

MÓDULO	MATERIA	CURSO	SEMESTRE	CRÉDITOS	TIPO
Biotecnología	Biocomputación	3	5	6	Optativa
PROFESORES			DIRECCIÓN COMPLETA DE CONTACTO PARA TUTORÍAS		
José L. Oliver Michael Hackenberg			Correo electrónico: oliver@ugr.es , hackenberg@ugr.es Oficina: Departamento de Genética, Despacho No. 17, Facultad de Ciencias, Campus de Fuentenueva, 18071 Granada		
			Página web de la asignatura: http://bioinfo2.ugr.es/biocomputacion		
			Mirror: http://bioinfo5.ugr.es/biocomputacion		
GRADO EN EL QUE SE IMPARTE			HORARIO DE TUTORÍAS		
Grado en Bioquímica					
GRADO EN EL QUE SE IMPARTE			OTROS GRADOS A LOS QUE SE PODRÍA OFERTAR		
Grado en Bioquímica			Biología		
PRERREQUISITOS Y/O RECOMENDACIONES					
E: Conocimientos fundamentales de. Genética, Bioquímica y Estadística R: Informática a nivel de usuario H: Comprensión de textos en inglés científico. (E, esencial; R, recomendado; H, ayuda)					
BREVE DESCRIPCIÓN DE CONTENIDOS					
• Introducción a la programación en bioinformática • Navegadores genómicos • Búsqueda de homologías. • Matrices de pesos por posición y perfiles • Filogenia molecular • Predicción computacional de función biológica • Ontologías (<i>Gene Ontology</i>) • Análisis del interactoma					



COMPETENCIAS GENERALES Y ESPECÍFICAS

Transversales/genéricas: CT1, CT2, CT4, CT5, CT7
Específicas: CE24, CE25

OBJETIVOS

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

TEMARIO DETALLADO DE LA ASIGNATURA

- Introducción a la Biocomputación. Conceptos básicos.
- Bases de datos de secuencias. Secuencias de ADN. Codificación de la información en secuencias de DNA. Secuencias de proteínas. Genomas completos
- Navegadores genómicos. UCSC Genome Browser. Ensembl Genome Browser.
- Rastreo de bases de datos. FASTA y BLAST. BLAT.
- Análisis de secuencias. El paquete de software EMBOSS. Análisis básico.
- Análisis composicional. Uso de codones. Aleatorización de secuencias. Mapas de restricción.
- Comparación de secuencias. Matriz de puntos. Alineamiento global. Alineamiento múltiple.
- Biocomputación con MATLAB. Herramientas de Bioinformática: algunos comandos. Caso práctico: el genoma mitocondrial humano.
- Biocomputación mediante la plataforma Galaxy. Extracción de datos de UCSC. Análisis en genoma completo.
- Predicción de función biológica. Predicción de ORFs. Genes procarióticos. Genes eucarióticos. Predicción de islas CpG: cpgreport. cpgplot. CpGcluster. NGSmethDB.
- Análisis de datos de secuenciación masiva (NGS). El formato FASTQ. Preprocesado de reads: FastQC. Mapas: Single- and paired-ends reads.
- Detección de niveles de metilación. Secuenciación del ADN tratado con bisulfito. Cálculo los niveles de metilación de islas CpG, promotores y cuerpo génico.
- Análisis funcional. Ontologías: Gene Ontology. Babelomics. Diferencias en términos GO. Diferencias entre dos listas de genes. El interactoma.

BIBLIOGRAFÍA

- Attwood, T.K. & D.J. Parry-Smith. 1999. Introduction to Bioinformatics. Addison Wesley Longman Limited, Edimburgo. (Existe traducción al castellano).
- Baxeavanis, 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.
- Tisdall, J. 2001. Beginning Perl for Bioinformatics. O'Reilly

ENLACES RECOMENDADOS

- [A science primer:](#)
 - [Bioinformática](#)
 - [Mapas genómicos](#)
 - [Modelización molecular](#)
 - [SNPs](#)
 - [ESTs](#)
 - [Microarrays](#)
 - [Genética Molecular](#)
 - [Farmacogenómica](#)
 - [Filogenia molecular](#)
- [Genomics and its impact on Medicine and Society. A 2001 primer](#)
- [Dictionary of Genetic Terms](#)
- [Bioinformatics Educational Resource](#)
- [Tutorial de Perl](#)
- [Primer on Molecular Genetics](#)
- [Guías de Bioinformática \(EMBNet/CNB\)](#)
- [Sequence analysis course \(Dr. José R. Valverde, EMBNet/CNB\)](#)
- [Computational Phylogenetics \(CSC BioBox\)](#)
- [BioComputing hypertext coursebook](#)
- [BioComputing course on the Internet](#)
- [Internet for biologists](#)
- [Biocomputing Course Resource List](#)
- [Curso de HTML](#) (Asociación de Internautas)

METODOLOGÍA DOCENTE

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 trabajo personal de Biocomputación 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.



ugr

Universidad
de Granada

PROGRAMA DE ACTIVIDADES

Semestre	Tema	Actividades presenciales						Actividades no presenciales		
		Teoría (horas)	Prácticas (horas)	Tutorías colectivas (horas)	Exposición de trabajos (horas)	Exámenes (horas)	Contenidos	Estudio de teoría y problemas (horas)	Preparación y estudio de las prácticas (horas)	Preparación de trabajos (horas)
SEMANA 1	Introducción a la Biocomputación	2					Conceptos básicos	1		
SEMANA 2	Bases de datos de secuencias		4				Secuencias de ADN. Codificación de la información en secuencias de DNA. Secuencias de proteínas. Genomas completos	3	1	2
SEMANA 3	Navegadores genómicos		4				UCSC Genome Browser. Ensembl Genome Browser.	3	1	2
SEMANA 4	Rastreo de bases de datos		4				FASTA y BLAST. BLAT.	4	1	2
SEMANA 5	Análisis de secuencias		4				El paquete de software EMBOS. Análisis básico.	4	1	2
SEMANA 6	Análisis composicional	2					Uso de codones. Aleatorización de secuencias. Mapas de restricción.	3	1	2
SEMANA 7	Comparación de secuencias	1	1				Matriz de puntos. Alineamiento global. Alineamiento múltiple.	3	1	2
SEMANA 8	Biocomputación con MATLAB	1	1				Herramientas de Bioinformática: algunos comandos. Caso práctico: el genoma mitocondrial humano.	3	1	2
SEMANA 9	Biocomputación mediante la plataforma Galaxy	1	1				Extracción de datos de UCSC. Análisis en genoma completo.	4	1	2
SEMANA 10	Tutoría colectiva			4				3	1	2
SEMANA 11	Predicción de función biológica	1	1				Predicción de ORFs. Genes procarióticos. Genes eucarióticos. Predicción de islas CpG: cpgreport. cpgplot. CpGcluster. NGSmethDB.	4.5	1	2



SEMANA 12	Prueba evaluación continua					4		3	0.5	2
SEMANA 13	Análisis de datos de secuenciación masiva (NGS). Detección de niveles de metilación	1	1				El formato FASTQ. Preprocesado de reads: FastQC. Mapas: Single- and paired-ends reads. Secuenciación del ADN tratado con bisulfito. Cálculo los niveles de metilación de islas CpG, promotores y cuerpo génico.	3	1	2
SEMANA 14	Seminarios alumnos				4			3	0.5	3
SEMANA 15	Análisis funcional	1	1				Ontologías: Gene Ontology. Babelomics. Diferencias en términos GO. Diferencias entre dos listas de genes. El interactoma.	3	0.5	3

EVALUACIÓN

Evaluación por curso:

SISTEMA DE EVALUACIÓN	% CALIFICACIÓN FINAL
Exámenes orales y/o escritos	60
Resolución de problemas y casos prácticos	10
Asistencia y aprovechamiento en clase	10
Asistencia y participación en seminarios y/o exposición de trabajos	20

Examen extraordinario: Contenidos teóricos y prácticos.

INFORMACIÓN ADICIONAL

Página web de la asignatura:

<http://bioinfo2.ugr.es/biocomputacion>

Mirror:

<http://bioinfo5.ugr.es/biocomputacion>



ugr | Universidad
de Granada

Página 6

INFORMACIÓN SOBRE TITULACIONES DE LA UGR
<http://grados.ugr.es>