

DATOS BÁSICOS DE LA GUÍA DOCENTE:

Materia:	BIOINFORMÁTICA Y BIG DATA		
Identificador:	34165		
Titulación:	GRADUADO EN BIOMEDICINA		
Módulo:	METODOLOGÍA EN EXPERIMENTACIÓN BIOMÉDICA		
Tipo:	OBLIGATORIA		
Curso:	4	Periodo lectivo:	Primer Cuatrimestre
Créditos:	6	Horas totales:	150
Actividades Presenciales:	58	Trabajo Autónomo:	92
Idioma Principal:	Castellano	Idioma Secundario:	Inglés
Profesor:	MARTIN NAVARRO, ANTONIO (T)	Correo electrónico:	amartinn@usj.es

PRESENTACIÓN:

La asignatura aborda una introducción a la disciplina de la bioinformática estableciendo los recursos necesarios para resolver cuestiones de ámbito biomédico. Para ello se describen las bases de datos más ampliamente utilizadas en biomedicina, así como las herramientas de alineamiento de secuencias requeridas para poder comparar y anotar genes, proteínas o genomas. También se presentan las aplicaciones utilizadas en bioinformática para el estudio estructural de biomoléculas. Todo el curso se vertebra con las ciencias ómicas como pilar fundamental (genómica, transcriptómica, proteómica, etc...) y presentando al alumnado los lenguajes de programación R y Python, necesarios para el estudio estadístico de los datos y sus representaciones gráficas.

COMPETENCIAS PROFESIONALES A DESARROLLAR EN LA MATERIA:

Competencias Generales de la titulación	G01	Interpretar información y datos de textos del ámbito científico relevantes para emitir juicios, valoraciones, informes y conclusiones que abarquen los aspectos social, económico, científico-técnico y ético.
Competencias Específicas de la titulación	E08	Manejar eficazmente de las principales herramientas bioinformáticas y bases de datos biológicas y biomédicas para la obtención, interpretación y gestión de información.
	E09	Interpretar textos propios de la disciplina biomédica con evidencia científica reconociendo la terminología especializada.
Resultados de Aprendizaje	R01	Maneja las principales bases de datos actuales para la investigación en biomedicina.
	R02	Identifica los métodos bioinformáticos básicos para llevar a cabo análisis de secuencia/ estructura/ función de biomoléculas.
	R03	Crea bases sencillas de biodatos para su modificación y acceso, directo o mediante lenguajes de programación.
	R04	Convierte programas y funciones de nivel básico en R y Python.
	R05	Aplica correctamente las metodologías de investigación computacional a la resolución de problemas del ámbito de la investigación en biomedicina.
	R06	Interpreta correctamente artículos científicos originales relacionados con los contenidos teóricos y prácticos de la asignatura.

REQUISITOS PREVIOS:

Los conocimientos ya integrados por el alumnado en los cursos previos permiten el adecuado seguimiento de la asignatura. Los requerimientos informáticos necesarios (lenguajes de programación y otras aplicaciones) se van adquiriendo de forma gradual y coherente durante el transcurso de la asignatura.

PROGRAMACIÓN DE LA MATERIA:

Observaciones:

El programa de la asignatura muestra al alumnado una panorámica general de las técnicas bioinformáticas y lenguajes de programación más utilizados en biomedicina. Se parte de una descripción de las distintas bases de datos biomédicas para después conocer las técnicas de análisis de secuencias basadas en alineamientos. Estas metodologías son claves para la comparación y anotación de genomas. También se dedica una unidad a la bioinformática estructural y al uso de aplicaciones para visualización 3D de biomoléculas. Todo este primer contenido del curso permite abordar la segunda parte, centrada en las técnicas ómicas, principalmente genómica y transcriptómica con el estudio de casos reales. Para ello es necesario impartir ciertos conocimientos básicos de programación en lenguaje R y Python, fundamentalmente centrados en el uso de herramientas bioestadísticas y de visualización gráfica de resultados.

Contenidos de la materia:

1 - Introducción a la bioinformática.
2 - Sistemas y bases de datos biomédicos.
3 - Análisis de secuencias.
4 - Comparación y anotación de genomas.
5 - Bioinformática estructural.
6 - Principales ciencias ómicas y técnicas asociadas a ellas.
7 - Introducción al lenguaje de programación estadístico R.
8 - Lenguaje Python.
9 - Análisis estadístico/computacional de datos y representación gráfica de los resultados.
10 - Análisis transcriptómicos masivos.

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 comprende una parte de contenidos teóricos que el alumnado debe estudiar y llevar al día, así como una serie de actividades prácticas de uso de las herramientas bioinformáticas aprendidas durante las distintas unidades en las que el alumnado debe demostrar su destreza.

Se propone un proyecto de laboratorio bioinformático utilizando las herramientas aprendidas en las primeras unidades para el análisis en profundidad de una proteína dada, atendiendo a las variaciones polimórficas, resultado o no de mutaciones, y las consecuencias biomédicas a nivel molecular y fisiológico. Igualmente se planteará una demostración de un caso práctico utilizando el entorno de R, para que los alumnos pongan en práctica la exploración de datos, la posibilidad de establecer contrastes de hipótesis y de presentar de forma gráfica los datos, con la intención de establecer conclusiones.

Para la adecuada asimilación de conceptos fundamentales de programación, tanto en R como Python, se plantearán ejercicios propuestos siempre en el ámbito de la biomedicina.

El alumno presentará en todo momento apoyo por parte del 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 que contribuyan a resolver los problemas de forma conjunta.

Volumen de trabajo del alumno:

Modalidad organizativa	Métodos de enseñanza	Horas estimadas
Actividades Presenciales	Clase magistral	22
	Casos prácticos	4
	Resolución de prácticas, problemas, ejercicios etc.	8
	Exposiciones de trabajos de los alumnos	2
	Talleres	4
	Actividades de evaluación	4
	Simulaciones	4
	Trabajos colaborativos en el aula	4
	Trabajos de investigación	6
Trabajo Autónomo	Asistencia a tutorías	2
	Estudio individual	52
	Preparación de trabajos en equipo	8
	Realización de proyectos	6
	Tareas de investigación y búsqueda de información	12
	Lecturas obligatorias	4
	Búsqueda de información	4
	Actividades de aplicación y práctica de conceptos teóricos a través de ejercicios y problemas	4
Horas totales:		150

SISTEMA DE EVALUACIÓN:

Obtención de la nota final:

Pruebas escritas:	50	%
Evaluación de demostración:	20	%
Evaluación de producto:	30	%
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:

Lesk, Arthur. Introduction to Bioinformatics. Oxford University Press, fifth edition, 2019
Pevsner, Jonathan. Bioinformatics and Functional Genomics 3rd Edition. New York, Wiley Blackwell, 2015

Bibliografía recomendada:

Antao T. Bioinformatics with Python Cookbook. PacktLib, 2015
Braun WJ, Murdoch DJ. A First Course in Statistical Programming with R. New York, USA: Cambridge University Press, 2016
Crawley, Michael J. The R Book. New York: Wiley, 2012.
Model, Mitchell L. Bioinformatics Programming Using Python. Sebastopol, CA: O'Reilly, 2010
Xiong, Jin. Essential Bioinformatics. Cambridge, UK: Cambridge Press, 2006

Páginas web recomendadas:

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