



Asignatura: Bioinformática
Código: 33119
Centro: Facultad de Ciencias
Titulación: Máster en Física de la Materia Condensada y de los
Sistemas Biológicos
Nivel: Máster
Tipo: Optativa
Nº de créditos: 4 ECTS

ASIGNATURA / COURSE TITLE

Bioinformática/ [Bioinformatics](#)

1.1. Código / [Course number](#)

33119

1.2. Materia / [Content area](#)

Módulo de especialidad: Biofísica / [Specialization module: Biophysics](#)

1.3. Tipo / [Course type](#)

Formación optativa / [Elective subject](#)

1.4. Nivel / [Course level](#)

Master / [Master](#)

1.5. Curso / [Year](#)

1º / [1st](#)

1.6. Semestre / [Semester](#)

2º/ [2nd](#)

1.7. Idioma/ [Language](#)

Inglés y castellano / [English and Spanish](#)

1.8. Requisitos previos/ [Prerequisites](#)

Fundamentos de biología molecular y mecánica estadística, nociones de programación (Matlab). / [Basic molecular biology and statistical mechanics, notions of programming \(Matlab\).](#)

1.9. Requisitos mínimos de asistencia a las sesiones presenciales / [Minimum attendance requirement](#)

Asistencia mínima de las clases teóricas: 80%. Clases prácticas: 100%
[/Minimum attendance for theory lectures: 80%. Practical lectures: 100%.](#)



Asignatura: Bioinformática
Código: 33119
Centro: Facultad de Ciencias
Titulación: Máster en Física de la Materia Condensada y de los
Sistemas Biológicos
Nivel: Máster
Tipo: Optativa
Nº de créditos: 4 ECTS

1.10. Datos del equipo docente/ Faculty data

Coordinador / **Coordinator** Ugo Bastolla
Departamento de / **Department of** Física de la Materia Condensada
Facultad / **Faculty** Centro de Biología Molecular Severo Ochoa (CBMSO, CSIC-UAM)
Despacho - Módulo / **Office - Module** 312.2, CBMSO building
Teléfono / **Phone:** 911964633
Correo electrónico/**Email:** ubastolla@cbm.csic.es
Página web/**Website:** <http://ub.cbm.uam.es/>
Horario de atención al alumnado/**Office hours:** Tuesday, 10:30-11:30

1.11. Objetivos del curso/ Course objectives

El objetivo del curso consiste en proporcionar un conocimiento básico de la Bioinformática, en particular respecto a los temas más relacionados con la Biofísica.

El programa está estructurado en 3 bloques:

En el primer bloque, se aprenderán las bases del análisis computacional de las secuencias biológicas, en particular los principios estadísticos en los cuales se fundamenta dicho análisis, la búsqueda en las bases de datos bioinformáticas más relevantes y las técnicas de análisis de secuencia basadas en la evolución.

En el segundo bloque se aprenderán los métodos bioinformáticos para el análisis y la predicción de la estructura, la dinámica y las interacciones de las proteínas, con particular énfasis en el plegamiento de las proteínas y el modelado del estado nativo plegado mediante modos normales.

En el tercer bloque se aprenderá a integrar estos conceptos con la modelización de la evolución de las macromoléculas. Se desarrollará un formalismo que establece un paralelo formal entre evolución y física estadística, y se discutirá en este marco la evolución de las secuencias, estructuras y funciones de las proteínas y la reconstrucción del proceso evolutivo con técnicas de análisis filogenético.

El objetivo de las clases prácticas es familiarizar a los estudiantes con herramientas bioinformáticas de uso común, y empezar a desarrollar la capacidad de programar el análisis automático de grandes bases de datos.

Más específicamente, el objetivo de la asignatura es que el estudiante aprenda a:

1. Encontrar en las bases de datos la información relevante acerca de una proteína o un ácido nucleico de interés, en particular con respecto a evolución, estructura y función;
2. Efectuar análisis estadísticos de grandes cantidades de datos bioológicos;
3. Predecir estructura, función y dinámica de una proteína de interés;
4. Familiarizarse con conceptos relacionados con la evolución y la mecánica estadística de proteínas;
5. Trabajar en grupo
6. Efectuar simulaciones numéricas y trabajos de computación;;
7. Escribir una relación de trabajo en forma de un artículo científico.



Asignatura: Bioinformática
Código: 33119
Centro: Facultad de Ciencias
Titulación: Máster en Física de la Materia Condensada y de los
Sistemas Biológicos
Nivel: Máster
Tipo: Optativa
Nº de créditos: 4 ECTS

Estos resultados de aprendizaje contribuyen a la adquisición de las siguientes competencias del título:

CB6 - Poseer y comprender conocimientos que aporten una base u oportunidad de ser originales en el desarrollo y/o aplicación de ideas, a menudo en un contexto de investigación

CG1 - Desarrollar destrezas teóricas y experimentales que permitan aplicar a entornos nuevos o poco conocidos, dentro de contextos más amplios (o multidisciplinares), los conceptos, principios, teorías o modelos adquiridos y relacionados con los retos que actualmente plantea la sociedad en lo referente a la Física de la Materia Condensada y de los Sistemas Biológicos.

CG2 - Saber trabajar en equipo y comunicarse con la comunidad académica en su conjunto y con la sociedad en general acerca de la Física de la Materia Condensada y de los Sistemas Biológicos y sus implicaciones académicas, productivas o sociales.

CG3 - Manejar las principales fuentes de información científica, siendo capaces de buscar información relevante a través de internet, de las bases de datos bibliográficas y de la lectura crítica de trabajos científicos, conociendo la bibliografía especializada en Física de la Materia Condensada y de los Sistemas Biológicos.

CG4 - Ser capaz de elaborar documentos escritos con datos bibliográficos, teóricos y/o experimentales, escribiendo un resumen o articulado en extenso - tal y como se realizan los artículos científicos-, formulando hipótesis razonables, composiciones originales y conclusiones motivadas.

CE6 - La adquisición de conocimientos avanzados, tanto desde el punto de vista teórico como experimental, en Física de la Materia Condensada y de los Sistemas Biológicos.

The aim of this course is to provide a fundamental knowledge of bioinformatics, with special emphasis on subjects related to Biophysics. The program is divided in three different blocks:

In the first block the student will learn the basis of the computational analysis of biological sequences, in particular biostatistical procedures, the search in the most relevant bioinformatics databases, and sequence analysis techniques.

In the second block, students will learn bioinformatics methods for the analysis and prediction of protein structure, dynamics and interactions, with special emphasis in protein folding stability, natively unfolded proteins, and the modelling of the structured native state of proteins through normal modes.

In the third block, these concepts will be integrated into an evolutionary context. We develop the formal parallelism between evolution and statistical physics, and discuss the evolution of protein sequence, structure and function and the reconstruction of the evolutionary process with molecular phylogenetic techniques.

The aim of the practical lectures is to make students acquainted with widely used bioinformatics tools, and programming skills that allow automatically performing bioinformatics computations on large databases.

More specifically, the objective of the course is that the student learns how to:

1. Find in the databases relevant information about a query protein or nucleic acid, in particular with respect to evolution, structure and function;



Asignatura: Bioinformática
Código: 33119
Centro: Facultad de Ciencias
Titulación: Máster en Física de la Materia Condensada y de los
Sistemas Biológicos
Nivel: Máster
Tipo: Optativa
Nº de créditos: 4 ECTS

2. Perform statistical analysis of a large quantity of biological data;
3. Predict structure, function and dynamics of a query protein;
4. Familiarize with concepts related with the evolution and statistical mechanics of proteins;
5. Work in group;
6. Perform numerical simulations and computational work;
7. Write a work report in the form of a scientific paper.

These learning objectives contribute to provide the following abilities:

CB6 - To get knowledges that allow being original in the development and application of ideas.

CG1 - To apply the concepts, theory or models learnt in the course to a wider interdisciplinary context, in particular related with the actual challenges in the Physics of Condensed Matter and Biological Systems;

CG2 - To be able to work in a team and to communicate with the academic community and with Society in general about the Physics of Condensed Matter and Biological Systems;

CG3 - To manage the main sources of scientific information, and to be able to find relevant information through the internet and through the critical reading of scientific papers;

CG4 - To be able to write reports with bibliographic, theoretical or experimental data in the style of scientific papers, formulating sound hypothesis and well justified conclusions;

CE6 - To acquire advanced knowledge, both theoretical and experimental, in the Physics of Condensed Matter and Biological Systems;

1.12. Contenidos del programa/ Course contents

Primer bloque.

- Bioestadística.
- Minería de datos y genómica funcional.
- Análisis de secuencias biológicas.

Segundo bloque.

- Introducción a la estructura de proteínas. Plegamiento de proteínas.
- Dinámica molecular.
- Análisis de modos normales.



Asignatura: Bioinformática
Código: 33119
Centro: Facultad de Ciencias
Titulación: Máster en Física de la Materia Condensada y de los
Sistemas Biológicos
Nivel: Máster
Tipo: Optativa
Nº de créditos: 4 ECTS

- Modelado por homología de estructuras de proteínas.
- Nociones de cálculo de interacciones moleculares para diseño de fármacos.

Tercer Bloque.

- Evolución Molecular.
- Tasas de evolución y reconstrucción de árboles filogenéticos.
- Evolución de la estabilidad termodinámica y de la estructura de las proteínas.

1st Block.

- Biostatistics.
- Data Mining and Functional Genomics.
- Sequence Analysis.

2nd Block.

- Introduction to Protein Structure. Protein Folding.
- Molecular Dynamics.
- Normal Mode Analysis.
- Homology modelling of protein structures
- Some notions of molecular docking for drug design

3rd Block.

- Molecular Evolution.
- Evolution Rates and Phylogenetics.
- Evolution of protein folding stability and protein structures: Classification and Modelling.

1.13. Referencias de consulta / Course bibliography

*** = Casi obligatorio / Almost mandatory

** = Recomendado a todos / Recommended to everybody

* = Recomendado a los alumnos con particular interés en el tema / Recommended to those particularly interested in the field

Papers



Asignatura: Bioinformática
Código: 33119
Centro: Facultad de Ciencias
Titulación: Máster en Física de la Materia Condensada y de los
Sistemas Biológicos
Nivel: Máster
Tipo: Optativa
Nº de créditos: 4 ECTS

— Biostatistics and Data Mining.

#####

Richard M. Simon, Edward L. Korn, Lisa M. McShane, Michael D. Radmacher, George W. Wright, Yingdong Zhao. 2004. Design and Analysis of DNA Microarray Investigations. Springer*

-Cichocki A, Zdunek R, Phan AH, Amari S. Non-negative matrix and tensor factorizations: Wiley; 2009.**

Draghici, S. Data Analysis Tools for DNA Microarrays. Chapman & Hall /CRC Press. 2003*

— Evolutionary rates: general

#####

Ho SY, Phillips MJ, Cooper A, Drummond AJ.. Time dependency of molecular rate estimates and systematic overestimation of recent divergence times. Mol Biol Evol. 2005 Jul;22(7):1561-8. **

Rocha EP, Smith JM, Hurst LD, Holden MT, Cooper JE, Smith NH, Feil EJ. Comparisons of dN/dS are time dependent for closely related bacterial genomes. J Theor Biol. 2006 Mar 21;239(2):226-35. Epub 2005 Oct 18 *

Peterson GI, Masel J. Quantitative prediction of molecular clock and ka/ks at short timescales. Mol Biol Evol. 2009 Nov;26(11):2595-603. *

— Evolutionary rates: examples

#####

Bininda-Emonds OR, Cardillo M, Jones KE, MacPhee RD, Beck RM, Grenyer R, Price SA, Vos RA, Gittleman JL, Purvis A. The delayed rise of present-day mammals. Nature. 2007 446:507-12 *

S Dorus, EJ Vallender, PD. Evans, JR. Anderson, SL. Gilbert, M. Mahowald, GJ. Wyckoff, CM. Malcom, and BT. Lahn. (2004) Accelerated Evolution of Nervous System Genes in the Origin of Homo sapiens. Cell, Vol 119, 1027-1040, 2004 **

Xia Y, Franzosa EA, Gerstein MB. Integrated assessment of genomic correlates of protein evolutionary rate. PLoS Comput Biol. 2009 Jun;5(6):e1000413. *

— Molecular clock

#####

Bromham, L. and Penny, D. 2003. The modern molecular clock. Nature Reviews Genetics 4:216-224. *

— Population genetics



Asignatura: Bioinformática
Código: 33119
Centro: Facultad de Ciencias
Titulación: Máster en Física de la Materia Condensada y de los
Sistemas Biológicos
Nivel: Máster
Tipo: Optativa
Nº de créditos: 4 ECTS

#####

Sella G, Hirsh AE. The application of statistical physics to evolutionary biology. Proc Natl Acad Sci U S A. 2005 Jul 5;102(27):9541-6. ***

Kussell, E. & Leibler, S. Phenotypic diversity, population growth, and information in fluctuating environments. Science 309, 2075-2078 (2005) *

Sergey Kryazhimskiy and Joshua B. Plotkin The dynamics of adaptation on correlated fitness landscapes. Proc Natl Acad Sci U S A 2009 *

— Experimental evolution

#####

Barrick JE, Yu DS, Yoon SH, Jeong H, Oh TK, Schneider D, Lenski RE, Kim JF. Genome evolution and adaptation in a long-term experiment with Escherichia coli. Nature. 2009 Oct 29;461(7268):1243-7. ***

— Effective population size

#####

Berg, O.G. (1996) Selection Intensity for Codon Bias and the Effective Population Size of Escherichia coli, Genetics 142:1379-1382. *

— Mutation bias

#####

Chen, S.L., Lee, W., Hottes, A.K., Shapiro, L. and McAdams, H. (2004), Codon usage between genomes is constrained by genome-wide mutational processes, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 101, 3480-5. *

Duret L, Eyre-Walker A, Galtier N. A new perspective on isochore evolution. Gene. 2006 385:71-4. *

Bastolla, U., Porto, M., Roman, H.E., Vendruscolo, M. (2006). A protein evolution model with independent sites that reproduces site-specific amino acid distributions from the Protein Data Bank. BMC Evol. Biol. 6:43. *

— Protein folding

#####

Hartl FU, Hayer-Hartl M. Converging concepts of protein folding in vitro and in vivo. Nat Struct Mol Biol. 2009 Jun;16(6):574-81. **

Shakhnovich; Farztdinov; Gutin & Karplus Protein folding bottlenecks: A lattice Monte Carlo simulation. Phys Rev Lett, 1991, 67, 1665-1668

Shakhnovich; Proteins with selected sequences fold into unique native conformation. Phys Rev Lett, 1994, 72, 3907-3910 **



Asignatura: Bioinformática
Código: 33119
Centro: Facultad de Ciencias
Titulación: Máster en Física de la Materia Condensada y de los
Sistemas Biológicos
Nivel: Máster
Tipo: Optativa
Nº de créditos: 4 ECTS

— Protein structure evolution

#####

Tokuriki N, Tawfik DS. Stability effects of mutations and protein evolvability. *Curr Opin Struct Biol.* 2009 Oct;19(5):596-604. **

W.R. Taylor, Evolutionary transitions in protein fold space, *Curr Opin Struct Biol* 17 (2007), 354-361. *

S.S. Krishna and N.V. Grishin, Structural drift: a possible path to protein fold change, *Bioinformatics* 21 (2005), pp. 1308-1310. *

S.G. Peisajovich, L. Rockah and D.S. Tawfik,. Evolution of new protein topologies through multistep gene rearrangements, *Nat Genet* 38 (2006), pp. 168-174. *

England, J. L. & Shakhnovich, E. I. Structural determinant of protein designability. *Phys Rev Lett*, , 2003, 90, 218101 *

Shakhnovich, B. E.; Deeds, E.; Delisi, C. & Shakhnovich, E. Protein structure and evolutionary history determine sequence space topology. *Genome Res*, 2005, 15, 385-392 **

Zeldovich, K. B.; Chen, P.; Shakhnovich, B. E. & Shakhnovich, E. I. A first-principles model of early evolution: emergence of gene families, species, and preferred protein folds. *PLoS Comput Biol*, 2007, 3, e139 *

— Transcription Regulation

#####

X Gu, Zhongqi Zhang and Wei Huang (2005). Rapid evolution of expression and regulatory divergences after yeast gene duplication *PNAS* 2005 vol. 102 no. 3 707-712 *

— Alternative splicing

#####

Tress ML et al..The implications of alternative splicing in the ENCODE protein complement. *Proc. Natl Acad. Sci. USA* (2007) 104:5495-5500. *

— Translation

#####

D. Allan Drummond & Claus O. Wilke. The evolutionary consequences of erroneous protein synthesis. *Nature Reviews Genetics* 10, 715-724 (2009) **

— Aggregation

#####

F. Chiti and C.M. Dobson, Protein misfolding, functional amyloid, and human disease,. *Annu. Rev. Biochem.* 75 (2006), pp. 333-366. **

— Disordered proteins

#####



Asignatura: Bioinformática
Código: 33119
Centro: Facultad de Ciencias
Titulación: Máster en Física de la Materia Condensada y de los
Sistemas Biológicos
Nivel: Máster
Tipo: Optativa
Nº de créditos: 4 ECTS

Uversky, VN and Dunker, AK (2010) Understanding protein non-folding. *Biochim. Biophys. Acta* 1804: 1231-64. **

Dunker AK, Brown CJ, Lawson JD, Iakoucheva LM, and Obradovic Z. (2002) Intrinsic disorder and protein function, *Biochemistry*, 41, 6573-6582. *

— Chaperones

#####

Sangster TA, Lindquist S, Queitsch C. Under cover: causes, effects and implications of Hsp90-mediated genetic capacitance. *Bioessays*. 2004 Apr;26(4):348-62. Review. **

Tokuriki N, Tawfik DS. Chaperonin overexpression promotes genetic variation and enzyme evolution. *Nature*. 2009 Jun 4;459(7247):668-73. **

F.U. Hartl and M. Hayer-Hartl,. Molecular chaperones in the cytosol: from nascent chain to folded protein, *Science* 295 (2002), pp. 1852-1858.**

Fares, M.A., Ruiz-Gonzalez, M.X., Moya, A., Elena, S.F., Barrio, E. (2002) Endosymbiotic bacteria: GroEL buffers against deleterious mutations, *Nature* 417:398.*

K.A. Morano (2007) New Tricks for an Old Dog The Evolving World of Hsp70 *Ann. N. Y. Acad. Sci.* 1113: 1-14. *

— Protein function evolution

#####

Devos, D. and Valencia, A. (2000) Practical limits of function prediction. *Proteins* 41:98-107. *

Tokuriki N, Stricher F, Serrano L, Tawfik DS. How protein stability and new functions trade off. *PLoS Comput Biol*. 2008 Feb 29;4(2):e1000002. *

A. Pascual-García, D Abia, R Mendez, GS. Nido, U Bastolla (2009) Quantifying the evolutionary divergence of protein structures: The role of function change and function conservation. *Proteins*, doi 10.1002/prot.22616 *

— Evolution of protein folding thermodynamics

#####

Bastolla, U., Moya, A., Viguera, E., van Ham, R.C.H.J. (2004) Genomic determinants of protein folding thermodynamics, *J. Mol. Biol.* 343:1451-1466. *

— Normal Modes Analysis

#####

Molecular Modeling of proteins. Andreas Kukol Editor. Normal Modes and Essential Dynamics. Hayward S, Groot BL. Chp 5: 89-106. From: *Methods in Molecular Biology*, vol 443. Humana Press 2008.



Asignatura: Bioinformática
Código: 33119
Centro: Facultad de Ciencias
Titulación: Máster en Física de la Materia Condensada y de los
Sistemas Biológicos
Nivel: Máster
Tipo: Optativa
Nº de créditos: 4 ECTS

Go, N., Noguti, T. and Nishikawa, T. (1983). Dynamics of a small globular protein in terms of low-frequency vibrational modes. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 80, 3696–3700.

Amadei, A, Linssen, A. B. M. and Berendsen, H. J. C. (1993). Essential dynamics of proteins. Proteins: Struct. Funct. Genet. 17, 412–425.

A. and Go, N. (1995). Harmonicity and anharmonicity in protein dynamics: a normal modes and principal component analysis. Proteins: Struct. Funct. Genet. 23, 177–186

Tirion, M. M. (1996). Large amplitude elastic motions in proteins from a single-parameter, atomic analysis. Physical Review Letters 77, 1905–1908.

Atilgan AR, Durell SR, Jernigan RL, Demirel MC, Keskin O, Bahar I. Anisotropy of fluctuations dynamics of proteins with an elastic network model. *Biophys J.* 2001; 80: 505-515.

Mendez R, Bastolla U. Torsional Network Model: Normal Modes in Torsion Angle Space Better Correlate with Conformation Changes in proteins. *Phys Rev Lett.* 2010; 104:228103.

— Computational drug design

#####

Bernard Munos: Lessons from 60 years of pharmaceutical innovation. Nature Reviews in Drug Discovery, 2009, 8, 959-968. (<http://www.nature.com/nrd/journal/v8/n12/full/nrd2961.html>)

Hugo Kubinyi: The changing landscape in drug discovery. Computational Approaches to Structure Based Drug Design, R. M. Stroud, Ed., Royal Society of Chemistry, London, 2007, 24-45. (<http://www.kubinyi.de/rsc.pdf>)

Caterina Bissantz, Bernd Kuhn, and Martin Stahl: A medicinal chemistry guide to molecular interactions. Journal of Medicinal Chemistry 2010. (<http://pubs.acs.org/doi/abs/10.1021/jm100112j>)

Tjelvar S. G. Olson, Mark A. Willians, William R. Pitt and John E. Ladbury: The thermodynamics of protein-ligand interaction and salvation: insights for ligand design. Journal of Molecular Biology, 2008, 384, 1002-1017.

Wikipedia articles

Mutation
Natural selection



Asignatura: Bioinformática
Código: 33119
Centro: Facultad de Ciencias
Titulación: Máster en Física de la Materia Condensada y de los
Sistemas Biológicos
Nivel: Máster
Tipo: Optativa
Nº de créditos: 4 ECTS

Genetic drift
Fixation (population genetics)
Molecular clock
Phylogenetic tree
Substitution model
Ka/Ks ratio

Markov chain

Protein folding
Protein aggregation
Prion
Chaperone (protein)

Suggested books

Graur, D., Li, W.H. (2000) Fundamentals of molecular evolution,
Sinauer, Sunderland. *

W.J. Ewens, G.R. Grant (2001) Statistical methods in Bioinformatics: An introduction. Springer
Verlag, New York **

NH Barton, DEG Briggs, JA Eisen, DB Goldstein and NH Patel (2007) Evolution Cold Spring
Harbor Laboratory Press *

2. Métodos docentes / Teaching methodology

- 1) Clases teóricas: Presentaciones orales de los profesores. Se pondrá a disposición de los alumnos material audiovisual en la página web del master o en la página personal de los profesores.
 - 2) Clases prácticas: solución de problemas, uso de herramientas bioinformáticas, ejercicios de programación en la sala de ordenadores con asistencia del profesor.
 - 3) Análisis individual de los artículos propuestos y discusiones de grupo.
-
- 1) Theory lectures: Oral presentations by the teachers. Audiovisual material will be available for the students in the Master web page, or in the personal web pages of the lecturers.
 - 2) Practical lectures: Problems solution, use of bioinformatics tools, exercises to be programmed by the students in the computer's room assisted by teachers.
 - 3) Individual analysis of proposed papers and group discussions.



Asignatura: Bioinformática
Código: 33119
Centro: Facultad de Ciencias
Titulación: Máster en Física de la Materia Condensada y de los
Sistemas Biológicos
Nivel: Máster
Tipo: Optativa
Nº de créditos: 4 ECTS

3. Tiempo de trabajo del estudiante / **Student workload**

		Nº de horas	Porcentaje
Presenciales / Personal attendance	Clases teóricas / Theory lectures	23	38%
	Clases prácticas / Practical lectures	10	
	Discusión de artículos/ Papers discussions.	5	
No presenciales / No attendance	Ejercicios prácticos, estudio de teoría y discusiones de grupo / Practical exercises, theory study and papers discussions.	62	62%
Total		100 h	100%

4. Métodos de evaluación y porcentaje en la calificación final / **Evaluation procedures and weight of components in the final grade**

Los resultados de aprendizaje serán evaluados a lo largo del curso mediante diferentes métodos de evaluación, cuya contribución a la calificación final será la siguiente:

- Ejercicio final: Estudio de un problema mediante simulación numérica y aplicación de herramientas bioinformáticas, hecho como trabajo de equipo y comunicado en la forma de un informe científico (50% de la nota final)
 - Contestación escrita de preguntas teóricas y ejercicios prácticos propuestos por los profesores de la asignatura: (50% de la nota final)
- En las clases prácticas se evaluarán los resultados de aprendizaje relacionados con la aplicación de los contenidos teóricos a la resolución de problemas
- En la presentación de trabajos se evaluarán la capacidad de análisis y síntesis, y la presentación e interpretación de resultados



Asignatura: Bioinformática
Código: 33119
Centro: Facultad de Ciencias
Titulación: Máster en Física de la Materia Condensada y de los
Sistemas Biológicos
Nivel: Máster
Tipo: Optativa
Nº de créditos: 4 ECTS

- En los exámenes escritos se evaluarán los resultados del aprendizaje relacionados con la adquisición de contenidos teóricos y su aplicación a la resolución de problemas.

La sesión extraordinaria de examen seguirá las mismas reglas, pero el trabajo de grupo será sustituido por un trabajo individual.

For the regular evaluation the assessment consists of:

- Final exercise: computational work done as team work and written final report (50% of the final mark)
- Written answer to questions and practical exercises proposed by the teachers of the course: 50% of the final mark.

The extraordinary session will follow the same rules, but the team work will be substituted by an individual work.

5. Cronograma* / Course calendar

Semana aprox. Week	Contenido Contents	Horas presenciales Contact hours	Horas no presenciales Independent study time
1-3	Bloque 1 / Block 1	10	18
4-10	Bloque 2 / Block 2	20	34
11-12	Bloque 3 / Block 3	8	10

*Este cronograma tiene carácter orientativo.