

B.4 BIOINFORMÁTICA ESTRUCTURAL: SECUENCIAS, ESTRUCTURAS E INTERACCIONES DE PROTEÍNAS

MATERIA: Bioinformática estructural: secuencias, estructuras e interacciones de proteínas / Structural Bioinformatics: protein sequences, structures and interactions

Módulo al que pertenece: Análisis Bioinformático

Tipo: Obligatoria

ECTS: 2

Semestre: 2

Lenguas en las que se imparte: español, inglés

COMPETENCIAS:

Básicas / Generales:

B1. Comprender los **conceptos fundamentales** relacionados con la problemática biosanitaria desde el punto de vista de la **bioinformática** y el manejo de grandes volúmenes de datos ómicos.

CB2. Que los estudiantes sepan **aplicar** sus **conocimientos** a su trabajo o vocación de una forma profesional y posean las competencias que suelen demostrarse por medio de la elaboración y defensa de argumentos y resolución de problemas dentro de su área de estudio.

CB3. Que los estudiantes tengan la capacidad de **reunir e interpretar datos relevantes** a partir de repositorios públicos de datos bioinformáticos u otras fuentes de datos, para emitir juicios que incluyan una reflexión sobre temas relevantes de índole social, científica o ética.

CB4. Que los estudiantes puedan **transmitir información**, ideas, problemas y soluciones relacionadas con el ámbito de la bioinformática a un público tanto especializado como no especializado.

CG1: Desarrollar una **capacidad crítica en el análisis de datos ómicos**, desde los distintos puntos de vista del problema (estadístico, matemático, computacional, biológico, etc.)

Específicas:

CE1. **Gestionar grandes volúmenes de información** y estructuras de datos matriciales.

CE3. Desarrollar las capacidades para **combinar y adaptar aproximaciones existentes** para abordar las características específicas de un problema bioinformático.

CE5. Manejar con soltura los conceptos fundamentales de las áreas relacionadas con la bioinformática, especialmente respecto a la **biología celular, la genética y las diversas ramas de la biotecnología**.

RESULTADOS DE APRENDIZAJE PREVISTOS:

Como resultados de aprendizaje el estudiante tendrá un conocimiento y capacidad amplia para analizar, comparar y clasificar secuencias de proteínas. Así mismo obtendrá capacidades para analizar e interpretar la estructura terciaria derivada, a través de modelos y visualizaciones, así como para comprender las relaciones entre proteínas y entre proteínas y otras moléculas, y su relación con el diseño de fármacos.

BREVE DESCRIPCIÓN DE CONTENIDOS:

Para obtener los resultados de aprendizaje previstos, se planea impartir los siguiente contenidos

- 1) Protein sequence alignment: search for homologous using BLAST, PsiBLAST algorithms
- 2) Substitution matrices (PAM, BLOSUM) and score methods for sequence alignment. Sensitive homology detection using HMMER
- 3) Multiple Sequence alignments (MSA): Clustal, T-coffee
- 4) Protein motifs and domains: PROSITE, PFAM, InterPro
- 5) Protein structural prediction: secondary structures, accessibility, remote 3D structural prediction (threading)
- 6) Public Repositories of 3D structural data: Protein Data Bank and Electron Microscopy Data Bank (EMDB)
- 7) Protein 3D structural analysis and classification: structural databases CATH, SCOP), structural comparison
- 8) Protein 3D structural modeling

OBSERVACIONES**(Requisitos previos, coordinación. Otras)**

Es necesario por un lado que el estudiante conozca las bases de datos y repositorios básicos de secuencia de proteínas obtenidos en la asignatura Uso de Bases de Datos Biológicas (UniProt, PDB, etc.)

Por otro lado, es importante tener conocimientos sobre la visualización de estructuras 3D que se obtendrán en paralelo en la asignatura Visualización de Datos Biológicos.

ASIGNATURAS QUE COMPONEN LA MATERIA:

Asignatura 1: Bioinformática estructural: secuencias, estructuras e interacciones de proteínas

Carácter: Obligatoria

ECTS: 2

Unidad temporal: 2º semestre

Lenguas en las que se imparte: español, inglés

ACTIVIDADES FORMATIVAS

Actividad Formativa	Horas de dedicación presencial del estudiante		Horas de trabajo personal del estudiante		Porcentaje de presencialidad
Clases teóricas	10		5		66%
Clases prácticas en ordenadores	10		15		40%
Realización de trabajos e informes	0		10		0
		Total Horas Presenciales	20	Total Horas Trabajo Autónomo	30

SISTEMAS DE EVALUACIÓN

Prueba de evaluación	Ponderación máxima	Ponderación mínima
Evaluación continua	30	20
Trabajos e informes	100	80
Examen final	40	0