



FICHA IDENTIFICATIVA

Datos de la Asignatura

Código	42585
Nombre	Algoritmos en bioinformática
Ciclo	Máster
Créditos ECTS	3.0
Curso académico	2023 - 2024

Titulación(es)

Titulación	Centro	Curso	Periodo
2116 - M.U. en Bioinformática 12-V.1	Escuela Técnica Superior de Ingeniería	1	Segundo cuatrimestre

Materias

Titulación	Materia	Caracter
2116 - M.U. en Bioinformática 12-V.1	2 - Algoritmos en bioinformática	Obligatoria

Coordinación

Nombre	Departamento
ARNAU LLOMBART, VICENTE	240 - Informática

RESUMEN

Se estudiarán los algoritmos más utilizados en la Bioinformática, centrándose sobre todo en el análisis de secuencias y en la búsqueda de patrones. Se analizará el manejo de las bases de datos biológicas y los algoritmos más utilizados para extraer información útil de ellas. Se estudiará la manera de representar el conocimiento biológico en una ontología. Se introducirán algoritmos de uso en biología de sistemas como son los grafos y las redes bayesianas. Se estudiarán nociones de métodos de optimización como los algoritmos genéticos.

CONOCIMIENTOS PREVIOS

Relación con otras asignaturas de la misma titulación

No se han especificado restricciones de matrícula con otras asignaturas del plan de estudios.



Otros tipos de requisitos

Ninguno.

COMPETENCIAS

2116 - M.U. en Bioinformática 12-V.1

- Que los/las estudiantes sepan aplicar los conocimientos adquiridos y su capacidad de resolución de problemas en entornos nuevos o poco conocidos dentro de contextos más amplios (o multidisciplinares) relacionados con su área de estudio.
- Que los/las estudiantes sean capaces de integrar conocimientos y enfrentarse a la complejidad de formular juicios a partir de una información que, siendo incompleta o limitada, incluya reflexiones sobre las responsabilidades sociales y éticas vinculadas a la aplicación de sus conocimientos y juicios.
- Que los/las estudiantes sepan comunicar sus conclusiones y los conocimientos y razones últimas que las sustentan a públicos especializados y no especializados de un modo claro y sin ambigüedades.
- Que los/las estudiantes posean las habilidades de aprendizaje que les permitan continuar estudiando de un modo que habrá de ser en gran medida autodirigido o autónomo
- Ser capaces de acceder a la información necesaria (bases de datos, artículos científicos, etc.) y tener suficiente criterio para su interpretación y empleo.
- 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.
- Ser capaces de acceder a herramientas de información en otras áreas del conocimiento y utilizarlas apropiadamente.
- Ser capaces de valorar la necesidad de completar su formación científica, histórica, en lenguas, en informática, en literatura, en ética, social y humana en general, asistiendo a conferencias o cursos y/o realizando actividades complementarias, autoevaluando la aportación que la realización de estas actividades supone para su formación integral.
- Desarrollar la iniciativa personal y ser capaces de realizar una toma rápida y eficaz de decisiones en su labor profesional y/o investigadora.
- Trabajar en equipo con eficiencia en su labor profesional y/o investigadora y con personas de diferente procedencia.
- Conocer, comprender y aplicar las bases algorítmicas de los problemas más comunes en bioinformática.



RESULTADOS DE APRENDIZAJE

Comprender las bases algorítmicas de los problemas más comunes en bioinformática (alineamiento y búsqueda de patrones).

Conocer algoritmos de biología de sistemas, que implican principalmente el manejo de redes y estructuras complejas de datos.

Entender y aplicar las bases de diversos algoritmos de optimización

DESCRIPCIÓN DE CONTENIDOS

1. Introducción a la Algorítmica.

Se presentarán los contenidos básicos de la asignatura. Se presentarán los principales algoritmos a estudiar en esta asignatura y sus aplicaciones en la Bioinformática. Se analizará la eficiencia de los algoritmos y las diversas estrategias de diseño de algoritmos.

Finalmente, analizaremos las estructuras de datos más utilizadas y veremos algunos ejemplos de algoritmos.

2. Búsqueda de patrones y minería de datos

Búsqueda de patrones y minería de datos en bioinformática. El gran volumen de datos que posee la bioinformática hace necesario utilizar métodos específicos de búsqueda.

3. Grafos

Utilizaremos la teoría de grafos para representar los datos bioinformáticos. Veremos ejemplo de uso.

4. Métodos de búsqueda por similitud y de alineamiento.

Un alineamiento de secuencias en bioinformática es una forma de representar y comparar dos o más secuencias para resaltar sus zonas de similitud, que podrían indicar relaciones funcionales o evolutivas entre los genes o proteínas consultados.

Veremos como se realiza esta técnica.



5. Modelos Ocultos de Markov

Utilización de las Cadenas de Markov en bioinformática. Ejemplo de uso.

6. Ontologías

En ciencias de la computación y la ciencia de la información, una ontología formal representa el conocimiento como un conjunto de conceptos dentro de un dominio, y las relaciones entre estos conceptos. Vamos a utilizar la ontología en Bioinformática.

7. Redes Bayesianas

Una red bayesiana es un modelo probabilístico multivariado que relaciona un conjunto de variables aleatorias mediante un grafo dirigido que indica explícitamente influencia causal. Las redes bayesianas son una herramienta extremadamente útil en la estimación de probabilidades ante nuevas evidencias y las utilizaremos en bioinformática.

8. Algoritmos genéticos

En el campo de la informática de la inteligencia artificial, un algoritmo genético (GA) es una búsqueda heurística que imita el proceso de evolución natural. Esta heurística se utiliza rutinariamente para generar soluciones útiles a problemas de optimización y búsqueda. Los algoritmos genéticos pertenecen a la clase más grande de los algoritmos evolutivos (AE), que generan soluciones a los problemas de optimización con técnicas inspiradas en la evolución natural, como la herencia, mutación, selección y cruzamiento. Vamos a utilizar anestesia general en la bioinformática.

VOLUMEN DE TRABAJO

ACTIVIDAD	Horas	% Presencial
Clases de teoría	15,00	100
Elaboración de trabajos en grupo	5,00	0
Elaboración de trabajos individuales	10,00	0
Estudio y trabajo autónomo	15,00	0
Lecturas de material complementario	10,00	0
Preparación de actividades de evaluación	10,00	0
Preparación de clases de teoría	5,00	0
Preparación de clases prácticas y de problemas	5,00	0
TOTAL	75,00	



METODOLOGÍA DOCENTE

MD1 - Tareas formativas del proceso de enseñanza-aprendizaje entorno a la interacción en el aula mediante sesiones expositivas. Incluyen las tareas previas de preparación (búsqueda de información, lectura de textos facilitados por el profesorado), las propias sesiones lectivas y el trabajo posterior de profundización.

MD2 – Aprendizaje mediante resolución de problemas y casos de estudio, a través de los cuales se va adquiriendo competencias sobre los diferentes aspectos de las materias y asignaturas.

MD4 - Competencias transversales. Incluyen asistencia a cursos, conferencias o mesas redondas organizadas por la CCA del Máster y/o realización de un trabajo bibliográfico sobre temas que contribuyan a la formación integral. Se elabora una memoria de las actividades.

EVALUACIÓN

En las dos convocatorias:

SE2 Actividades: mínimo 70 y máximo 90.

SE4 Exámenes: mínimo 10 y máximo 30.

REFERENCIAS

Básicas

- Referencia b1: Algoritmos de Bioinformática: técnicas y aplicaciones. Ion Mandoiu , Alexander Zelikovsky. ISBN: 978-0-470-09773-1. Wilwey series in Bioinformatics. 2008.
- An introduction to Algorithms. Thomas H. Cormen, Charles E. Leiserson, Ronald L. Rivest, Clifford Stein. The MIT Press, Cambridge, Massachusetts London, England. 2009.
- An introduction to Bioinformatics Algorithms. N.C. Jones, D.A. Pevzner. The MIT Press, Cambridge, 2004.

Complementarias

- Referencia c1: STRUCTURAL BIOINFORMATICS: An Algorithmic Approach, by Forbes Burkowski, University of Waterloo, Canada. CRC Press, a Chapman & hall book.