



Guía Docente

Guía Docente				
Datos Identificativos				2017/18
Asignatura (*)	Bioinformática e Modelado de Biomoléculas		Código	610441020
Titulación	Mestrado Universitario en Bioloxía Molecular , Celular e Xenética			
Descritores				
Ciclo	Período	Curso	Tipo	Créditos
Mestrado Oficial	2º cuadrimestre	Primeiro	Optativa	3
Idioma	Castelán			
Modalidade docente	Presencial			
Prerrequisitos				
Departamento	BioloxíaComputación			
Coordinación	Dorado de la Calle, Julian	Correo electrónico	julian.dorado@udc.es	
Profesorado	Dorado de la Calle, Julian	Correo electrónico	julian.dorado@udc.es	
	Fernández Lozano, Carlos		carlos.fernandez@udc.es	
Web				
Descrición xeral	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. 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.			

Competencias do título

Código	Competencias 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	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	Valorar criticamente o coñecemento, a tecnoloxía e a información dispoñible para resolver os problemas cos que deben enfrontarse.
C8	Valorar a importancia que ten a investigación, a innovación e o desenvolvemento tecnolóxico no avance socioeconómico e cultural da sociedade.

Resultados da aprendizaxe



Resultados de aprendizaxe	Competencias do 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

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	Horas presenciais	Horas non presenciais / traballo autónomo	Horas totais
Sesión maxistral	A3 A9 A11	10	20	30
Seminario	B3 B9 C6 C8	2	7	9
Prácticas de laboratorio	B1 B2 C3	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	Descrición	Cualificación
Sesión maxistral	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

Observacións avaliación

Podrán optar a MH aquellos alumnos que se evalúen en la primera oportunidad de Junio. Os alumnos con dedicación a tempo parcial ou con exención de asistencia poderán acordar as condicións específicas para a súa avaliación cos profesores ao inicio do curso ESTUDANTES CON MATRÍCULA SEMIPRESENCIAL: Deberán poñerse en contacto cos profesores da asignatura para posibilitar a realización das tarefas fóra da organización habitual de materia. Poden non asistir as sesións maxistras, o que non lles desculpa de coñecer e estudar os contidos impartidos. Poden entregar os traballos solicitados en clases de teoría e práctica, 2 días despois que os de tempo completo
--

Fontes de información



Bibliografía básica	BIOINFORMÁTICA ? Attwood, T.K. & D.J. Parry-Smith. 1999. Introduction to Bioinformatics. Addison Wesley Longman Limited, Edimburgo. ? Baxeavanis, 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. 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.
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/610441011

Proteómica/610441013

Xenómica/610441014

Materias que continúan o temario

Traballo de Máster/610441022

Observacións

(*)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