

Asignatura: Bioinformática y Tratamiento de Datos (BIF):

COORDINADOR: Juan Antonio García Ranea (Universidad de Málaga).

PROFESORES PARTICIPANTES:

Dr. Manuel Gonzalo Claros Díaz (Universidad de Málaga).

Dr. Enrique Viguera Mínguez (Universidad de Málaga).

Dr. Florencio Pazos Cabaleiro (CNB-CSIC, Madrid).

Dr. Aurelio Moya García (Universidad de Málaga).

Dr. Carlos Rodríguez Caso (Universidad de Málaga).

Dr. James Richard Perkins (CIBER de Enfermedades Raras, ISCIII).

Dr. Pedro Seoane Zonjic (CIBER de Enfermedades Raras, ISCIII).

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 del manejo básico del ordenador.

BLOQUES TEMATICOS

Tema 1. Introducción a la Bioinformática: Bases de datos moleculares y análisis de secuencias. (*Dr. Enrique Viguera Mínguez*).

- Tema 2.** Programación básica en análisis bioinformático y de redes: Introducción a la línea de comandos de Linux aplicado al análisis de secuencias. Introducción a la programación básica en R aplicado al análisis de redes homogéneas y bipartitas. Proyección de redes bipartitas y su análisis. *(Dr. Pedro Seoane & Dr. Juan A.G. Ranea)*.
- Tema 3.** Asociación de variantes genéticas con enfermedad: Estudios de asociación en el genoma completo (Genome Wide Association Studies, GWAS). Tecnología, teoría y aplicaciones. Análisis de los datos GWAS: diseño de experimentos, control de calidad y genotipado. Uso de PLINK para encontrar variantes asociadas con enfermedades. Análisis e interpretación de los resultados utilizando herramientas bioinformáticas. *(Dr. James Perkins & Dr. Juan A.G. Ranea)*.
- Tema 4.** Obtención de secuencias: secuenciación clásica y de nueva generación. Estrategias de secuenciación y sus diferentes aplicaciones. El valor de calidad. Preprocesamiento: etapas y cómo hacerlo. FastQC y SeqTrimNext /SeqTrimBB. Estrategias de ensamblaje. Resecuenciación. Amplicones. Transcriptomas. *(Dr. Gonzalo Claros)*.
- Tema 5.** Análisis masivo transcripción: RNA-Seq. Tipos de análisis de expresión. ¿RNA-seq o micromatrices? Mapeo. Fichero SAM. Mapeadores. Recuento de la expresión. ¿Cuántas réplicas? Normalización. Expresión diferencial. Criterios para considerar que hay expresión diferencial. Análisis funcional. *(Dr. Gonzalo Claros)*.
- Tema 6.** Biología Sintética: Diseño de constructos genéticos sintéticos siguiendo las bases de la ingeniería. *(Dr. Carlos Rodríguez Caso)*
- Tema 7.** Redes Biológicas I: Modelado y análisis funcional de Redes. Predicción bio-computacional de asociaciones entre genes y/o proteínas. Integración de predicciones de interacción en modelos de redes. Aplicación de las redes moleculares en la resolución de un caso experimental real: Modelado de redes de interacción; Identificación de módulos y comunidades (clustering); Estudio funcional. *(Dr. Juan A. G. Ranea)*.
- Tema 8.** Redes Biológicas II: Principales conceptos en Teoría de Grafos. Clusters/módulos. Principales tipos de grafos. Aproximación sistémica vs. reduccionista a las patologías. Módulos de red relacionados con enfermedades. Módulos fenotípicos y genotípicos. Introducción al manejo y visualización de redes biológicas con Cytoscape. *(Dr. Florencio Pazos Cabaleiro & Dr. Juan A.G. Ranea)*.
- Tema 9.** Redes de regulación: cáncer y aplicaciones en Biotecnología. *(Dr. Aurelio Moya García)*

EVALUACIÓN:

- Control de asistencia a clase y/o participación en el desarrollo de las prácticas y/o ejercicios asociados (a criterio del profesor en cada tema): 50% nota.
- Cuestionario tipo test de todos los temas de la asignatura: 50% nota.

BIBLIOGRAFIA BÁSICA

- 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.
- Steve Horvath. Weighted Network Analysis. Applications in Genomics and Systems Biology. Springer, New York, NY. DOI: <https://doi.org/10.1007/978-1-4419-8819-5>.
- Albert-László Barabási. Network Science. Cambridge University Press. ISBN-13: 978-1107076266
- Thomas E. Creighton. Proteins: Structures and Molecular Properties. W. H. Freeman (ed). 2nd edition. ISBN: 071677030X
- Florencio Pazos, Mónica Chagoyen. Practical Protein Bioinformatics. Springer. ISBN: 978-3-319-12727-9
- Xuhua Xia. Bioinformatics and the Cell. Springer
- Vince Buffalo. Bioinformatics Data Skills: Reproducible and Robust Research with Open Source Tools. O'Reilly Media
- Market Zvelebil. Understanding Bioinformatics. Garland Science
- D. Edwards et al. Bioinformatics: Tools and Applications. Springer
- M. Agostino. Practical Bioinformatics. Garland Science.
- Compeau & Pevzner. Bioinformatics algorithms: An active learning approach. Active Learning Publishers.