



| Guía Docente | | | | |
|-----------------------|---|--------------------|-------------------------|----------|
| Datos Identificativos | | | | 2021/22 |
| Asignatura (*) | Bioinformática e Modelado de Biomoléculas | Código | 610441021s | |
| Titulación | | | | |
| Descritores | | | | |
| Ciclo | Período | Curso | Tipo | Créditos |
| Mestrado Oficial | 2º cuatrimestre | Primeiro | Optativa | 3 |
| Idioma | Castelán | | | |
| Modalidade docente | Híbrida | | | |
| Prerrequisitos | | | | |
| Departamento | BioloxíaCiencias da Computación e Tecnoloxías da InformaciónComputación | | | |
| Coordinación | 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 | |
| | Fernández Lozano, Carlos | | carlos.fernandez@udc.es | |
| Web | | | | |
| Descrición xeral | <p>A xestión do coñecemento en bioloxía é o terreo da bioinformática, e inclúe tanto a formalización da información obtida como a súa organización en bases de datos adecuadas, a extracción de relacións entre a información dispersa, o modelado dos procesos biolóxicos e a xeración de hipóteses para sustentar novas aproximacións experimentais. Dende un punto de vista técnico, a bioinformática utiliza métodos computacionais (o propio desenvolvemento de métodos nesta área suele denominarse bioloxía computacional) e recibe aportacións das matemáticas, a física e a enxeñería informática. Sen embargo, dende o punto de vista dos obxectivos, a bioinformática é unha rama da bioloxía, como poden ser a bioquímica ou a microbioloxía. Neste carácter claramente interdisciplinario da bioinformática reside tanto a súa forza como a súa debilidade: por unha parte, a aplicación de ideas traídas doutros campos produce constantemente avances espectaculares; pero, por outra parte, é difícil desenvolver os programas de formación adecuados.</p> <p>Para darse de conta da importancia da bioinformática na bioloxía actual, quizais sea bastane dicir que o método máis citado nas publicacións desta área é Blast, un método computacional que busca e identifica secuencias de proteínas e ácidos nucleicos en bases de datos: e dicir, a operación técnica máis realizada por biólogos é computacional, e non experimental. De feito, a interpretación de calquer experimento complexo en bioloxía require, case ineludiblemente, a análise bioinformática, algo especialmente obvio se se trata de experimentos masivos.</p> | | | |
| Plan de continxencia | Non procede plan de continxencia xa que as actividades previstas non o requiren | | | |

| Competencias / Resultados do título | |
|-------------------------------------|-------------------------------------|
| Código | Competencias / Resultados do título |

| Resultados da aprendizaxe | | | |
|---|-------------------------------------|-------------------|-------------------|
| Resultados de aprendizaxe | Competencias / Resultados do título | | |
| Coñece-lo acceso as principais canles de recursos Web de Bioinformática | AI3 | BI3 BI9 | CM3 |
| Coñecer e manexar con propiedade a nomenclatura da área de Bioinformática | AI3 | BI3 BI9 | CM3 |
| Ser capaz de desenvolverse de forma autónoma para encontrar información sobre os distintos programas e os seus parámetros modificables e comprender as repercusións no resultado das análises | AI3 | BI2 BI3 BI9 | CM3 CM6 CM9 |
| Ter coñecementos bioinformáticos de cómo facer unha predicción das características unidimensionais dunha proteína | AI3 AI9 AI11 | BI1 BI2 BI3 | CM3 CM8 |



| | | | |
|---|-----|-------------------|-------------------|
| Ser capaz de realizar unha predicción sinxela da estrutura tridimensional dunha proteína basándose nos datos e programas dispoñibles na Web | AI3 | BI1 BI2 BI3 | CM3 CM8 CM9 |
| Coñecer os métodos básicos de simulación molecular e de cómo se utilizan para o estudo das proteínas | AI3 | BI1 BI2 BI3 | CM3 CM8 |

| Contidos | |
|--------------------------|---|
| Temas | Subtemas |
| Bioinformática | Recursos web e bases de datos en bioloxía molecular. Análise e comparación das secuencias. Aliñación de secuencias. Localización de razóns. Xenes de Investigación. nota xenes. Proxecto xenoma Navegadores. Exemplos de aplicacións. A análise dos datos. |
| Modelado de Biomoléculas | Predición das características da estrutura da proteína. A obtención de modelos tridimensionais. Modelaxe por homologada. Modelaxe enfiando ou por deseño homologada remoto. Métodos ab initio. Valoración de métodos de predición. |

| Planificación | | | | |
|------------------------|---------------------------|---|-------------------------|--------------|
| Metodoloxías / probas | Competencias / Resultados | Horas lectivas (presenciais e virtuais) | Horas traballo autónomo | Horas totais |
| Sesión maxistral | A3 A9 A11 | 1 | 29 | 30 |
| Seminario | B3 B9 C6 C8 C9 | 2 | 7 | 9 |
| Estudo de casos | B1 B2 C9 C3 | 1 | 30.5 | 31.5 |
| Atención personalizada | | 4.5 | 0 | 4.5 |

*Os datos que aparecen na táboa de planificación son de carácter orientativo, considerando a heteroxeneidade do alumnado

| Metodoloxías | |
|------------------|--|
| Metodoloxías | Descrición |
| Sesión maxistral | Presentación oral complementada polo uso de medios audiovisuais para a transmisión de coñecementos e facilitar a aprendizaxe. O estudantado poderá asistir de xeito síncrono a través de TEAMS ás sesións presenciais. As sesións quedarán gravadas para a súa visualización de xeito asíncrono. |
| Seminario | Técnica de traballo que ten como obxectivo a elaboración de documentos PowerPoint e Word sobre un tema proposto polo profesor. |
| Estudo de casos | Metodoloxía que permite que os alumnos aprendan de forma eficaz a través de actividades prácticas (demostracións, simulacións, etc.) Teoría dun campo do coñecemento a través do uso da tecnoloxía da información e comunicacións. |

| Atención personalizada | |
|------------------------------|---|
| Metodoloxías | Descrición |
| Seminario Estudo de casos | A atención persoal que se describe en relación a estas metodoloxías concíbense como momentos de traballo do alumno co profesor a través de TEAMS e implican unha 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 |

| Avaliación | | | |
|--------------|---------------------------|------------|---------------|
| Metodoloxías | Competencias / Resultados | Descrición | Cualificación |
| | | | |



| | | | |
|------------------|----------------|---|----|
| Sesión maxistral | A3 A9 A11 | Realizarase unha proba para avaliar os coñecementos adquiridos durante a realización das clases maxistrais. A5, B2 | 45 |
| Seminario | B3 B9 C6 C8 C9 | Evaluarase o seminario realizado polo alumno tendo en conta a capacidade para a extracción do máis relevante do total da información conseguida e a capacidade para expoñer o traballo. Con esta metodoloxía evaluaranse as competencias B1, B3 y B9 | 25 |
| Estudo de casos | B1 B2 C9 C3 | Avaliarase os boletíns de respostas elaboradas polos alumnos. Con esta metodoloxía evaluaranse as competencias A5, B2 | 30 |

Observacións avaliación

Poderán optar a MH aqueles alumnos que se evalúen na primeira oportunidade de Xuño.

Na segunda oportunidade e na convocatoria adelantada os alumnos so poderán repetir a proba correspondente á avaliación da Sesión Maxistral e entregar os boletíns de resposta dos estudos de casos se non os entregaron de cara a primeira oportunidade concretando co profesor correspondente a data de entrega.

Plaxio: En calquera entrega na que se detecte plaxio, a entrega será valorada cun cero. O plaxio na proba obxectiva será sancionado dacordo coa normativa vixente da universidade

Fontes de información

| | |
|----------------------------|---|
| Bibliografía básica | <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> |
|----------------------------|---|



| | |
|------------------------------------|---|
| Bibliografía complementaria | 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 |
|------------------------------------|---|

Recomendacións

Materias que se recomenda ter cursado previamente

Técnicas Moleculares/610441002

Materias que se recomenda cursar simultaneamente

Dinámica e Estructura de Proteínas/610441012

Proteómica/610441014

Xenómica/610441015

Materias que continúan o temario

Traballo de Máster/610441023

Observacións

Programa Green Campus Facultade de Ciencias Para axudar a conseguir unha contorna inmediata sustentable e cumprir co punto 6 da "Declaración Ambiental da Facultade de Ciencias (2020)", os traballos documentais que se realicen nesta materia: a. Solicitaranse maioritariamente en formato virtual e soporte informático. b. De realizarse en papel: - Non se empregarán plásticos.- Realizaranse impresións a dobre cara.- Empregarase papel reciclado.- Evitarase a realización de borradores.

(*A Guía docente é o documento onde se visualiza a proposta académica da UDC. Este documento é público e non se pode modificar, salvo casos excepcionais baixo a revisión do órgano competente dacordo coa normativa vixente que establece o proceso de elaboración de guías