FICHA IDENTIFICATIVA

Datos de la Asignatura

Código	43459
Nombre	Bioinformática
Ciclo	Máster
Créditos ECTS	3.0
Curso académico	2024 - 2025

Titulación(es)

Titulación	Centro	Curso	Periodo
2210 - Máster Universitario en Investig. en Biologia Molecular, Celular y Genética	Facultad de Ciencias Biológicas	1	Primer cuatrimestre

Materias

Titulación	Materia	Carácter
2210 - Máster Universitario en Investig. en Biologia Molecular, Celular y Genética	4 - Bioinformática	Obligatoria

Coordinación

Nombre	Departamento
PALERO PASTOR, FERRAN	194 - Genética

RESUMEN

La asignatura Bioinformática es fundamentalmente práctica y por dicha razón los conocimientos teóricos serán impartidos simultáneamente con los prácticos en el aula de informática.

Originalmente la bioinformática fue definida como una materia interdisciplinar que incluía los campos de la biología, la informática, las matemáticas y la estadística y cuyo objetivo era analizar los datos de secuencias biológicas, los contenidos y estructuras de los genomas, y la predicción y función de las proteínas. Con la llegada de las técnicas "-ómicas", la bioinformática ha extendido su campo de estudio al análisis de multitud de datos biológicos, o Big Data, entre ellos los derivados de genomas completos y por tanto tiene actualmente una gran importancia en la investigación biomédica.

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

Los estudiantes deben tener conocimientos básicos de biología molecular, estadística y análisis de secuencias.

COMPETENCIAS (RD 1393/2007) // RESULTADOS DEL APRENDIZAJE (RD 822/2021)

2210 - Máster Universitario en Investig. en Biologia Molecular, Celular y Genética

- Saber 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
- CG1 - Ser capaces de acceder a la información necesaria (bases de datos, artículos científicos, etc.) y tener suficiente criterio para su interpretación y empleo.
- Ser capaz de buscar en la red información sobre secuencias de ácidos nucleicos y proteínas y adquirir la capacidad de manejar software relacionado con el análisis de secuencias.
- Ser capaz de procesar y extraer información a partir de los datos proporcionados por un servicio de secuenciación y convertir dicha información a un formato que permita su análisis con diferentes programas de análisis de secuencias.
- Ser capaz de recolectar información acerca de un organismo o elemento biológico, a partir de la almacenada en los servidores públicos, organizarla y sintetizarla.

RESULTADOS DE APRENDIZAJE (RD 1393/2007) // SIN CONTENIDO (RD 822/2021)

El estudiante, para superar esta asignatura, deberá demostrar:

1. Ser capaz de manejar un programa de ensamblaje de secuencias, desde los pasos iniciales de preparación de las lecturas de secuencia, hasta el ensamblaje final y análisis de mutaciones.

2. Ser capaz de trabajar a un nivel básico con secuencias derivadas de sistemas de secuenciación de nueva generación en un software de ensamblaje y conocer los algoritmos de ensamblaje de secuencias.

3. Ser capaz de anotar genomas de procariotas y eucariotas, reconociendo la diversidad de patrones que se pueden encontrar en diferentes organismos.

DESCRIPCIÓN DE CONTENIDOS

1. Introducción a la Bioinformática con GALAXY (Semana 4: 4h)

1. Introducción a la informática y uso de GALAXY.
2. Técnicas de secuenciación: calidad de secuencias y formatos de fichero habituales.

2. Bases de datos y búsqueda de secuencias (Semana 5: 4h)

3. Introducción al uso de Genbank y ENA
4. Búsqueda de secuencias mediante BLAST

3. Alineamientos, distancias genéticas y filogenias (Semana 6: 2h)

5. Alineamiento de secuencias, importancia y métodos más frecuentes. Cálculo de distancias genéticas. Filogenias moleculares.

4. Ensamblado de genomas (Semanas 6 y 7: 4h)

7. Conceptos y métodos/algoritmos más frecuentes. Ensamblaje de secuencias derivadas de tecnologías NGS
8. Evaluación del genoma ensamblado. Parámetros descriptivos del ensamblado y bases de datos genómicos.

5. Anotación de genomas y visores genómicos (Semanas 7 y 8: 4h)

9. Anotación de genomas bacterianos y eucariotas
10. Visores genómicos

6. Mapeo de secuencias, análisis de variantes y genómica de poblaciones (Semanas 8 y 10: 4h)

11. Mapeo de secuencias: metodologías principales y conceptos. Uso de minimap2.
12. Pasos implicados en el análisis de variantes. Tipos de formatos de datos y software disponible.

7. Análisis de transcriptomas (Semana 12: 4h)

13. Introducción a R. Paquetes estadísticos para bioinformática: BIOCONDUCTOR.
14. Análisis de datos de expresión génica. Análisis de componentes principales. Análisis de conglomerados (clustering).

VOLUMEN DE TRABAJO

ACTIVIDAD	Horas	% Presencial
Prácticas en aula informática	26,00	100
Otras actividades	4,00	100
Elaboración de trabajos en grupo	15,00	0
Estudio y trabajo autónomo	15,00	0
Preparación de clases prácticas y de problemas	15,00	0
TOTAL	**75,00**	

METODOLOGÍA DOCENTE

El desarrollo de la asignatura se estructura en trabajos presenciales y no presenciales:

Trabajo presencial:

A) Sesiones de clases en aula de informática con una introducción teórica por el sistema de clase magistral y una parte práctica basada en la resolución de ejercicios y problemas.

B) Tutorías

C) Examen

Trabajo no presencial:

A) Ejercicios prácticos y problemas bioinformáticos resueltos fuera del horario de clase.

B) Estudio de los contenidos y preparación previa de las clases.

EVALUACIÓN

La evaluación del aprendizaje de los estudiantes en **primera convocatoria** se realizará mediante la valoración de los siguientes apartados:

1) Un **examen** teórico-práctico que se realizará en el aula de informática y que podrá constar tanto de preguntas sobre los conocimientos de teoría como de ejercicios que se deberán resolver utilizando los programas estudiados en el curso. Esta prueba permitirá obtener hasta **7 puntos** y se realizará tras la finalización de las clases.

2) Evaluación continúa basada en el trabajo en clase y en la resolución de ejercicios y problemas bioinformáticos. Este apartado valdrá hasta **3 puntos**.

En la **segunda convocatoria**, el estudiante podrá acogerse a dos opciones: 1) realizar un examen teórico-práctico en el que podrá obtener hasta **10 puntos** y 2) en el caso que el estudiante hubiese obtenido nota en la evaluación continúa de la primera convocatoria, estos puntos se sumaran a los del examen, el cual valdrá hasta **7 puntos**.

REFERENCIAS

Básicas

- Bioinformatics and Functional Genomics, por Jonathan Pevsner (2015) publicado por Wiley_Blackwell. Tercera edición. Una introducción a la bioinformática y la genómica fácil de seguir y de entender los conceptos. Incluye muchos ejercicios prácticos y direcciones web., y está disponible en línea (https://trobes.uv.es/permalink/34CVA_UV/1b8uv2g/alma991009853672206258).

Complementarias

- Bioinformatics with Python Cookbook : Use Modern Python Libraries and Applications to Solve Real-World Computational Biology Problems (2022), también disponible en línea (https://trobes.uv.es/permalink/34CVA_UV/1bttdu2/alma991009923653906258).
- R Bioinformatics Cookbook : Utilize R Packages for Bioinformatics, Genomics, Data Science, and Machine Learning (2023), disponible en línea (https://trobes.uv.es/permalink/34CVA_UV/1bttdu2/alma991010329590506258)