

**FICHA IDENTIFICATIVA****DATOS DE LA ASIGNATURA**

Código: 42584
Nombre: Nociones básicas de bioinformática y genómica
Ciclo: Máster Universitario Oficial
Créditos ECTS: 6
Curso académico: 2026-27

TITULACIONES

Titulación	Centro	Curso	Periodo
2116 - Máster Universitario en Bioinformática	Escola Tècnica Superior d'Enginyeria	1	Segundo cuatrimestre

MATERIAS

Titulación	Materia	Carácter
2116 - Máster Universitario en Bioinformática	Nociones básicas de bioinformática y genómica	OBLIGATORIA

COORDINACIÓN

ARNAU LLOMBART VICENTE

RESUMEN

Este curso está orientado a la bioinformática básica, entendida como las metodologías de propósito general para el análisis de secuencias y genomas. Se dará una panorámica general de las bases de datos disponibles así como sus correspondientes interfaces más comúnmente usados. Se revisarán los programas de dominio público más comunes para las operaciones básicas de análisis de secuencias como alineamiento, búsqueda por similitud, identificación de distintos tipos de dominios tales como motivos regulatorios y dominios funcionales en proteínas. Se estudiarán los entornos genómicos más usados (ENSEMBL y UCSC) y sus posibilidades para extraer información sobre genes, transcripción, variación, función, conservación, etc., así como las posibilidades de comparar genomas y resolver cuestiones complejas sobre genómica.

y resolver cuestiones complejas sobre genómica.

CONOCIMIENTOS PREVIOS**RELACIÓN CON OTRAS ASIGNATURAS DE LA MISMA TITULACIÓN**

No se han especificado restricciones de matrícula con otras asignaturas del plan de estudios.

OTROS TIPOS DE REQUISITOS



No hay

COMPETENCIAS / RESULTADOS DE APRENDIZAJE

2116 - Máster Universitario en Bioinformática

Desarrollar la iniciativa personal y ser capaces de realizar una toma rápida y eficaz de decisiones en su labor profesional y/o investigadora.

Dominar los conceptos básicos de bioinformática que incluyen el conocimiento de las bases de datos más comunes así como los programas básicos de alineamiento, búsqueda por similitud y búsqueda de motivos y dominios en secuencias biológicas.

Poseer y comprender conocimientos que aporten una base u oportunidad de ser originales en el desarrollo y/o aplicación de ideas, a menudo en un contexto de investigación.

Que los/las estudiantes posean las habilidades de aprendizaje que les permitan continuar estudiando de un modo que habrá de ser en gran medida autodirigido o autónomo

Que los/las estudiantes sean capaces de integrar conocimientos y enfrentarse a la complejidad de formular juicios a partir de una información que, siendo incompleta o limitada, incluya reflexiones sobre las responsabilidades sociales y éticas vinculadas a la aplicación de sus conocimientos y juicios.

Que los/las estudiantes sepan aplicar los conocimientos adquiridos y su capacidad de resolución de problemas en entornos nuevos o poco conocidos dentro de contextos más amplios (o multidisciplinares) relacionados con su área de estudio.

Que los/las estudiantes sepan comunicar sus conclusiones y los conocimientos y razones últimas que las sustentan a públicos especializados y no especializados de un modo claro y sin ambigüedades.

Ser capaces de acceder a herramientas de información en otras áreas del conocimiento y utilizarlas apropiadamente.

Ser capaces de acceder a la información necesaria (bases de datos, artículos científicos, etc.) y tener suficiente criterio para su interpretación y empleo.

Ser capaces de valorar la necesidad de completar su formación científica, histórica, en lenguas, en informática, en literatura, en ética, social y humana en general, asistiendo a conferencias o cursos y/o realizando actividades complementarias, autoevaluando la aportación que la realización de estas actividades supone para su formación integral.

Trabajar en equipo con eficiencia en su labor profesional y/o investigadora y con personas de diferente procedencia.

Usar entornos genómicos con todas sus posibilidades de explotación de la información sobre genes, variantes, funciones, etc así como sus capacidades de comparación entre especies.

DESCRIPCIÓN DE CONTENIDOS



1. Bases de datos de secuencias, proteínas, genomas y otros datos biomédicos

Se accederá y describirán las principales bases de datos Bioinformática que existen en la comunidad científica.

2. Alineamiento de secuencias

Un alineamiento de secuencias en bioinformática es una forma de representar y comparar dos o más secuencias, que podrían indicar relaciones funcionales o evolutivas entre los genes o proteínas consultados. Se analizarán las principales algoritmos de alineamiento y se estudiarán sus resultados. Se estudiará uno de los procesos más realizados en la Bioinformática, la búsqueda de similitudes de una secuencia con las secuencias contenidas en una base de datos.

3. Visualización de datos ómicos

Se estudiarán los métodos y herramientas más frecuentes en la visualización de datos ómicos mediante redes y diferentes tipos de representaciones gráficas.

4. Identificación de motivos y dominios de proteínas y genes

Un aspecto importante en el análisis de secuencias además de su alineación es la similitud funcional que existe entre diferentes secuencias.

La funcionalidad y propósito de determinadas proteínas en muchas ocasiones está determinado por la intervención y existencia de patrones reducidos en su composición.

Se estudiarán estos conceptos.

5. Entornos de visualización de genomas (EMBL, UCSC)

Se estudiarán las principales herramientas de visualización de genomas.

VOLUMEN DE TRABAJO (HORAS)

ACTIVIDADES PRESENCIALES

Actividad	Horas
Teoría	21,00
Laboratorio	9,00
Total horas	30,00

ACTIVIDADES NO PRESENCIALES



Actividad	Horas
Asistencia a otras actividades	0,00
Elaboración de trabajos individuales o en grupo	27,00
Estudio y trabajo autónomo	63,00
Preparación de clases	5,00
Preparación de actividades de evaluación	15,00
Resolución de casos prácticos	18,00
Total horas	128,00

METODOLOGÍA DOCENTE

MD1 - Tareas formativas del proceso de enseñanza-aprendizaje entorno a la interacción en el aula mediante sesiones expositivas. Incluyen las tareas previas de preparación (búsqueda de información, lectura de textos facilitados por el profesorado), las propias sesiones lectivas y el trabajo posterior de profundización.

MD2 – Aprendizaje mediante resolución de problemas y casos de estudio, a través de los cuales se va adquiriendo competencias sobre los diferentes aspectos de las materias y asignaturas.

MD3 - Actividades prácticas de laboratorio. Incluyen preparación, realización de las prácticas con el seguimiento y apoyo del profesorado, trabajo autónomo on-line y elaboración de informes de las prácticas.

MD4 - Competencias transversales. Incluyen asistencia a cursos, conferencias o mesas redondas organizadas por la CCA del Máster y/o realización de un trabajo bibliográfico sobre temas que contribuyan a la formación integral. Se elabora una memoria de las actividades.

EVALUACIÓN

En las dos convocatorias:

SE1: Evaluación continua, 5% de la nota.

SE2: Evaluación de Actividades será el 30% de la nota.

SE3: Evaluación de Memorias o informes, 65% de la nota

La Evaluación continua solo se tendrá en cuenta en la primera convocatoria.

BIBLIOGRAFÍA



- Referencia b1: GENETICA. J.A. GRIFFITHS, MCGRAW-HILL / INTERAMERICANA DE ESPAÑA, S. A., 2008. ISBN 9788448160913
- Referencia b2: Molecular Biology of the Gene, 6/E. James D. Watson, et. alt. ISBN: 9780805395921. Publisher: Benjamin Cummings. 2008
- Referencia c1: Genética Humana. Fundamentos y aplicaciones en Medicina. Alberto Juan Solari. Panamericana, 2011. Edición: 4^a