

1. DESCRIPCIÓN DE LA ASIGNATURA

Grado:	Biotecnología
Doble Grado:	
Asignatura:	Bioinformática
Módulo:	Métodos Instrumentales de Análisis y Biología Molecular de Sistemas
Departamento:	Biología Molecular e Ingeniería Bioquímica
Año académico:	2015-2016
Semestre:	Segundo semestre
Créditos totales:	6
Curso:	3º
Carácter:	Obligatoria
Lengua de impartición:	Español

Modelo de docencia:	B2
a. Enseñanzas Básicas (EB):	60%
b. Enseñanzas de Prácticas y Desarrollo (EPD):	25%
c. Actividades Dirigidas (AD):	15%

2. RESPONSABLE DE LA ASIGNATURA

Responsable de la asignatura	
Nombre:	Antonio J. Pérez Pulido
Centro:	Facultad de Ciencias Experimentales
Departamento:	Biología Molecular e Ingeniería Química
Área:	Genética
Categoría:	Profesor Contratado Doctor
Horario de tutorías:	Miércoles, Jueves y Viernes de 11:00 a 13:00. Previa cita telefónica o por correo electrónico a través del campus virtual
Número de despacho:	Despacho nº17, 2ª planta, edif. 22 (o despacho del CABD)
E-mail:	ajperez@upo.es
Teléfono:	954 34 86 52

3. UBICACIÓN EN EL PLAN FORMATIVO

3.1. Descripción de los objetivos

La Bioinformática es un área interdisciplinar orientada al análisis computacional de datos biológicos. Principalmente viene a dar respuesta al gran crecimiento de datos procedentes de las áreas de Biología Molecular y Genética, de manera especial en forma de secuencias de nucleótidos y aminoácidos desde los proyectos de secuenciación a nivel genómico. La bioinformática se encarga de almacenar la información y dar acceso a las bases de datos resultantes, pero también desarrolla y ofrece herramientas de análisis sobre los datos de esos repositorios, pudiendo compararse información nueva contra la ya conocida y así producir nuevo conocimiento.

Dentro de la bioinformática podemos encontrar dos tipos principales de usuarios:

- Profesionales en bioinformática
 - se requieren conocimientos de biología e informática,
 - realizan investigación básica y/o en colaboración con grupos experimentales.
- Usuarios de bioinformática
 - uso de herramientas y bases de datos disponibles y desarrollo de pequeños programas específicos,
 - a veces se requiere colaboración con bioinformáticos

En biotecnología, todos los biotecnólogos y biotecnólogas acabaréis siendo usuarios de bioinformática en más de una ocasión. De hecho, tener habilidades en bioinformática es algo muy demandado en la actualidad en cualquier laboratorio científico. Y aunque para solucionar problemas muy específicos a veces necesitaréis disponer de profesionales en bioinformática, especialmente para desarrollo de programas, los conocimientos y competencias que ofrece esta asignatura ayudarán a entender cómo solucionar el problema y lograrlo mayoritariamente de forma independiente. Durante esta asignatura, trabajaremos competencias para funcionar tanto como usuarios como desarrolladores, algo que os puede hacer imprescindibles en cualquier laboratorio.

3.2. Aportaciones al plan formativo

Dentro del módulo de 3er curso de Biotecnología, la Bioinformática es una asignatura que aporta metodologías de análisis por ordenador (al contrario que la asignatura de Técnicas de análisis instrumental, basada más en metodologías de laboratorio). Pero a su vez, la asignatura aporta metodologías y técnicas de análisis de la mayoría de temas tratados en la asignatura de Análisis biómico, la cual está muy relacionada con la Bioinformática. En concreto, la asignatura de Bioinformática propone técnicas de análisis de resultados de experimentos biómicos, así como predicciones o filtros previos

a la puesta en marcha de estos experimentos.

Asimismo, la asignatura aporta técnicas de análisis que ayudarán a filtrar datos y acelerar y centrar experimentos de laboratorio estudiados en asignaturas de 2º semestre de 3er curso del grado como Biotecnología Vegetal, de 4º curso como Biotecnología Animal, así como de optativas como Diagnóstico Molecular, e Ingeniería Farmacéutica y Diseño de Medicamentos.

3.3. Recomendaciones o conocimientos previos requeridos

Para cursar esta asignatura es esencial tener conocimientos básicos de Biología Molecular, especialmente sobre secuencias de ADN y proteínas, además de habilidades elementales de manejo de ordenadores y de la red internet. Por ello, para los estudiantes de Biotecnología, se recomienda haber cursado y superado las asignaturas de Genética, Bioquímica: Biomoléculas e Informática de 1º, y Genética Molecular e Ingeniería Genética de 2º.

4. COMPETENCIAS

4.1 Competencias de la Titulación que se desarrollan en la asignatura

2) Ser capaz de transmitir la información tanto a otros profesionales de su área de trabajo o de áreas afines, como a un público no especializado, así como emitir juicios que incluyan una reflexión sobre temas relevantes de índole social, científica o ética.

4) Desarrollar los métodos de adquisición, interpretación y análisis de la información junto con una comprensión crítica de los contextos apropiados para su uso, para aplicar sus conocimientos de forma profesional y demostrar sus competencias por medio de la elaboración y defensa de argumentos y la resolución de problemas dentro de su área de estudio.

11) Asimilar conocimientos relevantes de procedencia multidisciplinar, así como emitir reflexiones y juicios basados en la integración de dichos conocimientos.

13) Ser consciente de la importancia del trabajo en equipo y potenciación de la discusión crítica de objetivos comunes.

18) Conocer las metodologías y tecnologías apropiadas para la correcta exposición y comunicación de los diferentes aspectos que afectan a la biotecnología (análisis de datos, bioestadística, etc.).

28) Adquirir las capacidades de observación e interpretación de los resultados obtenidos.

39) Diseñar algoritmos de complejidad media para la resolución de problemas informáticos.

40) Diseñar y codificar programas informáticos de aplicación sencillos en un lenguaje de programación.

41) Aprender los conceptos y las técnicas estadísticas aplicadas a la biotecnología.

4.2. Competencias del Módulo que se desarrollan en la asignatura

1) Conocer y saber aplicar la metodología analítica así como sus criterios de validación.

6) Conocer y saber usar los sistemas de tratamiento de datos obtenidos por las distintas técnicas.

7) Saber interpretar correctamente los resultados finales de la técnica y poder ofrecer una respuesta fiable de la misma.

14) Deducir posibles funciones de genes, proteínas y metabolitos en función de patrones de expresión, interacciones, localización, o fenotipos de pérdida de función.

4.3. Competencias particulares de la asignatura

- 8) Acceder a bases de datos moleculares para extraer información diversa
- 9) Analizar secuencias y familias de secuencias moleculares realizando alineamientos.
- 10) Predecir y visualizar estructuras de proteínas.
- 11) Procesar datos de experimentos ómicos.
- 12) Realizar pequeños programas informáticos en Perl y guiones en Linux, y conocer todas las posibilidades de la programación por guiones.

5. CONTENIDOS DE LA ASIGNATURA (TEMARIO)

Bloques de Enseñanzas Básicas (EB):

Bloque 0. Introducción.

Tema 0. Introducción. Definición e historia de la bioinformática. Tipos de usuarios en bioinformática. Crecimiento de datos biológicos. Proyectos de secuenciación genómica. Ámbitos de actuación. Portales web de referencia en bioinformática. Bioinformática y biotecnología.

Bloque 1. Biología Computacional.

Tema 1.1. Sistemas operativos. Arquitectura de computadores. Sistemas operativos: MS-Windows, Linux. Comandos básicos en Linux. Arquitectura cliente-servidor. Servidores de datos: discos remotos; conexiones remotas (telnet y ssh); servidores FTP; servidores HTTP; servidores de bases de datos. Servidores de bases de datos: mysql y postgres.

Tema 1.2. Lenguajes de programación. Tipos de lenguajes. Programación web en HTML. Programación web dinámica: PHP, javascript. Programación de shells en Linux. Lenguaje PERL (Practical Extraction and Report Language). El proyecto BioPerl. Programación CGI (Common Gateway Interface) para servidores web.

Bloque 2. Fuentes de datos y herramientas bioinformáticas.

Tema 2.1. Bases de datos moleculares. Formatos de secuencia. Bases de datos de secuencias: EMBL, GenBank, UniProt. Crecimiento de las bases de datos moleculares. Acceso a las bases de datos: sistemas SRS, Entrez. Uso de operadores booleanos. Acceso por FTP y manejo de base de datos en Linux. Bases de datos bibliográficas (Medline). Herramientas para búsquedas bibliográficas: XplorMed. Otras bases de datos. Proyectos de secuenciación genómica (GOLD).

Tema 2.2. Comparación y alineamiento de secuencias. Comparación de dos secuencias (alineamiento par local o global). Sistemas de puntuación. Penalizaciones. Matrices de distancia. Grupos físico-químicos de aminoácidos. Matrices de puntos (dotplots). Alineamiento múltiple: Clustalw, T-Coffee.

Tema 2.3. Búsqueda de similitud. Conceptos de homología, similitud e identidad. Herramientas de búsqueda de similitud: Blast, FastA y programación dinámica (algoritmos de Needleman-Wunsch y Smith-Waterman). Parámetros de entrada de una búsqueda. Matrices de intercambio de aminoácidos: PAM, Blosum. Megablast. Blast en modo comando y uso de bases de datos de usuario. Genómica comparativa: comparación de genomas y búsqueda de regiones conservadas. Concepto moderno de sintenia. Búsqueda de ortólogos: Top-Blast y Blast cruzado.

Tema 2.4. Familias y motivos de secuencia. Filogenias moleculares. Enraizamiento de árboles filogenéticos: definición de grupos externos. Modelos escondidos de Markov: base de datos Pfam y herramienta HMMER. PSI-Blast (Position-Specific Iterated Blast). Redes neuronales. Modularidad proteica. Perfiles de secuencia y matrices de peso por posición. Patrones como expresiones regulares. Bases de datos de patrones

aminoacídicos: Prosite. Búsqueda de motivos: InterProScan, MEME.

Tema 2.5. Bioinformática estructural. Niveles de estructura en proteínas. Predicción de estructura 2D y 3D. Búsqueda de modelos por homología y Threading. Predicción de otras características estructurales: hélices transmembrana, motivos coiled-coil, accesibilidad al solvente e hidrofobicidad. Bases de datos de estructuras (PDB) y de clasificación de estructuras (SCOP, CATH). Visualización de estructuras proteicas. Estructura cuaternaria: interacción de proteínas. Diseño de medicamentos. Predicción de estructuras secundarias de ARN.

Tema 2.6. Análisis de expresión génica. Chips de DNA, microarrays: Affymetrix y cDNA. Diseño de experimentos. Fuentes de error. Resolución de réplicas y normalización de resultados. Perfiles de expresión génica. Bases de datos de microarrays. Clasificación y clustering. Enriquecimiento biológico. Herramientas de análisis de expresión génica: PreP, engene, GEPAS. Proteómica y metabolómica. RNA-Seq.

Sesiones de Actividades Dirigidas (AD):

AD1 - Sistema operativo Linux

AD2 - Lenguaje de programación Perl

AD3 - Presentación de resultados en bioinformática

Sesiones Enseñanzas Prácticas y de Desarrollo (EPD):

EPD1 - Bases de datos moleculares

EPD2 - Matrices de puntos

EPD3 - Búsqueda de similitud

EPD4 - Alineamientos múltiples y filogenias

EPD5 - Búsqueda de dominios y motivos

EPD6 - Predicción de estructura

6. METODOLOGÍA Y RECURSOS

Debido a que la bioinformática es una disciplina eminentemente práctica, un fuerte componente de esta asignatura será la aplicación de todo lo aprendido a casos reales. En concreto, la asignatura se dividirá en distintas partes, que se integrarán para conseguir un objetivo final práctico:

6.1. Clases teóricas (2 horas semanales)

En las clases teóricas se impartirán todos los conceptos básicos de la misma, tratando de integrar toda la información a lo largo de los distintos temas que se vayan tratando, además de con otras materias ligadas a la biotecnología. En concreto, se presentarán casos prácticos en todos los temas donde se pretende que seáis participativos dando vuestra opinión o proponiendo formas de resolver cuestiones concretas. Este último punto será fomentado asignando puntos extra en la asignatura (0,1 por cada opinión o respuesta de valía, indicada por el profesor).

6.2. Clases prácticas (sesiones de 2 horas por grupo)

En las clases prácticas se aplicará todo lo aprendido durante las clases teóricas, fomentándose la aplicación y adaptación a casos prácticos de las herramientas y fuentes de datos existentes en bioinformática. Al tratarse de un trabajo práctico, en el que a priori no sabemos qué resultados nos vamos a encontrar en cada caso, será importante saber utilizar las fuentes de datos y herramientas aprendidas durante la asignatura, usar conocimientos de otras asignaturas del grado (principalmente del mismo módulo), además de tener espíritu crítico, más aun teniendo en cuenta que puede descubrirse conocimiento nuevo o incluso rebatirse el conocimiento actual sobre el gen/proteína estudiado en el trabajo final de la asignatura, que se realizará en grupos de 4.

6.3. Herramientas de tecnología de la información y la comunicación (TIC)

Por tratarse la bioinformática de una herramienta híbrida entre la biología y la informática, el buen uso de herramientas y programas informáticos es imprescindible para obtener buenas competencias en esta materia. Por ello, durante la asignatura se utilizará un gran número herramientas TIC, principalmente localizadas en el aula virtual de la misma. Entre otras, se utilizarán los foros de discusión para dudas, herramientas de videoconferencia y/o chat para tutorías, entrega de trabajos y exámenes evaluables automáticamente, y herramientas de la web 2.0 como páginas wiki y blogs. Adicionalmente, algunas de las prácticas del apartado anterior se realizarán de forma virtual usando estas herramientas.

6.4. Trabajo autónomo

Todo este trabajo requerirá de vosotros un trabajo autónomo, fuera de las clases, en el que debéis revisar, asimilar, y aplicar los conocimientos y competencias trabajadas en todas las tareas y actividades del curso. Este trabajo autónomo también integrará la realización de las actividades dirigidas y el trabajo práctico de la asignatura.

En concreto, para hacerte una idea aproximada de la distribución de horas de la asignatura, debes tener en cuenta que se requerirán unas 3 horas de media a la semana de trabajo autónomo.

Al principio de la asignatura se publicará una guía didáctica de unas 40 páginas, con información más detallada sobre cada aspecto de la asignatura.

7. EVALUACIÓN

Esta asignatura está dividida, por igual, en una parte teórica y otra práctica, y ambas serán evaluadas de forma integrada por evaluación continua. Durante el curso realizaréis pequeños exámenes que servirán para evaluar la parte teórica y su aplicación, mientras que la parte práctica será evaluada por medio de un trabajo en el que se aplicarán los conocimientos adquiridos durante el curso. Concretamente, los 10 puntos de la evaluación se repartirán entre las siguientes tareas:

- I. Trabajo de prácticas (4 puntos)
- II. Aportación individual (2 puntos)
- III. Actividades dirigidas y mini-exámenes (4 puntos)

Todas las tareas citadas son obligatorias y deberán aprobarse (la I y II conjuntamente) de manera independiente para poder aprobar todo el curso. Si en alguna de ellas se obtuviera menos de 5 puntos sobre 10 (en la tarea I+II ó en la III) ésta quedará pendiente para la siguiente convocatoria de evaluación.

No se podrá optar a Sobresaliente en la nota final de la asignatura si se obtuviera menos de 7 puntos en uno de los 3 bloques principales de la misma (I, II ó III).

La nota numérica final se obtendrá al sumar los puntos de los 3 apartados citados.

I. Trabajo de prácticas

Debido al carácter práctico de la bioinformática, el trabajo de prácticas de la asignatura supondrá un gran aporte para la nota final. Además se fomentará el trabajo en grupo, ya que debe ser realizado por grupos de cuatro estudiantes. Este trabajo consistirá en el análisis bioinformático global de la secuencia molecular de un gen propuesto. Para ello, habrá que buscar esta secuencia, junto con el resto de representantes de su familia, y aplicarle todos los análisis bioinformáticos aprendidos durante el curso, escribiendo el 'material y métodos' empleado, junto con una discusión y conclusiones sobre todos los resultados obtenidos.

El documento final, el cual se desarrollará y entregará como página web wiki o web colaborativa, y deberá seguir un esquema general de trabajo científico.

II. Aportación individual

Algunos aspectos del trabajo de prácticas, relacionados con la aportación individual al grupo de trabajo, serán evaluados de forma individual. Concretamente, se valorarán las aportaciones semanales de cada miembro del grupo a la página wiki, especialmente aquellas de especial interés o importancia en el trabajo final.

III. Actividades dirigidas y mini-exámenes

A lo largo del curso se llevarán a cabo 3 sesiones de actividades dirigidas, 2 de las

cuales tendrán lugar en aula de informática. Estas actividades serán evaluadas posteriormente para comprobar las competencias adquiridas en las mismas. Adicionalmente, durante los 10-20 minutos previos a las EPD se deberán realizar exámenes cortos sobre la teoría y/o los guiones de prácticas. Los exámenes serán de preguntas tipo test, preguntas de respuesta corta y problemas sobre casos prácticos del mismo tipo que los estudiados durante el curso. Estos exámenes se llevarán a cabo en un aula de ordenadores, utilizando las herramientas del campus virtual y contarán para la nota final.

En la guía didáctica que se publicará al comienzo de la asignatura, se entregará una hoja de evaluación detallada de cada uno de los apartados descritos.

Recomendaciones de cara a la recuperación

- Si no se aprobó en primera convocatoria el trabajo de prácticas (tareas I+II), éste deberá presentarse en la siguiente convocatoria.
- Si no se aprobó la tarea III, se deberá realizar y aprobar un examen complementario, con problemas similares a los propuestos durante el curso.
- Para aprobar la asignatura, será necesario aprobar (con un 5 sobre 10) todas las tareas por separado (la I+II y la III).
- La nota de las tareas aprobadas en una convocatoria se guardará para la siguiente convocatoria, pero nunca para el curso siguiente.

8. BIBLIOGRAFÍA GENERAL

Existen tres libros básicos que tratan la mayoría del temario de la asignatura. Pero no hay un único texto que cubra todo el programa con la extensión y detalle que requieren algunos temas. Además de los libros recomendados, existen otros genéricos y específicos sobre Bioinformática que podrás encontrar en la biblioteca de la UPO:
<http://athenea.upo.es>

4.1. Bibliografía básica (manuales del curso)

- David W. Mount. Bioinformatics: sequence and genome analysis. New York : Cold Spring Harbor, 2004.
- Arthur M. Lesk. Introduction to bioinformatics. Oxford : Oxford University, 2008.
- Teresa K. Attwood, David J. Parry-Smith. Introducción a la bioinformática. Madrid : Prentice Hall, 2002.

4.2. Bibliografía complementaria (monografías del curso)

- Cynthia Gibas and Per Jambeck. Developing bioinformatics computer skills. Beijing [etc.] : O'Reilly, 2001.
- Jean-Michel Claverie and Cedric Notredame. Bioinformatics for dummies. New York : Wiley, 2003.
- Michael R. Barnes and Ian C. Gray. Bioinformatics for geneticists. Chichester : John Wiley & Sons, cop. 2003.
- Jeff Augen. Bioinformatics in the post-genomic era: genome, transcriptome, proteome and information-based medicine. Boston [etc.] : Addison-Wesley, cop. 2005.
- Hooman H. Rashidi, Lukas K. Buehler. Bioinformatics basics: applications in biological science and medicine. Boca Raton, Florida : CRC Press , cop. 2000.

4.3. Bibliografía específica (monografías del curso)

- Victor A. Albert. Parsimony, phylogeny and genomics. Oxford : Oxford University Press, 2005.
- Jason T.L. Wang et al. Data mining in bioinformatics. London : Springer, 2005.
- Mohammed Zaki and Chris Bystroff. Protein structure prediction. Totowa (New Jersey) : Humana Press, 2007.
- Dov Stekel. Microarray bioinformatics. Cambridge ; New York : Cambridge University Press, 2003.

Adicionalmente, en el aula virtual estará disponible una lista de enlaces a páginas web de interés para el curso, incluido un portal de YouTube específico de la asignatura (<http://www.youtube.com/user/upobioinfo>).