



## GUÍA DOCENTE CURSO: 2017-18

DATOS BÁSICOS DE LA ASIGNATURA			
Asignatura:	Bioinformática		
Código de asignatura:	49153215	Plan:	Grado en Biotecnología (Plan 2015)
Año académico:	2017-18	Ciclo formativo:	Grado
Curso de la Titulación:	3	Tipo:	Obligatoria
Duración:	Segundo Cuatrimestre		
DISTRIBUCIÓN HORARIA DE LA ASIGNATURA SEGÚN NORMATIVA			
	Créditos:	4,5	
	Horas totales de la asignatura:	112,5	
UTILIZACIÓN DE LA PLATAFORMA VIRTUAL:		Apoyo a la docencia	

DATOS DEL PROFESORADO			
Nombre	Yuste Lisbona, Fernando Juan		
Departamento	Dpto. de Biología y Geología		
Edificio	Edificio Científico Técnico II - B 2		
Despacho			
Teléfono	+34 950 214026	E-mail (institucional)	<a href="mailto:fyuste@ual.es">fyuste@ual.es@ual.es</a>
Recursos Web personales	<a href="#">Web de Yuste Lisbona, Fernando Juan</a>		
Nombre	Cámara Artigas, Ana María		
Departamento	Dpto. de Química y Física		
Edificio	Edificio Científico Técnico de Químicas (CITE I) 2		
Despacho	140		
Teléfono	+34 950 015623	E-mail (institucional)	<a href="mailto:acamara@ual.es">acamara@ual.es</a>
Recursos Web personales	<a href="#">Web de Cámara Artigas, Ana María</a>		

Puede verificar la autenticidad, validez e integridad de este documento en la dirección:  
<https://verificarfirma.ual.es/verificarfirma/code/0WbvUQ8vbxIf1Y0G0vRUWw==>

Firmado Por	Universidad De Almeria		Fecha	19/09/2017
ID. FIRMA	<a href="mailto:blade39adm.ual.es">blade39adm.ual.es</a>	<a href="https://verificarfirma.ual.es/verificarfirma/code/0WbvUQ8vbxIf1Y0G0vRUWw==">0WbvUQ8vbxIf1Y0G0vRUWw==</a>	PÁGINA	1/5
				
<a href="https://verificarfirma.ual.es/verificarfirma/code/0WbvUQ8vbxIf1Y0G0vRUWw==">0WbvUQ8vbxIf1Y0G0vRUWw==</a>				

## ELEMENTOS DE INTERÉS PARA EL APRENDIZAJE DE LA ASIGNATURA

### Justificación de los contenidos

La Bioinformática es un campo de estudio que comprende un gran abanico de disciplinas en las que participan científicos de muy diversa índole. Por ello, la Bioinformática podría definirse como una ciencia multidisciplinar donde convergen en armonía los planteamientos experimentales de la Biología Molecular y Genética, con los enfoques metodológicos y tecnológicos de la Ciencia de la Computación y la Ingeniería Informática, todo ello dirigido hacia la administración, el análisis y la comprensión del conocimiento Biológico y Científico.

El desarrollo de herramientas bioinformáticas ha experimentado una importante revolución en la última década, provocada por la combinación del impacto de Internet y los espectaculares avances en el campo de la Genómica y Proteómica, los cuales generan ingentes cantidades de datos, cuya gestión y análisis plantean numerosos problemas que deben ser resueltos desde una perspectiva bioinformática. Conocer cómo abordar y solucionar estos problemas son competencias que deberían poseer los investigadores y trabajadores en cualquiera de los ámbitos de la Biotecnología.

### Materia con la que se relaciona en el Plan de Estudios

\* Genética; \* Bioquímica; \* Genética Molecular; \* Ingeniería Genética; \* Genómica y Proteómica.

### Conocimientos necesarios para abordar la Asignatura

\* Conocimientos de Genética y Bioquímica; \* Conocimientos básicos de informática.

### Requisitos previos recogidos en la memoria de la Titulación

No existen requisitos previos para esta asignatura.

## COMPETENCIAS

### Competencias Generales

*Competencias Transversales de la Universidad de Almería*

- Capacidad para resolver problemas
- Habilidad en el uso de las TIC

*Competencias Básicas*

- Capacidad de comunicar y aptitud social

### Competencias Específicas desarrolladas

CTM01 - Conocer los lenguajes de programación y los sistemas operativos informáticos.

CTM02 - Obtener información sobre estructuras y funciones biológicas usando herramientas bioinformáticas.

CTM03 - Buscar y obtener información de las principales bases de datos sobre patentes y elaborar la memoria de solicitud de una patente de una invención biotecnológica (tecnología y/o producto biotecnológico) de forma correcta.

### OBJETIVOS/RESULTADOS DEL APRENDIZAJE

\* Conocer y comprender la importancia de la Bioinformática como disciplina científica, sus fundamentos y aplicaciones. \* Conocer los principales lenguajes de programación y sistemas operativos informáticos. \* Saber buscar, obtener e interpretar la información de las principales bases de datos biológicas, bibliográficas y de patentes; elaborar una solicitud de patente de una invención biotecnológica. \* Adquirir destreza en el uso de herramientas bioinformáticas utilizadas para el alineamiento de secuencias biológicas y su análisis filogenético, así como para la predicción de genes, estructuras proteicas y funciones biológicas. \* Proporcionar una visión general sobre las principales herramientas desarrolladas para el análisis de datos de secuenciación masiva de nueva generación (NGS).

Puede verificar la autenticidad, validez e integridad de este documento en la dirección:  
<https://verificarfirma.ual.es/verificarfirma/code/0WbvUQ8vbxIf1Y0G0vRUWw==>

Firmado Por

Universidad De Almería

Fecha

19/09/2017

ID. FIRMA

blade39adm.ual.es

0WbvUQ8vbxIf1Y0G0vRUWw==

PÁGINA

2/5



0WbvUQ8vbxIf1Y0G0vRUWw==

# PLANIFICACIÓN

## Temario

### Tema 1: Introducción a las bases de datos Bioinformáticas

La información biológica y la necesidad de la Bioinformática. Definición de Bioinformática. Bases de datos biológicas, bibliográficas y de patentes.

### Tema 2: Sistemas operativos y lenguajes de programación

Generalidades de los sistemas operativos. Introducción a la programación. Tipos de lenguaje de programación.

### Tema 3: Alineamiento de secuencias biológicas

Conceptos básicos del alineamiento de secuencias. Homología, identidad y similitud. Alineamiento local y global de pares de secuencias. Alineamiento múltiple de secuencias. Edición y visualización de alineamientos.

### Tema 4: Filogenia y evolución molecular: construcción e interpretación

Modelos evolutivos de genes y proteínas. Interpretación de un árbol filogenético. Métodos de reconstrucción filogenética. Programas útiles para la inferencia de árboles filogenéticos.

### Tema 5: Predicción génica y anotación funcional

Consideraciones relevantes en la anotación de genes. Predicción de la estructura de un gen. Búsqueda de pautas de lectura abierta (ORF). Anotación por términos ontológicos (GO).

### Tema 6: Manejo y análisis computacional de datos de secuenciación masiva de nueva generación (NGS)

Secuenciación de genomas: ensamblaje de novo y alineamiento a genomas de referencia. Identificación de variantes genéticas: variant calling format. Expresión diferencial con datos RNASeq. Clustering sobre datos de expresión génica: visualización mediante heatmaps.

### Tema 7: Bases de datos: recursos de información de proteínas

Búsqueda de secuencias de proteínas homologas. Búsquedas de estructuras. Herramientas para caracterizar las proteínas una vez conocida su secuencia y su estructura. Modelado de fármacos: interacción fármaco proteína, docking.

## Metodología y Actividades Formativas

\* Clases magistrales/participativas. \* Clases prácticas en aulas de informáticas con metodología de aprendizaje basado en problemas. \* Seminarios y actividades académicamente dirigidas.

## Actividades de Innovación Docente

Puede verificar la autenticidad, validez e integridad de este documento en la dirección:  
<https://verificarfirma.ual.es/verificarfirma/code/0WbvUQ8vbxIf1Y0G0vRUWw==>

<b>Firmado Por</b>	<b>Universidad De Almeria</b>	<b>Fecha</b>	<b>19/09/2017</b>
<b>ID. FIRMA</b>	<b>blade39adm.ual.es</b>	<b>PÁGINA</b>	<b>3/5</b>
			
0WbvUQ8vbxIf1Y0G0vRUWw==			

## PROCEDIMIENTO DE EVALUACIÓN DE LAS COMPETENCIAS

### Criterios e Instrumentos de Evaluación

\* Prueba final teórico-práctica (50%) donde se valorará el nivel de conocimientos, las capacidades de relación de distintos conceptos de la asignatura, la precisión en la redacción de las ideas, la claridad en las explicaciones y la concreción en las respuestas.

\* Valoración de las aptitudes adquiridas para la resolución de cuestiones prácticas (40%). Se realizará una evaluación continua de las prácticas, valorando la asistencia y capacidad de obtención de datos y su posterior análisis con las herramientas bioinformáticas utilizadas. Además, se evaluará el informe final de prácticas atendiendo a la interpretación de los resultados obtenidos.

\* Evaluación de seminarios de puesta en común y otras actividades complementarias (10%).

### Mecanismos de seguimiento

- Asistencia a tutorías
- Asistencia y participación en seminarios
- Entrega de actividades en clase

Puede verificar la autenticidad, validez e integridad de este documento en la dirección:  
<https://verificarfirma.ual.es/verificarfirma/code/0WbvUQ8vbxIf1Y0G0vRUWw==>

<b>Firmado Por</b>	<b>Universidad De Almeria</b>	<b>Fecha</b>	<b>19/09/2017</b>
<b>ID. FIRMA</b>	<b>blade39adm.ual.es</b>	<b>PÁGINA</b>	<b>4/5</b>
			
0WbvUQ8vbxIf1Y0G0vRUWw==			

## BIBLIOGRAFÍA

### Bibliografía recomendada

#### Básica

- Jeremy Ramsden. Bioinformatics: An Introduction. Springer. 2015.
- Lesk, A.M. Introduction to Bioinformatics. Oxford University Press. 2015.
- Roldán Martínez, David. Bioinformática: el ADN a un solo clic. RA-MA EDITORIAL. 2015.
- Ruchi Singh. Bioinformatics: Genomics and Proteomics. Vikas. 2017.
- Sebastián Yagüe, Álvaro. Bioinformática con Ñ. ARQUITECTURA VIVA AV. 2014.
- St. Clair, Caroline. Visick, Jonathan. Exploring bioinformatics a project--based approach. Burlington, Massachusetts Jones & Bartlett Learning. 2015.
- Supratim Choudhuri. Bioinformatics for Beginners: Genes, Genomes, Molecular Evolution, Databases and Analytical Tools. Academic Press. 2014.
- Teresa K. Attwood, David J. Parry-Smith. Introducción a la bioinformática. Madrid: Prentice Hall. 2002.
- Teresa K. Attwood, Stephen R. Pettifer, David Thorne. Bioinformatics Challenges at the Interface of Biology and Computer Science: Mind the Gap. Wiley-Blackwell. 2016.

#### Complementaria

- Agostino, Michael J. Practical bioinformatics. New York Garland Science. 2013.
- Pevzner, Pavel; Shamir, Ron. Bioinformatics for biologists. Cambridge University Press. 2011.
- Rodríguez-Ezpeleta, Naiara; Hackenberg, Michael; Aransay Ana M. Bioinformatics for High Throughput Sequencing. Springer. 2012.
- Samuelsson, Tore. Genomics and bioinformatics an introduction to programming tools for life scientists. Cambridge University Press. 2012.
- Veli Mäkinen, Djamel Belazzougui, Fabio Cunial, Alexandru I. Tomescu. Genome-Scale Algorithm Design: Biological Sequence Analysis in the Era of High-Throughput Sequencing. Cambridge University Press. 2015.

#### Otra Bibliografía

### Bibliografía existente en el Sistema de Información de la Biblioteca de la UAL

Puede ver la bibliografía existente en la actualidad en el Sistema de Gestión de Biblioteca consultando en la siguiente dirección:

<http://almirez.ual.es/search/e?SEARCH=BIOINFORMATICA>

## DIRECCIONES WEB

Puede verificar la autenticidad, validez e integridad de este documento en la dirección:  
<https://verificarfirma.ual.es/verificarfirma/code/0WbvUQ8vbxIf1Y0G0vRUWw==>

<b>Firmado Por</b>	<b>Universidad De Almeria</b>	<b>Fecha</b>	<b>19/09/2017</b>
<b>ID. FIRMA</b>	<b>blade39adm.ual.es</b>	<b>PÁGINA</b>	<b>5/5</b>
			
0WbvUQ8vbxIf1Y0G0vRUWw==			