

DATOS IDENTIFICATIVOS				
Bioinformática				
Asignatura	Bioinformática			
Código	V02M074V01104			
Titulacion	Máster Universitario en Biotecnoloxía Avanzada			
Descriptores	Creditos ECTS	Carácter	Curso	Cuatrimestre
	3	OB	1	1c
Lengua Impartición	Castellano Gallego			
Departamento	Bioquímica, genética e inmunología Dpto. Externo			
Coordinador/a	Dorado de la Calle, Julián Canchaya Sanchez, Carlos Alberto			
Profesorado	Arenas Busto, Miguel Becerra Fernández, Manuel Canchaya Sanchez, Carlos Alberto Dorado de la Calle, Julián Rodríguez Torres, Ana María			
Correo-e	julian@udc.es canchaya@uvigo.es			
Web	http://http://masterbiotecnologiaavanzada.com/index.php/plan-docente/materias			
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		Tipología
CE3	CEC3.- Conocer las aplicaciones biotecnológicas de los microorganismos, plantas y animales y saber manipularlos de cara a su aplicación biotecnológica.	- saber - saber hacer
CE7	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.	- saber - saber hacer
CT1	CGI1.- Capacidad de análisis y síntesis (localización de problemas e identificación de las causas y su tipología).	- saber - saber hacer
CT2	CGI2.- Capacidad de organización y planificación de todos los recursos (humanos, materiales, información e infraestructuras).	- saber - saber hacer
CT3	CGI3.- Capacidad de gestión de la información (con apoyo de las tecnologías de la información y las comunicaciones).	- saber - saber hacer
CT4	CGI4.- Capacidad de planificación y elaboración de estudios técnicos en biotecnología microbiana, vegetal y animal.	- saber - saber hacer
CT5	CGI5.- Capacidad para identificar problemas, buscar soluciones y aplicarlas en un contexto biotecnológico profesional o de investigación.	- saber - saber hacer

CT10	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.	- saber - saber hacer
CT11	CGIP3.- Razonamiento crítico y respeto profundo por la ética y la integridad intelectual.	- saber - saber hacer
CT12	CGS1.- Adaptación a nuevas situaciones legales o novedades tecnológicas, así como a excepcionalidades asociadas a situaciones de urgencia.	- saber - saber hacer
CT13	CGS2.- Aprendizaje autónomo.	- saber - saber hacer
CT15	CGS4.- Sensibilización hacia la calidad, el respeto medioambiental, el consumo responsable de recursos y la recuperación de residuos.	- saber - saber hacer

Resultados de aprendizaje

Resultados de aprendizaje	Competencias
Identificar las aplicaciones biotecnológicas de los microorganismos, plantas y animales y saber manipularlos de cara a su utilidad en el sector biotecnológico	CE3 CT1 CT2 CT3 CT4 CT5 CT10 CT11 CT12 CT13 CT15
Utilizar las bases de datos biológicas para la obtención, análisis e interpretación de la información	CE7 CT1 CT2 CT3 CT4 CT5 CT10 CT11 CT12 CT13 CT15

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 deleción. 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

Atención personalizada

Metodologías	Descripción
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
Pruebas	Descripción
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

Evaluación

	Descripción	Calificación	Competencias Evaluadas
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	CE3 CE7 CT1 CT5 CT13
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	CE3 CE7 CT2 CT3 CT4 CT5 CT10 CT11 CT12 CT13 CT15

Otros comentarios y evaluación de Julio

El examen final de la primera oportunidad se realizará el 19 de diciembre de 2017 de 15:00 a 16:00 en el aula de docencia. El examen de la segunda oportunidad tendrá lugar el 25 de Junio de 2018 de 17:00 a 18:00 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

Bibliografía Básica

Bibliografía Complementaria

Arthur M. Lesk, Introduction to Bioinformatics, 4ª, Oxford University Press, 2013, Oxford, England

David W. Mount, Bioinformatics. Sequence and genome analysis, 2ª, 2004,

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.