



FICHA IDENTIFICATIVA

DATOS DE LA ASIGNATURA

Código: 42590
Nombre: Estudios in silico en biomedicina
Ciclo: Máster Universitario Oficial
Créditos ECTS: 6
Curso académico: 2025-26

TITULACIONES

Titulación	Centro	Curso	Periodo
2116 - Máster Universitario en Bioinformática	Escola Tècnica Superior d'Enginyeria	2	Primer cuatrimestre

MATERIAS

Titulación	Materia	Carácter
2116 - Máster Universitario en Bioinformática	Estudios in silico en biomedicina	OBLIGATORIA

COORDINACIÓN

ARNAU LLOMBART VICENTE

RESUMEN

En las diversas estrategias de análisis de datos bioinformáticos es fundamental adquirir los conocimientos necesarios para el procesamiento de los datos procedentes de diferentes tecnologías de alto rendimiento en sus distintas modalidades: microarrays de expresión o SNPs, secuenciación de nueva generación aplicada a estudios de variación genómica, RNA-seq, Chip-seq, Single-Cell RNA-seq, Spatial Transcriptomics... Estas estrategias permitirán llevar a cabo estudios de asociación entre genotipos y fenotipos, búsqueda de biomarcadores, predictores de respuesta o clase, descubrir nuevos grupos basados en datos ómicos. En definitiva, relacionar los conjuntos de los datos ómicos entre sí y con fenotipos de interés. Asimismo será clave ser capaces de dar una interpretación funcional a las relaciones encontradas. El manejo de las bases y repositorios públicos de datos genómicos será esencial para la realización de estudios in silico.

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 es un requisito, pero tiene conexión con estas 2 asignaturas:

- Nociones básicas en Bioinformática y Genómica
- Bioinformática Estadística

Y es necesario conocer el entorno de programación R, que se estudia en la asignatura de Bio. Estadística.

COMPETENCIAS / RESULTADOS DE APRENDIZAJE

-

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.

DESCRIPCIÓN DE CONTENIDOS

1. Bases de datos (GEO, ArrayExpress, SRA): manejo y extracción de datos

Introducción a los principales repositorios de datos genómicos experimentales.

2. Sistemas de información genómica: Biomart

Introducción a las herramientas que permiten el acceso a Biomart, una red de bases de datos genómicos repartidas en múltiples repositorios localizados en distintas partes del mundo.

3. Procesamiento primario de datos: normalización de microarrays de expresión, batch effect.

Control de calidad y estructura poblacional de chips de genotipado. Control de calidad, mapeo y calling de variantes en secuenciación de nueva generación.

Introducción a herramientas básicas de preprocesamiento de datos genómicos: R/Bioconductor, Babelomics, FastQC...

4. Análisis de expresión: tests de expresión diferencial en microarrays de expresión y RNA-seq. Biomarcadores. Firmas moleculares.

Introducción a la metodología y herramientas básicas de análisis de expresión diferencial y selección de genes: R/Bioconductor/limma.



5. Clasificadores y predictores basados en expresión génica. Búsqueda de clases (clustering y biclustering)

Introducción a los métodos de clasificación supervisada: SVM, KNN, LDA...
Introducción a los métodos de clasificación no supervisada: UPGMA, SOTA, K-means

6. Análisis de variación estructural: con chips de SNPs, tiling arrays y secuenciación de nueva generación. Amplificaciones/delecciones, LOH, translocaciones e inversiones.

Introducción al preprocesamiento de datos de SNPs. Estimación del número de copias de cada región genómica. Introducción a los métodos de segmentación.

7. Análisis de asociación de SNPs y variantes en estudios caso-control y familias.

Introducción a las diferentes metodologías de análisis de asociación y linkage.

8. Análisis de mutaciones (resecuenciación). Búsqueda de genes de enfermedad.

Introducción a las herramientas bioinformáticas y las bases de datos disponibles para predecir o inferir la patogenicidad de las variantes genómicas.

9. Análisis funcional: métodos de enriquecimiento funcional, gene-set, network análisis y métodos de priorización.

Introducción a las diferentes metodologías que permiten combinar datos experimentales con la información disponible en bases de datos.

10. Integración de datos y modelado de sistemas biológicos sencillos.

Análisis combinado de distintas medidas genómicas: expresión, número de copias, variantes...

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

- Bioinformatics and Computational Biology Solutions Using R and Bioconductor Robert Gentleman 2005.



- "Bioinformatics and Computational Biology. Technological Advancements, Applications and Opportunities"
Edited By Tiratha Raj Singh, Hemraj Saini, Moacyr Comar Junior.
Published July 30, 2025 by Chapman & Hall.
- http://books.google.es/books?id=e8-CfJ5RlgAC&dq=bioconductor&hl=en&sa=X&ei=QC7oUZzSBcHbPaGqgNgL&redir_esc=y