Guía Docente				
Datos Identificativos				2019/20
Asignatura (*)	Bioinformática e Modelado de Biomoléculas		Código	610441020
Titulación	Mestrado Universitario en Bioloxía Molecular , Celular e Xenética			
Descriptores				
Ciclo	Período	Curso	Tipo	Créditos
Mestrado Oficial	2º cuadrimestre	Primeiro	Optativa	3
Idioma	Castelán			
Modalidade docente	Presencial			
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 Dorado de la Calle, Julian Fernández Lozano, Carlos	Correo electrónico	manuel.becerra@udc.es julian.dorado@udc.es carlos.fernandez@udc.es	
Web				
Descrición xeral	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 desenrolo 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 microbiología. 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 desenrolar os programas de formación adecuados. 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.			

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	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 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 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	BI2 BI3 BI9	CM3 CM9
Ter coñecementos bioinformáticos de cómo facer unha predicción das características unidimensionais dunha proteína	AI3 AI9 AI11	BI1 BI2 BI3	CM3 CM6 CM8
Ser capaz de realizar unha predicción sinxela da estructura tridimensional dunha proteína basándose nos datos e programas dispoñibles na Web	AI3	BI1 BI2 BI3	CM3 CM6 CM8 CM9
Coñecer os métodos básicos de simulación molecular e de cómo se utilizan para o estudo das 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 C9	2	7	9
Prácticas de laboratorio	B2 B1 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**	**Descrición**	**Cualificación**
Sesión maxistral	A3 A9 A11	Realizarase unha proba para evaluar 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	B2 B1 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 evaluar os coñecementos adquiridos. 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. 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 maxistrais, o que non lles desculpa de coñecer e estudar os contidos impartidosPoden entregar os traballos solicitados en clases de teoría e práctica, 2 días despois que os de tempo completoNa segunda oportunidade os alumnos so poderán repetir a proba correspondente á evaluación 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.

Fontes de información

Bibliografía básica	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'ReillyMODELADO 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.
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://ww.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