



Guía docente				
Datos Identificativos				2015/16
Asignatura (*)	Bioinformática y Modelado de Biomoléculas	Código	610441020	
Titulación	Mestrado Universitario en Bioloxía Molecular , Celular e Xenética			
Descriptorios				
Ciclo	Periodo	Curso	Tipo	Créditos
Máster Oficial	2º cuatrimestre	Primero	Optativa	3
Idioma	Castellano			
Modalidad docente	Presencial			
Prerrequisitos				
Departamento	Bioloxía Celular e MolecularComputaciónTecnoloxías da Información e as Comunicacións			
Coordinador/a	Dorado de la Calle, Julian	Correo electrónico	julian.dorado@udc.es	
Profesorado	Becerra Fernandez, Manuel	Correo electrónico	manuel.becerra@udc.es	
	Dorado de la Calle, Julian		julian.dorado@udc.es	
	Perez Otero, Ramon		ramon.otero@udc.es	
Web				
Descripción general	<p>La gestión del conocimiento en biología es el terreno de la bioinformática, e incluye tanto la formalización de la información obtenida como su organización en bases de datos adecuadas, la extracción de relaciones entre la información dispersa, el modelado de los procesos biológicos y la generación de hipótesis para sustentar nuevas aproximaciones experimentales. Desde un punto de vista técnico, la bioinformática utiliza métodos computacionales (el propio desarrollo de métodos en esta área se suele denominar biología computacional) y recibe aportaciones de las matemáticas, la física y la ingeniería informática. Sin embargo, desde el punto de vista de los objetivos, la bioinformática es una rama de la biología, como pueden serlo la bioquímica o la microbiología. En este carácter claramente interdisciplinario de la bioinformática reside tanto su fuerza como su debilidad: por una parte, la aplicación de ideas traídas de otros campos produce constantemente avances espectaculares; pero, por otra parte, es difícil desarrollar los programas de formación adecuados.</p> <p>Para darse cuenta de la importancia de la bioinformática en la biología actual, quizás sea suficiente decir que el método más citado en las publicaciones de esta área es Blast, un método computacional que busca e identifica secuencias de proteínas y ácidos nucleicos en bases de datos: es decir, la operación técnica más realizada por biólogos es computacional, y no experimental. De hecho, la interpretación de cualquier experimento complejo en biología requiere, casi ineludiblemente, el análisis bioinformático, algo especialmente obvio si se trata de experimentos masivos.</p>			

Competencias del título	
Código	Competencias del título
A3	Capacidad de utilizar herramientas Bioinformáticas a nivel de usuario.
A9	Capacidad de comprender la estructura, y función de las proteínas a nivel individual y de la proteómica, así como de las técnicas necesarias para analizarlas y estudiar sus interacciones con otras biomoléculas
A11	Capacidad de comprender la estructura, función y evolución de los genomas y aplicar las herramientas necesarias para su estudio.
B1	Capacidad de análisis y síntesis de problemas biológicos en relación con la Biología Molecular, Celular y Genética.
B2	Capacidad de toma de decisiones para la resolución de problemas: que sean capaces de aplicar los conocimientos teóricos y prácticos adquiridos en la formulación de problemas biológicos y la búsqueda de soluciones.
B3	Capacidad de gestión de la información: que sean capaces de reunir e interpretar datos, información y resultados relevantes, obtener conclusiones y emitir informes razonados sobre cuestiones científicas y biotecnológicas.
B9	Capacidad de preparación, exposición y defensa de un trabajo.
C3	Utilizar las herramientas básicas de las tecnologías de la información y las comunicaciones (TIC) necesarias para el ejercicio de su profesión y para el aprendizaje a lo largo de su vida.
C6	Valorar críticamente el conocimiento, la tecnología y la información disponible para resolver los problemas con los que deben enfrentarse.
C8	Valorar la importancia que tiene la investigación, la innovación y el desarrollo tecnológico en el avance socioeconómico y cultural de la sociedad.



Resultados de aprendizaje			
Resultados de aprendizaje	Competencias del título		
Conocer el acceso a los principales canales de recursos Web de Bioinformática	AI3	BI3 BI9	CM3
Conocer y manejar con propiedad la nomenclatura del área de Bioinformática	AI3	BI3 BI9	CM3 CM6
Ser capaz de desenvolverse de forma autónoma para encontrar información sobre los distintos programas y sus parámetros modificables y comprender las repercusiones en el resultado de los análisis	AI3	BI2 BI3 BI9	CM3
Tener conocimientos bioinformáticos de cómo hacer una predicción de las características unidimensionales de una proteína	AI3 AI9 AI11	BI1 BI2 BI3	CM3 CM6 CM8
Ser capaz de realizar un predicción sencilla de la estructura tridimensional de una proteína basándose en datos y programas disponibles en la Web	AI3	BI1 BI2 BI3	CM3 CM6 CM8
Conocer los métodos básicos de simulación molecular y de cómo se utilizan para el estudio de las proteínas	AI3	BI1 BI2 BI3	CM3 CM6 CM8

Contenidos	
Tema	Subtema
Bioinformática	Recursos Web y Bases de datos en biología molecular. Análisis y comparación de secuencias. Alineamiento de secuencias. Localización de motivos. Búsqueda de genes. Anotación de genes. Navegadores del proyecto genoma. Ejemplos de aplicaciones. Análisis de datos.
Modelado de Biomoléculas	Predicción de características de la estructura de proteínas. Obtención de modelos tridimensionales. Modelado por homología. Modelado mediante threading o diseño por homología remota. Métodos ab initio. Evaluación de los métodos de predicción.

Planificación				
Metodologías / pruebas	Competencias	Horas presenciales	Horas no presenciales / trabajo autónomo	Horas totales
Sesión magistral	A3 A9 A11	11	19.8	30.8
Seminario	B3 B9 C6 C8	4	7.2	11.2
Prácticas de laboratorio	B1 B2 C3	10	20	30
Atención personalizada		3	0	3

(*Los datos que aparecen en la tabla de planificación són de carácter orientativo, considerando la heterogeneidad de los alumnos

Metodologías	
Metodologías	Descripción
Sesión magistral	Exposición oral complementada con el uso de medios audiovisuales con la finalidad de transmitir conocimientos y facilitar el aprendizaje.
Seminario	Técnica de trabajo que tiene como finalidad la elaboración de documentos en powerpoint y word sobre un tema propuesto por el profesor.



Prácticas de laboratorio	Metodología que permite al alumnado aprender de forma efectiva, a través de actividades de carácter práctico (demostraciones, simulaciones, etc.) la teoría de un ámbito de conocimiento, mediante la utilización de las tecnologías de la información y las comunicaciones.
--------------------------	--

Atención personalizada

Metodologías	Descripción
Seminario Prácticas de laboratorio	A atención persoal que se describe en relación a estas metodoloxías concíbense como momentos de traballo do alumno en clase con profesor para implicar a participación obrigatoria para o alumno. A forma eo momento en que se levará a cabo indícase en relación a cada unha das actividades ao longo do curso de acordo co plan de traballo do curso

Evaluación

Metodologías	Competencias	Descripción	Calificación
Sesión magistral	A3 A9 A11	Se realizará una prueba para evaluar los conocimientos adquiridos durante la realización de las clases magistrales. A5, B2	30
Seminario	B3 B9 C6 C8	Se evaluará el seminario realizado por el alumno teniendo en cuenta la capacidad para la extracción de lo más relevante del total de la información conseguida, la capacidad para trabajar en grupo y la capacidad para exponer en público. Con esta metodología se evaluarán las competencias B1, B3 y B9	25
Prácticas de laboratorio	B1 B2 C3	Se evaluará la asistencia regular y la participación activa a las prácticas de laboratorio, así como el boletín de respuestas elaboradas por los alumnos. Se realizará además una prueba para evaluar los conocimientos adquiridos. Con esta metodología se evaluarán las competencias A5, B2	45

Observaciones evaluación

Podrán optar a MH aquellos alumnos que se evalúen en la primera oportunidad de Junio.

Fuentes de información



<p>Básica</p>	<p>BIOINFORMÁTICA ? Attwood, T.K. & D.J. Parry-Smith. 1999. Introduction to Bioinformatics. Addison Wesley Longman Limited, Edimburgo. ? 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. ? Tisdall, J. 2001. Beginning Perl for Bioinformatics. O'Reilly</p> <p>MODELADO DE BIOMOLÉCULAS ? Bnaszak, L. J. 2000. Foundations of structural biology. Academic Press. ? Bourne, P. E., Weissig, H. 2003. Structural Bioinformatics. John Wiley & Sons. ? Branden, C. & Tooze, J. 1998. INTRODUCTION TO PROTEIN STRUCTURE. 2nd edition Garland Publishing, Inc, New York . ? Creighton, T. E. 1993. PROTEINS: STRUCTURES AND MOLECULAR PROPERTIES, 2nd edition. W.H. Freeman & Company, New York . ? Gómez-Moreno, C. & Sancho, J. (Coords). 2003. ESTRUCTURA DE PROTEÍNAS. Ariel Ciencia, Barcelona . ? Lesk, A.M. 2000. INTRODUCTION TO PROTEIN ARCHITECTURE. THE STRUCTURAL BIOLOGY OF PROTEINS. Oxford University Press, Oxford . ? Tramontano, A. 2006. Protein Structure Prediction. Wiley-Vch.</p>
<p>Complementaria</p>	<p>Programas de visualización molecular: Rasmol: http://www.umass.edu/microbio/rasmol Swiss-PdbViewer: http://www.expasy.ch/spdbv/ MOLMOL http://www.mol.biol.ethz.ch/wuthrich/software/molmol Cn3D http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/CN3D/cn3d.shtml Chime http://www.umass.edu/microbio/chime Servidores de predicción e modelización: SWISS-MODEL http://expasy.ch/swissmod/ The PredictProtein Server http://www.embl-heidelberg.de/predictprotein/predictprotein.html Center for Molecular Modeling: http://cmm.info.nih.gov/modeling/ GRAMM: http://reco3.musc.edu/gramm/ PQS (Probable Quat. Structure): http://msd.ebi.ac.uk/services/quaternary/quaternary.html</p>

Recomendaciones

Asignaturas que se recomienda haber cursado previamente

Técnicas Moleculares/610441002

Asignaturas que se recomienda cursar simultáneamente

Dinámica y Estructura de Proteínas/610441011

Proteómica/610441013

Genómica/610441014

Asignaturas que continúan el temario

Trabajo de Máster/610441022

Otros comentarios

(*) La Guía Docente es el documento donde se visualiza la propuesta académica de la UDC. Este documento es público y no se puede modificar, salvo cosas excepcionales bajo la revisión del órgano competente de acuerdo a la normativa vigente que establece el proceso de elaboración de guías