Bioinformática

Curso Académico: (2018 / 2019) **Fecha de revisión: 16-04-2018**

Departamento asignado a la asignatura: Departamento de Bioingeniería e Ingeniería Aeroespacial

Coordinador/a: JORCANO NOVAL, JOSE LUIS

Tipo: Obligatoria Créditos ECTS : 6.0

Curso : 4 Cuatrimestre : 1

REQUISITOS (ASIGNATURAS O MATERIAS CUYO CONOCIMIENTO SE PRESUPONE)

El alumno debe haber cursado las materias Matemáticas, Programación y Biología Molecular y Celular y Bioquímica.

OBJETIVOS

El alumno adquirirá la capacidad de aplicar diferentes técnicas computacionales a resolver problemas complejos típicos de la biología y la medicina. Dichos problemas se caracterizan por implicar el análisis de grandes cantidades de información (búsqueda en bases de datos, análisis comparativos de secuencias de DNA, RNA, microRNAs y proteínas, búsqueda de dominios, evaluación de la patogenicidad de variantes, conservación evolutiva, filogenia..), de modo que en la práctica sólo son abordables mediante técnicas de computación intensiva, en las que se formará al alumno.

DESCRIPCIÓN DE CONTENIDOS: PROGRAMA

Los temas a tratar incluyen enfoques y técnicas computacionales para la búsqueda en bases de datos de secuencias, estructurales, de expresión y su relación con bases de datos de enfermedad, alineamiento y comparación de secuencias mediante uso de programación dinámica, predicción de la estructura génica, búsqueda de sitios de restricción, predicción de estructura secundaria, generación de vectores recombinantes in silico, obtención de la secuencia proteica codificada, predicción del plegado y la estructura de proteínas, predicción de dominios funcionales y de unión a proteínas, predicción de interacciones de proteínas, evaluación de la patogenicidad de variantes en enfermedad, análisis de evolución molecular y filogenético de secuencias. Se revisarán distintos ejemplos de estudio en las distintas áreas y los estudiantes harán uso de herramientas de biología computacional para su análisis.

ACTIVIDADES FORMATIVAS, METODOLOGÍA A UTILIZAR Y RÉGIMEN DE TUTORÍAS

La metodología docente incluirá:
-Clases magistrales, donde se presentarán los conocimientos que los alumnos deben adquirir. Para facilitar su desarrollo los alumnos recibirán las notas de clase y tendrán textos básicos de referencia que les facilite seguir las clases y desarrollar el trabajo posterior.
-Clases de problemas, en las que se desarrollen y discutan los problemas que se proponen a los alumnos.
-Prácticas en laboratorio computacional.

SISTEMA DE EVALUACIÓN

El sistema de evaluación incluye la evaluación continua del trabajo del alumno (participación en clase y 2 pruebas de evaluación de habilidades y conocimientos teórico-prácticos) y la evaluación final a través de un examen teórico-práctico en que se evaluará de forma global los conocimientos, destrezas y capacidades adquiridas a lo largo del curso. Los porcentajes asignados quedan definidos en los siguientes términos.

Peso porcentual del Examen Final: 60% (mínima nota requerida es igual a 4)
Peso porcentual del resto de la evaluación: 40%

Peso porcentual del Examen Final:	60
Peso porcentual del resto de la evaluación:	40

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA

- - Lesk, A.M Introduction to BioInformatics, Oxford University Press, Third Edition
- - Mount, DW Bioinformatics, Sequence and Genome Analysis, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Second Edition