

MÓDULO	MATERIA	CURSO	SEMESTRE	CRÉDITOS	TIPO
DOCENTE GENÉRICO	Análisis de secuencias	1º	1º	4	Optativa
PROFESOR(ES)			DIRECCIÓN COMPLETA DE CONTACTO PARA TUTORÍAS (Dirección postal, teléfono, correo electrónico, etc.)		
José L. Oliver Jiménez Michael Hackenberg			Dpto. Genética, 3ª planta, Facultad de Ciencias (Biológicas). Correo electrónico: oliver@ugr.es , mlhack@gmail.com		
			HORARIO DE TUTORÍAS		
			José L. Oliver: martes y viernes, 10-13 h, Dpto. de Genética Michael Hackenberg: viernes, 10-13 h, Dpto. de Genética		
MÁSTER EN EL QUE SE IMPARTE			OTROS MÁSTERES A LOS QUE SE PODRÍA OFERTAR		
Genética y Evolución					
PRERREQUISITOS Y/O RECOMENDACIONES (si procede)					
BREVE DESCRIPCIÓN DE CONTENIDOS (SEGÚN MEMORIA DE VERIFICACIÓN DEL MÁSTER)					
Proyectos Genoma. Bases de datos genómicas. Estructura del genoma. Rastreo de homologías. Secuencias de ADN y proteínas. Homologías y alineamientos.					
COMPETENCIAS GENERALES Y ESPECÍFICAS					
GENERALES:					
<p>CT1. Adquirir una comprensión sistemática de los distintos campos de estudio de la Genética y de la Biología evolutiva y un dominio en las habilidades y métodos de investigación propios de estas disciplinas científicas y de sus aplicaciones.</p> <p>CT2. Aplicar a entornos nuevos o poco conocidos, dentro de contextos más amplios o multidisciplinares, los conocimientos adquiridos y su capacidad de resolución de problemas relacionados con el área de estudio de las distintas ramas de la Genética y de la Biología evolutiva.</p> <p>CT3. Desarrollar habilidades de análisis y síntesis de la información científica, incluyendo capacidades de comprensión, razonamiento y crítica científica, así como de expresión oral, debate y argumentación lógica.</p> <p>CT4. Elaborar adecuadamente y con cierta originalidad composiciones escritas o argumentos motivados, redactar planes, proyectos de investigación y artículos científicos.</p> <p>CT5. Formular con cierta originalidad hipótesis razonables.</p> <p>CT6. 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.</p> <p>CT7. 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.</p> <p>CT8. Desarrollar habilidades de aprendizaje que les permitan continuar estudiando de un modo que habrá de ser en gran medida autodirigido o autónomo.</p> <p>CT9. Aplicar el método científico en la investigación.</p>					

- CT10. Trabajar eficazmente en equipo.
- CT11. Trabajar de forma organizada y planificada.
- CT12. Demostrar motivación por la calidad.
- CT13. Tener creatividad.
- CT14. Incrementar la conciencia social y solidaria, así como el sentido ético de la ciencia y de sus aplicaciones.
- CT15. Aplicar los conocimientos adquiridos al desarrollo futuro de actividades profesionales en el campo de la investigación.

ESPECÍFICAS:

- CEG1. Adquirir una comprensión sistemática de cómo se lleva a cabo el análisis genético clásico molecular y cromosómico así como un dominio en las habilidades y métodos de investigación propios de las diferentes disciplinas de la Genética.
- CEG2. Aplicar los conocimientos de la Genética y de sus diferentes ramas de estudio en ámbitos como la evolución, la mejora genética en agroalimentación o la biomedicina.
- CEG3. Desarrollar habilidades para la resolución de casos prácticos, relacionados con los distintos enfoques de la Genética, tanto desde el punto de vista básico como aplicado, utilizando el método reflexivo para la resolución de problemas complejos.
- CEG4. Desarrollar aptitudes para la interrelación entre los diferentes enfoques de estudio de la Genética.
- CEG5. Tener destreza en el manejo del instrumental propio utilizado en los distintos ámbitos de estudio de la Genética y habilidades para la obtención de resultados experimentales.
- CEG6. Diseñar experimentos en los que se utilicen las herramientas propias de la Genética y sus diferentes ramas de estudio.
- CEG7. Desenvolverse con soltura en entornos bioinformáticos
- CEG8. Manejo de bases de datos moleculares: secuencias de ADN y proteínas. Análisis de datos en los contextos conceptuales de las diferentes aproximaciones relacionadas con la Genética.

OBJETIVOS (EXPRESADOS COMO RESULTADOS ESPERABLES DE LA ENSEÑANZA)

El alumno sabrá/comprenderá:

- 1. Los conceptos y métodos matemáticos, estadísticos y computacionales (algoritmos, programas, bases de datos...) que permiten el análisis de secuencias de ADN y proteínas.

El alumno será capaz de:

- 2. Desenvolverse con soltura en entornos bioinformáticos
- 3. Manejar bases de datos de secuencias
- 4. Rastrear bases de datos moleculares: genes y proteínas
- 5. Analizar secuencias de ADN y proteínas
- 6. Alineamiento de secuencias
- 7. Preparar una presentación sobre análisis de secuencias

TEMARIO DETALLADO DE LA ASIGNATURA

TEMARIO TEÓRICO:

- 1. Introducción. Bioinformática y Genómica. Genómica computacional.
- 2. Bases de datos de secuencias de ADN y proteínas: EMBL, GenBank. Estructura de las entradas en las distintas bases de datos. Bases de datos integradas: Entrez.
- 3. Navegadores genómicos: UCSC y Ensembl.
- 4. Recuperación de secuencias de las bases de datos. Sequence Retrieval System (SRS) y Entrez (GenBank). Rastreo de bases de datos. Búsqueda de homologías. Algoritmos de alineamiento local. FASTA y BLAST.
- 5. Análisis básico de secuencias de ADN y proteínas. Contenido en G+C de una secuencia. Composición de dinucleótidos y trinucleótidos. Búsqueda de patrones. Composición de aminoácidos de una proteína. Representación caótica de secuencias. Mapas de restricción.
- 6. Comparación de dos o más secuencias. Matriz de puntos. Algoritmos de alineamiento. Penalizaciones. Alineamiento múltiple.
- 7. Análisis composicional de secuencias: uso de codones, isocoras (genomas bacterianos frente a genomas de mamíferos).

8. UCSC Table Browser & Galaxy.
9. ADN repetido & variación: transposones, pseudo-genes, SNPs, CNVs, Indels.
10. Epigenética: Detectar el estado de metilación en genomas completos, base de datos NGSmethDB, metilación de contextos CpG y CWG, metilación y metilación diferencial de islas CpG y Alus en función de su localización genómica, genes improntados.
11. Secuenciación masiva: métodos de alto rendimiento (Illumina), resecuenciación (bowtie) y ensamblado de novo, detección de variación.

TEMARIO PRÁCTICO:

1. Resolución de problemas y casos prácticos de acceso a bases de datos de secuencias y recuperación de genes y proteínas concretas
2. Resolución de problemas y casos prácticos de análisis composicional de secuencias de ADN y proteínas
3. Supuesto práctico de alineamiento múltiple

BIBLIOGRAFÍA

BIBLIOGRAFÍA FUNDAMENTAL:

- Attwood, T.K. & D.J. Parry-Smith. 1999. Introduction to Bioinformatics. Addison Wesley Longman Limited, Edimburgo. (Existe traducción al castellano).
- Barnes, MR. (Ed.) 2007. Bioinformatics for Geneticists: A Bioinformatics Primer for the Analysis of Genetic Data, 2nd ed. John Wiley and Sons Ltd.
- Baxevanis, A.D. & B.F. Francis Dullette (Eds.). 2002. Bioinformatics. A practical guide to the analysis of genes and proteins. 2nd Ed. Wiley-Interscience.
- Bishop, M. 1999. Bioinformatics. Taylor & Francis, UK.
- Claverie, J.M. and C. Notredame. 2003. Bioinformatics for dummies. Wiley Publishing, Inc.
- Higgins, D. y W. Taylor. 2000. Bioinformatics: Sequence, structure and databanks. Oxford University Press.
- Higgs, P. & T.K. Attwood (2005). Bioinformatics and molecular evolution. Blackwell Publishing.
- Kanehisa, M. 2000. Post-genome informatics. Oxford University Press
- Mount, David W. 2001. Bioinformatics. Sequence and Genome Analysis. Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- Rashidi, H.H. and L.K. Buehler. 2000. Bioinformatics Basics. Applications in Biological Science and Medicine. CRC Press, Boca Raton.
- Salzberg, S., D. Searls, and S. Kasif (Eds). 1998. Computational Methods in Molecular Biology. Elsevier Science.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Gibas, C. y P. Jambeck. 2001. Developing Bioinformatics Computer Skills. O'Reilly
- Li, W-H. 1999. Molecular evolution. Sinauer Associates Inc., Massachusetts, 2nd. Ed.
- Nei, M. y S. Kumar. 2000. Molecular Evolution and Phylogenetics. Oxford University Press.
- Tisdall, J. 2001. Beginning Perl for Bioinformatics. O'Reilly

ENLACES RECOMENDADOS

- Biblioteca de la Universidad de Granada (acceso a revistas electrónicas): <http://biblioteca.uqr.es/>
- Sociedad Española de Genética (SEG): <http://www.segenetica.es/>
- Herencia mendeliana en el hombre (OMIM): <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/entrez?db=omim>
- GeneCards: <http://www.genecards.org/>
- National Center for Biotechnology Information (NCBI): <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>
- Bases de datos del NCBI: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Entrez/index.html>
- PubMed: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query.fcgi?db=PubMed>
- Medline: <http://medlineplus.nlm.nih.gov/medlineplus/>
- Centro Nacional de Biotecnología (CNB): <http://www.cnb.uam.es>
- Instituto Europeo de Bioinformática (EBI): <http://www.ebi.ac.uk>
- The Institute for Genome Research: <http://www.icvi.org/>
- Science On-Line: <http://www.sciencemaq.org>
- Nature On-Line: <http://www.nature.com>

METODOLOGÍA DOCENTE

Se propone una metodología docente de enseñanza-aprendizaje basada en las siguientes actividades formativas para el desarrollo de esta materia:

Clases teóricas:

A. **Lección magistral** para cada unidad temática en la que se presentan los contenidos, se suscitan cuestiones para debate y se proponen diferentes actividades de aprendizaje.

B. **Sesiones de discusión** en las que se establecen debates para profundizar en la comprensión de los contenidos del tema y se discuten ejercicios y trabajos propuestos como actividad individual.

Tiempo dedicado: 12,5 horas.

Competencias: CT1, CT2, CT3, CT5, CT6, CT7, CT8, CT11, CT12, CT13, CT14, CEG1, CEG2, CEG4.

Clases prácticas:

A. Resolución de problemas y casos prácticos de los diferentes contenidos de las materias

B. Prácticas de laboratorio

C. Prácticas de simulación en ordenador

D. Análisis de bibliografía sobre distintos contenidos de la materia

E. Seminarios

Tiempo dedicado: 12,5 horas.

Competencias: CT1, CT2, CT3, CT4, CT5, CT6, CT7, CT8, CT9, CT10, CT11, CT12, CT13, CT14, CT15, CEG1, CEG2, CEG3, CEG4, CEG5, CEG6, CEG7, CEG8.

Tutorías grupales e individuales:

Tiempo dedicado: 5 horas.

Estudio y trabajo independiente del alumno:

Tiempo dedicado: 65 horas.

Competencias: CT1, CT2, CT3, CT4, CT5, CT6, CT8, CT11, CT12, CT13, CT14, CT15, CEG1, CEG2, CEG3, CEG4, CEG6, CEG7, CEG8.

Evaluación:

Tiempo dedicado: 5 horas.

RESUMEN DE DEDICACIÓN:

TOTAL DE TIEMPO DEDICADO A LA MATERIA	TOTAL DE CRÉDITOS ECTS DEDICADOS A LA MATERIA	TOTAL TIEMPO DE DEDICACIÓN PRESENCIAL	TOTAL TIEMPO DE DEDICACIÓN NO PRESENCIAL
100 HORAS	4 ECTS	35 HORAS (1,4 ECTS)	65 HORAS (2,6 ECTS)

EVALUACIÓN (INSTRUMENTOS DE EVALUACIÓN, CRITERIOS DE EVALUACIÓN Y PORCENTAJE SOBRE LA CALIFICACIÓN FINAL, ETC.)

Se propone un sistema de evaluación continua en el que se valorará:

1. Adquisición de las competencias, aptitudes y conocimientos propios de cada materia, mediante exámenes de su valoración.

30%

2. Las aportaciones del alumno en:

- a. Las Sesiones de Discusión en términos de ideas interesantes, dudas, y cualquier intervención que demuestre su interés por la materia y su estudio continuado a lo largo del curso.
- b. La actitud del alumno en el laboratorio durante las Prácticas de Laboratorio, su interés por aprender las técnicas y su destreza con éstas.
- c. La actitud del alumno en el aula durante las Prácticas con ordenador, su interés por aprender los procedimientos y su destreza con éstos.

10%

3. Realización de ejercicios propuestos tanto para su resolución en clase como para su realización en horas no presenciales. Igualmente, se valorará la capacidad del alumno para la elaboración de trabajos e informes.

30%

4. Capacidad de análisis y de síntesis de cada alumno en los actividades de búsqueda bibliográfica (análisis de trabajos científicos, trabajos en equipo, seminarios), así como la claridad en la exposición de su trabajo.

30%

INFORMACIÓN ADICIONAL

La información adicional sobre la asignatura estará disponible en una página web específica para la asignatura (en preparación), así como en el Tablón de Docencia del acceso identificado de la UGR.
