

Guía docente de la asignatura

Fecha de aprobación por la Comisión Académica: 26/07/2023

Biología Computacional con Big Data-Omics e Ingeniería Biomédica (M51/56/3/9)

Máster

Máster Universitario en Ciencia de Datos e Ingeniería de Computadores

MÓDULO

Módulo de Computación de Altas Prestaciones

RAMA

Ingeniería y Arquitectura

CENTRO RESPONSABLE DEL TÍTULO

Escuela Internacional de Posgrado

Semestre

Primero

Créditos

4

Tipo

Optativa

Tipo de enseñanza

Presencial

BREVE DESCRIPCIÓN DE CONTENIDOS (Según memoria de verificación del Máster)

1. Aplicaciones bioinformáticas: descripción y requisitos de cómputo. Ingeniería Biomédica.
2. Redes de información. Recursos de información sobre genomas. Recursos de información sobre proteínas. Bases de datos biológicas públicas.
3. Utilización de sistemas inteligentes en bioinformática.
4. Técnicas de secuenciación y alineamiento.
5. Procesamiento paralelo en la predicción de la estructura y función de proteínas.
6. Computación de altas prestaciones en bioinformática en la red. Big Data-omics.
7. Software y herramientas disponibles.

COMPETENCIAS

COMPETENCIAS BÁSICAS



- CB6 - Poseer y comprender conocimientos que aporten una base u oportunidad de ser originales en desarrollo y/o aplicación de ideas, a menudo en un contexto de investigación.
- CB7 - Que los 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.
- CB8 - Que los 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.
- CB9 - Que los 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.
- CB10 - Que los estudiantes posean las habilidades de aprendizaje que les permitan continuar estudiando de un modo que habrá de ser en gran medida autodirigido o autónomo.

COMPETENCIAS GENERALES

- CG01 - Capacidad de acceso y gestión de la información
- CG02 - Capacidad de análisis y síntesis
- CG03 - Capacidad de organización y planificación
- CG04 - Capacidad emprendedora
- CG05 - Capacidad para tomar decisiones de forma autónoma
- CG06 - Capacidad de uso de una lengua extranjera
- CG07 - Motivación por la calidad
- CG08 - Capacidad para trabajar en equipo

COMPETENCIAS ESPECÍFICAS

- CE02 - Capacidad de utilización de 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
- CE03 - Capacidad para la aplicación de técnicas y metodologías que permitan abordar desde nuevas perspectivas los problemas de interés, gracias a la disponibilidad de las plataformas de computación y comunicación con altos niveles de prestaciones.
- CE04 - Capacidad de análisis de 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 TRANSVERSALES

- CT01 - Ser consciente de la importancia del desarrollo sostenible y demostrar sensibilidad medioambiental.
- CT02 - Ser consciente del derecho a la no discriminación y al acceso universal al conocimiento de las personas con discapacidad.



RESULTADOS DE APRENDIZAJE (Objetivos)

(AP1) Aplicaciones bioinformáticas: descripción y requisitos de cómputo. Análisis de secuencias genómicas, alineamientos, estructura y función de proteínas, árboles filogenéticos etc. Técnicas ómicas: Genómica, Página 3 Epigenómica, Transcriptómica y Proteómica. Aplicaciones en Ingeniería Biomédica.

(AP2) Procesamiento avanzado en la expresión diferencial de genes. Microarrays: Procesamiento de imagen, normalización, transformación de datos, clustering y clasificación.

(AP3) Procesamiento avanzado en la secuenciación de nueva generación. Pre-procesamiento de datos, análisis de calidad, técnicas de visualización y mapeo de secuencias. para el alineamiento de secuencias y análisis filogenético.

(AP4) Herramientas de cómputo avanzadas para el análisis de datos en expresión diferencia del genes en RNASeq.

(AP5) Herramientas de cómputo avanzadas en proteómica. Introducción a la predicción de estructuras, redes de interacción.

(AP6) Computación de altas prestaciones en bioinformática en la red. Bases de datos biológicas públicas. Software y herramientas disponibles.

PROGRAMA DE CONTENIDOS TEÓRICOS Y PRÁCTICOS

TEÓRICO

1. Aplicaciones bioinformáticas: descripción y requisitos de cómputo. Ingeniería Biomédica.
2. Redes de información. Recursos de información sobre genomas. Recursos de información sobre proteínas. Bases de datos biológicas públicas.
3. Utilización de sistemas inteligentes en bioinformática.
4. Técnicas de secuenciación y alineamiento.
5. Procesamiento paralelo en la predicción de la estructura y función de proteínas.
6. Computación de altas prestaciones en bioinformática en la red. Big Data-omics.
7. Software y herramientas disponibles.
8. Estudios de identificación de biomarcadores en expresión de gen para cáncer.

PRÁCTICO

- Práctica 1. Extracción de genes diferencialmente expresados en diferentes cánceres.
- Práctica 2. Construcción de modelos de clasificación de diferentes tipos de cáncer.
- Práctica 3. Enriquecimiento de genes seleccionados para diagnóstico de cáncer.



BIBLIOGRAFÍA**BIBLIOGRAFÍA FUNDAMENTAL**

Ashburner, M., Ball, C. A., Blake, J. A., Botstein, D., Butler, H., Cherry, J. M., Davis, A. P., Dolinski, K., Dwight, S. S., Eppig, J. T., et al. (2000). Gene ontology: tool for the unification of biology. *Nature Genetics*, 25(1):25-29.

Attwood, T. and Parry-Smith, D. (2003). Multiple sequence analysis. In *Introduction to Bioinformatics, Cell and molecular biology in action series*. Prentice Hall.

Castillo-Secilla D, Galvez JM, Carrillo-Perez F, Verona-Almeida M, Ortuno FM, Herrera LJ, Rojas. I (2020). KnowSeq: KnowSeq R/Bioc package: Beyond the traditional Transcriptomic pipeline. R package version 1.2.0.

Castillo-Secilla D, Galvez JM, Carrillo-Perez F, Verona-Almeida M, Redondo-Sánchez D, Ortuno FM, Herrera LJ, Rojas. I (2021) KnowSeq R-Bioc package: The automatic smart gene expression tool for retrieving relevant biological knowledge, *Computers in Biology and Medicine*, Volume 133, 104387.

Practical nonparametric statistics. Wiley, New York, 3er edition edition. Página 4 Eiben, A. E. and Smith, J. E. (2008). *Introduction to Evolutionary Computing (Natural Computing Series)*. Springer.

Kemena, C., Taly, J. F., Kleinjung, J., and Notredame, C. (2011). Strike: evaluation of protein msas using a single 3d structure. *Bioinformatics*, 27(24):3385-3391.

Ku, C.-S. and Roukos, D. H. (2013). From next-generation sequencing to nanopore sequencing technology: paving the way to personalized genomic medicine. *Expert Review of Medical Devices*, 10(1):1-6.

Roslan, R., Othman, R., Shah, Z., Kasim, S., Asmuni, H., Taliba, J., Hassan, R., and Zakaria, Z. (2010). Utilizing shared interacting domain patterns and gene ontology information to improve protein-protein interaction prediction. *Computers in Biology and Medicine*, 40:555-564.

Xiong, J. (2006). *Essential Bioinformatics*. Cambridge University Press.

Gómez-López, G., Dopazo, J., Cigudosa, J. C., Valencia, A., & Al-Shahrour, F. (2019). Precision medicine needs pioneering clinical bioinformaticians. *Briefings in bioinformatics*, 20(3), 752-766.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA

National Center for Biotechnology Information (NCBI) (2013). The ncbi handbook. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK143764/>.

National Human Genome Research Institute (NHGRI) (2014). Dna sequencing costs. <http://genome.gov/sequencingcosts>.

National Human Genome Research Institute (NHGRI) (2014). Talking glossary of genetic terms. <http://genome.gov/Glossary>.

GDC Portal. <https://portal.gdc.cancer.gov/>



Collins, F. S., Morgan, M., and Patrinos, A. (2003). The human genome project: lessons from large-scale biology. *Science*, 300(5617):286–290.

Conover, W. J. (1999). U.S. National Library of Medicine (NLM) (2014). Handbook: Help me understand genetics. <http://ghr.nlm.nih.gov/handbook>.

ENLACES RECOMENDADOS

Sitio web del Máster Universitario Oficial en Ciencia de Datos e Ingeniería de Computadores: <http://masteres.ugr.es/datcom/>

National Center for Biotechnology Information (NCBI) <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

The ncbi handbook. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK143764/>. Bethesda (MD): National Center for Biotechnology Information (US); 2013.

Dna sequencing costs. <http://genome.gov/sequencingcosts>.

National Human Genome Research Institute (NHGRI) <https://www.genome.gov/>

Talking glossary of genetic terms. <https://www.genome.gov/genetics-glossary> National Human Genome Research Institute (NHGRI)

Handbook: Help me understand genetics. <http://ghr.nlm.nih.gov/handbook>.

METODOLOGÍA DOCENTE

- MD01 Lección magistral/expositiva
- MD02 Resolución de problemas y estudio de casos prácticos
- MD03 Prácticas de laboratorio
- MD04 Seminarios
- MD05 Análisis de fuentes y documentos
- MD06 Realización de trabajos en grupo
- MD07 Realización de trabajos individuales

EVALUACIÓN (instrumentos de evaluación, criterios de evaluación y porcentaje sobre la calificación final)

EVALUACIÓN ORDINARIA

La metodología de evaluación por defecto según la normativa de la Universidad de Granada es la evaluación continua. El material de teoría y prácticas de la asignatura está disponible en la plataforma docente y se puede acceder a él para su estudio y para el desarrollo de los trabajos de la asignatura. Se solicita al alumno un primer trabajo teórico-práctico (50%-50%) que cuenta un 30% de la calificación sobre un cáncer concreto. Finalmente se complementa con un trabajo teórico-práctico final (50%-50%), que cuenta un 70% de la nota final, sobre un cáncer escogido por el alumno. Ambos trabajos están relacionado con los guiones de prácticas y docencia impartida en el curso. Se evalúan existiendo realimentación y consulta al alumnado, y con ello se



determina la calificación.

EVALUACIÓN EXTRAORDINARIA

En las convocatorias extraordinarias se realizará en un solo acto académico. Dicha prueba (evaluada de 0 a 10) incluirá pruebas tanto de tipo teórico como práctico que garanticen que el alumno ha adquirido la totalidad de las competencias descritas en esta guía docente.

EVALUACIÓN ÚNICA FINAL

Alternativamente a la evaluación continua, el alumno puede optar por la evaluación única final según lo dispuesto en la normativa de evaluación y de calificación de los estudiantes de la Universidad de Granada (<http://secretariageneral.ugr.es/pages/normativa/ugr/ncg7121>). 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, quienes darán traslado al profesorado correspondiente, alegando y acreditando las razones que le asisten para no poder seguir el sistema de evaluación continua. La evaluación en tal caso consistirá en el mismo procedimiento que el indicado bajo el epígrafe "EVALUACIÓN EXTRAORDINARIA".

INFORMACIÓN ADICIONAL

Información de interés para estudiantado con discapacidad y/o Necesidades Específicas de Apoyo Educativo (NEAE): [Gestión de servicios y apoyos](https://ve.ugr.es/servicios/atencion-social/estudiantes-con-discapacidad) (<https://ve.ugr.es/servicios/atencion-social/estudiantes-con-discapacidad>).

