

GUÍA DOCENTE ABREVIADA DE LA ASIGNATURA

G1934 - Bioinformática y Análisis de Datos Ómicos

Grado en Ciencias Biomédicas

Curso Académico 2022-2023

1. DATOS IDENTIFICATIVOS					
Título/s	Grado en Ciencias Biomédicas			Tipología v Curso	Obligatoria. Curso 3
Centro	Facultad de Medicina				
Módulo / materia	BIOINFORMÁTICA Y ANÁLISIS DE DATOS ÓMICOS				
Código y denominación	G1934 - Bioinformática y Análisis de Datos Ómicos				
Créditos ECTS	6	Cuatrimestre	Cuatrimestral (2)		
Web					
Idioma de impartición	Español	English friendly	No	Forma de impartición	Presencial

Departamento	DPTO. BIOLOGIA MOLECULAR
Profesor responsable	IGNACIO VARELA EGOICHEAGA
E-mail	ignacio.varela@unican.es
Número despacho	Facultad de Medicina. Planta: + 1. SECRETARIA DE BIOLOGIA MOLECULAR (1124)
Otros profesores	RAUL FERNANDEZ LOPEZ IGNACIO MARIA ARECHAGA ITURREGUI DAVID MARTIN GUTIERREZ

3.1 RESULTADOS DE APRENDIZAJE

- Elegir entre las diferentes técnicas genómicas, epigenómicas, metagenómicas, transcriptómicas y proteómicas disponibles cuál es la más adecuada para extraer la información biológica deseada en cada experimento
- Identificar los pasos críticos y limitaciones de cada aproximación experimental y aplicar los controles de calidad necesarios en el análisis de datos para verificar el alcance y calidad de los datos generados por cada técnica ómica
- Reconocer errores sistemáticos y sesgos en la generación de datos que puedan interferir con el análisis bioinformático y aplicar las herramientas bioinformáticas necesarias para corregirlos.
- Elegir y utilizar con soltura las herramientas bioinformáticas adecuadas para el análisis de cada experimento en concreto así como combinar correctamente aquellas herramientas necesarias para extraer la información necesaria en cada momento.
- Interpretar correctamente los resultados obtenidos con plena consciencia de las limitaciones de cada tecnología y la implicación biológica de cada observación.

4. OBJETIVOS

- Adquirir el conocimiento suficiente de los fundamentos de las técnicas utilizadas en la actualidad para generar grandes cantidades de datos moleculares y de los principios de como analizar esta información para extraer conclusiones moleculares.
- Diseñar y utilizar las tecnologías ómicas así como interpretar correctamente los resultados obtenidos.

6. ORGANIZACIÓN DOCENTE

CONTENIDOS

1	Tema 1: Introducción al uso de herramientas bioinformáticas. Funcionamiento básico de un sistema informático basado en UNIX. Control de ejecución de programas a través de parámetros y control de los flujos de información de entrada y salida.
2	Tema 2: Gestión de datos de origen biológico. Estudio de los principales tipos de archivos de información biológica. Acceso a datos biológicos de bases de datos públicas.
3	Tema 3: Manejo de datos de origen biológicos en R. Funcionamiento básico del lenguaje R y de RStudio. Lectura y escritura de archivos. Organización de la información biológica en objetos como vectores, matrices, cuadros de datos y listas.
4	Tema 4: Análisis bioinformáticos complejos en R. Ejecución condicional y cíclica controlada de funciones. Creación de objetos y funciones personalizadas.
5	Tema 5: Representación gráfica de datos de origen biológico. Realización de distintos tipos de representaciones gráficas con la librería GGPlot2. Representación multivariable. Control estético del gráfico.
6	Tema 6: Tecnologías de análisis moleculares masivos. Principales técnicas de generación de datos moleculares masivos tanto basados en el uso de chips de oligonucleótidos como los basados en secuenciación masiva. Control de calidad. Formatos de archivos de resultados.
7	Tema 7: Identificación de alteraciones genómicas. Análisis de datos de secuenciación de novo y de resecuenciación. Identificación de mutaciones.
8	Tema 8: Identificación de alteraciones epigenómicas. Técnicas de identificación de variantes de metilación, cambios en la estructura tridimensional de la cromatina y de sitios de unión de proteínas al DNA.
9	Tema 9: Caracterización de poblaciones complejas. Metagenómica. Principales técnicas de análisis de datos de caracterización de poblaciones complejas de microorganismos, tanto basados en técnicas dirigidas como no dirigidas.
10	Tema 10: Identificación de alteraciones transcriptómicas. Principales estrategias de análisis de datos transcriptómicos encaminadas a la identificación de variantes transcripcionales y la generación de nuevos transcritos. Análisis de datos de célula única.
11	Tema 11: Identificación de alteraciones proteómicas. Técnicas de separación de muestras complejas de proteínas. Principales estrategias de análisis de datos de espectrometría de masas para identificar los componentes de muestras complejas y diferencias en la composición entre distintas muestras.
12	Prácticas Grupales.
13	Proyecto individual
14	Examen Final
15	Tutorías.

7. MÉTODOS DE LA EVALUACIÓN				
Descripción	Tipología	Eval. Final	Recuper.	%
Formularios de formación continua	Actividad de evaluación con soporte virtual	No	No	15,00
Prácticas individuales de ordenador	Actividad de evaluación con soporte virtual	No	No	5,00
Prácticas grupales de ordenador	Actividad de evaluación con soporte virtual	No	No	5,00
Proyecto individual	Trabajo	No	Sí	15,00
Examen Final	Actividad de evaluación con soporte virtual	Sí	Sí	60,00
TOTAL				100,00
Observaciones				
Los alumnos deberán obtener un mínimo de 3,5 puntos en el examen final para aprobar la asignatura.				
Criterios de evaluación para estudiantes a tiempo parcial				
Los alumnos que realicen la asignatura a tiempo parcial deberán realizar las prácticas grupales de ordenador que tendrán un peso del 5% sobre la valoración final; el proyecto individual que tendrá un peso del 15% sobre la valoración final y el examen final que tendrá, en este caso, un peso del 80% sobre la valoración final de la asignatura.				

8. BIBLIOGRAFÍA Y MATERIALES DIDÁCTICOS
BÁSICA
T. Strachan, J. Goodship y P. Chinney (2014). Genetics and Genomics in Medicine. London: Garland Science.
B. Alberts, A. Johnson, J. Lewis, D. Morgan, M. Raff, K. Roberts y P. Walter (2015). The Molecular Biology of the Cell. London. Garland Science.
Hawkins, R. David, Hon Gary C, Ren Bing. Next-generation genomics: an integrative approach. Nat. Rev. Genet, (2010). 11:476-486.

Esta es la Guía Docente abreviada de la asignatura. Tienes también publicada en la Web la información más detallada de la asignatura en la Guía Docente Completa.