

Guía docente de la asignatura

Fecha de aprobación por la Comisión
Académica: 12/07/2022**Análisis Informático en Biología
de Sistemas (M78/56/1/4)****Máster**Máster Universitario en Biología Molecular Aplicada a Empresas
Biotecnológicas (Bioenterprise)**MÓDULO**

Módulo 1: Docencia Obligatoria

RAMA

Ciencias

**CENTRO RESPONSABLE
DEL TÍTULO**

Escuela Internacional de Posgrado

Semestre	Primero	Créditos	6	Tipo	Obligatorio	Tipo de enseñanza	Presencial
-----------------	---------	-----------------	---	-------------	-------------	--------------------------	------------

PRERREQUISITOS Y/O RECOMENDACIONES

Se recomienda seguir el orden cronológico de las enseñanzas del grado y haber aprobado las asignaturas del módulo de formación básica y un 50% de las materias obligatorias.

BREVE DESCRIPCIÓN DE CONTENIDOS (Según memoria de verificación del Máster)

- Métodos aplicados a secuencias cortas de binding de proteínas (Position Weigth matrices, etc.)
- Bases de datos Biológicos de ADN y proteínas
- Criterios para la evaluación de la información en los repositorios públicos
- Uso de Web Services y APIS para la búsqueda remota en bases de datos
- -Sistemas de acceso a bases de datos: Entrez, SRS, Genome Browser, GoldenPath
- Herramientas para realizar minería de bases de datos biomédicas
- Métodos de preprocesamiento y normalización de datos de microarrays
- Clustering y Biclustering para la obtención de módulos de co-expresión en datos de microarrays.
- Agregado e integración de información procedente de otras fuentes de datos biológicas (bio-ontologías -GO-, bio-pathways -KEGG-, etc.) para el enriquecimiento de los resultados del análisis de arrays.
- Cartografía e infografía molecular de proteínas. Coordenadas atómicas. Geometría del enlace peptídico.



- Hidrofobicidad y topología básica de las proteínas.
- Métodos de predicción de la estructura secundaria de las proteínas.
- Caracterización de redes biológicas
- Estrategias de simulación y técnicas bioinformáticas aplicadas a la biología de sistemas

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 GENERALES

- CG01 - Hablar bien en público.
- CG02 - Asumir responsabilidades en lo que respecta al desarrollo de conocimientos y/o prácticas profesionales y a la revisión del rendimiento estratégico de equipos
- CG03 - Desarrollar capacidades para preparar y gestionar proyectos de Investigación y/o de Desarrollo.

COMPETENCIAS ESPECÍFICAS

- CE04 - Adquirir conocimientos del alcance, limitaciones y campos fundamentales de aplicación de las herramientas bioinformáticas en el contexto de la estructura y función de las proteínas, con especial énfasis en la ingeniería de proteínas, el diseño racional de fármacos y la nanobiotecnología
- CE09 - Saber utilizar los recursos científicos y de gestión necesarios en una empresa biotecnológica y desenvolverse con autonomía

RESULTADOS DE APRENDIZAJE (Objetivos)

- Conocer, gestionar y desarrollar bases de datos y componentes locales y distribuidos en base a los estándares y tendencias actuales y futuras.
- Emplear estrategias de “data mining” para la extracción, análisis e interpretación de datos



- Conocer las matrices de expresión génica.
- Conocimiento básico de los instrumentos metodológicos empleados para la caracterización bioinformática de las proteínas.
- Conocimiento básico de las bases de datos estructurales y recursos Web relativos al análisis estructural, funcional y evolutivo de las proteínas
- Comprensión del alcance, limitaciones y campos fundamentales de aplicación de las herramientas bioinformáticas en el contexto de la estructura y función de las proteínas con especial énfasis en la ingeniería de proteínas, el diseño racional de fármacos y la nanobiotecnología.
- Conocimiento de sistemas complejos adaptativos
- Conocimiento de redes complejas en el contexto de la Biología Molecular

PROGRAMA DE CONTENIDOS TEÓRICOS Y PRÁCTICOS

TEÓRICO

Bloque 1:

- Qué es la Bioinformática?
- Principales bases de datos en Biología: Ensembl, NCBI
- Proyecto Genoma Humano
- Introducción a los polimorfismos

Bloque 2:

- Introducción a la Biología de Sistemas
- Ciencias -ómicas
- Genómica y Transcriptómica
- Microarrays: diseño, utilidades, data mining
- Sistemas de secuenciación masiva: metodologías, utilidades, data mining

Bloque 3:

Introducción al uso de Linux:

- Gestión básica del SO Linux
- Gestión de Proceso
- Sistema de Ficheros
- Ordenes avanzadas (shell scripting)

Comparación de Secuencias

- Búsquedas Locales y Globales
- Alineamiento a pares
- Alineamientos múltiples
- Búsquedas en bases de Datos: Blast, Fasta, BLAT, Psi-Blast,
- Perfiles de Gribskov y Modelos Ocultos de Markov

Análisis de proteínas

- Análisis de Dominios de proteínas: BLOCKS, búsqueda de patrones, PHI-BLAST, PSSM
- Análisis de Dominios estructurales: SCOP, CATH, FSSP



- Análisis de la estructura secundaria de una proteína: EMBOSS; Jpred, TMHMM

Bloque 4:

- Cartografía e infografía molecular de proteínas. Coordenadas atómicas. Geometría del enlace peptídico.
- Hidrofobicidad y topología básica de las proteínas.
- Métodos de predicción de la estructura secundaria de las proteínas.
- Caracterización de redes biológicas
- Estrategias de simulación y técnicas bioinformáticas aplicadas a la biología de sistemas

PRÁCTICO

A lo largo de la asignatura se propondrán y resolverán, de manera sistemática, problemas y casos prácticos de utilización de bases de datos y recursos on-line, análisis de microarrays, análisis de secuencias y predicción estructural, que tendrán que ser resueltos con ayuda del ordenador y del software específico en cada caso. Se prevé, para ello, la utilización, vía red, de la infraestructura existente en el Centro de Informática de la Universidad de Granada, y el empleo tanto de software preexistente “online” como de diversos programas y herramientas básicas que serán desarrolladas por los alumnos en el entorno de programación

BIBLIOGRAFÍA

BIBLIOGRAFÍA FUNDAMENTAL

- “Bioinformatics”. Andrzej Polanski and Marek Kimmel. Springer. 1ª edición (2007).
- “Protein Bioinformatics: An Algorithmic Approach to Sequence and Structure Analysis”. Inqvar Eidhammer, Inge Jonassen and William R. Taylor. Wiley. 1ª edición (2004)
- “Structural Bioinformatics”. Jenny Gu (Editor), Philip E. Bourne (Editor) 2ª Ed. Wiley-Blackwell (2009)

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA

- “Computational Structural Biology: Methods and Applications”. Torsten Schwede and Manuel C. Peitsch. World Scientific Publishing Company. 1ª edición (2008).
- “An Introduction to Bioinformatics Algorithms (Computational Molecular Biology)”. Neil C. Jones and Pavel A. Pevzner. The MIT Press (2004).
- “Structural Bioinformatics: An Algorithmic Approach”. Forbes J. Burkowski. Chapman and Hall/CRC Eds.; 1ª edición (2008).
- “Visual software tools for bioinformatics”. Timothy Arndt. Journal of Visual Languages and Computing & Computing, 19 (2008) 291–301
- “An Integrated Approach to the Analysis and Modeling of Protein Sequences and Structures. I. Protein Structural Alignment and a Quantitative Measure for Protein Structural Distance”. An-Suei Yang and Barry Honig. J. Mol. Biol. (2000) 301, 665–678.

ENLACES RECOMENDADOS

- European Bioinformatics Institute (EBI): <http://www.ebi.ac.uk>
- European Molecular Biology Laboratory (EMBL):



<http://www.embl.de/services/index.html>

- Servidor ExPasy: <http://us.expasy.org/tools/> (ExPASY Proteomics Server)
- Protein Data Bank (PDB): <https://www.rcsb.org/>
- Protein Data Bank (RCSB): [http:// www.rcsb.org](http://www.rcsb.org)
- National Center for Biotechnology Information (NCBI): <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>
- 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/>
- 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>
- The Institute for Genome Research: <http://www.jcvi.org/>
- Science On-Line: <http://www.sciencemag.org>
- Nature On-Line: <http://www.nature.com>
- Entorno de programación estructurada Lazarus: [http:// www.lazarus-ide.org](http://www.lazarus-ide.org)

METODOLOGÍA DOCENTE

- MD01 Análisis de casos: En los que los estudiantes tendrán que aplicar conocimientos a las situaciones concretas planteadas, hacer apuestas por aquella solución más fundada en situaciones donde la información es incompleta, lo cuál es una práctica corriente entre los profesionales y servirá para elaborar ideas con las que diseñar proyectos de investigación.
- MD02 Trabajo colaborativo: Análisis y crítica de proyectos/artículos de innovación/investigación.
- MD03 Lecciones magistrales y asistencia a conferencias de profesorado invitado o conferencias organizadas por la universidad, etc. en donde el alumno pueda obtener una visión amplia del campo de estudio. Estas lecciones se complementarán con seminarios de discusión de ideas y aplicaciones.
- MD04 Prácticas de laboratorio o planta piloto y visitas a por unidades funcionales de empresas. En ambas se persigue el conocimiento de las diferentes metodologías de trabajo. En algunos casos sustituyen al análisis de casos, al tratarse de casos prácticos a resolver.

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

EVALUACIÓN ORDINARIA

La evaluación de la materia se realizará por separado para cada uno de los bloques temáticos según los criterios establecidos en el documento de verificación y en la información consignada en el Registro de Universidades, Centros y Títulos (RUCT). A lo largo del curso se propondrá a los alumnos un conjunto sistemático de ejercicios y tareas específicas para cada uno de los bloques temáticos de la asignatura. Al final del curso el alumno habrá consultado bibliografía especializada, resuelto problemas numéricos, interpretado resultados experimentales, empleado programas de ordenador y recursos Web, elaborado estrategias de diseño estructural de proteínas, implementado algoritmos predictivos y redactado informes breves o revisiones bibliográficas sobre aspectos puntuales de la asignatura.



La elaboración, con todo ello, del correspondiente cuaderno de informes y actividades y su preceptiva presentación, al final del curso, junto a la valoración del trabajo y del rendimiento del alumno en clase, por parte del profesor, constituirán los indicadores básicos sobre los que se aplicarán los criterios de evaluación con arreglo al siguiente esquema:

INDICADORES	SISTEMAS DE EVALUACIÓN (según documento RUCT)	PONDERACIÓN (%)
Elaboración, presentación y eventual debate oral de informes sobre ejercicios, problemas y casos prácticos desarrollados a lo largo del curso	1, 2	60
Asistencia a clase, participación y seguimiento de las tareas del alumno. Seminarios optativos y otras actividades	3,4	40

EVALUACIÓN EXTRAORDINARIA

En Convocatoria Extraordinaria la evaluación de la materia se realizará de manera análoga a la Convocatoria Ordinaria. No obstante, y para garantizar el acceso del alumno al 100% de la calificación, los sistemas de evaluación 3 y 4 le referirán exclusivamente a la participación y seguimiento de las tareas, seminarios optativos y otras actividades específicamente propuestas para esta convocatoria extraordinaria, dentro de los plazos establecidos para ella.

EVALUACIÓN ÚNICA FINAL

Según la Normativa de Evaluación y de Calificación de los Estudiantes de la Universidad de Granada (Aprobada por Consejo de Gobierno en su sesión extraordinaria de 20 de mayo de 2013), se contempla la realización de una evaluación única final a la que podrán acogerse aquellos estudiantes que no puedan cumplir con el método de evaluación continua por motivos laborales, estado de salud, discapacidad o cualquier otra causa debidamente justificada que les impida seguir el régimen de evaluación continua. Para acogerse a la evaluación única final, el estudiante, en las dos primeras semanas tras la formalización de su matrícula, lo solicitará al Director del Departamento, quien dará traslado al profesorado correspondiente, alegando y acreditando las razones que le asisten para no poder seguir el sistema de evaluación continua. Transcurridos diez días sin que el estudiante haya recibido respuesta expresa y por escrito del Director del Departamento, se entenderá que ésta ha sido desestimada. En caso de denegación, el estudiante podrá interponer, en el plazo de un mes, recurso de alzada ante el Rector, quién podrá delegar en el Decano o Director del Centro, agotando la vía administrativa.

En el contexto de la asignatura, la evaluación única final se llevará a cabo sobre la elaboración, presentación y eventual debate oral con el profesor de un trabajo escrito en el que podrán incluirse ejercicios, problemas y casos prácticos equivalentes a los desarrollados a lo largo del curso y adaptado a cada caso en función de las circunstancias que hayan concurrido en la concesión de esta modalidad de evaluación.

