

**GUIA DOCENTE DE LA ASIGNATURA
DESCRIPTION OF INDIVIDUAL COURSE UNIT**

Nombre de la asignatura/módulo/unidad y código Course title and code Nivel (Grado/Postgrado) Level of course (Undergraduate/Postgraduate) Plan de estudios en que se integra Programme in which is integrated Tipo (Troncal/Obligatoria/Optativa) Type of course (Compulsory/Elective) Año en que se programa year of study Calendario (Cuatrimestre) Calendar Créditos teóricos y prácticos Credits (theory and practices) Créditos expresados como volumen total de trabajo del estudiante (ECTS) Number of credits expressed as student workload (ECTS) Descriptores BOE Descriptors (main course contents) Contenidos/descriptores/palabras clave Course contents/descriptors/key words	Biocomputación / 16111T4 Grado Licenciatura en Bioquímica Optativa 2 2º Cuatrimestre: 22 febrero-11 junio 2010. Exámenes: 15/junio/2010, mañana y 15/septiembre/2010, mañana. 2T + 4P 6* (150 horas) *1 ECTS = 25 horas de trabajo. ver más abajo actividades y horas de trabajo estimadas Proyectos Genoma. Bases de datos genómicas. Redes. Rastreo de homologías. Secuencias de ADN y proteínas. Homologías y alineamientos. Estructura del genoma. Filogenia. Contenidos 1. Introducción. Biocomputación, Biología Computacional o Bioinformática. Proyectos Genoma. Genómica funcional. Genómica comparada. Genómica computacional. 2. Sistemas operativos: MS-Windows y Unix. El servidor del grupo de Bioinformática de la UGR: bioinfo2.ugr.es. Trabajo en remoto: telnet y SSH. Transferencia de ficheros: FTP y SCP. Interfaces gráficas de usuario (GUI): MS-Windows, X-Window y Aqua. Interfaces de línea de comandos (CLI): MS-DOS y bash. Principales comandos de Unix. 3. Programación en bioinformática: scripts (Bash, Perl, PHP). Programación de páginas web: Maquetación y diseño (HTML, PHP, Perl). Editores. Bases de datos. Alojamiento de páginas web en el servidor del grupo (bioinfo2.ugr.es). 4. Bases de datos de secuencias de ADN y proteínas: EMBL, SwissProt, GenBank. Estructura de los registros (formato) en las distintas bases de datos. Bases de datos integradas: Entrez, PubMed. 5. Recuperación de secuencias de las bases de datos. Sequence Retrieval System (SRS) y Entrez (GenBank). 6. Rastreo de bases de datos. Búsqueda de homologías. Algoritmos de alineamiento local. FASTA y BLAST.. 7. Introducción al paquete de software EMBOSS para el análisis de secuencias. 8. Edición de secuencias. Formatos FASTA, EMBL y GenBank. Intercambio de formatos. 9. Análisis básico de secuencias de ADN y proteínas. Contenido en G+C de una secuencia. Composición de dinucleótidos y trinucleótidos. [The Genetic Codes]. Uso de codones. Búsqueda de patrones. [Códigos de una y tres letras para los aminoácidos]. Composición de aminoácidos de una proteína. Representación caótica de secuencias. Mapas de restricción. Sitios con potencial antigénico en una proteína. 10. Comparación de dos o más secuencias. Matriz de puntos. Algoritmos de alineamiento. Penalizaciones. Alineamiento múltiple. 11. Filogenias moleculares. Divergencia evolutiva entre secuencias. Árboles filogenéticos. Métodos basados en distancias. Método de máxima parsimonia. WebPhylip, MEGA. Filogenómica. 12. Genómica funcional. Búsqueda de las pautas abiertas de lectura (ORFs). Propiedades estadísticas de las regiones codificadoras de proteínas. Métodos para estimar el potencial codificador de una
--	---

Objetivos (expresados como resultados de aprendizaje y competencias)
Objectives of the course (expressed in terms of learning outcomes and competences)

Prerrequisitos y recomendaciones (E, esencial; R, recomendado; H, ayuda)
Prerequisites and advises (E, essential; R, recommended; H, helpful)
Bibliografía recomendada
Recommended reading

- secuencia. [Perfiles o matrices de pesos por posición \(PWMs\)](#).
13. Predicción de genes en procariotas. GeneMark.hmm.
 14. Predicción de genes en eucariotas. GAIL. GenScan. GenomeScan. GeneID. HMMgene.
 15. Evaluación de los métodos de predicción de genes. Sensibilidad y especificidad. [El portal 'Banbury Cross'](#). Sitios integrados para la predicción de genes: [GeneMachine](#).
 16. Búsqueda de otros elementos funcionales en el genoma. [Islas CpG. Promotores.](#)
 17. Genómica comparada. Bases de datos de genomas completos: UCSC Genome Browser. Bases de datos para genómica comparada. Grupos de genes ortólogos. Regiones evolutivamente conservadas.
 18. Perfiles de expresión génica: microarrays. Análisis funcional a escala de genomas completos: Babelomics.

Palabras clave: Bases de datos, software, genoma, homologías, filogenias.

El alumno sabrá/ comprenderá:

- Los conceptos y métodos matemáticos, estadísticos y computacionales (algoritmos, programas, bases de datos...) que permiten resolver problemas biológicos, utilizando para ello el ADN, las proteínas e información relacionada.

El alumno será capaz de:

- Desenvolverse con soltura en entornos mixtos: Unix, Windows
- Manejar bases de datos bioinformáticas
- Rastrear bases de datos moleculares: genes, proteínas, estructuras 3D, expresión génica
- Analizar secuencias de ADN y proteínas
- Comparar secuencias y reconstruir filogenias
- Predecir genes computacionalmente
- Comparar genomas completos
- Manejar herramientas informáticas para hacer análisis a nivel molecular
- Preparar una presentación sobre bioinformática

E: Conocimientos fundamentales de. Genética, Bioquímica y Estadística

R: Informática a nivel de usuario

H: Comprensión de textos en inglés científico.

- Attwood, T.K. & D.J. Parry-Smith. 1999. Introduction to Bioinformatics. Addison Wesley Longman Limited, Edimburgo. (Existe traducción al castellano).
- Baxevanis, A.D. & B.F. Francis Oullette (Eds.). 2002. Bioinformatics. A practical guide to the analysis of genes and proteins. 2nd Ed. Wiley-Interscience.
- Bishop, M. 1999. Bioinformatics. Taylor & Francis, UK.
- Claverie, J.M. and C. Notredame. 2003. Bioinformatics for dummies. Wiley Publishing, Inc.
- Gibas, C. y P. Jambeck. 2001. Developing Bioinformatics Computer Skills. O'Reilly
- Higgins, D. y W. Taylor. 2000. Bioinformatics: Sequence, structure and databanks. Oxford University Press.
- Higgs, P. & T.K. Attwood 2005. Bioinformatics and molecular evolution. Blackwell Publishing.
- Kanehisa, M. 2000. Post-genome informatics. Oxford University Press
- Li, W-H. 1999. Molecular evolution. Sinauer Associates Inc., Massachusetts, 2nd. Ed.
- Mount, David W. 2001. Bioinformatics. Sequence and Genome Analysis. Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- Nei, M. y S. Kumar. 2000. Molecular Evolution and Phylogenetics. Oxford University Press.
- Pevsner, J. 2003. Bioinformatics and Functional Genomics. John Wiley & Sons, Inc.
- Rashidi, H.H. and L.K. Buehler. 2000. Bioinformatics Basics. Applications in Biological Science and Medicine. CRC Press, Boca Raton.
- Salzberg, S., D. Searls, and S. Kasif (Eds). 1998. Computational Methods in Molecular Biology. Elsevier Science.
- Swindell, S.R., R.R. Miller y G.S.A. Myers. 1997. Internet for the Molecular Biologist. Horizon Scientific Press, Norfolk, UK.

Métodos docentes
Teaching methods

- Tisdall, J. 2001. Beginning Perl for Bioinformatics. O'Reilly

Clases teóricas

El profesor irá presentando las líneas maestras de cada tema del programa en las clases teóricas dedicadas a lecciones magistrales, lo que irá seguido de una discusión para aclarar aquellos aspectos que hayan resultado de más difícil comprensión para los estudiantes, y de una demostración práctica de los algoritmos expuestos. No cabe duda que esta actividad enriquecerá la formación de los estudiantes, no sólo en la comprensión de la asignatura sino también en aspectos tan importantes como, por ejemplo, el espíritu crítico, la expresión oral y el ejercicio de la argumentación científica.

Clases prácticas

Los créditos prácticos de la asignatura consistirán en el uso de ordenadores para acceder y ejecutar programas y bases de datos genómicas *on-line*.

Seminarios

A lo largo del curso, cada alumno desarrollará un proyecto de Bioinformática sobre un tema tutorizado por el Profesor. El objetivo que se persigue es iniciar al alumno en la investigación bioinformática mediante el análisis de secuencias de ADN y proteínas y el manejo de las correspondientes bases de datos. Se valorará especialmente el grado de iniciativa a la hora de elegir, planear y desarrollar el trabajo. Si el proyecto alcanza el nivel suficiente, se expondrá oralmente a final de curso y la nota obtenida, junto con la de evaluación continua en clase, permitirá aprobar la asignatura por curso. Este tipo de actividad aúna una serie de tareas fundamentales en la formación universitaria (búsqueda de información, análisis, síntesis, presentación y expresión oral) que son de todo punto imprescindibles en la ciencia actual.

Actividades y horas de trabajo estimadas
Activities and estimated workload
(hours)

Actividades	Horas presenciales	Factor de trabajo	Horas no presenciales	Horas totales	Créditos ECTS
Clases de teoría y sesiones de discusión	12				
	4				
	36				
	48				
	1,92				
Prácticas	8				
	5				
	40				
	48				
	1,92				
Seminarios (elaboración)	-				
	-				
	30				
	30				
	1,2				
Seminarios (exposición)	16				
	-				
	-				
	16				
	0,64				
Tutorías	3				
	-				
	-				
	3				
	012				
Exámenes	4				
	-				
	-				
	4				
	0,16				
Revisión de exámenes	1				
	-				
	-				
	1				
	0,04				
		Total:			
	44				
	106				
	150				
	6				

Tipo de evaluación y criterios de calificación
Assessment methods and criteria

Idioma usado en clase y exámenes

Language of instruction

Enlaces a más información

Links to more information

Nombre del profesor(es) y dirección de contacto para tutorías

Name of lecturer(s) and address for tutoring

Mecanismos para la garantía de la calidad (Quality assurance mechanisms)

Evaluación continua a través de las sesiones de discusión en clase
Trabajo personal realizado y presentado por el alumno.
Rendimiento en trabajos prácticos.
Examen final.

Español

Páginas web de la asignatura: <http://bioinfo2.ugr.es/biocomp/>, <http://bioinfo5.ugr.es/biocomp/>

José L. Oliver

Correo electrónico: oliver@ugr.es

Oficina: Departamento de Genética, Facultad de Ciencias, Campus de Fuentenueva, 18071 Granada

Encuestas de opinión/satisfacción

La garantía de calidad se basa en encuestas de opinión satisfacción para alumnos de la asignatura y profesores. La escala de respuesta es de tipo Likert con 5 categorías de respuesta (1 muy mala, 2 mala, 3 regular, 4 buena, 5 muy buena).

Objetivos (expresados como resultados de aprendizaje-competencia)

Usted sabe-conoce:

1. Conceptos básicos sobre sistemas operativos (Windows, Linux)
2. Acceso a bases de datos de secuencias de ADN y proteínas
3. [Recuperación y rastreo de secuencias](#) a partir de las bases de datos
4. [Análisis básico de secuencias](#) de ADN y proteínas
5. Técnicas para comparar secuencias de ADN y proteínas
6. Técnicas para la reconstrucción de filogenias moleculares
7. Predicción computacional de genes y otros elementos funcionales

Usted es capaz de:

1. Manejar bases de datos bioinformáticas
2. Analizar secuencias de ADN y proteínas
3. Predecir genes computacionalmente

Planificación de la asignatura

Cumplimiento

Actividades y horas de trabajo estimadas

1. ¿Considera adecuadas las horas asignadas para adquirir los conocimientos impartidos en las clases teóricas?
2. ¿Considera adecuadas las horas asignadas a adquirir los conocimientos de prácticas?
3. ¿Considera adecuadas las horas asignadas a la preparación de trabajos?
4. ¿Considera adecuadas las horas asignadas a la preparación de examen?

Evaluación

¿Cree adecuados los criterios aplicados para obtener la calificación por curso?

General

1. ¿La formación recibida se adecua para el futuro profesional?
2. Valore de forma global del sistema enseñanza/aprendizaje.
3. Indique si para su formación, alguna actividad realizada podría ser sustituir por otra más adecuada.
4. Indique sugerencias para mejorar la asignatura.

--

PLANIFICACIÓN ACTIVIDADES			
Sema na	Horas clase	Actividades	Contenidos
1	1,5	Lecciones 1	Introducción: Biocomputación, Bioinformática, Biología Computacional
2	1,5	Lecciones 1	Sistemas operativos, programación en bioinformática
	2	Prácticas grupo A	Trabajo en remoto: telnet y SSH. Transferencia de ficheros: FTP y SCP. Interfaces gráficas de usuario. Interfaces de línea de comandos. Principales comandos de Unix .
3	1,5	Seminarios	Librerías bioinformáticas: BioPerl, BioPhyton, librerías C++
4	1,5	Seminarios	Servidores de bioinformática
	2	Prácticas grupo B	Trabajo en remoto: telnet y SSH. Transferencia de ficheros: FTP y SCP. Interfaces gráficas de usuario. Interfaces de línea de comandos. Principales comandos de Unix .
5	1,5	Lecciones 1	Bases de datos de secuencias de ADN y proteínas. Rastreo de bases de datos, búsqueda de homologías.
6	1,5	Seminarios	Servicios web en bioinformática
7	1,5	Lecciones 1	Análisis de secuencias de ADN y proteínas. Comparación de secuencias
	2	Prácticas grupo A	Recuperación de secuencias de las bases de datos..Búsqueda de homologías. Análisis básico de secuencias de ADN y proteínas.
8	1,5	Seminarios	Análisis comparado de genes y proteínas
	2	Prácticas grupo B	Recuperación de secuencias de las bases de datos..Búsqueda de homologías. Análisis básico de secuencias de ADN y proteínas.
9	1,5	Lecciones 1	Filogenias moleculares
	2	Prácticas grupo A	Comparación de secuencias. Filogenia molecular
10	1,5	Lecciones 1	Búsqueda computacional de genes y otros elementos funcionales
	2	Prácticas grupo B	Comparación de secuencias. Filogenia molecular.
11	1,5	Seminarios	Anotación de regiones genómicas
12	1,5	Lecciones 1	Genómica comparada
	2	Prácticas grupo A	Búsqueda computacional de genes y otros elementos funcionales.
13	1,5	Seminarios	Navegadores genómicos.
14	2	Prácticas grupo B	Búsqueda computacional de genes y otros elementos funcionales
	1,5	Lecciones 1	Expresión génica: <i>microarrays</i>
15	3,5	Seminarios	Análisis bioinformático de genes implicados en enfermedades genéticas
16	3,5	Seminarios	Comparación de genomas