



FICHA IDENTIFICATIVA

DATOS DE LA ASIGNATURA

Código: 42585
Nombre: Algoritmos en bioinformática
Ciclo: Máster Universitario Oficial
Créditos ECTS: 3
Curso académico: 2025-26

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	Algoritmos en bioinformática	OBLIGATORIA

COORDINACIÓN

ARNAU LLOMBART VICENTE

RESUMEN

Se estudiarán los algoritmos más utilizados en la Bioinformática, centrándose sobre todo en el análisis de secuencias y en la búsqueda de patrones. Se analizará el manejo de las bases de datos biológicas y los algoritmos más utilizados para extraer información útil de ellas. Se estudiará la manera de representar el conocimiento biológico en una ontología. Se introducirán algoritmos de uso en biología de sistemas como son los grafos y las redes bayesianas. Se estudiarán nociones de métodos de optimización como los algoritmos genéticos.

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

Ninguno.

COMPETENCIAS / RESULTADOS DE APRENDIZAJE



-

Conocer, comprender y aplicar las bases algorítmicas de los problemas más comunes 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.

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.

DESCRIPCIÓN DE CONTENIDOS

1. Introducción a la Algorítmica.

Se presentarán los contenidos básicos de la asignatura. Se presentarán los principales algoritmos a estudiar en esta asignatura y sus aplicaciones en la Bioinformática. Se analizará la eficiencia de los algoritmos y las diversas estrategias de diseño de algoritmos.

Finalmente, analizaremos las estructuras de datos más utilizadas y veremos algunos ejemplos de algoritmos.



2. Búsqueda de patrones y minería de datos

Búsqueda de patrones y minería de datos en bioinformática. El gran volumen de datos que posee la bioinformática hace necesario utilizar métodos específicos de búsqueda.

3. Grafos

Utilizaremos la teoría de grafos para representar los datos bioinformáticos. Veremos ejemplo de uso.

4. Métodos de búsqueda por similitud y de alineamiento.

Un alineamiento de secuencias en bioinformática es una forma de representar y comparar dos o más secuencias para resaltar sus zonas de similitud, que podrían indicar relaciones funcionales o evolutivas entre los genes o proteínas consultados.

Veremos como se realiza esta técnica.

5. Modelos Ocultos de Markov

Utilización de las Cadenas de Markov en bioinformática. Ejemplo de uso.

6. Ontologías

En ciencias de la computación y la ciencia de la información, una ontología formal representa el conocimiento como un conjunto de conceptos dentro de un dominio, y las relaciones entre estos conceptos. Vamos a utilizar la ontología en Bioinformática.

7. Redes Bayesianas

Una red bayesiana es un modelo probabilístico multivariado que relaciona un conjunto de variables aleatorias mediante un grafo dirigido que indica explícitamente influencia causal. Las redes bayesianas son una herramienta extremadamente útil en la estimación de probabilidades ante nuevas evidencias y las utilizaremos en bioinformática.

En el campo de la informática de la inteligencia artificial, un algoritmo genético (GA) es una búsqueda heurística que imita el proceso de evolución natural. Esta heurística se utiliza rutinariamente para generar soluciones útiles a problemas de optimización y búsqueda. Los algoritmos genéticos pertenecen a la clase más grande de los algoritmos evolutivos (AE), que generan soluciones a los problemas de optimización con técnicas inspiradas en la evolución natural, como la herencia, mutación, selección y cruzamiento.



8. Algoritmos genéticos

Vamos a utilizar anestesia general en la bioinformática.

VOLUMEN DE TRABAJO (HORAS)

ACTIVIDADES PRESENCIALES

Actividad	Horas
Teoría	15,00
Total horas	15,00

ACTIVIDADES NO PRESENCIALES

Actividad	Horas
Asistencia a otras actividades	0,00
Elaboración de trabajos individuales o en grupo	18,00
Estudio y trabajo autónomo	22,00
Preparación de clases	8,00
Preparación de actividades de evaluación	6,00
Resolución de casos prácticos	0,00
Total horas	54,00

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.

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.

de las actividades.

EVALUACIÓN

En las dos convocatorias, sobre 10 puntos:

Evaluación de Actividades: 6 puntos.



Presentación oral de un trabajo propio: 1.5 puntos.

Exámenes: 2.5 puntos.

La presentación oral se realiza una única vez en ambas convocatorias.

No hay nota mínima en ninguna de las partes.

BIBLIOGRAFÍA

- Referencia b1: Algoritmos de Bioinformática: técnicas y aplicaciones. Ion Mandoiu , Alexander Zelikovsky. ISBN: 978-0-470-09773-1. Willey series in Bioinformatics. 2008.
- Referencia c1: STRUCTURAL BIOINFORMATICS: An Algorithmic Approach, by Forbes Burkowski, University of Waterloo, Canada. CRC Press, a Chapman & hall book. 2009.
- An introduction to Algorithms. Thomas H. Cormen, Charles E. Leiserson, Ronald L. Rivest, Clifford Stein. The MIT Press, Cambridge, Massachusetts London, England. 2009.
- An introduction to Bioinformatics Algorithms. N.C. Jones, D.A. Pevzner. The MIT Press, Cambridge, 2004.
- "Algoritmia. Técnicas fundamentales de programación". Ludivine CREPIN. Ediciones ENI. 2024.
- "Bioinformatics. Methods and Applications". Dev Bukhsh Singh, Rajesh Kumar Pathak. 1st Edition - 2021. Ed Academic Press.