



- 1. Código:** 31268 **Nombre:** PRÁCTICAS DE BIOINFORMÁTICA (UAB)
- 2. Créditos:** 5,00 **--Teoría:** ,00 **--Prácticas:** 5,00 **Carácter:** Obligatorio
- Titulación:** 2117-Máster Universitario en Mejora Genética Animal y Biotecnología de la Reproducción
- Módulo:** 1-Módulo formativo **Materia:** 1-Genética Molecular
- Centro:** Unidad de Másteres Universitarios

- 3. Coordinador:** Ibáñez Escriche, Noelia
Departamento: CIENCIA ANIMAL

4. Bibliografía

Bioinformatics : a practical guide to the analysis of genes and proteins Baxevanis, Andreas D. | Baxevanis, Andreas D. | Ouellette, B. F. Francis | Ouellette, B. F. Francis Mount, David W.

Bioinformatics : sequence and genome analysis

Bioinformatics for Geneticists: A Bioinformatics Primer for the Analysis of Genetic Data. 2nd Edn. Ed. M. R. Barnes. Wiley. 2007. 528 pages. ISBN 978-0-470-02620-5. Price £45. (paperback) KERR, ALASTAIR

5. Descripción general de la asignatura

Objetivos de la asignatura

Se trata de una asignatura de carácter práctico que se realizará en un aula de informática. La asignatura trata sobre el acceso a bases de datos y la utilización de herramientas bioinformáticas para el análisis de la estructura y función del genoma animal. Se describen las diferentes bases de datos de genómica y los recursos online para su análisis. También se explica la utilización de diferentes programas basados en Linux, DOS y Windows para el análisis de secuencias de DNA, de datos de secuenciación paralela masiva, chips de genotipado de SNPs y estudios de asociación genómicos.

Contextualización de la asignatura

La asignatura de Prácticas Bioinformáticas se sitúa en el ámbito de la biología molecular y la bioinformática, centrándose en el análisis de la estructura y función del genoma animal utilizando herramientas y bases de datos bioinformáticas. Este curso tiene un enfoque práctico y se lleva a cabo en un entorno de laboratorio informático, donde los estudiantes tienen acceso a bases de datos y herramientas bioinformáticas para realizar análisis genómicos.

6. Conocimientos recomendados

(31265) BASES MOLECULARES DE LA GENÉTICA ANIMAL (UAB)

7. Resultados

Resultados fundamentales

16(GE) Integrar la información y procesarla siendo capaces de comunicar sus conclusiones de manera clara

01(ES) Integrarse en un laboratorio de servicios de genética molecular. Genotipado, secuenciación

...

Competencias transversales

- (3) Trabajo en equipo y liderazgo
- Actividades desarrolladas relacionadas con la adquisición de la competencia Resolución de casos/problemas propuestos
 - Criterios de evaluación Se evaluará el desarrollo de las tareas realizadas por cada estudiante como su actitud general hacia el trabajo en equipo y el logro de objetivos compartidos
- Resultados de Aprendizaje Específicos
- RA3.3 - Colaborar de manera proactiva en el desarrollo del trabajo, estableciendo metas y cumpliendo objetivos.

8. Unidades didácticas

1. Bases de datos y manipulación de secuencias de ADN
 1. Bases de datos online
 2. Programas de manipulación de secuencias de ADN
 3. Similitud de secuencias
 4. Análisis del efecto de los polimorfismos de ADN

Document signat electrònicament per Documento firmado electrónicamente por Electronically signed document by	UNIVERSITAT POLITÈCNICA DE VALÈNCIA	Data/Fecha/Date 22/05/2024	1 / 2	
Autenticitat verificable mitjançant Codi Segur Verificació Autenticidad verificable mediante Código Seguro Verificación Original document can be verified by Secure Verification Code		ALUYXAZUS9I https://sede.upv.es/eVerificador		



8. Unidades didácticas

2. Bases de datos genómica
 1. Mapas genómicos y bases de datos genómicos
 2. Localización y estructura de los genes
 3. Mapas comparativos
 4. Análisis de promotores de genes y miRNAs
3. Chips de SNPs y estudios de asociación
 1. Manejo y estudio de información genotípica con Plink
 2. Introducción a R
 3. Estudios de asociación genotipo-fenotipo
 3. GWAS
4. Análisis filogenéticos
 1. Análisis con MEGA
 2. Análisis con MRBAYES
 3. Variabilidad nucleotídica y teoría de la coalescencia
 4. Metodologías de detección de la selección natural
5. Análisis de datos de NGS
 1. Formato ficheros y calidad de las secuencias
 2. Análisis de NGS y RNA-Seq
 2. Análisis de datos de metagenómica
 2. Visualización de datos NGS

9. Método de enseñanza-aprendizaje

UD	TA	SE	PA	PL	PC	PI	EVA	TP	TNP	TOTAL HORAS
1	--	--	--	10,00	--	--	0,50	10,50	19,00	29,50
2	--	--	--	10,00	--	--	0,50	10,50	19,00	29,50
3	--	--	--	10,00	--	--	0,50	10,50	19,00	29,50
4	--	--	--	10,00	--	--	0,50	10,50	19,00	29,50
5	--	--	--	10,00	--	--	2,00	12,00	20,00	32,00
TOTAL HORAS	--	--	--	50,00	--	--	4,00	54,00	96,00	150,00

UD: Unidad Didáctica. TA: Teoría de Aula. SE: Seminario. PA: Práctica de Aula. PL: Práctica de Laboratorio. PC: Práctica de Campo. PI: Práctica de Informática. EVA: Actividades de Evaluación. TP: Trabajo Presencial. TNP: Trabajo No Presencial.

10. Evaluación

Descripción	Nº Actos	Peso (%)
(14) Prueba escrita	2	80
(05) Trabajos académicos	5	20

Se realizarán dos exámenes parciales (cada uno representa un 40% de la nota final) con preguntas cortas, preguntas tipo test y problemas. Este examen será recuperable con un examen final. De forma continuada se facilitará al alumno pequeños trabajos y problemas que ha de resolver de forma autónoma (20% de la nota final). Estos trabajos y problemas no serán recuperables.

El examen de recuperación se realizará a aquellos alumnos que no hayan aprobado la asignatura mediante los actos de evaluación realizados durante el periodo de docencia.

11. Porcentaje máximo de ausencia

Actividad	Porcentaje	Observaciones
Teoría Seminario	10	
Práctica Informática	10	

