenòmica i transferència horitzontal de gens

Nostra capacitat per a entendre l'impacte i la importància dels processos evolutius depèn en gran mesura de ser capaços de reconstruir les relacions evolutives dels taxons estudiats. Este ha sigut l'objectiu de la filogenètica des que els primers arbres filogenètics van ser inferits. En aquests dies és possible comparar la informació genòmica de milers d'organismes a diferents escales de divergència, des de poblacions fins a dominis. És per açò que les aproximacions filogenètiques tradicionals han d'adaptar-se al canvi d'escala que allò suposa. En aquesta UT mostrarem com aprofitar la informació genòmica per a fer inferències evolutives basant-nos en l'ús d'eines filogenètiques i com aquestes eines poden ser usades per a revelar l'impacte en el genoma de diferents processos evolutius. Aquesta aplicació serà il·lustrada amb exemples sobre la detecció de transferència gènica horitzontal tant en eucariotes com en procariotes.

Especificación de contenidos de la unidad Introducció a la filogenòmica. Supermatrius. Superarbres. Altres caràcters filogenòmics. Avaluació i interpretació de les incongruències filogenètiques. Aplicació a la detecció de transferència gènica horitzontal.

8. Divergència funcional i coevolució

La divergència funcional entre gens homòlegs permet la diversificació i especialització dels organismes en diferents nínxols ecològics. En aquesta UT sanalitzaran els diversos models existents de duplicació i divergència de gens i saprendrà a analitzar la història evolutiva de les famílies gèniques. Saprendrà a distingir gens ortòlegs i paràlegs mitjançant anàlisis filogenètiques, i s'estudiaran els processos de divergència funcional i devolució concertada en famílies gèniques. A més, es discutirà com la divergència funcional es veu afectada per la coevolució entre diferents proteïnes. Les tasses i patrons de duplicació gènica seran analitzades sobre la base de models de naixement i mort i altres aproximacions. Es presentaran també casos de divergència funcional després de duplicacions



genòmiques i de divergència de proteomes. Finalment, es realitzaran exercicis pràctics d'anàlisi de famílies gèniques en els quals s'investigaran varis dels processos presentats.

Especificación de contenidos de la unidad: Divergència funcional. Anàlisi de divergència funcional en gens paràlegs. Evolució divergent, evolució concertada i evolució per naixement i mort. Anàlisi de divergència funcional del proteoma. Coevolució.

VOLUM DE TREBALL

ACTIVITAT	Hores	% Presencial
Classes de teoria	21,00	100
Pràctiques en laboratori	9,00	100
Elaboració de treballs individuals	10,00	0
Estudi i treball autònom	30,00	0
Lectures de material complementari	10,00	0
Preparació d'activitats d'avaluació	10,00	0
Preparació de classes de teoria	15,00	0
Preparació de classes pràctiques i de problemes	15,00	0
Resolució de casos pràctics	30,00	0
TOTAL	150,00	

METODOLOGIA DOCENT

MD1 - Tasques formatives del procés d'ensenyament-aprenentatge al voltant de la interacció dins de l'aula mitjançant sessions expositives. S'inclouen les tasques prèvies de preparació (recerca d'informació, lectura de textos facilitats pel professorat), les sessions lectives i el treball posterior d'aprofundiment.

MD2 - Aprenentatge mitjançant resolució de problemes i casos d'estudi, a través dels quals es van adquirint competències sobre els diferents aspectes de les matèries i assignatures.

MD3 - Activitats pràctiques de laboratori. S'inclouen la preparació i realització de les pràctiques amb el seguiment i suport del professor, el treball autònom en línia i l'elaboració d'informes de les pràctiques.

MD4 - Competències transversals. S'inclouen l'assistència a cursos, conferències o taules rodones organitzades per la CCA del Màster i / o la realització d'un treball bibliogràfic sobre temes que contribueixin a la formació integral. S'elabora una memòria de les activitats.

AVALUACIÓ



En l'avaluació es tindran en compte els següents apartats i continguts:

1. Avaluació contínua (10%), basada en l'assistència a les classes, per al que es controlarà l'assistència mitjançant full de signatures. A mesura que es perden més de 2 classes no justificades es reduirà proporcionalment la nota d'aquest apartat.
2. Laboratori (60%). Valoració del treball autònom i de la interpretació dels resultats dels 10 exercicis pràctics a partir de la memòria corresponent a cada un.
3. Examen (30%). Qüestionari breu sobre els principals conceptes vistos en el curs.

És imprescindible assolir una nota mínima de 4 sobre 10 en cadascun els apartats perquè es pugui considerar en la qualificació final, que s'obtindrà com a mitjana ponderada dels mateixos.

REFERÈNCIES

Bàsiques

- Referència 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.
- Referència b2: Nielsen R, editor. Statistical Methods in Molecular Evolution. Springer-Verlag. 2005.
- Referència b3: Yang, Z. Computational Molecular Evolution. Oxford: Oxford Univ. Press; 2006.
- Referència b4: Felsenstein J. Inferring Phylogenies. Sunderland: Sinauer Assoc. 2004.
- Referència b5: Gascuel O, Steel MA, editors. Reconstructing Evolution: New Mathematical and Computational Advances. Oxford: Oxford University Press; 2007.
- Referència b6: Gascuel O. Mathematics of Evolution and Phylogeny. Oxford: Oxford University Press; 2005.

Complementàries

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