

Curs 2013-2014 **Bioinformatica (codi)**

Titulació/estudi: nom estudi

Curs: 4rt

Trimestre: 1r,

Nombre de crèdits ECTS: crèdits

Hores dedicació estudiant: hores

Llengua o llengües de la docència: Catala/Angles

Professorat: Roderic Guigo, Robert Castelo, Cedric Notredame i Toni Gabaldon

1. Presentació de l'assignatura

El eixos sobre els qual s'articula l'assignatura de Bioinformàtica són els següents:

1. El contingut de l'assignatura se centra exclusivament en l'anàlisi computacional de seqüències biològiques}. Altres àrees molt importants de la Bioinformàtica--com ara l'anàlisi de microarrays, modelització de xarxes metabòliques o de regulació o "data-mining" de la literatura científica--en són explícitament excloses del temari. A més, a l'hora d'establir el temari concret, hom ha tingut en compte que les assignatures d'Evolució (anterior en la Llicenciatura) i de Biologia Estructural (posterior) inclouen continguts propis de l'anàlisi de seqüències: Construcció de Filogènies Moleculars i Predicció de l'Estructura de les Proteïnes. Aquests continguts han estat també explícitament exclosos del temari.
2. L'assignatura no consisteix en una mera descripció de receptes algorítmiques per tal de resoldre determinats problemes, sinó que el nucli fonamental de les classes teòriques consisteix en la justificació formal d'alguns dels algoritmes més utilitzats en Bioinformàtica. En particular, la Programació Dinàmica (en que es basen els programes d'alineament de seqüències), les Taules "Hash" (que permeten l'acceleració de les recerques de similaritat en les bases de dades), i els mètodes markovians -- incloent-hi els Models de Markov Ocults (per a la identificació de patrons en seqüències) -- són tots introduïts, -- i fem èmfasi el terme introduïts -- amb el rigor matemàtic necessari.
3. L'assignatura no pretén embotir els estudiants amb un gran nombre de coneixements (programes, servidors i bases de dades diversos). Aquesta és una temptació en la qual, en Bioinformàtica, es pot caure fàcilment donada la impressionant quantitat de recursos que existeixen a Internet. Tanmateix una temptació que, donat el caire extraordinàriament canviant dels problemes en Bioinformàtica, pot ser molt poc profitosa: els problemes rellevants avui, ho deixen de ser demà. Contràriament -- i d'acord amb l'orientació general de la Llicenciatura -- l'assignatura, més que informar als estudiants com resoldre problemes que avui existeixen, pretén capacitar els estudiants perquè siguin

capaços de fer front problemes, alguns dels quals, potser avui encara no existeixen. Es per això, que el nucli de les classes pràctiques és constituït per una introducció a la programació. El llenguatge escollit és PERL, un llenguatge interpretat. Això fa que les hores dedicades a programació siguin suficients per tal que els estudiants més motivats puguin implementar programes força sofisticats.

4. Els mètodes bioinformàtics no es desenvolupen aïlladament, sinó que ho fan en resposta a determinats problemes biològics. Aquests, al seu torn són sovint motivats per desenvolupaments tecnològics. Per exemple, els algorismes de comparació de seqüències es desenvolupen quan hom s'adona que d'aquesta comparació s'obté informació biològica molt rellevant. L'obtenció de seqüències de manera massiva, que dóna sentit en aquesta comparació, però depèn del perfeccionament de les tècniques de seqüenciació. En aquest sentit, l'assignatura intenta introduir el mètodes bioinformàtics en el context històric del progrés de la biologia que els fa necessaris.

Dels eixos en els quals s'organitza l'assignatura, hom dedueix que l'objectiu principal n'és **proporcionar als estudiants la capacitat i les habilitats per tal que siguin capaços de resoldre (nous) problemes computacionals en biologia**. Aquesta capacitació s'obté ensenyant els fonaments teòrics d'alguns dels algorismes més importants en Bioinformàtica i ensenyant a programar. En concret els objectius generals de l'assignatura són:

1. Educar els estudiants de biologia en la comprensió i la utilització dels mètodes d'anàlisi computacional de les seqüències biològiques.
2. Introduir els estudiants en el camp dels algorismes i de la computació.
3. Introduir els estudiants en el sistema operatiu unix/linux i en la programació en el llenguatge perl.

2. Competències a assolir

A continuació es descriuen els objectius de l'assignatura de Bioinformàtica amb més detall. Els objectius han estat classificats en:

Essencials: allò que tots els estudiants han de saber o saber fer quan acaben la carrera.

Aconsellables: allò que es aconsellable que un estudiant sàpiga o sàpiga fer quan acaba la carrera.

Especialitzats: aquells aspectes específics de la Bioinformàtica, que no són essencials /aconsellables per a altres àrees de coneixement, però si són essencials/aconsellables si es pretén fer una especialització de post-grau.

CONEIXEMENTS A ADQUIRIR A L'ASSIGNATURA DE BIOINFORMÀTICA

essencials	aconsellables	especialitzats
1. Conèixer la mitja dotzena de bases de dades més importants en la recerca en biomedicina avui en dia 2. Concepte d'alineament i similitud de seqüències 3. Distingir alineament local, global i múltiple 4. Concepte de puntuació d'un alineament 5. Conceptes de gap, identitat substitució conservativa 6. Concepte de Matriu de Substitució 7. Distinció entre alineament òptim mitjançant programació dinàmica, i alineament aproximat 8. Concepte de patró de seqüència 9. Interpretació probabilística de les Matrius de Pesos Posicionals (PWMs) 10. Regularitats estadístiques en les seqüències de DNA que correlacionen amb dominis funcionals. El concepte de periodicitat de la seqüència de DNA 11. Visió global del mètode de descobriment de patrons en seqüències 12. Concepte de computació amb DNA 13. Models probabilístics de les seqüències 14. Models de Markov 15. Introducció als Hidden Markov Models 16. Concepte d'algoritme 17. Concepte de programació dinàmica 18. Concepte de hash table	1. Estructura bàsica d'una base de dades 2. Algoritme de Needleman-Wunsch 3. Algoritme de Smith-Waterman 4. Interpretació evolutiva de les matrius PAM 5. Concepte de penalització afi dels gaps 6. Obtenció manual d'una alineament de seqüències, amb construcció de la matriu de programació dinàmica 7. Esquematzació de l'algoritme bàsic en que es basen els programes BLAST i FASTA 8. Interpretació probabilística de les puntuacions de l'alineament del BLAST 9. Distinció conceptual dels diferents programes de la família BLAST 10. Tractament dels elements repetitius en recerques de similitud a les bases de dades 11. El concepte de contingut informatiu d'una patró i de sequence logo 12. Relació entre alineament múltiple i patró de seqüència 13. Elements de seqüència característics de les senyals d'splicing canòniques 14. Bases de dades d'elements promotors de matrius de factors de transcripció 15. Enumeració d'alguns programes de predicció de gens 16. Predicció comparativa de gens 17. Anàlisi comparatiu de genomes 18. Mètodes per la reconstrucció de la història dels genomes	1. Enumeració de les bases de dades més utilitzades en Biologia i coneixement de la seva estructura 2. Definició formal d'una bases de dades. Esquema 3. Equacions de recurrència dels algoritmes de Needleman-Wunsch i Smith-Waterman 4. Concepte de complexitat d'un algoritme 5. Construcció manual d'un alineament múltiple 6. Relació entre alineament múltiple i arbre filogenètic 7. Derivació de la probabilitat d'un hsp en el programa BLAST 8. Reconstrucció del procés d'obtenció d'una matriu PAM una matriu BLOSUM 9. Descripció de la relació entre els diferents estadístics codificants 10. Transformació de Fourier pel càlcul de la periodicitat d'una seqüència 11. "Hidden Markov Models per a la predicció de gens 12. Double Hidden Markov Models 13. Text mining 14. Construcció i anàlisi de Xarxes 15. Utilització d'ESTs per a la reconstrucció del patró d'splicing alternatiu dels gens 16. Algoritmes per la reconstrucció de la història del genoma: Hannehahilli-Pevner 17. Mètode d'Addleman per a la computació amb DNA 18. Estructures de dades i flux de control en programació

HABILITATS PRÀCTIQUES A ADQUIRIR A L'ASSIGNATURA DE BIOINFORMÀTICA

essencials	aconsellables	especialitzats
1. Fer ús de programes centralitzats d'accés a les base de dades: SRS i ENTREZ 2. Obtenir un alineament global/local entre dues seqüències 3. Obtenir un alineament múltiple de seqüències amb CLUSTAL o T-COFFEE 4. Fer recerques de similitud en bases de dades utilitzant BLAST i FASTA 5. Utilitzar una matriu de pesos per la recerca de motius en seqüències de DNA: llocs d'splicing, motius promotors. 6. Utilitzar el programa REPEAT-MASKER per localitzar repeticions en seqüències de DNA 7. Utilitzar programes de predicció de gens: GENEID, GENSCAN, FGENES,... 8. Accedir als repositoris d'informació genòmica: ENSEMBL, GENOME BROWSER, NCBI 9. Utilitzar servidors per l'anàlisi de dades de microarrays 10. Utilitzar de programes de visualització comparativa de genomes: PIPMAKER, VISTA 11. Implementar un programa senzill en PERL (per exemple, per tal de determinar si un nombre donat es primer o no) 12. Utilitzar de forma bàsica del sistema operatiu UNIX/LINUX	1. Familiaritat en la utilització de bases de dades integratives com ara GENECARDS 2. Obtenir alineaments entre seqüències de proteïnes i seqüències de DNA amb GENEWISE 3. Utilitzar de programes d'alineament múltiple de genomes complets com ara MAVID 4. Utilitzar de la base de dades TRANSFAC per a la caracterització de les regions promotores dels gens 5. Utilitzar del programa MEME pel descobriment de motius en seqüències funcionalment relacionades 6. Utilitzar programes d'alineament de DNA amb CDNA: ESTGENOME, SIM4, etc.. 7. Utilitzar de programes diferents per tal de caracteritzar amb detall una regió del genoma 8. Identificar SNPs en seqüències de DNA 9. Utilitzar de forma avançada el programa GENEID 10. Utilitzar el programa GAZE 11. Implementar un programa de més complexitat en PERL (com ara un programa per calcular el biaix en la utilització de codons en una seqüència de DNA) 12. 13.Familiaritat amb el sistema operatiu UNIX/LINUX, i m algunes de les seves comandes: sh, awk, sed, sort, join, comm, cat, ... 13. elaborar una pàgina www	1. Coneixements bàsics de MYSQL 2. Derivar una matriu de substitució a partir d'un conjunt d'alineaments 3. Fer servir HMM per identificar una seqüència en un a base de dades de perfils 4. Fer servir HMM per identificar un perfil de HMM entre una base de dades de seqüències 5. Dissenyar un HMM per identificar dominis diferents en seqüències de DNA 6. Implementar un servidor DAS 7. Implementació un programa en perl de complexitat moderada (per exemple un programa basat en Smith-Watermann per l'alineament de seqüències) 8. Utilitzar de forma avançada el sistema UNIX/LINUX 9. Dissenyar un servidor www com a interface d'algun programa d'anàlisi de seqüències

3. Continguts

TEORIA

[T1. Introducció a la Bioinformàtica](#)

[T2. Comparació de seqüències en el context evolutiu](#)

[T3. Comparació de seqüències en el context evolutiu](#)

[T4. Matrius de substitució](#)

[T5. Introducció a la programació dinàmica](#)

[T6. Introducció a la programació dinàmica](#)

[T7. Recerques de similaritat en bases de dades \(BLAST\)](#)

[T8. Recerques de similaritat en bases de dades \(BLAST\)](#)

[T9. Alineament múltiple de seqüències](#)

[T10. Alineament múltiple de seqüències](#)

[T11. Alineament múltiple de seqüències](#)

[T12. Reconeixement de patrons en seqüències](#)

[T13. Reconeixement de patrons en seqüències](#)

[T14. Reconeixement de patrons en seqüències](#)

[T15. Estadístics codificants](#)

[T16. Predicció de gens](#)

[T17. Recerca de selenoproteïnes en organismes eucariotes](#)

[T18. Recerca de selenoproteïnes en organismes eucariotes](#)

SEMINARIS

[S1. Unix I. Introducció al sistema operatiu UNIX](#)

[S2. Introducció als algorismes \(I\)](#)

[S3. Unix II. Comandes i manipulacions bàsiques d'arxius a UNIX](#)

[S4. Introducció als algorismes \(II\)](#)

[S5. Problemes d'algortmes \(I\)](#)

[S6. Unix III. Comandes i manipulacions avançades d'arxius a UNIX](#)

[S7. Problemes d'algortmes \(II\)](#)

[S8. Perl I. Perl bàsic](#)

[S9. Perl II. Perl bàsic](#)

[S10. Perl III. Vectors i processament de múltiples línies en Perl](#)

[S11. Perl IV. Programació dinàmica](#)

[S12. Elaboració de pàgines Web](#)

[S13. Recerques de similaritat en bases de dades \(BLAST\)](#)

[S14. Anotació de genomes \(I\)](#)

[S15. Anotació de genomes \(II\)](#)

[S16. Genome Browsers](#)

S17. Anàlisi de dades produïdes per instruments de seqüenciació de nova generació (I).

S18. Anàlisi de dades produïdes per instruments de seqüenciació de nova generació (II)

PRÀCTIQUES

[P1. Introducció al món Viquipèdia. Supervisió de Projectes](#)

[P2. Supervisió de Projectes](#)

[P3. Supervisió de Projectes](#)

[P4. Supervisió de Projectes](#)

[P5. Supervisió de Projectes](#)

[P6. Supervisió de Projectes](#)

4. Avaluació

L'avaluació dels aprenentatges dels estudiants té dos components: un examen teòric i un treball pràctic. Dins l'assignatura, donem al treball pràctic una gran importància; no només com a mecanisme d'avaluació, sinó també, i potser sobretot, com a part integral del procés d'aprenentatge. És durant el treball pràctic que els estudiants poden aplicar els coneixement i desplegar les habilitats que hem intentat transmetre durant les classes de Bioinformàtica – tant les teòriques, com les pràctiques –. És per això que reservem 10 hores de classes pràctiques per tal que els estudiants duguin a terme, sota la supervisió de professors de l'assignatura, una part del seu treball pràctic. Els treballs es desenvolupen en grups de quatre o cinc persones. Els treballs han de ser presentats en una pàgina web, i han de tenir format d'article científic.

El 60% de la qualificació final correpon a l'examen teòric i el 40% al treball pràctic.

Criteris de superació i qualificacions qualitatives

Per superar l'assignatura, l'estudiant ha d'obtenir una nota de 5 o superior. La realització del treball pràctic es, en qualsevol cas, imprescindible per superar l'assignatura. La superació del 70 % dels objectius implicarà la qualificació de notable i la superació del 90 % dels objectius la d'excel·lent. Hi haurà un nombre de matrícules d'honor proporcional al número total d'alumnes matriculats, i es lliuraran a les millors notes finals, sempre que superin el llindar d'excel·lent.

Recuperació de l'assignatura

Aquells alumnes que hagin suspès l'assignatura a l'avaluació ordinària, podran recuperar-la al mes de juliol. La recuperació, constarà d'un únic assaig amb 4 preguntes de resposta curta i un PEM de 20 preguntes que es valorarà de la mateixa manera que l'examen ordinari. La realització del treball pràctic es imprescindible, però aquest només pot ser presentat una vegada.

5. Bibliografia i recursos didàctics

5.1. Bibliografia bàsica

- **Bioinformatics**, David M. Mount, Cold Spring Harbour Laboratory Press, 2001.
- **Bioinformatics Computer Skills**, Cynthia Gibas and Per Jambeck, O'Reilly, 2001.
- **Bioinformatics: A practical guide to the analysis of genes and proteins** Andreas D. Baxevanis and B.F. Francis Oullete eds., John Wiley & Sons, 2005

- **Bioinformatics for dummies** Jean-Michel Claverie and Cedric Notredame, Wiley, 2003

5.2. Bibliografia complementària

5.3. Recursos didàctics

Cada sessió teòrica o pràctica té material audiovisual associat de suport a la docència. Aquests materials són accessibles a través de la web de l'assignatura--que és actualitzada cada any. L'adreça d'aquesta web és <http://bioinformatica.upf.edu>. La web conté informació general sobre l'assignatura i el programa de l'assignatura, a partir del qual s'accedeix als continguts de suport a la docència per a cada lliçó teòrica o pràctica.

El material docent de suport a les lliçons de teoria inclou el guió de la classe, les figures i taules que seran utilitzades i referències (links) a altres documents d'interès. En alguns casos inclou documents interactius elaborats per nosaltres. La documentació per a la majoria de les lliçons és en format html--i, per tant, accessible a internet amb qualsevol navegador--però, en alguns casos, en els que la complexitat matemàtica és substancial hem preferit utilitzar LaTeX i generar els documents en PDF. En alguns casos el material docent de suport a la docència és una presentació en PowerPoint.