



PERSONA CIENCIA EMPRESA  
Universitat Ramon Llull

## ASIGNATURA: BIOINFORMÁTICA

**MATERIA:** Análisis de la información

**MÓDULO:** Complementos transversales

**ESTUDIOS:** Grado en Biotecnología

Página 1 de 5

### CARACTERÍSTICAS GENERALES\*

**Tipo:**  Formación básica,  Obligatoria,  Optativa

Trabajo de fin de grado,  Prácticas externas

**Duración:** Cuatrimestral

**Semestre/s:** 5

**Número de créditos ECTS:** 6

**Idioma/s:** Castellano, Catalán, Inglés

### DESCRIPCIÓN

#### BREVE DESCRIPCIÓN Y JUSTIFICACIÓN

Los últimos avances en técnicas de secuenciación genómica permiten que hoy en día sea posible secuenciar el genoma de cualquier organismo en cuestión de horas o de pocos días. Fruto de este progreso, la cantidad de información genómica disponible, junto con anotaciones funcionales de cada gen/proteína, está creciendo de manera exponencial. La bioinformática es una disciplina emergente que ayuda a la organización, análisis, visualización e interpretación de datos genómicos y post-genómicos para extraer conocimiento combinando múltiples disciplinas científicas (informática, estadística, biología, física,...). La asignatura ofrecerá una visión sobre las aplicaciones de las herramientas bioinformáticas más comunes para la resolución de problemas biotecnológicos y de bioingeniería, con especial énfasis al análisis de relaciones secuencia-función en proteínas. Los alumnos recibirán la formación necesaria para entender las técnicas utilizadas por distintas aplicaciones bioinformáticas así como sus fundamentos. Cada bloque conceptual de la asignatura estará dividido en un módulo aplicado en el que se exponen ejemplos y demostraciones prácticas de cómo utilizar las herramientas bioinformáticas correspondientes, y un módulo teórico, en el que se exponen los conceptos y fundamentos de dichas herramientas.

#### COMPETENCIAS

- Que los estudiantes tengan la capacidad de reunir e interpretar datos relevantes (normalmente dentro de su área de estudio) para emitir juicios que incluyan una reflexión sobre temas relevantes de índole social, científica o ética **(B3)**
- Ser capaz de trabajar en un entorno multidisciplinar **(T2)**
- Ser capaz de utilizar herramientas, sistemas o procesos para conseguir los requisitos establecidos en la actividad a realizar en el ámbito de la Bioingeniería **(E4)**
- Ser capaz de analizar, integrar e interpretar datos e información del ámbito de las Biociencias **(E7)**



PERSONA CIENCIA EMPRESA  
Universitat Ramon Llull

## **ASIGNATURA: BIOINFORMÁTICA**

**MATERIA:** Análisis de la información

**MÓDULO:** Complementos transversales

**ESTUDIOS:** Grado en Biotecnología

Página 2 de 5

### **REQUISITOS PREVIOS**

Aplicaciones Informáticas, Estructura y Función de Biomoléculas, Estadística Aplicada.

### **CONTENIDOS**

Acceso a la información genómica y post-genómica. Comparación de secuencias biológicas y relaciones de homología. Evolución molecular y filogenia. Patrones conservados en secuencias de aminoácidos. Clasificación funcional y estructural de proteínas. Búsqueda de secuencias en bases de datos.

#### **1. INTRODUCCIÓN**

Qué es la Bioinformática y para qué sirve. Representación electrónica de la información biológica. Fundamentos de informática en entornos bioinformáticos.

#### **2. BASES DE DATOS ELECTRÓNICAS**

Estructuras de las bases de datos electrónicas. Programación de una base de datos ofimática. Repositorios de información biológica. Bases de datos genómicas, proteómicas y metabolómicas.

#### **3. COMPARACIÓN DE SECUENCIAS**

Homología, identidad y similitud entre secuencias. Matrices de puntuación. Algoritmos de alineamiento de pares de secuencias. Búsqueda de secuencias en bases de datos. Algoritmos de alineamiento múltiple de secuencias.

#### **4. FAMILIAS DE PROTEÍNAS**

Perfiles y patrones conservados de secuencia. Modelos probabilísticos sencillos. Bases de datos de motivos y dominios funcionales.

#### **5. PROCESOS EVOLUTIVOS**

Evolución y filogenia molecular. Métodos para la reconstrucción e interpretación de árboles filogenéticos.

#### **6. ESTRUCTURA DE PROTEÍNAS**

Estructura secundaria y estructura terciaria. Bases de datos de estructura tridimensional de macromoléculas. Visualización 3D. Métodos de predicción de estructura secundaria. Métodos de predicción de estructura terciaria.

## ASIGNATURA: BIOINFORMÁTICA

**MATERIA:** Análisis de la información

**MÓDULO:** Complementos transversales

**ESTUDIOS:** Grado en Biotecnología

Página 3 de 5

### METODOLOGÍA

#### ACTIVIDADES FORMATIVAS

Actividades formativas	Créditos ECTS	Competencias
Sesiones de exposición de conceptos	1,3	
Sesiones de resolución de ejercicios, problemas y casos	0,7	
Seminarios	0,1	
Trabajo práctico / laboratorio	-	
Presentaciones	-	
Actividades de estudio personal por parte de los estudiantes	3,6	
Actividades de evaluación (exámenes, controles de seguimiento...)	0,3	
<b>TOTAL</b>	<b>6,0</b>	<b>B3,T2, E4, E7</b>

#### EXPLICACIÓN DE LA METODOLOGÍA DIDÁCTICA

Se basa en las siguientes actividades:

- Exposición de contenidos mediante presentación o explicación (posiblemente incluyendo demostraciones) por parte de un profesor.
- Resolución de ejercicios, planteamiento/resolución de problemas y exposición/discusión de casos por parte de un profesor con la participación activa de los estudiantes.
- Periodo de instrucción realizado por un profesor con el objetivo de revisar, discutir y resolver dudas sobre los materiales y temas presentados en las sesiones de exposición de conceptos y sesiones de resolución de ejercicios, problemas y casos.
- Trabajo personal del estudiante necesario para adquirir las competencias de cada Materia y asimilar los conocimientos expuestos en las sesiones de exposición de conceptos y sesiones de resolución de ejercicios, problemas y casos, utilizando, cuando sea necesario, el material recomendado de consulta. Incluyen también la preparación de tareas relacionadas con las otras actividades, y la preparación de exámenes.
- Pruebas orales y / o escritas realizadas durante el periodo lectivo de una asignatura o una vez finalizada la misma (examen final, actividades de seguimiento)

## ASIGNATURA: BIOINFORMÁTICA

**MATERIA:** Análisis de la información

**MÓDULO:** Complementos transversales

**ESTUDIOS:** Grado en Biotecnología

Página 4 de 5

### EVALUACIÓN

#### MÉTODOS DE EVALUACIÓN

Métodos de evaluación	Peso	Competencias
Examen final ( <b>EX</b> )	40%	<b>E7</b>
Examen/es parcial/es		
Actividades de seguimiento ( <b>AS</b> )	35%	<b>E4</b>
Trabajos y presentaciones ( <b>TP</b> )	20%	<b>B3</b>
Trabajo experimental o de campo		
Proyectos		
Valoración de la empresa o institución		
Participación ( <b>TP</b> )	5%	<b>T2</b>

#### RESULTADOS DE APRENDIZAJE

- El alumno debe demostrar que conoce y sabe acceder a la información de las principales bases de datos con información biológica. (→ B3, T2, E7) [Actividades de seguimiento, Trabajos y presentaciones, Examen final]
- El alumno debe demostrar suficiencia en la correcta utilización de herramientas bioinformáticas básicas para el análisis y la comparación de secuencias genómicas. (→ E4) [Examen final, Actividades de seguimiento]
- El alumno de demostrar suficiencia para plantear y ejecutar correctamente una estrategia basada en herramientas bioinformáticas que permita la resolución de problemas de biociencias. (→ E4, E7) [Examen final]

#### CALIFICACIÓN

- Las actividades de seguimiento consistirán en un mínimo de 4 pruebas, que incluirán tanto preguntas de fundamentos teóricos tipo test como de resolución práctica de ejercicios. Del promedio directo del resultado de las pruebas se obtendrá la calificación **AS** valorada sobre 10 puntos.
- Se realizará un trabajo individual o en grupo de la temática propuesta por el profesor y el resultado podrá ser expuesto y discutido con el resto de los alumnos y/o el profesor. El trabajo, así como la participación en las presentaciones, conformarán la calificación **TP** valorada sobre 10 puntos.
- El examen final constará de una parte de fundamentos teóricos (**EX-T**, valorada orientativamente sobre 2 puntos) y de una parte de resolución de problemas (**EX-P** valorada orientativamente sobre 8 puntos). La suma de la calificación de ambas partes resultará en la calificación final del examen **EX** valorada sobre 10 puntos.
- La calificación final de la asignatura será  $0,4*(EX-T + EX-P) + 0,35*AS + 0,25*TP$  siempre y cuando cada una de las calificaciones suponga un mínimo del 50% de su valor. En caso contrario, la calificación final de la asignatura corresponderá a la calificación más baja de ellas valorada sobre 10 puntos.



PERSONA CIENCIA EMPRESA  
Universitat Ramon Llull

## ASIGNATURA: BIOINFORMÁTICA

**MATERIA:** Análisis de la información

**MÓDULO:** Complementos transversales

**ESTUDIOS:** Grado en Biotecnología

Página 5 de 5

### EVALUACIÓN DE LAS COMPETENCIAS

Para la evaluación de las competencias B3 y T2, se usarán como indicadores las notas de los trabajos, presentaciones y la participación (**TP**). Para la evaluación de la competencia E4 se usarán como indicadores las notas de las actividades de seguimiento (**AS**). Para la evaluación de la competencia E7 se usará como indicador la nota del examen final (**EF**).

### BIBLIOGRAFÍA

- *Introduction to Bioinformatics*. Arthur M. Lesk, 3rd Edition (2008). Oxford University Press
- *Bioinformatics and Functional Genomics*. Jonathan Pevsner, 2nd Edition (2009). Wiley-Blackwell
- *Understanding Bioinformatics*. Marketa Zvelebil and Jeremy O. Baum, 1st Edition (2008). Garland Science

### HISTÓRICO DEL DOCUMENTO

#### MODIFICACIONES ANTERIORES

12 de setiembre de 2016, Dr. Xevi Biarnés

6 de julio de 2016, Dr. Xevi Biarnés

17 de junio de 2015, Dr. Xevi Biarnés

25 de mayo de 2015, Dr. Xevi Biarnés

#### ÚLTIMA REVISIÓN

12 de setiembre de 2016, Dr. Xevi Biarnés