

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

Codi	43459
Nom	Bioinformàtica
Cicle	Màster
Crèdits ECTS	3.0
Curs acadèmic	2022 - 2023

Titulació/titulacions

Titulació	Centre	Curs	Període
2210 - M.U. en Investig. Biolog. Molecul,Cellular Genètica	Facultat de Ciències Biològiques	1	Primer quadrimestre
3102 - Biomedicina i Biotecnologia	Escola de Doctorat	0	Primer quadrimestre

Matèries

Titulació	Matèria	Caràcter
2210 - M.U. en Investig. Biolog. Molecul,Cellular Genètica	4 - Bioinformàtica	Obligatòria
3102 - Biomedicina i Biotecnologia	1 - Complementes de Formació	Optativa

Coordinació

Nom	Departament
SILVA MORENO, FRANCISCO J.	194 - Genètica

RESUM

L'assignatura Bioinformàtica és fonamentalment pràctica i per aquesta raó els coneixements teòrics seran impartits simultàniament amb els pràctics en l'aula d'informàtica.

Originalment la bioinformàtica va ser definida com una matèria interdisciplinària que incloïa els camps de la biologia, la informàtica, les matemàtiques i l'estadística i que el seu objectiu era analitzar les dades de seqüències biològiques, els continguts i estructures dels genomes, i la predicció i funció de les proteïnes. Amb l'arribada de l'era dels genomes, la bioinformàtica ha estès el seu camp d'estudi a l'anàlisi de multitud de dades biològiques, entre elles les derivades dels éssers humans i per tant té actualment una gran importància en la recerca biomèdica.



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

Els estudiants han de tindre coneixements bàsics danàlisi de seqüències moleculars

COMPETÈNCIES

2210 - M.U. en Investig. Biolog. Molecul,Cellular Genètica

- Ser capaçs d'accedir a la informació necessària (bases de dades, articles científics, etc.) i tenir prou criteri per a la seua interpretació i utilització.
- Ser capaç de buscar en la xarxa informació sobre seqüències d'àcids nucleics i proteïnes i adquirir la capacitat de manejar programari relacionat amb l'anàlisi de seqüències.
- Ser capaç de processar i extraure informació a partir de les dades proporcionats per un servei de seqüenciació i convertir la dita informació a un format que permeta la seua anàlisi amb diferents programes d'anàlisi de seqüències.

RESULTATS DE L'APRENTATGE

L'estudiant, per a superar aquesta assignatura, haurà de demostrar:

1. Ser capaç de manejar un programa d'assemblatge de seqüències, des dels passos inicials de preparació de les lectures de seqüència, fins als finals d'assemblat i anàlisi de mutacions.
2. Ser capaç de treballar a un nivell bàsic amb seqüències derivades de sistemes de seqüenciació de nova generació en un programa d'assemblat i conèixer els algorismes d'assemblat de seqüències.
3. Ser capaç d'anotar genomes de procariotes i eucariotes

DESCRIPCIÓ DE CONTINGUTS

1. Utilització del paquet de programes Staden

1. Introducció al paquet Staden.
2. Utilització del programa Pregap4.
3. Utilització del programa Gap4.
4. Assemblat avançat de seqüències.
5. Anàlisi de mutacions.
6. Anàlisi de ESTs.

**2. Bases de dades i anotació de genomes**

- 7. Bases de dades
- 8. El programa informàtic BLAST

3. Anotació de genomes i visors genòmics

- 9. Anotació de genomes bacterians
- 10. Visors genòmics
- 11. Anotació de genomes de eucariotes

4. Tecnologies NGS

- 12. Assemblatge de seqüències derivades de tecnologies NGS

VOLUM DE TREBALL

ACTIVITAT	Hores	% Presencial
Pràctiques en aula informàtica	26,00	100
Altres activitats	4,00	100
Elaboració de treballs en grup	15,00	0
Estudi i treball autònom	15,00	0
Preparació de classes pràctiques i de problemes	15,00	0
TOTAL	75,00	

METODOLOGIA DOCENT

El desenvolupament de l'assignatura s'estructura en treballs presencials i no presencials:

Treball presencial:

A) Sessions de classes en aula d'informàtica amb una introducció teòrica pel sistema de classe magistral i una part pràctica basada en la resolució d'exercicis i problemes.

B) Tutories

C) Examen

Treball no presencial:



- A) Exercicis pràctics i problemes bioinformàtics resolts fóra de l'horari de classe.
- B) Estudi dels continguts i preparació prèvia de les classes.

AVALUACIÓ

L'avaluació de l'aprenentatge dels estudiants en primera convocatòria es realitzarà mitjançant la valoració dels següents apartats:

- 1) Un examen teòric-pràctic que es realitzarà en l'aula d'informàtica i que podrà constar tant de preguntes sobre els coneixements de teoria com d'exercicis que s'hauran de resoldre utilitzant els programes estudiats en el curs. Aquesta prova permetrà obtenir fins a 7 punts i es realitzarà després de la finalització de les classes.
- 2) Avaluació continua basada en el treball en classe i en la resolució d'exercicis i problemes bioinformàtics. Aquest apartat valdrà fins a 3 punts.

En la segona convocatòria, l'estudiant podrà acollir-se a dues opcions: 1) realitzar un examen teòric-pràctic en el qual podrà obtenir fins a 10 punts i 2) en el cas que l'estudiant haguera obtingut nota en l'avaluació continua de la primera convocatòria, aquests punts seran sumats als de l'examen, el qual valdrà fins a 7 punts.

REFERÈNCIES

Bàsiques

- 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.