



| Guía Docente | | | | |
|-----------------------|---|--------------------|-------------------------|----------|
| Datos Identificativos | | | | 2022/23 |
| Asignatura (*) | Bioinformática e Modelado de Biomoléculas | Código | 610441021 | |
| Titulación | Máster Universitario en Bioloxía Molecular, Celular e Xenética | | | |
| Descritores | | | | |
| Ciclo | Período | Curso | Tipo | Créditos |
| Mestrado Oficial | 2º cuatrimestre | Primeiro | Optativa | 3 |
| Idioma | Castelán | | | |
| Modalidade docente | Presencial | | | |
| Prerrequisitos | | | | |
| Departamento | Bioloxía Ciencias da Computación e Tecnoloxías da Información Computación | | | |
| 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 bastare 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> | | | |

| Competencias / Resultados do título | |
|-------------------------------------|--|
| Código | Competencias / Resultados do título |
| A3 | Capacidade de utilizar ferramentas Bioinformáticas a nivel de usuario |
| A9 | Capacidade de comprender a estrutura, e función das proteínas a nivel individual e da proteómica, así como das técnicas necesarias para analizaras e estudar as súas interaccións con outras biomoléculas |
| A11 | Capacidade de comprender a estrutura, función e evolución dos xenomas e aplicar as ferramentas necesarias para o seu estudio |
| B1 | Capacidade de análise e síntese de problemas biolóxicos en relación coa Bioloxía Molecular, Celular e Xenética |
| B2 | Capacidade de toma de decisións para a resolución de problemas: que sexan capaces de aplicar os coñecementos teóricos e prácticos adquiridos na formulación de problemas biolóxicos e a busca de solucións |
| B3 | Capacidade de xestión da información: reunir e interpretar datos, información e resultados relevantes, obter conclusións e emitir informes razoados sobre cuestións científicas e biotecnolóxicas |
| B9 | Capacidade de preparación, exposición e defensa dun traballo |
| C3 | Capacidade de utilizar as ferramentas básicas das tecnoloxías da información e as comunicacións (TIC) necesarias para o exercicio da súa profesión e para a aprendizaxe ao longo da súa vida. |
| C6 | Adquirir habilidades para a vida e hábitos, rutinas e estilos de vida saudables |
| C8 | Valorar a importancia que ten a investigación, a innovación e o desenvolvemento tecnolóxico no avance socioeconómico e cultural da sociedade |



| | |
|----|---|
| C9 | Ter a capacidade de xestionar tempos e recursos: desenvolver plans, priorizar actividades, identificar as críticas, establecer prazos e cumprilos |
|----|---|

| Resultados da aprendizaxe | | | |
|---|-------------------------------------|-------------------|--------------------------|
| Resultados de aprendizaxe | Competencias / Resultados do título | | |
| Coñece-lo acceso as principais canles de recursos Web de Bioinformática | AI3 | B13 B19 | CM3 |
| Coñecer e manexar con propiedade a nomenclatura da área de Bioinformática | AI3 | B13 B19 | CM3 CM6 |
| 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 | B12 B13 B19 | CM3 CM9 |
| Ter coñecementos bioinformáticos de cómo facer unha predicción das características unidimensionais dunha proteína | AI3 AI9 AI11 | B11 B12 B13 | CM3 CM6 CM8 |
| Ser capaz de realizar unha predicción sinxela da estrutura tridimensional dunha proteína basándose nos datos e programas dispoñibles na Web | AI3 | B11 B12 B13 | CM3 CM6 CM8 CM9 |
| Coñecer os métodos básicos de simulación molecular e de cómo se utilizan para o estudo das proteínas | AI3 | B11 B12 B13 | CM3 CM6 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. Xenos de Investigación. nota xenos. 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 | 10 | 20 | 30 |
| Seminario | B3 B9 C6 C8 C9 | 2 | 7 | 9 |
| Prácticas de laboratorio | B1 B2 C3 C9 | 9 | 22.5 | 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. |



| | |
|--------------------------|--|
| Seminario | Técnica de traballo que ten como obxectivo a elaboración de documentos PowerPoint e Word sobre un tema proposto polo profesor. |
| Prácticas de laboratorio | 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 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 |

Avaliación

| Metodoloxías | Competencias / Resultados | Descrición | Cualificación |
|--------------------------|---------------------------|---|---------------|
| Sesión maxistral | A3 A9 A11 | Realizase 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, a capacidade para traballar en grupo e a capacidade para expoñer en público. Con esta metodoloxía evaluaranse as competencias B1, B3 y B9 | 25 |
| Prácticas de laboratorio | B1 B2 C3 C9 | Evaluarase a asistencia regular e a participación activa ás prácticas de laboratorio, así como o boletín de respostas elaboradas polos alumnos. Realizaranse varias probas para avaliar os coñecementos adquiridos. Con esta metodoloxía evaluaranse as competencias A5, B2 | 30 |

Observacións avaliación

| |
|--|
| <p>Poderán optar a MH aqueles alumnos que se evalúen na primeira oportunidade de Xuño.</p> <p>Os alumnos con dedicación a tempo parcial ou dispensa académica poderán acordar as condicións específicas para a súa avaliación cos profesores ao inicio do curso</p> <p>Na segunda oportunidade e na convocatoria adeiantada os alumnos so poderán repetir a proba correspondente á avaliación da Sesión Maxistral e entregar os boletíns de prácticas de laboratorio se non os entregaron de cara a primeira oportunidade concretando co profesor correspondente a data de entrega.</p> <p>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</p> |
|--|

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 editionGarland 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 OFPROTEINS. Oxford University Press, Oxford . ? Tramontano,A. 2006. Protein Structure Prediction. Wiley-Vch.</p> |
| Bibliografía complementaria | <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> |

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 CienciasPara 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

