

-PROGRAMA /ASIGNATURAS OPTATIVAS

“Bioinformática Aplicada a Biología Integrativa y de Sistemas en Cáncer”

- **Datos**

- **Denominación:**

Bioinformática aplicada a biología integrativa y de sistemas en cáncer.

- **Carácter:**

Optativa

- **Centro:**

Instituto Universitario de Biología Molecular y Celular del Cáncer (USAL-CSIC)

- **Número de créditos ECTS:**

3 ECTS

- **Numero de horas de trabajo del alumno:**

75 horas

- **Unidad Temporal**

Semestral. Segundo semestre del Calendario.

- **Requisitos previos:**

Los contemplados en el sistema de acceso y admisión de estudiantes (Apartado 4).

Que estén cursando o hayan cursado las asignaturas obligatorias del Máster.

- **Profesor responsable:**

Javier de las Rivas

- **Profesores que la imparten:**

Javier de las Rivas

- **Idioma(s) en que se imparte:**

Castellano e Inglés.

- **Página web de la asignatura:**

<http://www.cicancer.org/Máster/bioinformaticaaplicadaabiologiaintegrativaydesistemasdecancer.php>

ACTIVIDAD	HORAS/CARACTER	COMPETENCIAS
Clase magistral.	15 hs+15 horas de preparación de las clases teóricas	CE12- Los estudiantes reconocerán los contenidos y el modo de acceso a las principales fuentes de recursos biológicos y principales bases de datos biomoleculares.
Prácticas	15 hs	CG1- Los estudiantes sabrán aplicar los conocimientos adquiridos y su capacidad de resolución de problemas en entornos nuevos o poco conocidos dentro de contextos más amplios (o multidisciplinares) relacionados con el área de estudio de la Biología Molecular y Celular del Cáncer.
Exposición y discusión en seminarios	6 hs+9 hs de preparación	CE4 (ce8+ce9+ce20)- Los estudiantes reconocerán a nivel general los genes y proteínas implicados en todos los procesos tumorales y sus mecanismos básicos de funcionamiento.
Tutorías (atención personalizada)	3 hs	
Consulta y análisis de fuentes documentales	9 horas de preparación del examen final	CG4a- Los estudiantes desarrollarán su capacidad de comprensión y evaluación crítica de las publicaciones científicas

ACTIVIDAD	HORAS/CARACTER	COMPETENCIAS
		especializadas sobre este campo
Evaluación	3 hs	
Total	75 hs	

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 si.

Objetivos de contenidos:

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*

• Metodología

La mayoría del curso es teórico-practico 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-practicas 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.

• 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).

• Programa de la asignatura

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.

– 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 (*RASMOL, SwissPDB viewer, VMD*).

– Interacción de Proteína-Ligando: docking (uso básico de *AutoDock*).

– Construcción de redes biomoleculares de interacción de proteínas (uso de *Cytoscape e Ingenuity*).

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.

- **Horarios de atención al público**

Horario de tutoría: Martes y Jueves de 10 a 12 am