

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

|                        |                |
|------------------------|----------------|
| <b>Código</b>          | 43459          |
| <b>Nombre</b>          | Bioinformática |
| <b>Ciclo</b>           | Máster         |
| <b>Créditos ECTS</b>   | 3.0            |
| <b>Curso académico</b> | 2022 - 2023    |

**Titulación(es)**

| <b>Titulación</b>                                             | <b>Centro</b>                   | <b>Curso</b> | <b>Periodo</b>      |
|---------------------------------------------------------------|---------------------------------|--------------|---------------------|
| 2210 - M.U. en Investig. Biología Molecular, Celular Genética | Facultad de Ciencias Biológicas | 1            | Primer cuatrimestre |
| 3102 - Biomedicina y Biotecnología                            | Escuela de Doctorado            | 0            | Primer cuatrimestre |

**Materias**

| <b>Titulación</b>                                             | <b>Materia</b>                | <b>Caracter</b> |
|---------------------------------------------------------------|-------------------------------|-----------------|
| 2210 - M.U. en Investig. Biología Molecular, Celular Genética | 4 - Bioinformática            | Obligatoria     |
| 3102 - Biomedicina y Biotecnología                            | 1 - Complementos de Formación | Optativa        |

**Coordinación**

| <b>Nombre</b>              | <b>Departamento</b> |
|----------------------------|---------------------|
| SILVA MORENO, FRANCISCO J. | 194 - Genética      |

**RESUMEN**

La asignatura Bioinformática es fundamentalmente práctica y por dicha razón los conocimientos teóricos serán impartidos simultáneamente con los prácticos en el aula de informática.

Originalmente la bioinformática fue definida como una materia interdisciplinar que incluía los campos de la biología, la informática, las matemáticas y la estadística y cuyo objetivo era analizar los datos de secuencias biológicas, los contenidos y estructuras de los genomas, y la predicción y función de las proteínas. Con la llegada de la era de los genomas, la bioinformática ha extendido su campo de estudio al análisis de multitud de datos biológicos, entre ellos los derivados de los seres humanos y por tanto tiene actualmente una gran importancia en la investigación biomédica.



## 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

Los estudiantes deben tener conocimientos básicos de análisis de secuencias moleculares

## COMPETENCIAS

### 2210 - M.U. en Investig. Biología Molecular,Celular Genética

- Ser capaces de acceder a la información necesaria (bases de datos, artículos científicos, etc.) y tener suficiente criterio para su interpretación y empleo.
- Ser capaz de buscar en la red información sobre secuencias de ácidos nucleicos y proteínas y adquirir la capacidad de manejar software relacionado con el análisis de secuencias.
- Ser capaz de procesar y extraer información a partir de los datos proporcionados por un servicio de secuenciación y convertir dicha información a un formato que permita su análisis con diferentes programas de análisis de secuencias.

## RESULTADOS DE APRENDIZAJE

El estudiante, para superar esta asignatura, deberá demostrar:

1. Ser capaz de manejar un programa de ensamblaje de secuencias, desde los pasos iniciales de preparación de las lecturas de secuencia, hasta los finales de ensamblado y análisis de mutaciones.
2. Ser capaz de trabajar a un nivel básico con secuencias derivadas de sistemas de secuenciación de nueva generación en un programa de ensamblado y conocer los algoritmos de ensamblado de secuencias.
3. Ser capaz de anotar genomas de procariotas y eucariotas

## DESCRIPCIÓN DE CONTENIDOS

### 1. Utilización del paquete de programas Staden

1. Introducción al paquete Staden.
2. Utilización del programa Pregap4.
3. Utilización del programa Gap4.
4. Ensamblado avanzado de secuencias.
5. Análisis de mutaciones.



## 6. Análisis de ESTs.

**2. Bases de datos y anotación de genomas**

- 7. Bases de datos
- 8. El programa informático BLAST

**3. Anotación de genomas y visores genómicos**

- 9. Anotación de genomas bacterianos
- 10. Visores genómicos
- 11. Anotación de genomas de eucariotas

**4. Tecnologías NGS**

- 12. Ensamblaje de secuencias derivadas de tecnologías NGS

**VOLUMEN DE TRABAJO**

| ACTIVIDAD                                      | Horas        | % Presencial |
|------------------------------------------------|--------------|--------------|
| Prácticas en aula informática                  | 26,00        | 100          |
| Otras actividades                              | 4,00         | 100          |
| Elaboración de trabajos en grupo               | 15,00        | 0            |
| Estudio y trabajo autónomo                     | 15,00        | 0            |
| Preparación de clases prácticas y de problemas | 15,00        | 0            |
| <b>TOTAL</b>                                   | <b>75,00</b> |              |

**METODOLOGÍA DOCENTE**

El desarrollo de la asignatura se estructura en trabajos presenciales y no presenciales:

**Trabajo presencial:**

- A) Sesiones de clases en aula de informática con una introducción teórica por el sistema de clase magistral y una parte práctica basada en la resolución de ejercicios y problemas.
- B) Tutorías
- C) Examen



### Trabajo no presencial:

- A) Ejercicios prácticos y problemas bioinformáticos resueltos fuera del horario de clase.
- B) Estudio de los contenidos y preparación previa de las clases.

## EVALUACIÓN

La evaluación del aprendizaje de los estudiantes en **primera convocatoria** se realizará mediante la valoración de los siguientes apartados:

- 1) Un **examen** teórico-práctico que se realizará en el aula de informática y que podrá constar tanto de preguntas sobre los conocimientos de teoría como de ejercicios que se deberán resolver utilizando los programas estudiados en el curso. Esta prueba permitirá obtener hasta **7 puntos** y se realizará tras la finalización de las clases.
- 2) Evaluación continua basada en el trabajo en clase y en la resolución de ejercicios y problemas bioinformáticos. Este apartado valdrá hasta **3 puntos**.

En la **segunda convocatoria**, el estudiante podrá acogerse a dos opciones: 1) realizar un examen teórico-práctico en el que podrá obtener hasta **10 puntos** y 2) en el caso que el estudiante hubiese obtenido nota en la evaluación continua de la primera convocatoria, estos puntos se sumaran a los del examen, el cual valdrá hasta **7 puntos**.

## REFERENCIAS

### Básicas

- Bioinformatics and Functional Genomics, por Jonathan Pevsner (2009) publicado por Wiley\_Blackwell. Segunda edición. Una introducción a la bioinformática y la genómica fácil de seguir y de entender los conceptos. Incluye muchos ejercicios prácticos y direcciones web.