Biología Computacional

Curso Académico: (2021 / 2022) **Fecha de revisión: 04-06-2021**

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)

Tener conocimientos de programación y fundamentos en Biología Molecular y Celular, y/o de 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:
1. 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.
2. Alineamiento y comparación de secuencias mediante uso de programación dinámica
3. Predicción de la estructura génica
4. Obtención de la secuencia proteica codificada
5. Predicción de estructura secundaria y análisis de plegamiento
6. Predicción de dominios funcionales y de unión a proteínas
7. Análisis de evolución molecular y filogenético de secuencias
8. Análisis de ligamiento y realización de mapas físicos para la identificación del gen asociado a enfermedad.
9. Análisis de la estructura del genoma, búsqueda de secuencias repetitivas y micrornas.
10. Evaluación de la patogenicidad de variantes en enfermedad.
11. Búsqueda de sitios de restricción y generación de vectores recombinantes in silico.

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 estará basada en clases online en la plataforma Blackboard collaborate e incluirá:
-Clases magistrales on line, donde se presentarán los conocimientos que los alumnos deben adquirir y las herramientas bioinformáticas a utilizar. 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. Se incluirá la resolución de problemas tipo sobre la materia impartida.
-Prácticas en laboratorio computacional on line, para la resolución de los ejercicios mediante las herramientas bioinformáticas necesarias.
-Clases presenciales para la resolución de dudas, tutorias y realización de los exámenes de evaluación continua.

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