

MÓDULO MATERIA	CURSO	SEMESTRE	CRÉDITOS	TIPO
Módulo 3: computación de altas prestaciones	1º	2º	3	Optativa
<b>PROFESOR(ES)</b>	<b>DIRECCIÓN COMPLETA DE CONTACTO PARA TUTORÍAS (Dirección postal, teléfono, correo electrónico, etc.)</b>			
Prof. Dr. Ignacio Rojas Ruiz (Univ. Granada) Prof. Dr. Luis Javier Herrera Maldonado (Univ. Granada)	Departamento de Arquitectura y Tecnología de Computadores. 2ª Planta E.T.S.Ingenierías Informática y Telecomunicación. 18071 Granada, España. <a href="mailto:irojas@atc.ugr.es">irojas@atc.ugr.es</a> // 958246128 <a href="mailto:jherrera@atc.ugr.es">jherrera@atc.ugr.es</a> // 958242392 Más información: en plataforma docente SWAD			
	<b>HORARIO DE TUTORÍAS</b>			
	Se puede consultar en la plataforma docente <a href="https://swad.ugr.es/?CrsCod=1784">https://swad.ugr.es/?CrsCod=1784</a> en Usuarios- Horario de tutorías (requiere iniciar sesión)			
<b>MÁSTER EN EL QUE SE IMPARTE</b>	<b>OTROS MÁSTERES A LOS QUE SE PODRÍA OFERTAR</b>			
Máster Universitario Oficial en Ingeniería de Computadores y Redes	Máster Oficial en Desarrollo de Software Máster en Soft Computing y Sistemas Inteligentes			
<b>PRERREQUISITOS Y/O RECOMENDACIONES (si procede)</b>				
<b>BREVE DESCRIPCIÓN DE CONTENIDOS (SEGÚN MEMORIA DE VERIFICACIÓN DEL MÁSTER)</b>				
<ol style="list-style-type: none"> <li>1. Aplicaciones bioinformáticas: descripción y requisitos de cómputo.</li> <li>2. Redes de información. Recursos de información sobre genomas. Recursos de información sobre proteínas. Bases de datos biológicas públicas.</li> <li>3. Utilización de sistemas inteligentes en bioinformática.</li> <li>4. Técnicas de secuenciación y alineamiento.</li> </ol>				



5. Procesamiento paralelo en la predicción de la estructura y función de proteínas
6. Computación de altas prestaciones en bioinformática en la red.
7. Software y herramientas disponibles.

### COMPETENCIAS GENERALES Y ESPECÍFICAS

Competencias básicas (CB) y generales (CG) que se refieren a proporcionar, en los ámbitos propios de la Ingeniería de Computadores y Redes, la capacidad de aplicar los conocimientos adquiridos para la resolución de problemas, de integrar conocimientos y formular juicios teniendo en cuenta las responsabilidades sociales y éticas derivadas de su actividad, de comunicar de forma clara y precisa sus conclusiones, y de aprender de forma continuada, autodirigida y autónoma.

Competencias específicas (CE):

CE2: Los estudiantes deben ser capaces de utilizar herramientas avanzadas en actividades propias de la ingeniería de computadores y redes: herramientas para la descripción, análisis, simulación, diseño e implementación de plataformas de cómputo, control y comunicación.

CE3: Los estudiantes deben ser capaces de aplicar técnicas y metodologías que permiten abordar desde nuevas perspectivas los problemas de interés, gracias a la disponibilidad de las plataformas de computación y comunicación con niveles de prestaciones cada vez más elevados.

CE4: Los estudiantes deben ser capaces de analizar aplicaciones en ámbitos de biomedicina y bioinformática, optimización y predicción, control avanzado, y robótica bioinspirada, tanto desde el punto de vista de los requisitos para una implementación eficaz de los algoritmos y las técnicas de computación que se usan para abordarlas, como de las características deseables en las arquitecturas donde se ejecutan.

Competencias propias de la asignatura:

- Capacidad para poder manejar y manipular correctamente las diferentes bases de datos existentes en el ámbito de la bioinformática, tanto de bases de datos relacionadas con genómica (por ejemplo, bases de datos de microarrays), a bases de datos de proteómica (por ejemplo bases de datos que contengan las secuencias de proteínas, o la interacción entre proteínas).
- Capacidad del estudiante para que pueda identificar los principales problemas existentes en campos como la secuenciación de DNA, técnicas de alineamiento de pares de secuencias, alineamiento de secuencias múltiples, construcción de árboles filogenéticos, y predicción de la función, estructura y visualización 3D de proteínas. Debido a los requisitos computacionales actuales de la bioinformática, es necesaria la utilización de plataformas de cómputo avanzadas.

### OBJETIVOS (EXPRESADOS COMO RESULTADOS ESPERABLES DE LA ENSEÑANZA)

Esta asignatura pretende proporcionar al estudiante las bases de distintas metodologías basadas en la estadística y en inteligencia computacional, para resolver diferentes problemas típicos en biomedicina que requieren además de cálculo intensivo sobre grandes volúmenes de datos (predicción de las estructuras de las proteínas, el estudio de la interacción proteína-proteína, la reconstrucción filogenética, etc.). El estudiante aprenderá a analizar adecuadamente estos problemas y diseñar métodos de procesamiento paralelo para el tratamiento de dichas aplicaciones con el objetivo de obtener resultados precisos en tiempos razonables, utilizando plataformas de cómputo de altas prestaciones.

- (APO) Resultados relacionados con las competencias generales (CG): habilidades de resolución de problemas, de discusión, de comunicación oral y escrita, etc.



- (AP1) Aplicaciones bioinformáticas: descripción y requisitos de cómputo. Análisis de secuencias genómicas, alineamientos, estructura y función de proteínas, árboles filogenéticos.
- (AP2) Procesamiento paralelo en el análisis de secuencias y búsqueda en bases de datos.
- (AP3) Procesamiento paralelo para el alineamiento de secuencias y análisis filogenético.
- (AP4) Procesamiento paralelo en la predicción de la estructura y función de proteínas
- (AP5) Procesamiento paralelo en visualización de estructuras biológicas.
- (AP6) Computación de altas prestaciones en bioinformática en la red. Bases de datos biológicas publicas. Software y herramientas disponibles.

## TEMARIO DETALLADO DE LA ASIGNATURA

1. Aplicaciones bioinformáticas: descripción y requisitos de cómputo. Introducción a la bioinformática. Análisis de secuencias genómicas, alineamientos, estructura y función de proteínas, árboles filogenéticos.
2. Redes de información.
  - Recursos de información sobre genomas.
  - Recursos de información sobre proteínas.
  - Bases de datos biológicas publicas.
3. Utilización de sistemas inteligentes en bioinformática.
  - Técnicas de clustering
  - Métodos bayesianos
  - Redes neuronales
  - Sistemas difusos
  - Algoritmos genéticos.
  - Máquinas de Vectores Soporte
4. Técnicas avanzadas de secuenciación y alineamiento. Secuenciación múltiple.
5. Procesamiento paralelo en la predicción de la estructura y función de proteínas
6. Computación de altas prestaciones en bioinformática.
  - Procesamiento paralelo en el análisis de secuencias y búsqueda en bases de datos.
  - Procesamiento paralelo para el alineamiento de secuencias y análisis filogenético.
  - Procesamiento paralelo en la predicción de la estructura y función de proteínas
  - Procesamiento paralelo en visualización de estructuras biológicas.
7. Software y herramientas disponibles.

### Prácticas y seminarios:

- Introducción a Matlab, ejemplos prácticos.
- Introducción a R, ejemplos prácticos.
- Introducción al procesamiento paralelo, ejemplos prácticos

## BIBLIOGRAFÍA

- Gibas, C.; Jambeck, P.: "Developing bioinformatic computer skills", O'Reilly, 2001
- Jones, N.; Pevzner, P.A.: "An Introduction to Bioinformatics Algorithms (Computational Molecular Biology)". MIT Press, 2004.
- Marketa Zvelebil and Jeremy Baum, "Understanding Bioinformatics" Edición 2007.



- Jin Xiong “Essential Bioinformatics” Edición 2006
- Andreas D. Baxevanis and B. F. Francis Ouellette “Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins” Edición 2004.
- IEEE Computer, vol. 35, No.7, (número especial dedicado a la Bioinformática). Julio, 2002
- Bioinformatics.org: [www.bioinformatics.org](http://www.bioinformatics.org)
- Open Bioinformatics Boundation: [www.open-bio.org](http://www.open-bio.org)
- H. Yu, P. Braun, et.al, “High-Quality binary protein interaction map of the yeast interactome network,” Science, vol. 322, no. 5898, pp. 104–110, Oct. 2008. [Online]. Available: <http://www.sciencemag.org/cgi/content/abstract/322/5898/104>
- J. S. Bader, A. Chaudhuri, J. M. Rothberg, and J. Chant, “Gaining confidence in high-throughput protein interaction networks,” Nat Biotech, vol. 22, no. 1, pp. 78–85, 2004. [Online]. Available: <http://dx.doi.org/10.1038/nbt924>
- Ben-Hur and W. S. Noble, “Kernel methods for predicting protein-protein interactions,” Bioinformatics, vol. 21, no. suppl 1, pp. i38–46, Jun. 2005. [Online]. Available: [http://bioinformatics.oxfordjournals.org/cgi/content/abstract/21/suppl\\_1/i38](http://bioinformatics.oxfordjournals.org/cgi/content/abstract/21/suppl_1/i38)

#### ENLACES RECOMENDADOS

#### METODOLOGÍA DOCENTE

Entre las actividades formativas más relevantes para el alumno, con el objetivo de afianzar sus conocimientos y motivar el proceso de enseñanza/aprendizaje, estarán tanto la difusión de conocimientos en las clases teóricas, la utilización práctica de paquetes software en aulas de prácticas, la realización de seminarios con expertos del ámbito de la bioinformática y la posibilidad de la defensa de los trabajos realizados por los propios alumnos.

El proceso de enseñanza/aprendizaje supone un cambio en las aptitudes del estudiante de acuerdo con los objetivos establecidos para la asignatura, y a través de la interacción con los diversos agentes que intervienen en el proceso. Al final los estudiantes deben alcanzar la capacidad para enfrentarse a los problemas principales planteados en el ámbito de la bioinformática y la computación de altas prestaciones.

La distribución en horas de las clases es la siguiente:

- Clases teóricas en las que se introducirán las aplicaciones biomédicas consideradas y se analizarán los requisitos de cómputo y almacenamiento que precisan. Así mismo, se presentarán algunas de las herramientas y librerías desarrolladas para este tipo de problemas. Orientadas por tanto a los resultados de aprendizaje APO-AP6 (8 horas).
- En las clases prácticas se mostrarán las técnicas de procesamiento paralelo útiles para el desarrollo de procedimientos paralelos que permitan abordar estas aplicaciones y se evaluarán los códigos paralelos elaborados en clúster de computadores. Orientado a los resultados de aprendizaje APO y AP6 (4 horas)
- El trabajo personal de los estudiantes se centrará en el estudio de requisitos para diferentes aplicaciones biomédicas, en el desarrollo de código paralelo para alguna de esas aplicaciones y en la evaluación de prestaciones de los procedimientos obtenidos. (18 horas)

#### EVALUACIÓN (INSTRUMENTOS DE EVALUACIÓN, CRITERIOS DE EVALUACIÓN Y PORCENTAJE SOBRE LA CALIFICACIÓN FINAL, ETC.)

La calificación final que aparecerá en el Acta será un número comprendido entre 0 y 10 con una precisión de un dígito decimal. En función de la convocatoria (ordinaria o extraordinaria), y del tipo de evaluación escogida, la calificación se obtendrá como se detalla a continuación:

**Convocatoria ordinaria:**



La metodología de evaluación por defecto según la normativa de la Universidad de Granada es la **evaluación continua**, que en el caso de esta asignatura se compone de las siguientes actividades:

- Participación activa de los estudiantes en clases teóricas, prácticas, seminarios y otras actividades complementarias que se programen (2 puntos)
- Realización de distintos tipos de prácticas (evaluación de los resultados de aprendizaje AP1 a AP6) (4 puntos)
- Trabajos presentados y académicamente dirigidos en relación con los contenidos del curso (evaluación de los resultados de aprendizaje APO a AP6) (4 puntos)

Alternativamente a la evaluación continua, para la convocatoria ordinaria el estudiante puede optar por la evaluación única final. Para acogerse a la **evaluación única final**, el estudiante, en las dos primeras semanas de impartición de la asignatura, lo solicitará al Coordinador del Máster, quien dará traslado al profesorado correspondiente, alegando y acreditando las razones que le asisten para no poder seguir el sistema de evaluación continua. La evaluación única final consistirá en la evaluación de las siguientes actividades formativas:

- Realización de distintos tipos de prácticas (evaluación de los resultados de aprendizaje AP1 a AP6) (5 puntos)
- Trabajos presentados y académicamente dirigidos en relación con los contenidos del curso (evaluación de los resultados de aprendizaje APO a AP6) (5 puntos)

**Convocatoria extraordinaria:**

En las convocatorias extraordinarias se utilizará el sistema de evaluación única final, tal y como se ha descrito más arriba.

Todo lo relativo a la evaluación se regirá por la normativa sobre evaluación y calificación de los estudiantes de la Universidad de Granada (Boletín Oficial de la Universidad de Granada nº 71. 27 de mayo de 2013). El sistema de calificaciones se expresará mediante calificación numérica de acuerdo con lo establecido en el art. 5 del R. D 1125/2003, de 5 de septiembre, por el que se establece el sistema europeo de créditos y el sistema de calificaciones en las titulaciones universitarias de carácter oficial y validez en el territorio nacional.

**INFORMACIÓN ADICIONAL**

Para facilitar el intercambio de información con los alumnos se utilizará el sistema web de ayuda a la docencia SWAD (<https://swad.ugr.es>).

