

DATOS BÁSICOS DE LA GUÍA DOCENTE:

Materia:	INTRODUCCIÓN A LA BIOINFORMÁTICA		
Identificador:	33283		
Titulación:	GRADUADO EN BIOINFORMÁTICA. PLAN 2019 (BOE 06/02/2019)		
Módulo:	BIOINFORMÁTICA		
Tipo:	OBLIGATORIA		
Curso:	1	Periodo lectivo:	Segundo Cuatrimestre
Créditos:	6	Horas totales:	150
Actividades Presenciales:	60	Trabajo Autónomo:	90
Idioma Principal:	Castellano	Idioma Secundario:	Inglés
Profesor:		Correo electrónico:	

PRESENTACIÓN:

Se realiza una introducción a la disciplina de la bioinformática estableciendo los conceptos básicos necesarios para poder ser aplicados en próximos cursos. Se repasan los fundamentos de biología molecular, dogma central, interiorizando los conceptos de ADN/ ARN/ proteínas (bases, codones, amino ácidos, etc) y su relación entre ellos a través de las diferentes ómicas para poder entender las principales técnicas HTS que generan datos que requieren de bioinformática. Se exploran los fundamentos de los análisis de secuencias, los tipos, algoritmos principales y usos, cuantificación de la similitud de las secuencias basándose en coincidencias, inserciones, deleciones y número de copias. Establecer el origen de estas posibles alteraciones: polimorfismos, mutaciones y evolución.

Principales bases de datos bioinformáticas, compresión de su organización, el tipo de mantenimiento que tienen, utilización y relación entre ellas.

Iniciación a la programación en los lenguajes R y Python. Explicación de la utilidad de cada uno de ellos y trabajo práctico para interiorizar la lógica de funcionamiento aplicando conocimientos adquiridos en asignaturas de carácter informático. Se trabajarán ejemplos prácticos bioinformáticos para manipular secuencias, interpretar datos obtenidos e integrarlos en un contexto biológico.

COMPETENCIAS PROFESIONALES A DESARROLLAR EN LA MATERIA:

Competencias Generales de la titulación	G01	Utilizar estrategias de aprendizaje de forma autónoma para su aplicación en la mejora continua del ejercicio profesional.
	G02	Realizar el análisis y la síntesis de problemas propios de su actividad profesional y aplicarlos en entornos similares.
	G03	Cooperar para la consecución de resultados comunes mediante el trabajo en equipo en un contexto de integración, colaboración y potenciación de la discusión crítica.
	G05	Comunicar en lengua castellana y/ o inglesa temas profesionales en forma oral y escrita.
	G07	Elegir entre diferentes modelos complejos de conocimiento para su aplicación a la resolución de problemas.
	G10	Aplicar la creatividad, independencia de pensamiento, autocrítica y autonomía en el ejercicio profesional.
Competencias Específicas de la titulación	E02	Desarrollar el uso y la programación de ordenadores, bases de datos y programas informáticos y su aplicación en la bioinformática.
	E03	Aplicar los conceptos fundamentales de matemáticas, lógica, algorítmica y complejidad computacional para la resolución de problemas propios de la bioinformática.
	E12	Aplicar los principios y técnicas del modelado computacional de proteínas para predecir su función biológica, su actividad o nuevas dianas terapéuticas (Bioinformática estructural, Toxicología Computacional).
	E13	Aplicar las tecnologías ómicas para la extracción de información estadísticamente significativa y para la creación de bases relacionales de biodatos que puedan ser actualizables y accesibles públicamente a la comunidad científica.
	E14	Utilizar los lenguajes de programación, de mayor uso en el ámbito de las Ciencias de la Vida, para desarrollar y evaluar técnicas y/ o herramientas computacionales.
	E17	Inducir relaciones complejas entre muestras mediante la aplicación de técnicas estadísticas y de clasificación.
E18	Aplicar métodos estadísticos y computacionales para resolver problemas en los campos de la biología molecular, la genómica, la investigación médica y de la genética de poblaciones.	
Resultados de Aprendizaje	R01	Describir las unidades básicas de información de biomoléculas así como el efecto funcional de sus mutaciones.
	R02	Analizar comparativamente biomoléculas para la búsqueda de interrelaciones funcionales, posible función y estructura.

R03	Reconocer los diferentes polimorfismos genéticos, su detección y sus aplicaciones.
R04	Crear bases sencillas de biodatos para su modificación y acceso, directo o mediante lenguajes de programación.
R05	Describir las principales tecnologías HTS y los datos que ofrecen, organizándolos en base a criterios estadísticos y de calidad de datos.
R06	Compilar programas y funciones de nivel básico en R y Python.
R07	Interpretar relaciones significativas entre muestras mediante análisis estadístico.

REQUISITOS PREVIOS:

Se recomienda que el alumno tenga claros conceptos básicos de bioquímica, biología molecular, biología celular, así como una base de programación informática, como qué son las estructuras de control y poder aplicarlas.

PROGRAMACIÓN DE LA MATERIA:

Observaciones:

Observaciones:

El orden y extensión de las unidades puede variar en función del grado de aprendizaje del aula. Para una mayor agilidad es fundamental que el alumno lleve la asignatura lo más al día posible.

Además, la asignatura podrá verse modificada por motivos imprevistos (rendimiento del grupo, disponibilidad de recursos, modificaciones en el calendario académico, etc.) y por tanto no deberá considerarse como definitiva y cerrada.

Contenidos de la materia:

1 - Bases de datos biológicos
1.1 - Introducción. Tipos.
1.2 - Bases de datos de ácidos nucleicos. Tipos de datos almacenados.
1.3 - Bases de datos de proteínas. Tipos de datos almacenados
1.4 - Otras bases de datos. Metiloma. Metaboloma. Cáncer. Compuestos químicos.
2 - Alineamiento de secuencias
2.1 - Definición y tipos.
2.2 - Alineamiento de pares de secuencias. Algoritmos.
2.3 - BLAST
2.4 - Alineamiento de múltiples secuencias.
3 - Principales ómicas y técnicas asociadas a ellas
3.1 - Descripción de las ómicas existentes y relación entre ellas. Dogma central de la biología molecular.
3.2 - Next Generation Sequencing. Microarray. RNAseq. Espectrometría.
4 - R y Bioconductor
4.1 - Instalación R y RStudio. Introducción R. Conceptos básicos del lenguaje en R.
4.2 - Entrada y salida de datos. Operaciones con vectores. Paquetes en R.
4.3 - Manipulación de datos. Bucles y funciones condicionales. Gráficos en R.
4.4 - Estadística básica. Tipos de variables. Análisis descriptivos y distribuciones para exploración de datos.
4.5 - Bioconductor. Análisis básico de secuencias. Paquete ape.
4.6 - Caso de uso: microarrays. Anotaciones.
5 - Lenguaje Python
5.1 - Entorno de programación. Versiones e intérpretes disponibles.
5.2 - Sintaxis y tipos de variables.
5.3 - Iteración y operaciones lógicas.
5.4 - Librerías específicas para la programación en bioinformática.

La planificación de la asignatura podrá verse modificada por motivos imprevistos (rendimiento del grupo, disponibilidad de recursos, modificaciones en el calendario académico, etc.) y por tanto no deberá considerarse como definitiva y cerrada.

METODOLOGÍAS Y ACTIVIDADES DE ENSEÑANZA Y APRENDIZAJE:

Metodologías de enseñanza-aprendizaje a desarrollar:

La asignatura exige un esfuerzo importante por parte del alumno para aplicar los conceptos de cada tema en los sucesivos. Por tanto, se recomienda un seguimiento continuo de la asignatura. Para ello la principal actividad que se propone consiste en el estudio individual y la realización de ejercicios por parte del alumno.

Las sesiones presenciales podrán ser clases teóricas utilizando la clase magistral a través de presentaciones o mostrando directamente el workflow necesario para la resolución de problemas bioinformáticos. Las clases prácticas podrán ser clases con problemas a resolver de cada una de las unidades o talleres en los que se demuestran casos reales de utilización de herramientas bioinformáticas. En todas ellas se hará participe en la medida de lo posible al alumno, procurando modular los niveles de dificultad en función de la comprensión del grupo de alumnos.

Se realizará trabajo de laboratorio utilizando las herramientas bioinformáticas aprendidas en las dos primeras unidades para el análisis en profundidad de los aspectos relacionados con una proteína dada, atendiendo a las variaciones polimórficas, resultado o no de mutaciones, y las consecuencias desde nivel molecular a nivel fisiológico de las mismas.

Además, se potenciará el trabajo individual a través de la resolución de un proyecto de análisis bioinformático utilizando el entorno de R, para que los alumnos pongan en práctica la exploración de datos, la posibilidad de establecer contrastes de hipótesis, resolver el problema planteado por la hipótesis y establecer conclusiones.

Finalmente, como apoyo al desarrollo de trabajo autónomo del alumno, necesario para asimilación de conceptos de programación, tanto en R como Python, se plantearán ejercicios propuestos como casos a los alumnos que deberán resolver y entregar.

El alumno presentará en todo momento apoyo por parte de la docente de la materia a través del correo electrónico y tutorías presenciales. Además, si fuera necesario podrían plantearse foros presenciales de ayuda, así como foros online a través de la PDU, en los que toda la clase sea participe y se contribuyan a resolver los problemas de forma conjunta.

Volumen de trabajo del alumno:

Modalidad organizativa	Métodos de enseñanza	Horas estimadas
Actividades Presenciales	Clase magistral	25
	Casos prácticos	4
	Resolución de prácticas, problemas, ejercicios etc.	18
	Exposiciones de trabajos de los alumnos	2
	Talleres	5
	Actividades de evaluación	6
Trabajo Autónomo	Asistencia a tutorías	3
	Estudio individual	30
	Preparación de trabajos individuales	5
	Preparación de trabajos en equipo	30
	Tareas de investigación y búsqueda de información	9
	Lecturas obligatorias	8
	Lectura libre	5
Horas totales:		150

SISTEMA DE EVALUACIÓN:

Obtención de la nota final:

Pruebas escritas:	20	%
Trabajos individuales:	45	%
Prueba final:	35	%
TOTAL	100	%

*Las observaciones específicas sobre el sistema de evaluación serán comunicadas por escrito a los alumnos al inicio de la materia.

BIBLIOGRAFÍA Y DOCUMENTACIÓN:

Bibliografía básica:

Pevsner, Jonathan. Bioinformatics and Functional Genomics 3rd Edition. New York, Wiley Blackwell, 2015
Model, Mitchell L. Bioinformatics Programming Using Python. Sebastopol, CA: O'Reilly, 2010
Crawley, Michael J. The R Book. New York: Wiley, 2012.

Bibliografía recomendada:

Xiong, Jin. Essential Bioinformatics. Cambridge, UK: Cambridge Press, 2006
Braun WJ, Murdoch DJ. A First Course in Statistical Programming with R. New York, USA: Cambridge University Press, 2016
Antao T. Bioinformatics with Python Cookbook.PacktLib, 2015

Páginas web recomendadas:

The Pevsner laboratory	http://www.bioinfbook.org/
Bioconductor	http://bioconductor.org/
BLAST	https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi
Clustal	https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/
Documentación R	https://www.rdocumentation.org/
Problemas Python	http://rosalind.info/problems/locations/
Documentación Python	https://docs.python.org/2.7/

* Guía Docente sujeta a modificaciones