



CENTRO DE INVESTIGACIÓN
DEL CÁNCER

Máster en Biología y Clínica del Cáncer



Centro de Investigación del Cáncer
Instituto de Biología Molecular y Celular del Cáncer
Universidad de Salamanca – CSIC
Campus Miguel de Unamuno
37007, Salamanca
España

Tel. : 923 294720
Fax: 923 294743

www.cicancer.org/masterbio.php

ASIGNATURA: "BIOINFORMÁTICA APLICADA A BIOLOGÍA INTEGRATIVA Y DE SISTEMAS EN CÁNCER"		
Código: 303011		
Tipo ¹ : OPTATIVA Semestre: SEGUNDO	Créditos ECTS: 3	Horas de aprendizaje
		Teoría:15 Prácticas:15 Trabajo Personal y otras actividades:45
Profesores que imparten la asignatura		
Profesor Responsable	Dr. Javier De las Rivas Sanz	
Centro	Centro de Investigación del Cáncer CIC	
Laboratorio	Lab. 19	
Dirección de Mail	jrivas@usal.es	
Teléfono:	+34 923 294819	
URL	http://www.cicancer.org/masterpdfs/Optativas2Semestre/BioinfoAplic_BiologiaIntegrativa_SysCancer.pdf	
Lugar de impartición: <i>Aulas de Informática</i> la Facultad de Medicina	Fecha: Comienzo: 5 de febrero de 2018 Fin: 9 de marzo 2018	Horario: Días: Mañanas Horario: A concretar



CENTRO DE INVESTIGACIÓN
DEL CÁNCER

Máster en Biología y Clínica del Cáncer



Centro de Investigación del Cáncer
Instituto de Biología Molecular y Celular del Cáncer
Universidad de Salamanca – CSIC
Campus Miguel de Unamuno
37007, Salamanca
España

Tel. : 923 294720
Fax: 923 294743

www.cicancer.org/masterbio.php

ACTIVIDAD	HORAS/CARACTER	COMPETENCIAS
Clase magistral.	15 hs+15 horas de preparación de las clases teóricas	CE25 -Reconocer los contenidos y el modo de acceso a las principales fuentes de recursos biológicos y bases de datos biomoleculares. Saber cómo utilizar los principales herramientas bioinformáticas para el análisis datos biomoleculares tanto de genes o proteínas singulares como de grupos o familias de genes y proteínas de interés en un estudio.
Prácticas	15 hs	CE25 -Saber interpretar y particularizar los datos globales (ómicos), presentes en los principales servidores informáticos, para el análisis de genes o proteínas.
Exposición y discusión en seminarios	6 hs+9 hs de preparación	CE8
Tutorías (atención personalizada)	3 hs	
Consulta y análisis de fuentes documentales	9 horas de preparación del examen final	CG6
Evaluación	3 hs	
Total	75 hs	

Objetivos:

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 sí.

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.



CENTRO DE INVESTIGACIÓN
DEL CÁNCER

Máster en Biología y Clínica del Cáncer



Centro de Investigación del Cáncer
Instituto de Biología Molecular y Celular del Cáncer
Universidad de Salamanca – CSIC
Campus Miguel de Unamuno
37007, Salamanca
España

Tel. : 923 294720
Fax: 923 294743

www.cicancer.org/masterbio.php

- 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-práctico 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-prácticas 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.

Sistema de 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



CENTRO DE INVESTIGACIÓN
DEL CÁNCER

Máster en Biología y Clínica del Cáncer



Centro de Investigación del Cáncer
Instituto de Biología Molecular y Celular del Cáncer
Universidad de Salamanca – CSIC
Campus Miguel de Unamuno
37007, Salamanca
España

Tel. : 923 294720
Fax: 923 294743

www.cicancer.org/masterbio.php

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.