

MÓDULO	MATERIA	CURSO	SEMESTRE	CRÉDITOS	TIPO
Nombre del módulo	Nombre de la materia	3º	5º	6	Optativa
PROFESORES ⁽¹⁾			DIRECCIÓN COMPLETA DE CONTACTO PARA TUTORÍAS (Dirección postal, teléfono, correo electrónico, etc.)		
Michael Hackenberg			Dpto. Genética, 3ª planta, Facultad de Ciencias, Fuentenueva s/n. Despacho nº 17 Correo electrónico: hackenberg@ugr.es Teléfono: 958 249 695		
			HORARIO DE TUTORÍAS Y/O ENLACE A LA PÁGINA WEB DONDE PUEDAN CONSULTARSE LOS HORARIOS DE TUTORÍAS ⁽¹⁾		
			Martes y jueves, de 10 a 13 horas		
GRADO EN EL QUE SE IMPARTE			OTROS GRADOS A LOS QUE SE PODRÍA OFERTAR		
Grado en Bioquímica			Biología		
PRERREQUISITOS Y/O RECOMENDACIONES (si procede)					
Tener conocimientos adecuados sobre: <ul style="list-style-type: none"> • Genética, Bioquímica y Estadística • Informática (nivel usuario en Windows) 					
BREVE DESCRIPCIÓN DE CONTENIDOS (SEGÚN MEMORIA DE VERIFICACIÓN DEL GRADO)					
<ul style="list-style-type: none"> • Principios básicos del alineamiento y sus aplicaciones • Introducción al sistema Linux y el uso en línea de comando • El paquete EMBOSS y análisis básico de secuencias 					

¹ Consulte posible actualización en Acceso Identificado > Aplicaciones > Ordenación Docente

(≈) Esta guía docente debe ser cumplimentada siguiendo la "Normativa de Evaluación y de Calificación de los estudiantes de la Universidad de Granada" ([http://secretariageneral.ugr.es/pages/normativa/fichasugr/ncg7121/!](http://secretariageneral.ugr.es/pages/normativa/fichasugr/ncg7121/))



- Programación en la biocomputación: Perl y R
- Navegadores genómicos y bases de datos
- Principios básicos de la secuenciación masiva y sus aplicaciones
- Genotipado masivo y sus aplicaciones
- Metilación del ADN e islas CpG
- Perfiles de expresión de microRNAs
- Ontologías (Gene Ontology)

COMPETENCIAS GENERALES Y ESPECÍFICAS

GENERALES

CG2 - Saber aplicar los conocimientos en Bioquímica y Biología Molecular al mundo profesional, especialmente en las áreas de investigación y docencia, y de actividades biosanitarias, incluyendo la capacidad de resolución de cuestiones y problemas en el ámbito de las Biociencias Moleculares utilizando el método científico

CG3 - Adquirir la capacidad de reunir e interpretar datos relevantes dentro del área de la Bioquímica y Biología Molecular, así como de extraer conclusiones y reflexionar críticamente sobre las mismas en distintos temas relevantes en el ámbito de las Biociencias Moleculares

CG4 - Saber transmitir información, ideas, problemas y soluciones dentro del área de la Bioquímica y Biología Molecular, incluyendo la capacidad de comunicar aspectos fundamentales de su actividad profesional a otros profesionales de su área, o de áreas afines, y a un público no especializado

CG5 - Haber desarrollado las habilidades de aprendizaje necesarias para emprender estudios posteriores de especialización con un alto grado de autonomía, incluyendo la capacidad de asimilación de las distintas innovaciones científicas y tecnológicas que se vayan produciendo en el ámbito de las Biociencias Moleculares

Transversales

CT1 - Adquirir la capacidad de razonamiento crítico y autocrítico

CT4 - Tener capacidad de aprendizaje y trabajo autónomo

CT6.- Saber reconocer y analizar un problema, identificando sus componentes esenciales, y planear una estrategia científica para resolverlo.

CT7 - Saber utilizar las herramientas informáticas básicas para la comunicación, la búsqueda de información, y el tratamiento de datos en su actividad profesional

CT8.- Saber leer de textos científicos en inglés.

CT9.- Saber comunicar información científica de manera clara y eficaz, incluyendo la capacidad de presentar un trabajo, de forma oral y escrita, a una audiencia profesional, y la de entender el lenguaje y propuestas de otros especialistas.

ESPECÍFICAS

CE07 - Comprender la estructura, organización, expresión, regulación y evolución de los genes en los organismos vivos, así como las bases moleculares de la variación genética y epigenética entre individuos

CE13 - Conocer y entender los cambios bioquímicos, moleculares y genéticos que ocurren en diversas patologías humanas, y saber explicar los mecanismos moleculares implicados en estos cambios

CE19.- Conocer como se determinan en el laboratorio clínico los marcadores genéticos, moleculares y bioquímicos asociados a las diferentes patologías, y ser capaz de evaluar de forma crítica como pueden usarse en el diagnóstico y en el pronóstico de las enfermedades.



CE24.- Poseer las habilidades matemáticas, estadísticas e informáticas para obtener, analizar e interpretar datos, y para entender modelos sencillos de los sistemas y procesos biológicos a nivel celular y molecular.

CE25 - Saber buscar, obtener e interpretar la información de las principales bases de datos biológicos (genómicos, transcriptómicos, proteómicos, metabolómicos y similares derivados de otros análisis masivos) y de datos bibliográficos, y usar las herramientas bioinformáticas básicas

CE26 - Tener capacidad para plantear y resolver cuestiones y problemas en el ámbito de la Bioquímica y Biología Molecular a través de hipótesis científicas que puedan examinarse empíricamente

CE28 - Capacidad para transmitir información dentro del área de la Bioquímica y Biología Molecular, incluyendo la elaboración, redacción y presentación oral de un informe científico

CE29 - Adquirir la formación básica para el desarrollo de proyectos, incluyendo la capacidad de realizar un estudio en el área de la Bioquímica y Biología Molecular, de interpretar críticamente los resultados obtenidos y de evaluar las conclusiones alcanzadas

OBJETIVOS (EXPRESADOS COMO RESULTADOS ESPERABLES DE LA ENSEÑANZA)

El alumno sabrá/ comprenderá:

- Los conceptos y métodos matemáticos, estadísticos y computacionales (algoritmos, programas, bases de datos...) que permiten resolver problemas biológicos, utilizando para ello secuencias de ADN y proteínas y datos experimentales como los datos de secuenciación masiva.

El alumno será capaz de:

- Desenvolverse con soltura en entornos mixtos: Unix, Windows
- Ejecutar comandos básicos y lanzar programas en línea de comando
- Programar scripts sencillos en Perl
- Analizar las propiedades básicas de secuencias de ADN y proteínas
- Rastrear bases de datos moleculares: genes, proteínas, expresión génica
- Visualizar datos mediante el entorno y lenguaje de programación **R**
- Determinar la calidad de datos de secuenciación masiva
- Determinar variación en el ADN mediante datos de secuenciación
- Detectar SNPs de riesgo y llevar a cabo un diagnóstico
- Analizar datos de secuenciación de RNA pequeños.
- Preparar una presentación sobre bioinformática

TEMARIO DETALLADO DE LA ASIGNATURA

TEMARIO TEÓRICO:

- Tema 1. Alineamientos locales y globales. Métodos exactos y heurísticos. Sistemas de puntuación. Matriz de puntos. Mapeo frente al genoma. Blast, Blat y bowtie
- Tema 2. Sistema operativo Linux. Uso en línea de comando. Instrucciones básicas (copiar y eliminar ficheros, hacer directorios, visualizar el contenido de un directorio, etc).
- Tema 3. Análisis básico de secuencias con EMBOSS. Manipular secuencias, porcentaje en G+C, estadística de dinucleótidos, trinucleótidos frente a codones.
- Tema 4. Programación en Perl. Semántica y sintaxis básica. Variables, funciones, condicionales y bucles. Generar un script para calcular propiedades básicas de una secuencia de ADN.



- Tema 5. Secuenciación masiva. Diferentes tipos de secuenciación masiva. Estimación de la tasa de errores de secuenciación. El formato fastq. Determinar la calidad de la secuenciación.
- Tema 6. Detectar variación de nucleótido único (SNV) e inserciones y deleciones cortas. Determinar la región (codificante o no-codificante) y el efecto de la variación. Aplicaciones como en la medicina forense, el diagnóstico y los tests de paternidad.
- Tema 7. microRNAs. Biogénesis y función de microRNAs. Determinar los niveles de expresión de microRNAs. Detectar expresión diferencial. Detectar posibles dianas.
- Tema 8. Ontologías y su importancia en la biocomputación. Términos GO y Rutas KEGG. Enriquecimiento relativo de términos funcionales. Test estadístico y significación del enriquecimiento.

TEMARIO PRÁCTICO:

Seminarios/Talleres

- Resolución de problemas concretos planteados por el profesor mediante programas informáticos,
- Desarrollo de un mini-proyecto de biocomputación y su presentación oral al final del curso.

Prácticas con el ordenador

Práctica 1. Calcular propiedades básicas de una secuencia mediante un programa en Perl

Práctica 2. Analizar datos de secuenciación masiva I (re-secuenciación): Calidad de la secuenciación, preprocesamiento, mapeo frente al genoma, detección de variantes, determinar el posible efecto de la variación.

Práctica 3. Analizar datos de secuenciación masiva II (RNA pequeño): calidad, detección del adaptador, cuantificar los niveles de expresión mediante el mapeo de lecturas, determinación de la expresión diferencial (magnitud del cambio y significación estadística).

Práctica 4: Visualizar datos de expresión génica mediante R. Clusterización y heatmaps.

BIBLIOGRAFÍA

BIBLIOGRAFÍA FUNDAMENTAL:

- Jonathan Pevsner. Bioinformatics and Functional Genomics, 3rd Edition (2015)
- Xinkun Wang. Next-Generation Sequencing Data Analysis. (2016). CRC Press
- Vince Buffalo. Bioinformatics Data Skills: Reproducible and Robust Research with Open Source Tools (2015)
- Arthur Lesk. Introduction to Bioinformatics 3rd Edition (2017)
- Tisdall, J. 2001. Beginning Perl for Bioinformatics. O'Reilly

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Lamprecht, Anna-Lena . User-Level Workflow Design (2013). Springer
- Moorhouse and Barry. Bioinformatics, Biocomputing and Perl: An Introduction to Bioinformatics Computing Skills and Practice. 2004. WILEY
- James Tisdall . Mastering Perl for Bioinformatics. Perl Programming for Bioinformatics. 2003. O'Reilly Media



- Jean-Michel Claverie, Cedric Notredame. Bioinformatics For Dummies, 2nd Edition 2006. WILEY

ENLACES RECOMENDADOS

- Primer on bioinformatics: <http://www.csub.edu/~psmith3/teaching/505-1.pdf>
- Página del NCBI <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>
- Genetics primer <https://ghr.nlm.nih.gov/primer#genomicresearch>
- Métodos para alinear: <http://www.ebi.ac.uk/Tools/psa/>
- Sociedad Española de Genética (SEG): <http://www.segenetica.es/>
- Herencia mendeliana en el hombre (OMIM): <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/entrez?db=omim>
- GeneCards: <http://www.genecards.org/>
- National Center for Biotechnology Information (NCBI): <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>
- Bases de datos del NCBI: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Entrez/index.html>
- PubMed: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query.fcgi?db=PubMed>
- Medline: <http://medlineplus.nlm.nih.gov/medlineplus/>
- Centro Nacional de Biotecnología (CNB): <http://www.cnb.uam.es>
- Instituto Europeo de Bioinformática (EBI): <http://www.ebi.ac.uk>
- The Institute for Genome Research: <http://www.jcvi.org/>
- Science On-Line: <http://www.sciencemag.org>
- Nature On-Line: <http://www.nature.com>

Cumplimentar con el texto correspondiente en cada caso

METODOLOGÍA DOCENTE

Se seguirá una metodología mixta, combinando teoría y práctica, para lograr un aprendizaje basado competencias. Se pondrá especial enfoque en enseñar a los estudiantes como resolver problemas concretos mediante la aplicación de programas informáticos y la interpretación de los resultados mediante los conocimientos teóricos adquiridos en las clases magistrales. Dado la naturaleza de la Biocomputación, se va a intentar impartir tanto las clases de teoría como las prácticas en las aulas de ordenadores con la finalidad de poder ilustrar ciertos conceptos directamente con el ordenador o practicarlos directamente después de una introducción teórica.

Las actividades formativas presenciales comprenderán:

Clases teóricas (1 ETCS, 25 horas):

Lección magistral para cada unidad temática se explicaran los conceptos biológicos, bioquímicos, y/o genéticos. Demostraciones prácticas para profundizar en la comprensión de los contenidos teóricos del tema. Los alumnos practican guiados por el profesor. Al final de cada demostración práctica el profesor plantea una serie de preguntas que los alumnos intentarán resolver o individualmente o en grupos pequeños.

Clases prácticas (0.4 ETCS, 10 horas):

Prácticas con ordenador para obtener cierta destreza en el sistema Linux y con los programas informáticos. Resolución de casos prácticos y problemas concretos propuestos por el profesor

Seminario y proyecto (0.5 ETCS, 12,5 horas):



Al final del curso los alumnos presentarán mediante un seminario su proyecto que van desarrollando a lo largo del curso.

Evaluación – prueba corta (0.1 ETCS, 2,5 horas):

Al final del curso se realiza una prueba que corresponde al 30% de la nota final. Esta prueba se hará con el ordenador y evaluará tanto las destrezas adquiridas como la capacidad de aplicar los conocimientos a resolver problemas.

Actividades no presenciales:

Trabajo individual y autónomo (3.4 ETCS, 85 horas):

A parte del proyecto que llevarán a cabo los estudiantes, este apartado incluye dos problemas que tienen que resolver y entregar los estudiantes individualmente. El trabajo es no-presencial y pretende estimular el estudio independiente del alumno. Cada alumno tiene un problema individualizado, que requiere capacidad de indagación

Trabajo en grupo (0.6 ETCS, 15 horas):

El tercer problema pretende estimular el trabajo en grupo mediante el análisis de un conjunto de datos. Cada alumno analizará por separado un número de muestras, y al final el grupo tienen que juntar la información para extraer el significado biológico. Este problema requiere la entrega de un pequeño resumen de la actividad.

EVALUACIÓN (INSTRUMENTOS DE EVALUACIÓN, CRITERIOS DE EVALUACIÓN Y PORCENTAJE SOBRE LA CALIFICACIÓN FINAL, ETC.)

La evaluación del nivel de adquisición de las competencias generales, transversales y específicas por parte de los estudiantes se llevará a cabo de manera continua a lo largo de todo el periodo académico mediante el procedimiento que se indica a continuación.

La calificación final del estudiante (0 a 10 puntos) resultará de la evaluación de las diferentes partes de la asignatura:

1. Evaluación de contenidos teóricos y prácticos mediante la resolución de problemas planteados por el profesor (20%).

A lo largo del curso, se plantearán 2 problemas a los estudiantes que se pueden resolver aplicando los conocimientos adquiridos en las lecciones magistrales (teoría) y las clases prácticas. Cada estudiante tendrá un problema único (diferentes regiones genómicas o diferentes conjuntos de datos de secuenciación). Cada problema vale un 10% de la nota final.

2. Evaluación de la capacidad de trabajar en grupo (10%)

Dentro del tema de análisis de datos de microRNAs, se planteará un problema diferente a cada grupo. Los grupos se componen de entre 4 y 5 estudiantes. Cada estudiante tendrá que primero analizar un conjunto de datos determinando los perfiles de expresión de los microRNAs. A nivel de grupo, los estudiantes tendrán que determinar los microRNAs que se expresan diferencialmente, y discutir la posible implicación funcional de estos microRNAs. Se evaluará tanto la ejecución correcta del análisis como la estructura del resumen que han de entregar los estudiantes.

3. Evaluación del proyecto (30%)

Cada estudiante elaborará un proyecto a lo largo del curso que expondrá al final. La calidad del proyecto se valorará hasta con un 20%, mientras que la exposición puntuará hasta con un 10% (incluyendo la estructura de la presentación).

4. Evaluación de los contenidos teóricos y prácticos mediante una prueba corta (40%).

Se evaluarán los conocimientos adquiridos en las lecciones magistrales y prácticas acerca de los métodos computacionales usados y su aplicación a problemas concretos. Esta prueba se realiza



mediante el ordenador permitiendo al alumno el acceso a sus apuntes e información en internet.

DESCRIPCIÓN DE LAS PRUEBAS QUE FORMARÁN PARTE DE LA EVALUACIÓN ÚNICA FINAL ESTABLECIDA EN LA "NORMATIVA DE EVALUACIÓN Y DE CALIFICACIÓN DE LOS ESTUDIANTES DE LA UNIVERSIDAD DE GRANADA"

- Se tratará de un examen escrito que evaluará igualmente los contenidos teóricos y prácticos.
- En la parte práctica del examen, el estudiante tendrá que demostrar su manejo de los programas usados durante el curso así como su capacidad de interpretar la salida de los programas bajo criterios biológicos (para resolver un problema concreto).
- Los alumnos tendrán que obtener un mínimo de 5 puntos sobre 10 en el examen único

INFORMACIÓN ADICIONAL

Página de la asignatura: <http://boinfo2.ugr.es:8080/biocomputacion>



UNIVERSIDAD
DE GRANADA

INFORMACIÓN SOBRE TITULACIONES DE LA UGR
grados.ugr.es