



# Guía Docente:

## LABORATORIO INTEGRADO DE BIOFÍSICA Y BIOINFORMÁTICA

---



**FACULTAD DE CIENCIAS QUÍMICAS**  
**UNIVERSIDAD COMPLUTENSE DE MADRID**  
**CURSO 2019-2020**



## I.- IDENTIFICACIÓN

<b>NOMBRE DE LA ASIGNATURA:</b>	<b>Laboratorio Integrado de Biofísica y Bioinformática</b>
<b>NÚMERO DE CRÉDITOS:</b>	<b>6</b>
<b>CARÁCTER:</b>	<b>Obligatoria</b>
<b>MATERIA:</b>	<b>Biofísica y Bioinformática</b>
<b>MÓDULO:</b>	<b>Integración</b>
<b>TITULACIÓN:</b>	<b>Grado en Bioquímica</b>
<b>SEMESTRE/CUATRIMESTRE:</b>	<b>Primero (cuarto curso)</b>
<b>DEPARTAMENTO/S:</b>	<b>Bioquímica y Biología Molecular</b>

### PROFESOR/ES RESPONSABLE/S:

Grupo A	
<b>Teoría Seminario Tutoría</b>	<b>Profesor:</b> Antonio Sánchez Torralba <b>Departamento:</b> Bioquímica y Biología Molecular <b>Despacho:</b> QA, 5ª Planta <b>e-mail:</b> antons04@ucm.es
<b>Teoría Seminario Tutoría</b>	<b>Profesor:</b> Armando Reyes Palomares <b>Departamento:</b> Bioquímica y Biología Molecular <b>Despacho:</b> Facultad de Veterinaria <b>e-mail:</b> armandorp@ucm.es
<b>Teoría Seminario Tutoría</b>	<b>Profesor:</b> JOSÉ MANUEL BAUTISTA SANTA CRUZ <b>Departamento:</b> Bioquímica y Biología Molecular <b>Despacho:</b> Facultad de Veterinaria <b>e-mail:</b> jmbau@ucm.es

## II.- OBJETIVOS

### ■ OBJETIVO GENERAL

Formación y familiarización con técnicas informáticas aplicadas a la bioquímica y a la biología molecular y su utilización en modelos concretos del campo.

### ■ OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Instrucción en el uso aplicado de bases de datos moleculares y de herramientas comparativas de secuencias de ácidos nucleicos y de proteínas con fines analíticos y descriptivos.
- Desarrollos computacionales de modelos de procesos de autoorganización en Biología



### III.- CONOCIMIENTOS PREVIOS Y RECOMENDACIONES

■ **CONOCIMIENTOS PREVIOS:**

■ **RECOMENDACIONES:**

Conocimientos de informática a nivel de usuario.

### IV.- CONTENIDOS

■ **BREVE DESCRIPCIÓN DE LOS CONTENIDOS**

Exploración de bases de datos moleculares. Alineamiento múltiple de secuencias. Búsqueda de motivos estructurales en proteínas. Filogenia. Flujo de información bibliográfica científica. Programación. Formación de estructuras y patrones espaciales. Modelos de ritmos circadianos. Selección y evolución de moléculas autorreplicativas. Modelos de potencial de acción. Modelos de comunicación celular.

■ **PROGRAMA:**

1. Introducción a la programación en lenguajes de tipo script.
2. Librerías de importancia científica y métodos numéricos.
3. Bases de datos biomoleculares. Formatos y vínculos de bases de datos. Bases de datos de ácidos nucleicos y proteínas.
4. Búsquedas en bases de datos. Búsqueda por definición. Búsqueda por secuencias.
5. Alineamiento de secuencias. Algoritmos. Alineamientos múltiples de secuencias. Análisis filogenético.
6. Información bibliográfica científica académica. Tipos y modelos de publicaciones científicas. Vínculos con secuencias y datos biomoleculares.
7. Motivos de red y modelos bioquímicos básicos.
8. Bucles de realimentación.
9. Ultrasensibilidad y biestabilidad.
10. Oscilaciones biológicas.

### V.- COMPETENCIAS

■ **GENERALES:**

- **CG10** Evaluar, interpretar y resumir información y datos bioquímicos, haciendo uso de la literatura científica.
- **CG12** Continuar sus estudios en áreas especializadas de las Biociencias moleculares o en áreas multidisciplinares.
- **CG14** Comunicar con rigor los aspectos fundamentales de su actividad profesional a otros profesionales de su área, o de áreas afines, y a un público no especializado.



## ■ ESPECÍFICAS:

- **CE45-BB2** Demostrar conocimientos elementales del sistema operativo Linux, de programación en Python, así como de otros sistemas operativos emparentados con Unix, y de diseño e implementación de bases de datos relacionales.
- **CE46-BB3** Explicar las técnicas y métodos para analizar y comparar secuencias de ácidos nucleicos, analizar y anotar genomas, predecir y comparar la estructura y la función de proteínas, diseñar fármacos optimizados para su interacción con centros activos de enzimas o receptores o con ácidos nucleicos.

## ■ TRANSVERSALES:

- **CT2** Demostrar razonamiento crítico y autocrítico.
- **CT4** Trabajar en equipo.
- **CT8** Utilizar herramientas y programas informáticos que facilitan el tratamiento de los resultados experimentales
- **CT9** Comunicar conceptos científicos utilizando los medios audiovisuales más habituales.
- **CT14** Desarrollar una motivación por la búsqueda de la calidad científica.

## VI. – HORAS DE TRABAJO Y DISTRIBUCIÓN POR ACTIVIDAD

Actividad	Presencial (horas)	Trabajo autónomo (horas)	Créditos
<b>Clases de Laboratorio</b>	35	52,5	3,5
<b>Seminarios</b>	15	22,5	1,5
<b>Exposición de trabajos y exámenes</b>	3	22	1
<b>Total</b>	<b>53</b>	<b>97</b>	<b>6</b>

## VII.- METODOLOGÍA

La actividad docente seguirá una metodología híbrida, que hará uso de un aprendizaje colaborativo y un aprendizaje individual. Las actividades presenciales de la asignatura se estructuran en **clases prácticas y seminarios**. El curso se dividirá en grupos de trabajo.

En las **clases de seminario** el profesor dará a conocer y discutirá con los diferentes grupos el contenido de su trabajo. Se presentarán los conceptos teóricos necesarios para la comprensión de las tareas a desarrollar en el laboratorio de informática.

Las **clases de laboratorio** tendrán como objetivo desarrollar y ejecutar, de manera supervisada, los aspectos planteados en los diferentes grupos de trabajo.



## VIII.- BIBLIOGRAFÍA

### ■ BÁSICA:

No se va a seguir un libro de texto concreto para el desarrollo de la asignatura. A continuación se relacionan textos recomendados de carácter general.

- Arthur M. Lesk: INTRODUCTION TO BIOINFORMATICS. 3<sup>rd</sup> ed., Oxford University Press. Oxford. 2008
- Montero F. y Morán F.: BIOFISICA. Eudema. Madrid. 1992

### ■ COMPLEMENTARIA:

- A. Malcolm Campbell, Laurie J. Heyer: DISCOVERING GENOMICS, PROTEOMICS, AND BIOINFORMATICS. 2<sup>nd</sup> ed. Pearson Benjamin Cummings. San Francisco. 2007
- Paul G. Higgs and Teresa K. Attwood: BIOINFORMATICS AND MOLECULAR EVOLUTION. Blackwell Publishing. Oxford. 2005
- Morán, F., Peretó, J. y Moreno, A.: ORIGENES DE LA VIDA. Editorial Complutense S.A. Madrid. 1995

Para los temas correspondientes a modelización de procesos de autoorganización en biología se proporcionará la bibliografía adecuada y actual para cada grupo de trabajo.

## IX.- EVALUACIÓN

Para la evaluación final es obligatoria la participación en las diferentes actividades propuestas. Para poder superar la asignatura será necesario que el alumno haya participado al menos en el 70% de las actividades presenciales.

El rendimiento académico del alumno y la calificación final de la asignatura se computarán de forma ponderada atendiendo a los siguientes porcentajes, que se mantendrán en todas las convocatorias:

### ■ PRUEBAS ESCRITAS: 25%

La evaluación de las competencias adquiridas en la parte teórica de la asignatura se llevará a cabo mediante la realización de pruebas escritas, que constarán de preguntas sobre aplicación de conceptos aprendidos durante el curso y cuestiones relacionadas.

### ■ TRABAJO PERSONAL: 70%

La evaluación del trabajo de aprendizaje realizado por el alumno considerará la destreza del alumno en la resolución de problemas y ejercicios propuestos, en la preparación de un trabajo o en la discusión de artículos científicos.

### ■ ASISTENCIA Y PARTICIPACIÓN ACTIVA EN LAS CLASES: 5%

La asistencia y la participación del alumno en todas las actividades se valorará positivamente en la calificación final. La falta de asistencia reiterada podrá penalizarse.

Siempre se respetará un plazo mínimo de siete días entre la publicación de cualquier calificación, si fuera el caso, y la fecha del examen final de la asignatura.



PLANIFICACIÓN DE ACTIVIDADES – CRONOGRAMA

TEMA	ACTIVIDAD	HORAS	GRUPOS	INICIO	FIN
1. Introducción a la programación en lenguajes de tipo script. 2. Librerías de importancia científica y métodos numéricos.	Seminarios	3	2	4ª Semana	6ª Semana
	Laboratorio	8	2		
3. Bases de datos biomoleculares. Formatos y vínculos de bases de datos. Bases de datos de ácidos nucleicos y proteínas. 4. Búsquedas en bases de datos. Búsqueda por definición. Búsqueda por secuencias. 5. Alineamiento de secuencias. Algoritmos. Alineamientos múltiples de secuencias. Análisis filogenético. 6. Información bibliográfica científica académica. Tipos y modelos de publicaciones científicas. Vínculos con secuencias y datos biomoleculares.	Seminarios	8	2	7ª Semana	11ª Semana
	Laboratorio	17	2		
7. Motivos de red y modelos bioquímicos básicos. 8. Bucles de realimentación. 9. Ultrasensibilidad y biestabilidad. 10. Oscilaciones biológicas.	Seminarios	4	2	12ª Semana	14ª Semana
	Laboratorio	10			



RESUMEN DE LAS ACTIVIDADES

Actividad docente	Competencias asociadas	Actividad Profesor	Actividad alumno	Procedimiento de evaluación	P	NP	Total	C
Seminarios	CG10 CG12 CG14 CE45-BB2 CE46-BB3 CT2 CT4 CT8 CT9 CT14	Exposición de conceptos teóricos. Planteamiento de cuestiones.	Toma de apuntes, formulación y contestación de cuestiones. Estudio del material propuesto	Valoración de las respuestas a preguntas relacionadas con los conceptos teóricos explicados.	15	22,5	37,5	70%
Laboratorio		Dirección y supervisión del estudio y actividades del alumno. Planteamiento de cuestiones.	Desarrollo y resolución en el laboratorio de los temas propuestos	Valoración del trabajo y su desarrollo.	35	52,5	87,5	
Exposición de trabajos y exámenes		Propuesta, supervisión y corrección y corrección de presentaciones y exámenes. Calificación del alumno.	Preparación y realización.	Presentación del trabajo	3	22	25	30%

**P : Presenciales; NP: no presenciales (trabajo autónomo); C: calificación**