

Asignatura: Bioinformática y Tratamiento de Datos (BIF): 2016 – 2017

DESCRIPCIÓN:

El temario del curso está orientado a formar al alumno en las técnicas más recientes de búsqueda y análisis de información molecular mediante el acceso a bases de datos y el uso de herramientas bioinformáticas específicas. Además, el curso pretende capacitar al alumno en la utilización de herramientas aplicadas al análisis de datos biológicos, tratamiento de datos procedentes de las técnicas ‘ómicas’ más comúnmente utilizadas, y la generación de hipótesis sobre la funcionalidad de los genes y proteínas, obtenidas a través de distintas fuentes experimentales, desde la perspectiva de la biología de sistemas. Esta asignatura tiene un gran componente de desarrollo práctico con la resolución de casos y problemas mediante el tratamiento computacional de distintos datos experimentales en ordenadores.

De esta forma la orientación final del curso es la formación de los alumnos como usuarios eficientes de los recursos bioinformáticos disponibles de tal forma que emplee las herramientas informáticas como una técnica más de laboratorio.

CONOCIMIENTO PREVIO:

Se recomienda que los alumnos hayan cursado asignaturas relacionadas con biología molecular y genética. No es necesario tener una formación previa en Informática o programación, pero sí el manejo básico del ordenador.

BLOQUES TEMATICOS

- Tema 1.** Introducción a la Bioinformática: la información en el DNA y proteínas. Necesidad de herramientas computacionales en Biología. Servicios de información en Biología. Bases de datos en Biología. Interrogación de Bases de datos. Herramientas de análisis de secuencias.
- Tema 2.** Análisis de secuencias: Análisis de Filogenias. Búsqueda de patrones y motivos funcionales a partir de un alineamiento múltiple. Utilización de parámetros; bases de datos de alineamientos múltiples; bases de datos de motivos y dominios funcionales. Principios de Sistemática Molecular: métodos de distancia, métodos de parsimonia. Árboles filogenéticos.
- Tema 3.** Bioinformática estructural: predicción estructura proteínas. Búsqueda de modelos por homología y Threading. Predicción de otras características estructurales: hélices transmembrana, motivos coiled-coil, accesibilidad al solvente e hidrofobicidad. Bases de datos de estructuras y de clasificación jerárquica de estructuras. Visualización de estructuras protéicas. Evolución y comparación de estructuras 3D. Estructura cuaternaria: interacción de proteínas.
- Tema 4.** Tratamiento de datos en técnicas ‘ómicas’: NGS, análisis masivo transcripción: RNA-Seq. Cálculo de expresión diferencial con RNA-Seq. Alineamiento de las lecturas a la referencia. Cuantificación de la expresión: cuantificación, filtrado de datos y normalización de datos de

expresión. Cálculo de la expresión diferencial. Análisis de datos.

Tema 5. Biología de Sistemas: redes de interacción de proteínas. Predicción bio-computacional de asociaciones entre proteínas: diseños experimentales. Iniciación en la predicción de interacción y en el modelado de redes de asociación. Estudio y predicción funcional a partir de redes.

Tema 6. Biología sintética: Introducción a la biología sintética sus estándares y aplicaciones. La biología sintética como metáfora de una ingeniería biológica. El concepto de BioBrick y la iniciativa iGEM. Evolución de las aplicaciones desarrolladas y desarrollables empleando biología sintética.

EVALUACIÓN:

- Control de asistencia a clase y participación en el desarrollo de las prácticas y ejercicios asociados: 50% nota.
- Cuestionario tipo test de todos los temas de la asignatura: 50% nota.

BIBLIOGRAFIA BASICA

- David W. Moun. Bioinformatics: sequence and genome analysis. New York : Cold Spring Harbor.
- Lesk, A. M. Introduction to Bioinformatics. Oxford University Press –tercera edición.
- Michael Barnes, Ian C Gray. Bioinformatics for Geneticists, John Wiley & Sons.
- U. Alon, An Introduction to Systems Biology. Design Principles of Biological Circuits, Chapman & Hall/CRC.
- Zvelebil, M. y T. Robins. Understanding Bioinformatics. Garland Science.
- Practical Protein Bioinformatics. Authors: Pazos, Florencio, Chagoyen, Mónica.
- Regenesis (<http://www.regenesisthebook.com>)
- Synthetic Biology: a primer (<http://www.worldscientific.com/worldscibooks/10.1142/p837>)

PROFESORES PARTICIPANTES:

- Dr. Enrique Viguera Mínguez (Universidad de Málaga). Profesor de Genética en la UMA. Su investigación se centra en el estudio de las bases genéticas y moleculares de las denominadas "mutaciones dinámicas", cambios en el DNA caracterizados por la delección o amplificación de secuencias repetidas y relacionada con diferentes enfermedades en humanos (Ataxia de Friedrich, Enfermedad de Huntington, etc.). Es coordinador de una plataforma de genotipado en la UMA (Edificio de Bioinnovación, Parque Tecnológico de Andalucía) orientada a la identificación y diagnóstico de cambios en el DNA de muestras biológicas.
(http://www.uma.es/departamento-de-biologia-celular-genetica-y-fisiologia/info/71846/enrique-viguera-minguez/?set_language=en)

- Dr. Florencio Pazos Cabaleiro (CNB-CSIC, Madrid). Científico Titular del CSIC. Experto en Bioinformática, Biología Computacional y Biología de Sistemas. El trabajo de su grupo de investigación se centra en la obtención de nuevos conocimientos biológicos con un enfoque

computacional que complementa las metodologías in-vivo e in-vitro. Esto implica principalmente la minería de las enormes cantidades de información almacenada en bases de datos biológicas.

(<http://www.cnb.csic.es/index.php/en/research/research-departments/systems-biology/computational-systems-biology>)

- Dr. Gonzalo Claros Díaz (Universidad de Málaga). Profesor en el Departamento de Biología Molecular y Bioquímica de la UMA, y responsable de la Plataforma Andaluza de Bioinformática en Málaga. Es experto en obtención, tratamiento y análisis de datos procedentes de técnicas ‘ómicas’: secuenciación, NGS y transcriptómica.
(<https://about.me/mgclaros>)

- Dr. Guillermo Thode Mayoral (Universidad de Málaga). Profesor de Genética en la UMA, es experto en análisis de secuencias y filogenia.

- Dr. James Perkins (Instituto de Investigación Biomédica de Málaga -IBIMA). Investigador Senior del IBIMA. Experto en el análisis de datos transcriptómicos y proteómicos. Análisis de datos y estudio funcional de genes y proteínas desde la Biología de Sistemas. Actualmente trabaja en estrecha colaboración con grupos clínicos en el estudio de los mecanismos moleculares implicados en la respuesta inmunológica y en la alergia a distintos medicamentos.

- Dr. Juan Antonio García Ranea (Coordinador - Universidad de Málaga). Profesor en el Departamento de Biología Molecular y Bioquímica de la UMA. Larga experiencia investigadora en bioinformática y biología de sistemas: genómica estructural y comparativa; modelado y estudio de redes de interacción proteína-proteína, drogas-proteína, y de asociaciones fenotipo-genotipo de pacientes con desordenes genómicos raros.

- Dr. Raúl Montañez Maritinez (CIBER de Enfermedades Raras -ISCIII). Investigador Senior del CIBERER-ISCIII. Experto en modelado de sistemas, eco-biología y biología sintética.