

Fecha de aprobación: 20/06/2022

Guía docente de la asignatura

## Biocomputación (26111B1)

<b>Grado</b>	Grado en Bioquímica	<b>Rama</b>	Ciencias				
<b>Módulo</b>	Biotechnológico	<b>Materia</b>	Biocomputación				
<b>Curso</b>	3º	<b>Semestre</b>	1º	<b>Créditos</b>	6	<b>Tipo</b>	Optativa

### PRERREQUISITOS Y/O RECOMENDACIONES

Haber cursado Fundamentos de Genética, Fundamentos de Bioquímica e Informática Aplicada a la Bioquímica

### BREVE DESCRIPCIÓN DE CONTENIDOS (Según memoria de verificación del Grado)

- Introducción a la programación en bioinformática
- Navegadores genómicos
- Búsqueda de homologías.
- Matrices de pesos por posición y perfiles
- Filogenia molecular:
- Predicción computacional de función biológica.
- Ontologías (Gene Ontology)
- Análisis del interactoma.

### COMPETENCIAS ASOCIADAS A MATERIA/ASIGNATURA

#### COMPETENCIAS GENERALES

- CG02 - 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
- CG03 - 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

- CG04 - 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
- CG05 - 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

### COMPETENCIAS 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
- 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

### COMPETENCIAS TRANSVERSALES

- CT01 - Adquirir la capacidad de razonamiento crítico y autocrítico
- CT02 - Saber trabajar en equipo de forma colaborativa y con responsabilidad compartida
- CT04 - Tener capacidad de aprendizaje y trabajo autónomo
- CT05 - Saber aplicar los principios del método científico
- CT07 - Saber utilizar las herramientas informáticas básicas para la comunicación, la búsqueda de información, y el tratamiento de datos en su actividad profesional

### RESULTADOS DE APRENDIZAJE (Objetivos)



## PROGRAMA DE CONTENIDOS TEÓRICOS Y PRÁCTICOS

### TEÓRICO

#### 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, trinucleotidos frente a codones.
- Tema 4. Programación en Python. Semántica y sintaxis básica. Variables, funciones, condicionales y bucles. Generar un programa 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.

### 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 Python

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 Python. 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>

## METODOLOGÍA DOCENTE

- MD01 - Lección magistral/expositiva



- MD02 - Resolución de problemas y estudio de casos prácticos
- MD03 - Prácticas de laboratorio y/o informática
- MD04 - Seminarios y talleres
- MD05 - Orientación y seguimiento de trabajos en grupo y/o individuales
- MD07 - Actividad no presencial de aprendizaje mediante el estudio de la materia, el análisis de documentos, la elaboración de memorias...

## EVALUACIÓN (instrumentos de evaluación, criterios de evaluación y porcentaje sobre la calificación final)

### EVALUACIÓN ORDINARIA

#### Evaluación continua

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 mediante la resolución de problemas planteados por el profesor (10%).

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 5% de la nota final.

#### 2. Evaluación de la capacidad de trabajar en grupo y redactar un informe/protocolo de análisis bioinformático (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 (20%)

Cada estudiante elaborará un proyecto a lo largo del curso que expondrá al final. La calidad del proyecto se valorará hasta con un 15%, mientras que la exposición puntuará hasta con un 5% (incluyendo la estructura de la presentación).



#### 4. Evaluación de los contenidos teóricos y prácticos mediante una prueba corta (60%).

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.

#### EVALUACIÓN EXTRAORDINARIA

- 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

#### EVALUACIÓN ÚNICA FINAL

- 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: <https://bioinfo2.ugr.es/biocomputacion>

Es altamente recomendable disponer de un portátil para cursar esta asignatura.

