



DATOS IDENTIFICATIVOS

Bioinformática

Materia	Bioinformática			
Código	V02M074V01104			
Titulación	Máster Universitario en Biotecnoloxía Avanzada			
Descritores	Creditos ECTS	Sinale	Curso	Cuadrimestre
	3	OB	1	1c
Lingua de impartición	Castelán Galego			
Departamento	Bioquímica, xenética e inmunoloxía 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	http://www.masterbiotecnologiaavanzada.com			
Descrición xeral	A realización de experimentos en bioloxía xera cada vez un maior número de datos. A xestión e análise destes datos sería xa imposible sen a utilización de ferramentas informáticas dentro da disciplina da bioinformática. Na bioinformática mestúranse coñecementos e técnicas da informática e as matemáticas aplicadas ás ciencias da vida, en especial a bioloxía. Dentro da bioinformática estúdase a codificación de datos e o seu almacenamento en bases de datos. A dispoñibilidade e o acceso a bases de datos e a aplicación de distintos algoritmos de procesado de datos. Nesta materia verase a aplicación da bioinformática a distintos ámbitos da bioloxía molecular desde a análise de secuencias ao estudo da estrutura de proteínas e ácidos nucleicos.			

Competencias

Código	
C3	CEC3.- Coñecer as aplicacións biotecnolóxicas dos microorganismos, plantas e animais e saber manipularlos de cara á súa aplicación biotecnolóxica.
C7	CEC7.- Saber buscar, obter e interpretar a información das bases de datos biolóxicas: xenómicas proteómicas, transcriptómicas e metabolómicas e utilizar as ferramentas básicas da bioinformática.
D1	CGI1.- Capacidade de análise e síntese (localización de problemas e identificación das causas e a súa tipoloxía).
D2	CGI2.- Capacidade de organización e planificación de todos os recursos (humanos, materiais, información e infraestruturas).
D3	CGI3.- Capacidade de xestión da información (con apoio das tecnoloxías da información e as comunicacións).
D4	CGI4.- Capacidade de planificación e elaboración de estudos técnicos en biotecnoloxía microbiana, vexetal e animal.
D5	CGI5.- Capacidade para identificar problemas, buscar solucións e aplicarlas nun contexto biotecnolóxico profesional ou de investigación.
D10	CGIP2.- Capacidade de traballo nun contexto de sustentabilidade, caracterizado por: sensibilidade polo medio ambiente e polos diferentes organismos que o integran, así como concienciación polo desenvolvemento sostible.
D11	CGIP3.- Razoamento crítico e respecto profundo pola ética e a integridade intelectual.
D12	CGS1.- Adaptación a novas situacións legais ou novidades tecnolóxicas, así como a excepcións asociadas a situacións de urxencia.
D13	CGS2.- Aprendizaxe autónoma.
D15	CGS4.- Sensibilización cara á calidade, o respecto ambiental, o consumo responsable de recursos e a recuperación de residuos.

Resultados de aprendizaxe

Resultados previstos na materia	Resultados de Formación e Aprendizaxe
Identificar as aplicacións biotecnolóxicas dos microorganismos, plantas e animais e saber manipularlos para a súa utilidade no sector biotecnolóxico	C3 D1 D2 D3 D4 D5 D10 D11 D12 D13 D15
Utilizar as bases de datos biolóxicas para a obtención, análise e interpretación da información	C7 D1 D2 D3 D4 D5 D10 D11 D12 D13 D15

Contidos

Tema	
Introdución á Bioinformática. Unix	Introdución aos Sistemas Operativos. Comandos básicos. Sistema de arquivos. Xestión de arquivos e directorios. Outros comandos.
Evolución molecular	Homoloxía molecular: substitución, inserción e deleción. Aliñamento múltiple. Modelos de substitución nucleotídica e aminoacídica. Selección de modelos. Métodos filoxenéticos. Reconstrución de máxima verosimilitud. Erro e confianza filoxenética.
Análisis xenómico	Procuras en bases de datos: BLAST. Proxectos xenoma. Xenómica Estrutural. Secuenciación. Predición xénica. Anotación Funcional. Xenómica Comparativa.
Biología estrutural I	Visualización de macromoléculas biolóxicas. Predición de características 1 D de proteínas: secuencias, dominios. Estrutura tridimensional de proteínas. Predición de estrutura 3D de proteínas: modelado por homoloxía e modelado mediante threading ou deseño por homoloxía remota. Métodos ab initio. Docking molecular: Predición de interaccións proteína-substrato e proteína-proteína. Avaliación dos métodos de predición.
Biología estrutural II	Estrutura de RNA. Predición de estruturas de RNA. Bases de datos e servidores de programas de análises de: secuencias, motivos estruturais e estruturas funcionais.

Planificación

	Horas na aula	Horas fóra da aula	Horas totais
Sesión maxistral	11	5.5	16.5
Prácticas en aulas de informática	11	16.5	27.5
Foros de discusión	0	1	1
Titoría en grupo	2	0	2
Probas de tipo test	2	12	14
Informes/memorias de prácticas	0	14	14

*Os datos que aparecen na táboa de planificación son de carácter orientador, considerando a heteroxeneidade do alumnado.

Metodoloxía docente

	Descrición
Sesión maxistral	Clases de presentación de contidos, de exercicios y de discusión
Prácticas en aulas de informática	Exercicios no ordenador
Foros de discusión	Discusión online

Atención personalizada	
Metodoloxías	Descrición
Sesión maxistral	Responderase as cuestións particulares de cada alumno
Prácticas en aulas de informática	Responderase as cuestións particulares de cada alumno
Foros de discusión	Responderase as cuestións particulares de cada alumno
Titoría en grupo	Responderase as cuestións particulares de cada alumno
Probas	Descrición
Probas de tipo test	Responderase as cuestións particulares de cada alumno
Informes/memorias de prácticas	Responderase as cuestións particulares de cada alumno

Avaliación			
	Descrición	Cualificación	Resultados de Formación e Aprendizaxe
Probas de tipo test	Realizarase unha proba tipo test para avaliar os coñecementos adquiridos durante a realización das clases maxistras e as prácticas en computador	25	C3 D1 C7 D5 D13
Informes/memorias de prácticas	Avaliarase o resumo/informe razoado/memoria sobre os exercicios prácticos no computador realizados en clase. O resumo/informe/memoria deberase entregar nas 24 horas seguintes á clase. Cada informe supoñerá o 15% da cualificación. Haberá que realizar un informe por cada unha das sesións, en total 5 informes o que supón o 75% da nota.	75	C3 D2 C7 D3 D4 D5 D10 D11 D12 D13 D15

Outros comentarios sobre a Avaliación

O exame final da primeira oportunidade realizarase o 20 de decembro de 2016 de 16:00 a 17:00 na aula de docencia. O exame da segunda oportunidade terá lugar o 28 de Xuño de 2017 de 16:00 a 17:00 na aula de docencia. Para presentarse ao exame da segunda oportunidade será necesario entregar os 5 informes previamente. Terán prioridade para obter MH aqueles alumnos que se avalíen na primeira oportunidade.

Bibliografía. Fontes de información

Arthur M. Lesk, **Introduction to Bioinformatics**, 3ª,

David W. Mount, **Bioinformatics. Sequence and genome analysis**, 2ª,

Arthur M. Lesk (2008). Introduction to Bioinformatics, 3ª edición. Oxford University Press.

David W. Mount (2004). Bioinformatics. Sequence and genome analysis, 2ª edición. CSHL Press.

Recomendacións

Materias que se recomenda ter cursado previamente

Xenómica e Proteómica/V02M074V01103

Enxeñaría Xenética e Transxénese/V02M074V01101

Técnicas de Aplicación en Biotecnoloxía/V02M074V01107

Outros comentarios

Dado que parte da bibliografía recomendada para esta materia atópase en inglés, é aconsellable ter coñecementos desta lingua, polo menos, a nivel de comprensión de textos escritos.