# FICHA IDENTIFICATIVA

## DATOS DE LA ASIGNATURA

**Código:** 43459
**Nombre:** Bioinformática
**Ciclo:** Máster Universitario Oficial / Postgrado Doctorado
**Créditos ECTS:** 3
**Curso académico:** 2026-27

## TITULACIONES

| Titulación | Centro | Curso | Periodo |
|---|---|---|---|
| 2210 - Máster Universitario en Investig. en Biologia Molecular, Celular y Genética | Facultat de Ciències Biològiques | 1 | Primer cuatrimestre |

## MATERIAS

| Titulación | Materia | Carácter |
|---|---|---|
| 2210 - Máster Universitario en Investig. en Biologia Molecular, Celular y Genética | Bioinformática | OBLIGATORIA |

## COORDINACIÓN

PALERO PASTOR FERRAN

# RESUMEN

La asignatura Bioinformática es fundamentalmente práctica y por dicha razón los conocimientos teóricos serán impartidos simultáneamente con los prácticos en el aula de informática.

Originalmente la bioinformática fue definida como una materia interdisciplinar que incluía los campos de la biología, la informática, las matemáticas y la estadística y cuyo objetivo era analizar los datos de secuencias biológicas, los contenidos y estructuras de los genomas, y la predicción y función de las proteínas. Con la llegada de las técnicas "-ómicas", la bioinformática ha extendido su campo de estudio al análisis de multitud de datos biológicos, o Big Data, entre ellos los derivados de genomas completos y por tanto tiene actualmente una gran importancia en la investigación biomédica.

# 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

Los estudiantes deben tener conocimientos básicos de biología molecular, estadística y análisis de secuencias.

## COMPETENCIAS / RESULTADOS DE APRENDIZAJE

### 2210 - Máster Universitario en Investig. en Biologia Molecular, Celular y Genética

CG1 - Ser capaces de acceder a la información necesaria (bases de datos, artículos científicos, etc.) y tener suficiente criterio para su interpretación y empleo.

Saber 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 capaz de buscar en la red información sobre secuencias de ácidos nucleicos y proteínas y adquirir la capacidad de manejar software relacionado con el análisis de secuencias.

Ser capaz de procesar y extraer información a partir de los datos proporcionados por un servicio de secuenciación y convertir dicha información a un formato que permita su análisis con diferentes programas de análisis de secuencias.

Ser capaz de recolectar información acerca de un organismo o elemento biológico, a partir de la almacenada en los servidores públicos, organizarla y sintetizarla.

## DESCRIPCIÓN DE CONTENIDOS

### 1. Introducción a la Bioinformática con GALAXY (Semana 4: 4h)

1. Introducción a la informática y uso de GALAXY.
2. Técnicas de secuenciación: calidad de secuencias y formatos de fichero habituales.

### 2. Bases de datos y búsqueda de secuencias (Semana 5: 4h)

3. Introducción al uso de Genbank y ENA
4. Búsqueda de secuencias mediante BLAST

### 3. Alineamientos, distancias genéticas y filogenias (Semana 6: 2h)

5. Alineamiento de secuencias, importancia y métodos más frecuentes. Cálculo de distancias genéticas. Filogenias moleculares.

## 4. Ensamblado de genomas (Semanas 6 y 7: 4h)

7. Conceptos y métodos/algoritmos más frecuentes. Ensamblaje de secuencias derivadas de tecnologías NGS
8. Evaluación del genoma ensamblado. Parámetros descriptivos del ensamblado y bases de datos genómicos.

## 5. Anotación de genomas y visores genómicos (Semanas 7 y 8: 4h)

9. Anotación de genomas bacterianos y eucariotas
10. Visores genómicos

## 6. Mapeo de secuencias, análisis de variantes y genómica de poblaciones (Semanas 8 y 10: 4h)

11. Mapeo de secuencias: metodologías principales y conceptos. Uso de minimap2.
12. Pasos implicados en el análisis de variantes. Tipos de formatos de datos y software disponible.

## 7. Análisis de transcriptomas (Semana 12: 4h)

13. Introducción a R. Paquetes estadísticos para bioinformática: BIOCONDUCTOR.
14. Análisis de datos de expresión génica. Análisis de componentes principales. Análisis de conglomerados (clustering).

# VOLUMEN DE TRABAJO (HORAS)

### ACTIVIDADES PRESENCIALES

| Actividad | Horas |
|---|---|
| Otras actividades | 4,00 |
| Aula informática | 26,00 |
| **Total horas** | **30,00** |

### ACTIVIDADES NO PRESENCIALES

| Actividad | Horas |
|---|---|
| Asistencia a otras actividades | 0,00 |
| Elaboración de trabajos individuales o en grupo | 15,00 |
| Estudio y trabajo autónomo | 15,00 |
| Preparación de clases | 15,00 |
| Preparación de actividades de evaluación | 0,00 |
| Resolución de casos prácticos | 0,00 |
| **Total horas** | **45,00** |

## METODOLOGÍA DOCENTE

El desarrollo de la asignatura se estructura en trabajos presenciales y no presenciales:

**Trabajo presencial:**

A) Sesiones de clases en aula de informática con una introducción teórica por el sistema de clase magistral y una parte práctica basada en la resolución de ejercicios y problemas.

B) Tutorías

C) Examen

**Trabajo no presencial:**

A) Ejercicios prácticos y problemas bioinformáticos resueltos fuera del horario de clase.

B) Estudio de los contenidos y preparación previa de las clases.

de las clases.

## EVALUACIÓN

**Primera convocatoria**

1. **Examen de teoría: 30% de la calificación final.**
   Consistirá en preguntas sobre los fundamentos conceptuales, metodológicos y aplicados de la bioinformática tratados en la asignatura.
2. **Examen práctico y/o de cuestiones-problemas: 30% de la calificación final.**
   Consistirá en la resolución de ejercicios, problemas o casos prácticos mediante el uso de herramientas y recursos bioinformáticos trabajados durante el curso.
3. **Evaluación continua: 40% de la calificación final.**
   Se basará en la realización y entrega de ejercicios prácticos, resolución de problemas bioinformáticos, trabajo en las sesiones de aula informática y participación en las actividades programadas.

**Segunda convocatoria**
Se mantendrán los mismos sistemas de evaluación y las mismas ponderaciones: examen de teoría, 30%; examen práctico y/o de cuestiones-problemas, 30%; evaluación continua, 40%.

El examen de teoría y el examen práctico y/o de cuestiones-problemas serán recuperables mediante una prueba final en segunda convocatoria. La evaluación continua será recuperable mediante la entrega de ejercicios, problemas o casos prácticos equivalentes a los realizados durante el curso.

En caso de que una persona matriculada haya obtenido calificación en la evaluación continua durante la primera convocatoria, podrá conservar dicha calificación para la segunda convocatoria, salvo que solicite acogerse al sistema de recuperación previsto.

No se establece una nota mínima en ninguno de los sistemas de evaluación para superar la asignatura. La calificación final será la suma ponderada de los tres sistemas de evaluación.

## BIBLIOGRAFÍA


- Bioinformatics and Functional Genomics, por Jonathan Pevsner (2015) publicado por Wiley_Blackwell. Tercera edición. Una introducción a la bioinformática y la genómica fácil de seguir y de entender los conceptos. Incluye muchos ejercicios prácticos y direcciones web., y está disponible en línea (https://trobes.uv.es/permalink/34CVA_UV/1b8uv2g/alma991009853672206258).

- Bioinformatics with Python Cookbook : Use Modern Python Libraries and Applications to Solve Real-World Computational Biology Problems (2022), también disponible en línea (https://trobes.uv.es/permalink/34CVA_UV/1bttdu2/alma991009923653906258).

- R Bioinformatics Cookbook : Utilize R Packages for Bioinformatics, Genomics, Data Science, and Machine Learning (2023), disponible en línea (https://trobes.uv.es/permalink/34CVA_UV/1bttdu2/alma991010329590506258)