

Facultad de Medicina

## GUÍA DOCENTE DE LA ASIGNATURA

G1934 - Bioinformática y Análisis de Datos Ómicos

Grado en Ciencias Biomédicas  
Obligatoria. Curso 3

Curso Académico 2024-2025

**1. DATOS IDENTIFICATIVOS**

Título/s	Grado en Ciencias Biomédicas		Tipología y 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	IGNACIO MARIA ARECHAGA ITURREGUI DAVID MARTIN GUTIERREZ NATALIA SANCHEZ COLLANTES				

**2. CONOCIMIENTOS PREVIOS**

Se requieren los conocimientos de biología molecular y genética impartidos en las asignaturas de Biología Molecular, Ingeniería Genética y Genética impartidos en los cursos previos del mismo grado.

3. COMPETENCIAS GENÉRICAS Y ESPECÍFICAS DEL PLAN DE ESTUDIOS TRABAJADAS
Competencias Genéricas
Saber desarrollar estrategias de aprendizaje autónomo.
Conocer cómo organizar y planificar el trabajo.
Comprender cómo buscar, procesar, analizar y sintetizar información procedente de diversas fuentes en el ámbito de la biomedicina.
Saber aplicar los conocimientos teóricos a la práctica para resolver problemas biomédicos.
Saber cómo generar propuestas innovadoras y competitivas en la investigación y en la actividad profesional biomédica.
Saber cómo desarrollar la iniciativa, creatividad y liderazgo en el ámbito de la biomedicina.
Competencias Específicas
Conocer los principales conceptos químicos, físicos y bioestadísticos para el estudio de la biología del ser humano. Aplicar esos conceptos en experimentación e investigación biomédica.
Conocer las herramientas bioinformáticas, bases de datos, técnicas ómicas y métodos de análisis de datos experimentales.
Conocer cómo hacer uso de los conocimientos adquiridos para la estimulación de la investigación, el desarrollo y la transferencia, así como la innovación. Todo ello aplicado en el entorno de un laboratorio de investigación biomédica, un laboratorio de un departamento clínico y en la industria biomédica.
Saber buscar y analizar críticamente información científica en el campo de la biomedicina para obtener, organizar, interpretar y comunicar información científica y sanitaria.
Competencias Básicas
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
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
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
Que los estudiantes puedan transmitir información, ideas, problemas y soluciones a un público tanto especializado como no especializado
Que los estudiantes hayan desarrollado aquellas habilidades de aprendizaje necesarias para emprender estudios posteriores con un alto grado de autonomía

### 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.

5. MODALIDADES ORGANIZATIVAS Y MÉTODOS DOCENTES	
ACTIVIDADES	HORAS DE LA ASIGNATURA
<b>ACTIVIDADES PRESENCIALES</b>	
HORAS DE CLASE (A)	
- Teoría (TE)	25
- Prácticas en Aula (PA)	
- Prácticas de Laboratorio Experimental(PLE)	
- Prácticas de Laboratorio en Ordenador (PLO)	42
- Prácticas Clínicas (CL)	
Subtotal horas de clase	67
<b>ACTIVIDADES DE SEGUIMIENTO (B)</b>	
- Tutorías (TU)	5
- Evaluación (EV)	3
Subtotal actividades de seguimiento	8
<b>Total actividades presenciales (A+B)</b>	<b>75</b>
<b>ACTIVIDADES NO PRESENCIALES</b>	
Trabajo en grupo (TG)	
Trabajo autónomo (TA)	75
Tutorías No Presenciales (TU-NP)	
Evaluación No Presencial (EV-NP)	
<b>Total actividades no presenciales</b>	<b>75</b>
<b>HORAS TOTALES</b>	<b>150</b>

6. ORGANIZACIÓN DOCENTE													
CONTENIDOS		TE	PA	PLE	PLO	CL	TU	EV	TG	TA	TU- NP	EV- NP	Semana
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.	2,00	0,00	0,00	1,00	0,00	0,00	0,00	0,00	1,00	0,00	0,00	0,5
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.	2,00	0,00	0,00	2,00	0,00	0,00	0,00	0,00	2,00	0,00	0,00	0,5
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.	2,00	0,00	0,00	2,00	0,00	0,00	0,00	0,00	2,00	0,00	0,00	0,5
4	Tema 4: Análisis bioinformáticos complejos en R. Ejecución condicional y cíclica controlada de funciones. Creación de objetos y funciones personalizadas.	2,00	0,00	0,00	2,00	0,00	0,00	0,00	0,00	2,00	0,00	0,00	0,5
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.	2,00	0,00	0,00	2,00	0,00	0,00	0,00	0,00	2,00	0,00	0,00	0,5
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.	2,00	0,00	0,00	2,00	0,00	0,00	0,00	0,00	2,00	0,00	0,00	0,5
7	Tema 7: Identificación de alteraciones genómicas. Análisis de datos de secuenciación de novo y de resecuenciación. Identificación de mutaciones.	3,00	0,00	0,00	3,00	0,00	0,00	0,00	0,00	3,00	0,00	0,00	0,5
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.	2,00	0,00	0,00	2,00	0,00	0,00	0,00	0,00	2,00	0,00	0,00	0,5
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.	2,00	0,00	0,00	2,00	0,00	0,00	0,00	0,00	2,00	0,00	0,00	0,5
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.	3,00	0,00	0,00	3,00	0,00	0,00	0,00	0,00	3,00	0,00	0,00	0,5
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.	3,00	0,00	0,00	2,00	0,00	0,00	0,00	0,00	2,00	0,00	0,00	0,5
12	Prácticas Grupales.	0,00	0,00	0,00	10,00	0,00	0,00	0,00	0,00	10,00	0,00	0,00	1
13	Proyecto individual	0,00	0,00	0,00	9,00	0,00	0,00	0,00	0,00	30,00	0,00	0,00	2
14	Examen Final	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	3,00	0,00	12,00	0,00	0,00	0,5

15	Tutorías.	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	5,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	2
TOTAL DE HORAS		25,00	0,00	0,00	42,00	0,00	5,00	3,00	0,00	75,00	0,00	0,00	
Esta organización tiene carácter orientativo.													

TE	Horas de teoría
PA	Horas de prácticas en aula
PLE	Horas de prácticas de laboratorio experimental
PLO	Horas de prácticas de laboratorio en ordenador
CL	Horas de prácticas clínicas
TU	Horas de tutoría
EV	Horas de evaluación
TG	Horas de trabajo en grupo
TA	Horas de trabajo autónomo
TU-NP	Tutorías No Presenciales
EV-NP	Evaluación No Presencial

**7. MÉTODOS DE LA EVALUACIÓN**

Descripción	Tipología	Eval. Final	Recuper.	%
Formularios de formación continua	Actividad de evaluación con soporte virtual	No	No	15,00
Calif. mínima	0,00			
Duración	20 minutos			
Fecha realización	Durante el curso al finalizar cada tema			
Condiciones recuperación				
Observaciones				
Prácticas individuales de ordenador	Actividad de evaluación con soporte virtual	No	No	5,00
Calif. mínima	0,00			
Duración	1 hora			
Fecha realización	Durante el curso a continuación de las clases teóricas			
Condiciones recuperación				
Observaciones				
Prácticas grupales de ordenador	Actividad de evaluación con soporte virtual	No	No	5,00
Calif. mínima	0,00			
Duración	2 horas			
Fecha realización	5 sesiones programadas durante el curso			
Condiciones recuperación				
Observaciones				
Proyecto individual	Trabajo	No	Sí	15,00
Calif. mínima	0,00			
Duración				
Fecha realización	A lo largo del curso			
Condiciones recuperación	Se podrá presentar un nuevo trabajo en la convocatoria extraordinaria			
Observaciones				
Examen Final	Actividad de evaluación con soporte virtual	Sí	Sí	60,00
Calif. mínima	4,00			
Duración	2 horas			
Fecha realización	En una fecha establecida una vez finalizada la asignatura.			
Condiciones recuperación	En caso de no pasar la asignatura se podrá realizar un nuevo examen final en la convocatoria extraordinaria			
Observaciones				
<b>TOTAL</b>				<b>100,00</b>
Observaciones				



La evaluación de la asignatura se realizará de acuerdo a 5 actividades de evaluación. Por un lado los ejercicios realizados durante las prácticas individuales y grupales tendrán un peso global del 5% cada uno y no serán recuperables. Por otro lado se realizarán distintos cuestionarios referentes a los distintos temas durante la impartición del curso. El peso total de la media de la nota obtenida en estos cuestionarios supondrá el 15% de la nota final. Cada alumno realizará también un proyecto individual cuya calificación tendrá un peso del 15% sobre la nota final. La no presentación de alguna de estas actividades supondrá una calificación de 0 puntos en la parte correspondiente a esa actividad.

En las fechas oficiales establecidas para ello, se realizará un examen final que tendrá un peso global del 60% de la nota final. Este examen será recuperable en la convocatoria extraordinaria cuya fecha también será establecida al principio del curso. Será necesario obtener una media de 5 sobre 10 puntos teniendo en cuenta todas las actividades de evaluación, así como un mínimo de 4 puntos sobre 10 en el examen final para aprobar la asignatura.

El examen final constará de preguntas tipo test, preguntas cortas y ejercicios prácticos relacionados con los contenidos de la asignatura. Los alumnos dispondrán de 15 minutos al inicio del examen para examinar el contenido del mismo y decidir no presentarse.

#### Crterios 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.

Complementaria				
R Development Core Team. An introduction to R. Recuperado de <a href="https://cran.r-project.org/doc/manuals/r-release/R-intro.pdf">https://cran.r-project.org/doc/manuals/r-release/R-intro.pdf</a> (2021).				
R Development Core Team. R Data Import/Export. Recuperado de <a href="https://cran.r-project.org/doc/manuals/r-release/R-data.pdf">https://cran.r-project.org/doc/manuals/r-release/R-data.pdf</a> (2021).				
R Development Core Team. Package "ggplot2". Recuperado de <a href="https://cran.r-project.org/web/packages/ggplot2/ggplot2.pdf">https://cran.r-project.org/web/packages/ggplot2/ggplot2.pdf</a> (2021).				
Christensen, Henrick. Introduction to Bioinformatics in Microbiology. Springer Nature Switzerland AG (2018) <a href="https://doi.org/10.1007/978-3-319-99280-8">https://doi.org/10.1007/978-3-319-99280-8</a>				
Barthi, R and Grimm DG. Current challenges and best-practice protocols for microbiome analysis. Briefings in Bioinformatics (2021) 22:178–193.				
Love M et al. Moderated estimation of fold change and dispersion for RNA-seq data with DESeq2. Genome Biol (2014) 15:550.				
Aebersold, R y Mann, M. Mass spectrometry-based proteomics. Nature (2003). 422: 198-207.				
Ankney, JA; Muneer, A y Chen, X. Relative and Absolute Quantification in Mass Spectrometry-Based proteomics. Annual Rev. Anal. Chem (2018). 11:49-77				
R Development Core Team. An introduction to R. Recuperado de <a href="https://cran.r-project.org/doc/manuals/r-release/R-intro.pdf">https://cran.r-project.org/doc/manuals/r-release/R-intro.pdf</a> (2021).				
R Development Core Team. R Data Import/Export. Recuperado de <a href="https://cran.r-project.org/doc/manuals/r-release/R-data.pdf">https://cran.r-project.org/doc/manuals/r-release/R-data.pdf</a> (2021).				
R Development Core Team. Package "ggplot2". Recuperado de <a href="https://cran.r-project.org/web/packages/ggplot2/ggplot2.pdf">https://cran.r-project.org/web/packages/ggplot2/ggplot2.pdf</a> (2021).				
Christensen, Henrick. Introduction to Bioinformatics in Microbiology. Springer Nature Switzerland AG (2018) <a href="https://doi.org/10.1007/978-3-319-99280-8">https://doi.org/10.1007/978-3-319-99280-8</a>				
Barthi, R and Grimm DG. Current challenges and best-practice protocols for microbiome analysis. Briefings in Bioinformatics (2021) 22:178–193.				
Love M et al. Moderated estimation of fold change and dispersion for RNA-seq data with DESeq2. Genome Biol (2014) 15:550.				
Aebersold, R y Mann, M. Mass spectrometry-based proteomics. Nature (2003). 422: 198-207.				
Ankney, JA; Muneer, A y Chen, X. Relative and Absolute Quantification in Mass Spectrometry-Based proteomics. Annual Rev. Anal. Chem (2018). 11:49-77				
R Development Core Team. An introduction to R. Recuperado de <a href="https://cran.r-project.org/doc/manuals/r-release/R-intro.pdf">https://cran.r-project.org/doc/manuals/r-release/R-intro.pdf</a> (2021).				
R Development Core Team. R Data Import/Export. Recuperado de <a href="https://cran.r-project.org/doc/manuals/r-release/R-data.pdf">https://cran.r-project.org/doc/manuals/r-release/R-data.pdf</a> (2021).				
R Development Core Team. Package "ggplot2". Recuperado de <a href="https://cran.r-project.org/web/packages/ggplot2/ggplot2.pdf">https://cran.r-project.org/web/packages/ggplot2/ggplot2.pdf</a> (2021).				
Christensen, Henrick. Introduction to Bioinformatics in Microbiology. Springer Nature Switzerland AG (2018) <a href="https://doi.org/10.1007/978-3-319-99280-8">https://doi.org/10.1007/978-3-319-99280-8</a>				
Barthi, R and Grimm DG. Current challenges and best-practice protocols for microbiome analysis. Briefings in Bioinformatics (2021) 22:178–193.				
Love M et al. Moderated estimation of fold change and dispersion for RNA-seq data with DESeq2. Genome Biol (2014) 15:550.				
Aebersold, R y Mann, M. Mass spectrometry-based proteomics. Nature (2003). 422: 198-207.				
Ankney, JA; Muneer, A y Chen, X. Relative and Absolute Quantification in Mass Spectrometry-Based proteomics. Annual Rev. Anal. Chem (2018). 11:49-77				

**9. SOFTWARE**

PROGRAMA / APLICACIÓN	CENTRO	PLANTA	SALA	HORARIO
-----------------------	--------	--------	------	---------

10. COMPETENCIAS LINGÜÍSTICAS

- Comprensión escrita
- Comprensión oral
- Expresión escrita
- Expresión oral
- Asignatura íntegramente desarrollada en inglés

**Observaciones**