

Guía docente de la asignatura

BioinformáticaFecha última actualización: 13/07/2021
Fecha de aprobación por la Comisión Académica: 16/07/2021**Máster**

Máster Universitario en Biotecnología

MÓDULO

Modulo I: Docencia

RAMA

Ciencias

CENTRO RESPONSABLE DEL TÍTULO

Escuela Internacional de Posgrado

Semestre

Segundo

Créditos

3

Tipo

Optativa

Tipo de enseñanza

Presencial

PRERREQUISITOS Y/O RECOMENDACIONES**BREVE DESCRIPCIÓN DE CONTENIDOS (Según memoria de verificación del Máster)**

1. Genómica, bioinformática y proteómica. Bases de datos de secuencias de ADN y proteínas: EMBL, Swiss-Prot, GenBank. Genomas completos: EBI, NCBI.
2. Búsqueda de homologías. Alineamiento local de secuencias.
3. Análisis básico de secuencias de ADN y proteínas.
4. Comparación de secuencias de ADN y proteínas. Matriz de puntos. Alineamiento global: algoritmo de Needleman-Wunsch.
5. Alineamiento múltiple de secuencias: el algoritmo Clustal. Filogenia molecular.
6. Genómica funcional. Predicción computacional de genes.
7. Análisis funcional a escala de genomas completos. Gene Ontology (GO). Análisis de enriquecimiento funcional.



COMPETENCIAS

COMPETENCIAS BÁSICAS

- CB6 - Poseer y comprender conocimientos que aporten una base u oportunidad de ser originales en desarrollo y/o aplicación de ideas, a menudo en un contexto de investigación.
- CB7 - Que los estudiantes sepan aplicar los conocimientos adquiridos y su capacidad de resolución de problemas en entornos nuevos o poco conocidos dentro de contextos más amplios (o multidisciplinares) relacionados con su área de estudio.
- CB8 - Que los estudiantes sean capaces de 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.
- CB9 - Que los estudiantes sepan 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.
- CB10 - Que los estudiantes posean las habilidades de aprendizaje que les permitan continuar estudiando de un modo que habrá de ser en gran medida autodirigido o autónomo.

COMPETENCIAS ESPECÍFICAS

- CE02 - Organizar y diseñar actividades en el campo de la experimentación en Biotecnología;
- CE03 - Manejar las tecnologías de la información para la adquisición, procesamiento y difusión de resultados en investigación;
- CE04 - Emitir juicios en función de criterios y razonamiento crítico y aprender a reconocer los parámetros de calidad en investigación;
- CE08 - Presentar públicamente ideas, procedimientos o informes de investigación sobre Biotecnología para asesorar a personas y a organizaciones.
- CE09 - Reconocer y adaptarse a la diversidad y multiculturalidad.
- CE15 - Manejo de herramientas informáticas para el análisis a nivel molecular de ADN, proteínas y el análisis de la expresión de genes.

RESULTADOS DE APRENDIZAJE (Objetivos)

El alumno sabrá/comprenderá:

- Los conceptos y métodos matemáticos, estadísticos y computacionales (algoritmos, programas, bases de datos...) que permiten resolver problemas biológicos, utilizando para ello el ADN, las proteínas e información relacionada.

El alumno será capaz de:

- Desenvolverse con soltura en entornos mixtos: Unix, Windows
- Manejar bases de datos bioinformáticas
- Rastrear bases de datos moleculares: genes, proteínas, estructuras 3D, expresión génica
- Analizar secuencias de ADN y proteínas



- Comparar secuencias y reconstruir filogenias
- Predecir genes computacionalmente
- Comparar genomas completos
- Manejar herramientas informáticas para hacer análisis a nivel molecular
- Preparar una presentación sobre bioinformática

PROGRAMA DE CONTENIDOS TEÓRICOS Y PRÁCTICOS

TEÓRICO

TEMARIO TEÓRICO:

Tema 1: Introducción. Bioinformática y Genómica. Genómica computacional. 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. Navegadores genómicos: UCSC y Ensembl.

Tema 2: 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. Uso de codones

Tema 3: Análisis en genoma completo mediante Galaxy. Implementaciones de Galaxy. Las 'historias' en Galaxy. Extracción de datos de genomas completos del servidor de la UCSC. Programación de workflows. Conversión de 'historias' en workflows. Ejecución de workflows.

Tema 4: Rastreo de bases de datos. Búsqueda de homologías. Algoritmos de alineamiento local. FASTA y BLAST. Comparación de dos o más secuencias. Matriz de puntos. Algoritmos de alineamiento. Penalizaciones. Alineamiento múltiple.

Tema 5: Introducción en el sistema Linux. Línea de órdenes.

Tema 6: Genómica funcional. Predicción computacional de genes y otros elementos funcionales. Diferencias entre procariotas y eucariotas.

Tema 7: Islas CpG y metilación del ADN. Métodos para la predicción de islas CpG. Metilación diferencial.

PRÁCTICO

TEMARIO PRÁCTICO:

- Resolución de problemas concretos planteados por el profesor mediante programas informáticos
- Desarrollo de un mini-proyecto de bioinformática y su presentación oral al final del curso.

BIBLIOGRAFÍA



BIBLIOGRAFÍA FUNDAMENTAL

BIBLIOGRAFÍA FUNDAMENTAL:

- Jonathan Pevsner. Bioinformatics and Functional Genomics, 3rd Edition (2015)
- Xinkun Wang. Next-Generation Sequencing Data Analysis. (2016). CRC Press
- Vince Buffalo. Bioinformatics Data Skills: Reproducible and Robust Research with Open Source Tools (2015)
- Arthur Lesk. Introduction to Bioinformatics 3rd Edition (2017)
- Tisdall, J. 2001. Beginning Perl for Bioinformatics. O'Reilly

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Lamprecht, Anna-Lena . User-Level Workflow Design (2013). Springer
- Moorhouse and Barry. Bioinformatics, Biocomputing and Perl: An Introduction to Bioinformatics Computing Skills and Practice. 2004. WILEY
- James Tisdall . Mastering Perl for Bioinformatics. Perl Programming for Bioinformatics. 2003. O'Reilly Media
- Jean-Michel Claverie, Cedric Notredame. Bioinformatics For Dummies, 2nd Edition 2006. WILEY

ENLACES RECOMENDADOS

- Books on- line (NCBI): <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books>
- [Concepts of genetics - Universidad Granada](#)
- Biblioteca de la Universidad de Granada (acceso a revistas electrónicas): <http://biblioteca.ugr.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.jcvi.org/>

METODOLOGÍA DOCENTE

- MD01 Clases magistrales
- MD02 Experimentación
- MD03 Colección, estudio y análisis bibliográfico
- MD04 Ensayo científico



EVALUACIÓN (instrumentos de evaluación, criterios de evaluación y porcentaje sobre la calificación final)**EVALUACIÓN ORDINARIA**

- **Actitud y participación de los estudiantes en clase (20%).**

La actitud y participación se evaluará mediante un problema individualizado que el profesor planteará en clase a cada alumno. La resolución se puede comunicar o durante la clase o mediante un resumen breve (report).

- **Realización de un trabajo complementario con exposición del mismo (30%)**

Cada estudiante elaborará un proyecto a lo largo del curso que expondrá al final (duración de la exposición: 10 minutos). La calidad del proyecto se valorará hasta con un 20%, mientras que la exposición puntuará hasta con un 10% (incluyendo la estructura de la presentación).

- **Evaluación mediante examen de los conocimientos y/o habilidades adquiridas (50%).**

Se evaluarán los conocimientos adquiridos en las lecciones magistrales y prácticas acerca de los métodos computacionales y su aplicación a problemas concretos. Esta prueba se realiza mediante el ordenador permitiendo al alumno el acceso a sus apuntes e información en internet.

EVALUACIÓN EXTRAORDINARIA

- Se trata de un examen mediante ordenador que evaluará igualmente los contenidos teóricos y prácticos.
- La parte teórica del examen (70%) comprende:
 - Aspectos biológicos. Algunos ejemplos serían conocer la estructura de un gen, saber la diferencia entre CDS y ORF, diferencia entre trinucleótido y codón o conocer la función de las islas CpG y de la metilación del ADN
 - Aspectos computacionales: métodos de ventanas deslizantes, agrupamiento jerárquico, técnicas de alineamiento, etc.
- En la parte práctica del examen (30%), el estudiante tendrá que demostrar su manejo de los programas usados durante el curso así como su capacidad de interpretar la salida de los programas bajo criterios biológicos (para resolver un problema concreto). Esta parte del examen se realizará con el ordenador.

EVALUACIÓN ÚNICA FINAL

- Se trata de un examen mediante ordenador que evaluará igualmente los contenidos teóricos y prácticos.
- La parte teórica del examen (70%) comprende:
 - Aspectos biológicos. Algunos ejemplos serían conocer la estructura de un gen, saber la diferencia entre CDS y ORF, diferencia entre trinucleótido y codón o conocer la función de las islas CpG y de la metilación del ADN
 - Aspectos computacionales: métodos de ventanas deslizantes, agrupamiento jerárquico, técnicas de alineamiento, etc.
- En la parte práctica del examen (30%), el estudiante tendrá que demostrar su manejo de





los programas usados durante el curso así como su capacidad de interpretar la salida de los programas bajo criterios biológicos (para resolver un problema concreto). Esta parte del examen se realizará con el ordenador.

