



## DATOS IDENTIFICATIVOS

### Bioinformática

Asignatura	Bioinformática			
Código	V02M074V01104			
Titulación	Máster Universitario en Biotecnología Avanzada			
Descriptores	Creditos ECTS	Selección	Curso	Cuatrimestre
	3	OB	1	1c
Lengua	Castellano			
Impartición	Gallego			
Departamento	Bioquímica, genética e inmunología Dpto. Externo			
Coordinador/a	Dorado de la Calle, Julián Canchaya Sanchez, Carlos Alberto			
Profesorado	Becerra Fernández, Manuel Canchaya Sanchez, Carlos Alberto Castro Tubio, José M. Dorado de la Calle, Julián Rodríguez Torres, Ana María			
Correo-e	julian@udc.es canchaya@uvigo.es			
Web	<a href="http://www.masterbiotecnologiaavanzada.com">http://www.masterbiotecnologiaavanzada.com</a>			
Descripción general	La realización de experimentos en biología genera cada vez un mayor número de datos. La gestión y análisis de estos datos sería ya imposible sin la utilización de herramientas informáticas dentro de la disciplina de la bioinformática. En la bioinformática se mezclan conocimientos y técnicas de la informática y las matemáticas aplicadas a las ciencias de la vida, en especial la biología. Dentro de la bioinformática se estudia la codificación de datos y su almacenamiento en bases de datos. La disponibilidad y el acceso a bases de datos y la aplicación de distintos algoritmos de procesado de datos. En esta asignatura se verá la aplicación de la bioinformática a distintos ámbitos de la biología molecular desde el análisis de secuencias al estudio de la estructura de proteínas y ácidos nucleicos.			

## Competencias

Código	
C3	CEC3.- Conocer las aplicaciones biotecnológicas de los microorganismos, plantas y animales y saber manipularlos de cara a su aplicación biotecnológica.
C7	CEC7.- Saber buscar, obtener e interpretar la información de las bases de datos biológicas: genómicas proteómicas, transcriptómicas y metabolómicas y utilizar las herramientas básicas de la bioinformática.
D1	CGI1.- Capacidad de análisis y síntesis (localización de problemas e identificación de las causas y su tipología).
D2	CGI2.- Capacidad de organización y planificación de todos los recursos (humanos, materiales, información e infraestructuras).
D3	CGI3.- Capacidad de gestión de la información (con apoyo de las tecnologías de la información y las comunicaciones).
D4	CGI4.- Capacidad de planificación y elaboración de estudios técnicos en biotecnología microbiana, vegetal y animal.
D5	CGI5.- Capacidad para identificar problemas, buscar soluciones y aplicarlas en un contexto biotecnológico profesional o de investigación.
D10	CGIP2.- Capacidad de trabajo en un contexto de sostenibilidad, caracterizado por: sensibilidad por el medio ambiente y por los diferentes organismos que lo integran, así como concienciación por el desarrollo sostenible.
D11	CGIP3.- Razonamiento crítico y respeto profundo por la ética y la integridad intelectual.
D12	CGS1.- Adaptación a nuevas situaciones legales o novedades tecnológicas, así como a excepciones asociadas a situaciones de urgencia.
D13	CGS2.- Aprendizaje autónomo.
D15	CGS4.- Sensibilización hacia la calidad, el respeto medioambiental, el consumo responsable de recursos y la recuperación de residuos.

## Resultados de aprendizaje

Resultados previstos en la materia	Resultados de Formación y Aprendizaje
Identificar las aplicaciones biotecnológicas de los microorganismos, plantas y animales y saber manipularlos de cara a su utilidad en el sector biotecnológico	C3 D1 D2 D3 D4 D5 D10 D11 D12 D13 D15
Utilizar las bases de datos biológicas para la obtención, análisis e interpretación de la información	C7 D1 D2 D3 D4 D5 D10 D11 D12 D13 D15

## Contenidos

Tema	
Introducción a la Bioinformática. Unix	Introducción a los Sistemas Operativos. Comandos básicos. Sistema de archivos. Gestión de archivos y directorios. Otros comandos.
Evolución Molecular	Homología molecular: sustitución, inserción y delección. Alineamiento múltiple. Modelos de sustitución nucleotídica y aminoacídica. Selección de modelos. Métodos filogenéticos. Reconstrucción de máxima verosimilitud. Error y confianza filogenética.
Análisis genómico	Búsquedas en bases de datos: BLAST. Proyectos genoma. Genómica Estructural. Secuenciación. Predicción génica. Anotación Funcional. Genómica Comparativa.
Biología estructural I	Visualización de macromoléculas biológicas. Predicción de características 1 D de proteínas: secuencias, dominios. Estructura tridimensional de proteínas. Predicción de estructura 3D de proteínas: modelado por homología y modelado mediante threading o diseño por homología remota. Métodos ab initio. Docking molecular: Predicción de interacciones proteína-sustrato y proteína-proteína. Evaluación de los métodos de predicción.
Biología Estructural II	Estructura de RNA. Predicción de estructuras de RNA. Bases de datos y servidores de programas de análisis de: secuencias, motivos estructurales y estructuras funcionales.

## Planificación

	Horas en clase	Horas fuera de clase	Horas totales
Sesión magistral	11	5.5	16.5
Prácticas en aulas de informática	11	16.5	27.5
Foros de discusión	0	1	1
Tutoría en grupo	2	0	2
Pruebas de tipo test	2	12	14
Informes/memorias de prácticas	0	14	14

\*Los datos que aparecen en la tabla de planificación son de carácter orientativo, considerando la heterogeneidad de alumnado

## Metodologías

	Descripción
Sesión magistral	Clases de presentación de contenidos, de ejercicios y de discusión
Prácticas en aulas de informática	Ejercicios en el ordenador
Foros de discusión	Discusión online
Tutoría en grupo	Atención personalizada a alumnos

<b>Atención personalizada</b>	
<b>Metodologías</b>	<b>Descripción</b>
Sesión magistral	Se responderá a las cuestiones particulares de cada alumno
Prácticas en aulas de informática	Se responderá a las cuestiones particulares de cada alumno
Foros de discusión	Se responderá a las cuestiones particulares de cada alumno
Tutoría en grupo	Se responderá a las cuestiones particulares de cada alumno
<b>Pruebas</b>	<b>Descripción</b>
Pruebas de tipo test	Se responderá a las cuestiones particulares de cada alumno
Informes/memorias de prácticas	Se responderá a las cuestiones particulares de cada alumno

<b>Evaluación</b>			
	Descripción	Calificación	Resultados de Formación y Aprendizaje
Pruebas de tipo test	Se realizará una prueba tipo test para evaluar los conocimientos adquiridos durante la realización de las clases magistrales y las prácticas en ordenador	25	C3 D1 C7 D5 D13
Informes/memorias de prácticas	Se evaluará el resumen/informe razonado/memoria sobre los ejercicios prácticos en el ordenador realizados en clase. El resumen/informe/memoria se deberá entregar en las 24 horas siguientes a la clase. Cada informe supondrá el 15% de la calificación. Habrá que realizar un informe por cada una de las sesiones, en total 5 informes lo que supone el 75% de la nota.	75	C3 D2 C7 D3 D4 D5 D10 D11 D12 D13 D15

#### **Otros comentarios sobre la Evaluación**

El examen final de la primera oportunidad se realizará el 20 de diciembre de 2016 de 16:00 a 17:00 en el aula de docencia. El examen de la segunda oportunidad tendrá lugar el 28 de Junio de 2017 de 16:00 a 17:00 en el aula de docencia. Para presentarse al examen de la segunda oportunidad será necesario haber entregado los 5 informes previamente. Tendrán prioridad para obtener MH aquellos alumnos que se evalúen en la primera oportunidad.

#### **Fuentes de información**

Arthur M. Lesk, **Introduction to Bioinformatics**, 3ª,  
David W. Mount, **Bioinformatics. Sequence and genome analysis**, 2ª,

#### **Recomendaciones**

##### **Asignaturas que se recomienda haber cursado previamente**

Genómica y Proteómica/V02M074V01103  
Ingeniería Genética y Transgénesis/V02M074V01101  
Técnicas de Aplicación en Biotecnología/V02M074V01107

##### **Otros comentarios**

Dado que parte de la bibliografía recomendada para esta materia se encuentra en inglés, es aconsejable tener conocimientos de esta lengua, por lo menos, a nivel de comprensión de textos escritos.