FITXA IDENTIFICATIVA

Dades de l'Assignatura	
Codi	44696
Nom	Tècniques bioinformàtiques
Cicle	Màster
Crèdits ECTS	2.5
Curs acadèmic	2018 - 2019

Titulació/titulacions

Titulació	Centre	Curs	Període
2224 - M.U. Investigació i Desenvolup en Biotecnologia Biomedicina	Facultat de Ciències Biològiques	1	Primer quadrimestre

Matèries

Titulació	Matèria	Caràcter
2224 - M.U. Investigació i Desenvolup en Biotecnologia Biomedicina	1 - Noves tecnologies	Obligatòria

Coordinació

Nom	Departament
BARRIO ESPARDUCER, ELADIO	194 - Genètica

RESUM

La Bioinformàtica va ser originalment definida com una matèria interdisciplinària que incloïa els camps de la biologia, la informàtica, les matemàtiques i l'estadística, sent el seu objectiu analitzar les dades de seqüències biològiques, els continguts i estructures dels genomes, la predicció de l'estructura i funció de macromolècules, i l'anàlisi de la variabilitat genòmica.

Amb l'arribada de l'era de la genòmica, la bioinformàtica ha estès el seu camp d'estudi a l'anàlisi massiva de dades biològiques, entre ells els derivats dels éssers humans i, per tant, té actualment una gran importància en la investigació biomèdica i biotecnològica.

Els continguts d'aquesta assignatura s'han pensat com a extensió avançada de la formació prèvia que han de tenir els estudiants del màster procedents de graus en els que ja s'imparteixen nocions bàsiques de bioinformàtica. Els coneixements i habilitats que s'adquiriran en aquest curs han de ser definits com tècniques bioinformàtiques, ja que el que es pretén no és formar bioinformàtics, sinó professionals de la biomedicina o la biotecnologia amb capacitat de comprendre i utilitzar els procediments d'anàlisi bioinformàtic a nivell d'usuari avançat.

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 restriccions de matrícula amb altres assignatures del pla d'estudis del màster, ni cap tipus de requisits previs

COMPETÈNCIES

2224 - M.U. Investigació i Desenvolup en Biotecnologia Biomedicina

- 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.
- 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'integrar les noves tecnologies en la seva tasca professional i / o investigadora.
- Ser capaços d'analitzar de forma crítica tant el seu treball com el del seu companys.
- Capacitat de seleccionar i gestionar els recursos disponibles (instrumentals i humans) per a optimitzar resultats en investigació.
- Ser capaços de realitzar una presa ràpida i eficaç de decisions en situacions complexes de la seua labor professional o investigadora, per mitjà del desenrotllament de noves i innovadores metodologies de treball adaptades a l'àmbit científico/investigador, tecnològic o professional en què es desenrotlle la seua activitat.
- Ser capaços d'accedir a la informació necessària en l'àmbit específic de la matèria (bases de dades, articles científics, etc.) i tindre prou criteri per a la seua interpretació i ocupació.
- Aplicar el raonament crític i l'argumentació des de criteris racionals.
- Capacitat per a preparar, redactar i exposar en públic informes i projectes de forma clara i coherent, defendre'ls amb rigor i tolerància i respondre satisfactòriament a les crítiques que pogueren derivar-se de la seua exposició.

- Ser capaços de treballar en equip, sense discriminació entre hòmens i dones, amb eficiència en la seua labor professional o investigadora adquirint la capacitat de participar en projectes d'investigació i col·laboracions científiques o tecnològiques.
- Aprenentatge en la redacció d'articles científics en els camps de la Biomedicina i la Biotecnologia.
- Manejar adequadament les fonts d'informació científica i posseir l'habilitat de fer una valoració crítica de les mateixes, integrant la informació per a aportar coneixements a grups d'investigació multidisciplinària.
- Utilitzar adequadament les ferramentes informàtiques, mètodes estadístics i de simulació de dades, aplicant els programes informàtics i l'estadística als problemes biomèdics i biotecnològics.
- Dominar el mètode científic, el plantejament de protocols experimentals i la interpretació de resultats en l'àmbit biomèdic i biotecnològic.
- Ser capaços d'aplicar l'experiència investigadora adquirida tant en l'empresa privada com en organismes públics.
- Saber dissenyar estratègies experimentals multidisciplinàries en l'àmbit de les biociencias moleculars per a la resolució de problemes biològics complexos, especialment els relacionats amb salut humana.
- Adquirir destreses en el maneig de les metodologies avançades empleades en les biociencias moleculars i en el registre anotat d'activitats.

RESULTATS DE L'APRENENTATGE

1. Comprendre i dominar el funcionament del sistema de fitxers i com és gestionada la informació per part del sistema operatiu Linux

2. Conèixer els tipus de dades generades per ultraseqüenciació, els formats de seqüències i arxius.

3. Conèixer els tipus d'assembladors de seqüències genòmiques i els algorismes emprats.

4. Conèixer els procediments i estratègies actuals d'anotació de genomes.

5. Conèixer la problemàtica estadística especial que es planteja amb dades biològiques d'alt rendiment.

6. Conèixer com aplicar les tècniques estadístiques bàsiques i les adaptades al context del tractament estadístic computacional de mostres d'origen experimental o clínic d'alt rendiment.

7. Conèixer els fonaments biològics, matemàtics i computacionals dels mètodes bioinformàtics emprats en la inferència de processos evolutius a nivell genòmic.

8. Dominar els conceptes bàsics de la biologia estructural i la biofísica i les eines bioinformàtiques essencials de maneig d'estructures d'àcids nucleics i proteïnes.

9. Conèixer l'ús i desenvolupament de mètodes principals de predicció d'estructura tridimensional d'àcids nucleics i proteïnes.

DESCRIPCIÓ DE CONTINGUTS

1. Introducció al sistema operatiu LINUX

Arquitectura del sistema operatiu LINUX. Sistemes de fitxers. Programes i processos. Gestió de processos. Entorn de finestres. Protocols i aplicacions per a lintercanvi darxius i emmagatzemament compartit

2. Mètodes dassemblatge genòmic

Tipus de dades generades per ultraseqüenciació, formats de seqüències i arxius. Avaluació de la qualitat de les seqüències i pretractament de les dades. Tipus d'assembladors, algorismes per a l'assemblatge 'de novo' i 'mapping'. Avaluació de la qualitat dels assemblatges genòmics. Ús de bases de dades de seqüències: SRA. Anàlisi de dades de reseqüenciació: 'variant calling'

3. Procediments danotació de genomes

Formats d'arxius d'anotació de genomes: GFF, EMBL, GenBank. Estratègies actuals d'anotació: mètodes avançats de predicció de gens i transferència d'anotació. Algorismes per a la detecció de gens. Qualitat de l'anotació.

4. Anàlisi dexpressió gènica per RNAseq: tractament de les dades

Control de la qualitat de les lectures de RNAseq. Mètodes dalineament de lectures de RNAseq. Normalització de dades de RNAseq. Mesures dabundància de la transcripció

5. Anàlisi estadística dexpressió gènica diferencial

Descripció del problema: contrast dhipòtesis. R/Bioconductor. ExpressionSet, RangedSummarizedExperiment

6. Comparacions múltiples i mètodes de ajust de p-valors

El problema de les comparacions múltiples. Taxa de falsament rebutjats: FDR. Mètode d'ajust de Benjamini-Hochberg.

7. Anàlisi estadística de lexpressió gènica diferencial amb microarrays

Mètode Limma: Models lineals danàlisi de microarrays.

8. Anàlisi estadística de lexpressió gènica diferencial amb RNAseq

Método edgeR: análisis de datos digitales de expresión génica diferencial.

9. Anàlisi estadística de lexpressió de grups de gens

El problema de lanàlisi de grups de gens. Anàlisi de sobrerepresentació. Test de Fisher unilateral.

10. Predicció i anàlisi destructures dàcids nucleics i proteïnes

Bases de dades destructura de àcids nucleics. Alineament i classificació destructura. Genòmica estructural. Predicció destructura tridimensional d dàcids nucleics i proteïnes. Acoblament molecular

11. Anàlisi de la variabilitat genètica dels genomes

Filogenòmica: anàlisi filogenètic de genomes. Genòmica de poblacions: anàlisi destructura poblacional a partir de la variabilitat genòmica. Anàlisi de selecció a nivell genòmic

VOLUM DE TREBALL

ACTIVITAT	Hores	% Presencial
Pràctiques en aula informàtica	25,00	100
Assistència a esdeveniments i activitats externes	1,00	0
Elaboració de treballs individuals	6,00	0
Estudi i treball autònom	8,00	0
Lectures de material complementari	2,00	0
Preparació d'activitats d'avaluació	5,00	0
Preparació de classes de teoria	5,00	0
Preparació de classes pràctiques i de problemes	3,00	0
Resolució de casos pràctics	7,50	0
TOTAL	**62,50**	

METODOLOGIA DOCENT

Les classes seran teòric-pràctiques, per la qual cosa s'impartiran en aula d'informàtica.

Per a cada tema, es farà:

1) Una introducció de conceptes teòrics que requeriran de tasques prèvies de preparació per part dels alumnes (lectura de textos facilitats pel professorat).

2) Aprenentatge mitjançant resolució de problemes i casos d'estudi pràctics, a través dels quals es van

adquirint competències sobre els diferents aspectes de la matèria.

3) Treball autònom no presencial per a la resolució individual de nous problemes i exercicis teòric-pràctics.

4) Competències transversals. Es poden considerar l'assistència a una conferència, seminari, taula redona sobre temàtiques relacionades amb l'assignatura el curs, impartides al campus de Burjassot-Paterna, i organitzades per la CCA del Màster o per els departaments, centres i instituts d'investigació del campus

AVALUACIÓ

Es durà a terme una avaluació continuada de cada estudiant, basada en distintes activitats presencials i no presencials descrites en l'apartat de Metodologia, valorant-se l'assistència a totes les activitats presencials, la realització i presentació de tots els treballs i activitats complementàries, la participació i el grau d'implicació en el procés d'ensenyança i aprenentatge. Els aspectes concrets a valorar seran els següents:

1. Prova objectiva sobre els continguts de l'assignatura. Consistirà en un examen de qüestions tant teòriques com pràctiques. En aquest examen es concedirà especial importància a la comprensió de conceptes bàsics per al desenvolupament de la seua formació biològica i per a la consecució de l'objectiu global de l'assignatura. Serà condició indispensable per a superar l'assignatura, aconseguir almenys una puntuació de 5 sobre 10 en aquest examen. La nota d'aquest apartat representarà un 50% de la nota final

2. Avaluació de exercicis, treballs i qüestionaris realitzats al llarg del curs. La nota d'aquest apartat representarà un 35% de la nota final

3. Avaluació de la participació en les activitats presencials, tutories de grup i altres activitats. Entre altres coses, en aquest apartat es valorarà la capacitat de plantejar dubtes, de proposar respostes i de dirigir la discussió en grup, i l'assistència a classe, com un epígraf més de l'avaluació continuada de l'alumne. La nota d'aquest apartat representarà un 15% de la nota final.

REFERÈNCIES

Bàsiques

- Siever E, Figgins S, Love R, Robbins A. Linux. Anaya Multimedia, 2010
- Masoudi-Nejad A, Narimani Z, Hosseinkhan N. Next Generation Sequencing and Sequence Assembly: Methodologies and Algorithms. Springer Briefs in Systems Biology, 2013
- Soh J, Gordon PMK, Sensen CW. Genome Annotation. Chapman & Hall/CRC, 2012

- Krijnen, WP. Applied Statistics for Bioinformatics using R, 2009
- Lee, JK (Ed.) Statistical Bioinformatics A Guide for Life and Biomedical Science Researchers Wiley-Blackwell, 2010
- Toll, AP (Ed.) Structural Bioinformatics. Ceed Publishing, 2012
- Lemey P, Salemi M, Vandamme AM (Ed.) The phylogenetic handbook. A practical approach to phylogenetic analysis and hypothesis testing. 2nd ed. Cambridge: Cambridge University Press; 2009
- Yang, Z. Computational Molecular Evolution. Oxford: Oxford Univ. Press; 2006

Complementàries

- Ekblom, R., & Wolf, J. B. W. (2014). A field guide to whole-genome sequencing, assembly and annotation. Evolutionary Applications, 7(9), 10261042. http://doi.org/10.1111/eva.12178
- Baker, M. (2012). De novo genome assembly: what every biologist should know. Nature Methods, 9(4), 333337. http://doi.org/10.1038/nmeth.1935