



## Guía Docente

Datos Identificativos					2024/25
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	BiologíaCiencias 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		
	Puente Castro, Alejandro		a.puentec@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
--------	-------------------------------------

## 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 C3 C9	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	Realizárase unha proba para avaliar os coñecementos adquiridos durante a realización das clases maxistras.  A5, B2	45
Seminario	B3 B9 C6 C8 C9	Evalúase 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 evalúanse as competencias B1, B3 y B9	25
Estudo de casos	B1 B2 C3 C9	Avaliárase os boletíns de respostas elaboradas polos alumnos.  Con esta metodoloxía evalúanse 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 só 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 de acordo coa normativa vixente da universidade

Todos os aspectos relacionados con ?dispensa académica?, ?dedicación ao estudo?, ?permanencia? e ?fraude académica? rexeranse de acordo coa normativa académica vixente da UDC.

### Fontes de información



<b>Bibliografía básica</b>	<p>BIOINFORMÁTICA ? Attwood, T.K. &amp; D.J. Parry-Smith. 1999. Introduction to Bioinformatics. Addison Wesley Longman Limited, Edimburgo. ? Baxevanis, A.D. &amp; 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 &amp; 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. &amp; 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 &amp; 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 &amp; Sons.? Branden,C. &amp; 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 &amp; Company, New York .? Gómez-Moreno,C. &amp; 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>
<b>Bibliografía complementaria</b>	<p>Programas de visualización molecular: Rasmol: <a href="http://www.umass.edu/microbio/rasmol">http://www.umass.edu/microbio/rasmol</a> Swiss-PdbViewer: <a href="http://www.expasy.ch/spdbv/">http://www.expasy.ch/spdbv/</a> MOLMOL <a href="http://www.mol.biol.ethz.ch/wuthrich/software/molmol">http://www.mol.biol.ethz.ch/wuthrich/software/molmol</a> Cn3D <a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/CN3D/cn3d.shtml">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/CN3D/cn3d.shtml</a> Chime <a href="http://www.umass.edu/microbio/chime">http://www.umass.edu/microbio/chime</a> Servidores de predicción e modelización: SWISS-MODEL <a href="http://expasy.ch/swissmod/">http://expasy.ch/swissmod/</a> The PredictProtein Server <a href="http://www.embl-heidelberg.de/predictprotein/predictprotein.html">http://www.embl-heidelberg.de/predictprotein/predictprotein.html</a> Center for Molecular Modeling: <a href="http://cmm.info.nih.gov/modeling/">http://cmm.info.nih.gov/modeling/</a> GRAMM: <a href="http://reco3.musc.edu/gramm/">http://reco3.musc.edu/gramm/</a> PQS (Probable Quat. Structure): <a href="http://msd.ebi.ac.uk/services/quaternary/quaternary.html">http://msd.ebi.ac.uk/services/quaternary/quaternary.html</a></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 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.- Segundo se recolle nas distintas normativas de aplicación para a docencia universitaria deberase incorporar a perspectiva de xénero nesta materia (usarase linguaxe non sexista, utilizarase bibliografía de autores/as de ambos sexos, propiciarse a intervención en clase de alumnos e alumnas...)- Traballarase para identificar e modificar prexuízos e actitudes sexistas e influirase na contorna para modificalos e fomentar valores de respecto e igualdade.- Deberanse detectar situacións de discriminación por razón de xénero e proporanse accións e medidas para corrixilas.

(\*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