

**Proyecto/Guía docente de la asignatura**

Asignatura	BIOINFORMÁTICA		
Materia	BIOINFORMÁTICA		
Módulo	-		
Titulación	GRADO DE INGENIERÍA BIOMÉDICA		
Plan	637	Código	47532
Periodo de impartición	6º cuatrimestre	Tipo/Carácter	Obligatoria
Nivel/Ciclo	Grado	Curso	3º
Créditos ECTS	6		
Lengua en que se imparte	Castellano, aunque algunos materiales estarán disponibles únicamente en Inglés		
Profesor/es responsable/s	Pilar Ciudad Velasco Mercedes Durán Domínguez Itziar Fernández Martínez Marita Hernández Garrido		
Datos de contacto (E-mail, teléfono...)	Pilar Ciudad Velasco, Ext. 4810, pciudad@uva.es Mercedes Durán Domínguez, Ext. 4809, merche@ibgm.uva.es Itziar Fernández Martínez, Ext. 4974 itziar.fernandez@uva.es Marita Hernández Garrido, Ext. 3088, Ext. 4837 maritahg@uva.es		
Departamento	Bioquímica, Biología Molecular y Fisiología Estadística e Investigación Operativa		
Fecha de revisión por el Comité de Título	30/6/2023		



1. Situación / Sentido de la Asignatura

1.1 Contextualización

En los últimos años se está generando una ingente cantidad de datos biológicos relacionados con el genoma y la secuenciación de proteínas. Transformar esta información en conocimiento útil es uno de los grandes retos en ciencias de la salud. La Bioinformática trata de estudiar, analizar y procesar información genética, molecular y clínica para generar nuevo conocimiento, nuevas herramientas diagnósticas y nuevas terapias, mediante la aplicación de las Tecnologías de la Información y de las Ciencias de la Computación.

En el ámbito biomédico, esta disciplina va a permitir integrar los datos ómicos (genómicos, proteómicos, transcriptómicos, etc.) con datos químicos, farmacológicos, toxicológicos y clínicos para avanzar hacia la medicina personalizada y de precisión, y para el descubrimiento, desarrollo y uso de nuevos fármacos. Es indudable que el desarrollo de bases de datos y herramientas computacionales, junto con su aplicación en la generación de conocimiento biológico tiene una importante implicación en la Ingeniería Biomédica.

1.2 Relación con otras materias

Esta asignatura está relacionada con las asignaturas “Bioquímica y Biología Molecular” y “Bioestadística” del segundo cuatrimestre del primer curso, en el que se establecen las bases teóricas y computaciones básicas para el procesamiento, análisis e interpretación de los datos ómicos.

1.3 Prerrequisitos

No se han establecido requisitos previos excluyentes para cursar esta asignatura. Sin embargo, para su máximo aprovechamiento sería conveniente haber superado las asignaturas de “Bioquímica y Biología Molecular” y “Bioestadística” del primer curso, así como tener competencias básicas en programación y comprensión lectora en inglés.

2. Competencias

2.1 Generales

Competencias Básicas:

- CB1.** Que los estudiantes hayan demostrado poseer y comprender conocimientos en un área de estudio que parte de la base de la educación secundaria general, y se suele encontrar a un nivel que, si bien se apoya en libros de texto avanzados, incluye también algunos aspectos que implican conocimientos procedentes de la vanguardia de su campo de estudio.
- CB2.** Que los estudiantes sepan aplicar sus conocimientos a su trabajo o vocación de una forma profesional y posean las competencias que suelen demostrarse por medio de la elaboración y defensa de argumentos y la resolución de problemas dentro de su área de estudio.
- CB3.** Que los estudiantes tengan la capacidad de reunir e interpretar datos relevantes (normalmente dentro de su área de estudio) para emitir juicios que incluyan una reflexión sobre temas relevantes de índole social, científica o ética.
- CB5.** Que los estudiantes hayan desarrollado aquellas habilidades de aprendizaje necesarias para emprender estudios posteriores con un alto grado de autonomía.

Competencias Generales:

- CG1.** Adquirir conocimientos y habilidades adecuados para analizar y sintetizar problemas básicos relacionados con la ingeniería y las ciencias biomédicas, resolverlos utilizando el método científico y comunicarlos de forma eficiente.
- CG2.** Conocer las bases científicas y técnicas de la ingeniería biomédica, de modo que se facilite el aprendizaje de nuevos métodos y tecnologías, así como el desarrollo de una gran versatilidad para adaptarse a nuevas situaciones.
- CG3.** Adquirir la capacidad de resolver problemas con iniciativa y creatividad, así como de comunicar y transmitir conocimientos, habilidades y destrezas, comprendiendo la responsabilidad ética, social y profesional de la actividad del ingeniero biomédico.
- CG4.** Trabajar de forma adecuada en un laboratorio, incluyendo los aspectos de seguridad, manipulación de materiales y eliminación de residuos.
- CG5.** Adquirir, analizar, interpretar y gestionar información.

Competencias Transversales:

- CT1.** Desarrollar capacidades de comunicación interpersonal y aprender a trabajar en equipos multidisciplinares, multiculturales e internacionales.
- CT2.** Capacidad de organizar y planificar su trabajo tomando las decisiones correctas basadas en la información disponible, reuniendo e interpretando datos relevantes para emitir juicios dentro de su área de estudio.
- CT3.** Desarrollar capacidades de aprendizaje autónomo y de por vida.
- CT4.** Conocer cómo se deben realizar búsquedas de información técnica y científica en bases de datos específicas.

2.2 Específicas

- CE15.** Conocer las etapas del proceso de expresión génica, así como las herramientas que permitan el rediseño y reparación de genes, redes genéticas y organismos con fines terapéuticos.



- CE19.** Conocer las herramientas informáticas para analizar, calcular, representar y gestionar información en Ingeniería Biomédica
- CE20.** Implementar algoritmos en lenguajes de programación modernos y especialmente relevantes en Ingeniería Biomédica.
- CE23.** Integrar conocimientos multidisciplinares asociados a la ingeniería, biología y medicina.
- CE27.** Desarrollar habilidades para comunicarse con los profesionales de la salud y entender sus necesidades en relación a productos y servicios biomédicos.
- CE28.** Desarrollar habilidades para integrarse en equipos de trabajo con profesionales de la medicina y la biología para el desarrollo de investigaciones, productos y servicios en biomedicina.





3. Objetivos

Al finalizar la asignatura los resultados de aprendizaje esperados son:

- Entender la complejidad estructural y funcional de las secuencias de DNA, RNA y proteínas, y la necesidad de usar herramientas bioinformáticas para analizarlas.
- Familiarizarse con los recursos disponibles en las principales plataformas bioinformáticas disponibles en Internet para ser capaz de extraer toda la información que se pueda necesitar de manera rápida y eficaz.
- Ser capaz de manejar las bases de datos y herramientas más utilizadas en Bioinformática, e interpretar la información obtenida con el criterio suficiente para determinar su relevancia y su significado biológico.
- Ser capaz de analizar secuencias de proteínas o de ácidos nucleicos para extraer de ellas la máxima cantidad de información posible.
- Ser capaz de comparar secuencias para establecer relaciones de homología y para identificar patrones, motivos y dominios conservados
- Ser capaz de usar herramientas bioinformáticas para el análisis filogenético de secuencias.
- Ser capaz de obtener estructuras tridimensionales de macromoléculas y de visualizarlas con los programas adecuados para comprender mejor las relaciones estructura-función
- Conocer y utilizar el software estadístico R a nivel intermedio, como software estadístico, como lenguaje de programación y particularmente, aprender a utilizar librerías de R asociadas a análisis de datos de tipo biológico.



4. Contenidos y/o bloques temáticos

Bloque 1: “Bioinformática”

Carga de trabajo en créditos ECTS: 6

a. Contextualización y justificación

La asignatura consta de un único bloque temático dividido en 7 temas. Los 3 primeros temas son de carácter introductorio. El Tema 1 es un tema de introducción general en el que se proporciona una visión global de la Bioinformática, problemas que trata de resolver y principales retos a los que se enfrenta, así como las características básicas de los datos, su análisis y software. En el Tema 2 se hace un repaso de las principales fuentes de información en la era genómica y su estructura, así como de la metodología de enriquecimiento que facilitará la interpretación funcional de los resultados obtenidos en los análisis de datos. El Tema 3 está dedicado a lenguajes de programación utilizados en bioinformática, concretamente, al lenguaje R y Bioconductor. Los temas 4, 5 y 6 abordarán el análisis de secuencias, de DNA, de proteína y de RNA, respectivamente. Se explorarán herramientas y algoritmos de alineamiento y de predicción de las estructuras presentes en una secuencia junto con el descifrado de la información. Además, se introducirán conceptos, herramientas y aplicaciones básicas sobre genética de poblaciones, bioinformática estructural y análisis masivo de expresión génica. Por último, el tema 7 está dedicado a la bioinformática traslacional.

b. Objetivos de aprendizaje

Ver sección 3.

c. Contenidos

Tema 1. Introducción a la Bioinformática

Definición. El contexto de los datos Biológicos. Estructuras y tipos de datos.

Introducción al Análisis de Datos y retos estadísticos. Software para el análisis de datos.

Tema 2. Bases de datos biológicas y obtención de información

Tipos de bases de datos, plataformas de herramientas y visión general.

Introducción al concepto de enriquecimiento.

Tema 3. Análisis de datos con R y Bioconductor

El Lenguaje R: entorno de trabajo, conceptos básicos, tipos de variables, funciones, vectores y operadores lógicos, listas. Bioconductor y librerías de R para Bioinformática.

Tema 4. Secuencias de DNA.

Anotación de secuencias de DNA. Estrategias de análisis.

Alineamiento de secuencias. BLAST, software libre. Algoritmos de alineamiento de pares de secuencias.

Localización de secuencias. Descubrimiento de motivos conservados de secuencia.

Genomas: El proyecto Genoma Humano. Introducción a las “Ómicas”. Navegadores genómicos.

Genética de poblaciones.

Tema 5. Secuencias proteicas

Alineamiento, software libre. Alineamiento múltiple. Algoritmos de alineamiento múltiple.

Método predictivo usando secuencias de proteínas.

Bases de datos de estructura tridimensional.

Introducción a la Bioinformática estructural.



Tema 6. Expresión génica

Secuencias de RNA.

Método predictivo usando secuencias de RNA (RNAstructure web server).

Análisis de expresión génica. Transcriptómica. Métodos para estudiar la transcriptómica.

Análisis masivo de expresión génica.

Tema 7. Bioinformática traslacional

Genética de la salud humana.

Fenotipo del paciente. Human Phenotype Ontology.

Informática y Medicina de precisión (ej. Marcadores clínicos).

Integración de fuentes de datos.

Seminario de aplicaciones reales.

d. Métodos docentes

A lo largo de la asignatura se emplearán los siguientes métodos docentes:

- Clases de teoría.
- Clases de resolución de ejercicios y problemas.
- Prácticas de laboratorio.

e. Plan de trabajo

Semanalmente, las clases teóricas y las de resolución de ejercicios en el aula tendrán lugar los lunes y habitualmente se impartirán 2 horas. Para las sesiones de laboratorio, los alumnos se dividirán en dos grupos, L1 y L2, y, de manera general, se impartirán en sesiones de 2 horas por semana y grupo. Dependiendo de la semana, alguno de los grupos tendrá una sesión adicional. La distribución de las sesiones, el horario y calendario estarán disponibles en el Campus Virtual de la UVa correspondiente a la asignatura.

En esta tabla se muestra una distribución orientativa del número de horas presenciales por tema,

	Horas presenciales	Distribución de horas
Tema 1	8	4T+4L
Tema 2	6	4T+2L
Tema 3	6	2T+4L
Tema 4	15	4T+1S+10L
Tema 5	10	4T+6L
Tema 6	10	4T+6L
Tema 7	5	2T+1S+2L

f. Evaluación

La evaluación de la adquisición de competencias se basará en:

- Examen sobre contenidos teóricos y prácticos.
- Evaluación del trabajo confeccionado con lo aprendido en las sesiones de laboratorio.
- Evaluación mediante actividades y cuestionarios propuestos en algunas de las sesiones de laboratorio.

g Material docente

Ver enlace:

https://buc-uva.alma.exlibrisgroup.com/leganto/public/34BUC_UVA/lists/5448362640005774?auth=SAML

g.1 Bibliografía básica

- Baxevanis, A. D., Bader, G. D., & Wishart, D. S. (Eds.). (2020). Bioinformatics. John Wiley & Sons.

g.2 Bibliografía complementaria

- Gentleman, R., Carey, V., Huber, W., Irizarry, R., & Dudoit, S. (Eds.). (2006). Bioinformatics and computational biology solutions using R and Bioconductor. Springer Science & Business Media.
- Ewens, W. J., & Grant, G. R. (2006). Statistical methods in bioinformatics: an introduction. Springer Science & Business Media.

g.3 Otros recursos telemáticos (píldoras de conocimiento, blogs, videos, revistas digitales, cursos masivos (MOOC), ...)

Todos los recursos telemáticos necesarios para cursar la asignatura se enlazarán a través de la página de la asignatura en el Campus Virtual.

h. Recursos necesarios

Serán necesarios los siguientes recursos:

- Aula con pizarra, ordenador y cañón de proyección para clases teóricas y prácticas.
- Aula de ordenadores con las herramientas de software necesarias para llevar a cabo los laboratorios.
- Documentación de apoyo para las clases teóricas, para la realización de problemas y para la realización de las prácticas de laboratorio. Esta documentación estará disponible en el Campus Virtual de la Uva correspondiente a la asignatura.

i. Temporalización

CARGA ECTS	PERIODO PREVISTO DE DESARROLLO
6 ECTS	Semanas 1 a 16 (12 febrero – 27 mayo)

5. Métodos docentes y principios metodológicos

- Actividades presenciales:**
 - Clases de teoría. Lección magistral participativa y debate.
 - Resolución de problemas.
 - Prácticas de laboratorio, que en ocasiones el método será de clase inversa (flipped classroom).
- Actividades no presenciales:**
 - Trabajo individual. Estudio/trabajo personal.
 - Trabajo en grupo. Problemas y aprendizaje cooperativo.

6. Tabla de dedicación del estudiante a la asignatura

ACTIVIDADES PRESENCIALES o PRESENCIALES A DISTANCIA ⁽¹⁾	HORAS	ACTIVIDADES NO PRESENCIALES	HORAS
Clases teóricas (T)	24	Estudio y trabajo autónomo individual	56
Prácticas de aula (S)	2	Estudio y trabajo autónomo individual	4
Prácticas laboratorio (L)	34	Estudio y trabajo autónomo individual y grupal	30
Total presencial	60	Total no presencial	90
TOTAL presencial + no presencial			150

(1) Actividad presencial a distancia es cuando un grupo sigue una videoconferencia de forma síncrona a la clase impartida por el profesor.

7. Sistema y características de la evaluación

INSTRUMENTO/PROCEDIMIENTO	PESO EN LA NOTA FINAL	OBSERVACIONES
Cuestionarios de las sesiones de laboratorio	15%	
Trabajo sobre un caso práctico que explorará los contenidos de la teoría y los laboratorios.	25%	
Exposición del trabajo final	10%	Se tendrá en cuenta en las dos convocatorias, tanto ordinaria como extraordinaria.
Examen final convocatoria ordinaria	50%	
Examen final convocatoria extraordinaria	85%	

CRITERIOS DE CALIFICACIÓN

Convocatoria ordinaria:

La nota final constará de:

1. Pruebas que evaluarán el grado de comprensión por parte del alumno de algunas herramientas y/o de los conceptos al final de alguna de las sesiones.
2. Trabajo sobre un caso práctico que se propondrá a principio de la asignatura y se evaluará al final de la misma, donde se valorará la incorporación de las herramientas exploradas en las sesiones de laboratorio, así como los conceptos prácticos adquiridos.
3. Actividades propuestas como ejercicio en algunos de los laboratorios.

Los puntos 2 y 3 constituirán un 25% de la nota final, pudiendo tener un valor máximo de 2.5 puntos sobre el total de 10 de la evaluación final. Para superar la asignatura en convocatoria ordinaria es necesario obtener como mínimo la mitad de la puntuación.

4. Exposición oral del trabajo final que tendrá un peso del 10% en la nota final.
5. El examen final realizado en la convocatoria ordinaria se puntuará en una escala de 0 a 10, aunque tendrá un valor máximo de 5 puntos sobre el total de la evaluación final. Para aprobar la asignatura en la convocatoria ordinaria será necesario alcanzar una puntuación mínima de 3,5 (sobre 10) en este examen. El examen final estará centrado en el lenguaje R.

La calificación final obtenida en la convocatoria ordinaria será:

- La puntuación del examen final, siempre que no alcance los 3,5 puntos.
- Si la nota del examen final es de 3,5 puntos o mayor, se sumará esta calificación, re-escalada sobre 5 puntos, a las notas obtenidas en el resto de actividades de evaluación.

Convocatoria extraordinaria (*):

El examen final en convocatoria extraordinaria, incluirá cuestiones sobre los contenidos de toda la asignatura. La calificación final será la nota del examen, re-escalada sobre 8.5 puntos, más las notas no recuperables del curso (Art 35.4 del ROA 35.4).

(* Se entiende por convocatoria extraordinaria la segunda convocatoria.

Art 35.4 del ROA 35.4. La participación en la convocatoria extraordinaria no quedará sujeta a la asistencia a clase ni a la presencia en pruebas anteriores, salvo en los casos de prácticas externas,



laboratorios u otras actividades cuya evaluación no fuera posible sin la previa realización de las mencionadas pruebas.

<https://secretariageneral.uva.es/wp-content/uploads/VII.2.-Reglamento-de-Ordenacion-Academica.pdf>

8. Consideraciones finales

Para un mejor aprovechamiento de la asignatura, en algunas sesiones teóricas y de seminarios, se recomienda el uso de ordenador portátil en el aula.

