

**BIOINFORMÁTICA APLICADA A BIOLOGÍA INTEGRATIVA Y DE SISTEMAS EN CÁNCER**

**1.- Datos de la Asignatura**

Código	303011	Plan		ECTS	3
Carácter	OPTATIVA	Curso	2021/2022	Periodicidad	CUATRIMESTRAL
Departamento	Instituto de Biología Molecular y Celular del Cáncer (IBMCC, USAL/CSIC)				
Plataforma Virtual	Plataforma:	Cicloud			
	URL de Acceso:	<a href="http://cicloud.dep.usal.es/index.php/s/Gp0vghR305Y6glo/authenticate">http://cicloud.dep.usal.es/index.php/s/Gp0vghR305Y6glo/authenticate</a>			
Idioma	Esta asignatura se imparte en inglés				

**Datos del profesorado**

Profesor Coordinador	Dr. Javier De las Rivas Sanz				
Departamento	Bioinformática y Genómica Funcional				
Área	Biología Molecular y Bioquímica				
Centro	Instituto de Biología Molecular y Celular del Cáncer				
Despacho	Laboratorio 19				
Horario de tutorías	De 13:00 a 14:00 (L, M y Mi durante el bloque académico)				
URL Web	<a href="https://www.cicancer.org/grupo?id=42">https://www.cicancer.org/grupo?id=42</a>				
E-mail	<a href="mailto:jrivas@usal.es">jrivas@usal.es</a>	Teléfono	+34 923294819		

**2.- Sentido de la materia en el plan de estudios**

**Bloque formativo al que pertenece la materia**

Cuarto bloque del curso académico de los cinco en los que se divide el curso académico.  
Ver Calendario académico de actividades

**Papel de la asignatura dentro del Bloque formativo y del Plan de Estudios.**

La asignatura de Bioinformática aunque es optativa tiene un papel central en el Plan de Estudios de los estudiantes del Master, especialmente en el caso que los alumnos vayan a realizar análisis de datos ómicos o estudios de estructura-función de proteínas.

**Perfil profesional.**

Normalmente los alumnos tienen pocos conocimientos previos de la materia, y por ello la

asignatura –que es 100% práctica con ordenadores– les va a proporcionar en su perfil profesional una buena introducción al uso de herramientas y métodos Bioinformáticos, así como al manejo de Bases de Datos relacionadas con Cáncer.

### 3.- Recomendaciones previas

No se contemplan.

### 4.- Objetivos de la asignatura

Asignatura centrada en la nueva área de la Bioinformática y Biología Computacional que pretende enseñar a los alumnos el uso de herramientas, algoritmos y estrategias de análisis bioinformático de datos biológicos "ómicos" (es decir, "globales") derivados de técnicas genómicas, proteómicas, etc. La asignatura se centrará de modo especial en el estudio de datos obtenidos principalmente en estudios sobre cáncer: tanto en estudios clínicos humanos con pacientes, como en estudios biomoleculares más básicos centrados sobre ciertos oncogenes o agentes anti-cancerígenos. Además, se hará especial énfasis en aproximaciones y métodos de biología integrativa para poder generar y explorar conjuntos y redes de entidades biológicas (genes, proteínas, etc) derivadas de las condiciones de estudio y relacionadas entre sí.

#### **Conocer**

Las principales fuentes de recursos biológicos y bases de datos biomoleculares:

- Genome Databases.
- Sequence Databases (genes and proteins).
- Structural Databases (proteins, nucleic acids, etc).
- Promoter/GeneRegulation Databases.
- Genomic and proteomic Databases.
- Metabolism and Pathways Databases.
- Publications Databases.
- Visual biological Databases.
- Integrated biological resources.

Las principales fuentes de recursos biológicos y bases de datos sobre oncogenes y Cáncer:

- Cancer Genes.
- Cancer Cell Map.
- Cancer Gene Census.

#### **Comprender**

Las principales herramientas bioinformáticas utilizadas para el análisis datos biomoleculares:

- Sequence alignment tools.
- Tools for multiple alignment and phylogenetics.
- Tools for motifs and domains finding and prediction.
- Primary, secondary and tertiary protein structure analysis and prediction.
- Protein structure visualization tools.
- Expression analysis tools (transcriptomics).
- Functional annotation and enrichment tools.
- Molecular network analysis tools

## 5.- Contenidos

### **Clases teórico-prácticas:**

- Introducción al Curso

### **Bases de Datos.**

- Bases de datos primarias de secuencias (genes y proteínas), acceso y características de los archivos: GenBank, RefSeq, EMBL, UniProt.
- Sistemas de búsqueda integrada de datos biológicos: SRS, Entrez, etc.
- Sistemas de búsqueda de secuencias homólogas: FASTA, BLAST, Psi-BLAST, HMMer.
- Genomas (con especial énfasis en humano y ratón): navegación genómica en ENSEMBL y en otros Genome Browsers.
- Bases de datos genómicas y proteómicas: GEO, ProteinAtlas, GATE.
- Bases de datos ontológicas y funcionales: Gene Ontology, GenCards.

### **Bioinformática y Genómica:**

- Microarrays y biochips genómicos, transcriptómicos, proteómicos: tipos de microarrays, base molecular, funcionamiento. Datos de microarrays y datos de los nuevos métodos de secuenciación a gran escala (DNA-seq, RNA-seq).
- Resultados de microarrays de expresión génica: conceptos y parámetros básicos. Análisis de los datos proporcionados por los microarrays de Affymetrix y significado. Uso de algunos métodos en R para representación y análisis integrado de resultados genómicos (BioC).
- Búsqueda práctica de genes de expresión significativa en bases de datos: identificación de isoformas, identificación de ortólogos y parálogos, identificación de homólogos.
- Búsqueda práctica de listas de genes o de proteínas en sistemas bioinformáticos de anotación biológica-funcional: functional enrichment analyses.

### **Bioinformática y Proteómica:**

- Análisis de datos de proteínas: secuencias, motivos, dominios, estructuras tridimensionales (UniProt, ExPASy, PROSITE, Pfam, InterPro, PDB, PDBsum).
- Métodos de alineamientos múltiples de secuencias de proteínas: perfiles de familias, reconocimiento y significación. Construcción de alineamientos múltiples con CLUSTALX.
- Análisis molecular y estructural de las familias de proteínas con desarrollo de árboles e implicaciones evolutivas (usando UGENE).
- Análisis y predicción de estructura de proteínas por métodos bioinformáticos: estructura secundaria y estructura terciaria (threading).
- Métodos de visualización y análisis de estructuras tridimensionales 3D (usando principalmente PyMOL, pero conociendo también Jmol, SwissPDB viewer, VMD).
- Interacción de Proteína-Ligando: docking (uso básico de AutoDock).
- Construcción de redes biomoleculares de interacción de proteínas (uso de Cytoscape).

### **Seminarios:**

Cada alumno trabajando en equipo con uno o dos compañeros (3 máximo) tendrá que preparar una presentación-seminario de 30 minutos en la que explicarán una base de datos o una aplicación bioinformática seleccionada los números de ese año de la revista Nucleic Acids Research Database Issue or Web Server Issue (ver página web <http://nar.oxfordjournals.org/>), incluyendo un ejemplo concreto de su uso que muestre las utilidades y funciones de la herramienta bioinformática

## 6.- Competencias a adquirir

### Básicas/Generales.

### Específicas.

CE25-Reconocer los contenidos y el modo de acceso a las principales fuentes de recursos biológicos y bases de datos biomoleculares.

Saber cómo utilizar los principales herramientas bioinformáticas para el análisis datos biomoleculares tanto de genes o proteínas singulares como de grupos o familias de genes y proteínas de interés en un estudio.

CE25-Saber interpretar y particularizar los datos globales (ómicos), presentes en los principales servidores informáticos, para el análisis de genes o proteínas.

### Transversales.

## 7.- Metodologías docentes

La mayoría del curso es teórico-práctico pues las clases se desarrollan en un aula dotada de ordenadores (un ordenador para cada uno o dos alumnos) con acceso a internet y con toda una serie de herramientas bioinformáticas instaladas. El alumno debe asistir a todas las sesiones teórico-prácticas evaluables del curso (30 horas) habiendo leído y comprendido previamente la bibliografía recomendada. La primera sesión se centrará en el planteamiento del curso explicando las distintas sesiones y su organización, así como las tareas que los alumnos tendrán que desarrollar tanto individualmente como en equipos.

Se organizarán los alumnos en grupos o equipos de trabajo (de 3 o 4 miembros) para preparar un seminario con una presentación teórico-práctica de un tema de trabajo, elegido dentro de una serie propuesta por el profesor.

El alumno debe asistir a los seminarios (2 sesiones de 3 horas, 6 horas) en los que cada grupo realizará su presentación, basada habitualmente en uno o varios trabajos publicados de investigación actual en el área de bioinformática.

Cada alumno tendrá acceso a tutorías personales para consultas respecto al desarrollo de la asignatura, a la preparación de su seminario y a otros temas de su desarrollo curricular.

## 8.- Previsión de distribución de las metodologías docentes

	Horas dirigidas por el profesor		Horas de trabajo autónomo	HORAS TOTALES
	Horas presenciales.	Horas no presenciales.		
Sesiones magistrales	15		15	30
Prácticas	- En aula			
	- En el laboratorio			
	- En aula de informática	15		15
	- De campo			
	- De visualización (visu)			
Seminarios-Charlas científicas	6		9	15
Exposiciones y debates				
Tutorías	3			3
Actividades de seguimiento online	9			9
Preparación de trabajos				
Otras actividades: Charlas científicas				
Exámenes	3			3
<b>TOTAL</b>	<b>51</b>		<b>24</b>	<b>75</b>

## 9.- Recursos

Libros de consulta para el alumno

Otras referencias bibliográficas, electrónicas o cualquier otro tipo de recurso.

## 10.- Evaluación

Las pruebas de evaluación que se diseñen deben evaluar si se han adquirido las competencias descritas, por ello, es recomendable que al describir las pruebas se indiquen las competencias y resultados de aprendizaje que se evalúan.

Consideraciones Generales

Criterios de evaluación

Examen final: tipo teórico-práctico de respuesta escrita correspondiente a la resolución de tres problemas de bioinformática (60% de la nota final).

Evaluación de la participación activa en las sesiones prácticas y seminarios, en particular de la presentación del seminario preparado por el alumno/a (40% de la nota final).