

Guía docente de la asignatura

**Medicina Computacional**  
**(MB3/56/2/16)**Fecha de aprobación por la Comisión  
Académica: 11/12/2024**Máster**

Máster Universitario en Investigación Traslacional y Medicina Personalizada

**MÓDULO**

Módulo IV: Tecnología de Aplicación en Medicina Traslacional

**RAMA**

Ciencias de la Salud

**CENTRO RESPONSABLE  
DEL TÍTULO**

Escuela Internacional de Posgrado

**Semestre****Créditos**

5

**Tipo**

Obligatorio

**Tipo de  
enseñanza**

Presencial

**PRERREQUISITOS Y/O RECOMENDACIONES**

Ninguno

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

- Conceptos básicos. Introducción a las estructuras de computación. Equipos, aspectos tecnológicos, software de base, utilidades, aplicaciones.
- Bases de datos y bibliotecas médicas digitales disponibles en ciencias de la salud. Bases de datos informatizadas e impresas. Sistemas de codificación en terminología de la salud: CIE, SNOMED. Buscadores en ciencias de la salud. Bases de datos de información sanitaria.
- Bioinformática. Concepto. La bioinformática como herramienta integradora en la investigación experimental.
- Métodos y herramientas informáticas para la mejora de la gestión de los recursos de investigación. Nuevas tendencias en la colaboración para la investigación. Herramientas Bioinformáticas para la búsqueda de variaciones asociadas a enfermedades.
- TIC en el entorno clínico. Introducción. Concepto. Simulación clínica. Aprendizaje virtual. Tipos: Part-task trainers, los computer-based systems (programas multimedia, sistemas interactivos, realidad virtual) y simuladores integrados.
- Cibermedicina: medicina robótica, simuladores en medicina-realidad virtual. Inteligencia artificial.

## COMPETENCIAS

### RESULTADOS DE APRENDIZAJE (Objetivos)

*El alumno sabrá/comprenderá:* los avances más relevantes para la investigación traslacional en las tecnologías de la comunicación e información así como las tecnologías y sistemas disponibles en la actualidad.

*El alumno será capaz de:* aplicar los conocimientos básicos necesarios para la búsqueda, identificación, análisis y aplicación efectiva de las herramientas informáticas actuales con aplicación médica.

*El alumno conocerá:* las nuevas tendencias y expectativas tecnológicas de la bioinformática. Y será capaz de analizar la actualidad del futuro profesional de la bioinformática en el entorno de la investigación y la clínica.

## PROGRAMA DE CONTENIDOS TEÓRICOS Y PRÁCTICOS

### TEÓRICO

#### *Tema 1: Estructuras para Computación*

- Hardware y Software, dos mundos unidos
- Hardware de Computación (multicomputadores y multiprocesadores, diferencias y similitudes)
- Otro tipo de hardware relacionado con medicina
- La influencia de la tecnología en la medicina
- Software: Clasificación según su finalidad
- Bases de datos, qué son y para qué se utilizan, conceptos básicos.
- Sistemas de codificación más utilizados, CIE, SNOMED CT

#### *Tema 2: Fuentes de información científica en Ciencias de la salud.*

- Tipos de fuentes de información científica en ciencias de la salud
- Bibliotecas médicas digitales disponibles en ciencias de la salud.
- Bases de datos clínicos, bioquímicos y genómicos.
- Buscadores en ciencias de la salud.
- Evaluación de la calidad de las fuentes de información.

#### *Tema 3: Bioinformática*

- *Introducción:*
  - Bioestadística básica
  - Métodos computacionales de datamining y machine learning
  - Genome-wide chips/arrays
- Epidemiología: Consideraciones en enfermedades complejas. herencia, interacciones y pleiotropía.
- Métodos multivariantes de análisis de fenotipos (fenómica) y de genotipos
- Linkage disequilibrium y HapMap
- *Estudios de asociación genética:*

- Genome Wide Association Studies (GWAS) y Copy Number Variations (CNV)
- Aplicación de GWAS con fenotipos complejos que incluyen análisis de imágenes a desórdenes mentales y comorbidades
- ♦ *Sistemas de secuenciación masiva*
  - Introducción a los sistemas de secuenciación masiva (Next Generation Sequencing, NGS). Historia y evolución (e.g., CHIP-Seq, RNA-Seq).
  - Procesado, ensamblado y mapeo de secuencias genómicas. Calidad y filtrado de los datos. Ensamblado *de novo*. Cuantificación de la expresión génica.
  - Genotipado de SNP y búsqueda de variantes. Anotación.
  - Visualización de datos de NGS (e.g., navegadores genómicos).
- ♦ *Aplicaciones de la Bioinformática y de la Medicina Computacional*
  - Detección de genes candidatos en Autismo: Biología de Sistemas, Teoría de Juegos y marcadores moleculares.
  - Transformando el conocimiento en valor económico y social:
    - Dimensión fractal en el diagnóstico precoz de Esclerosis Múltiple
    - Estructuras informacionales en la detección de estados de consciencia
  - La colaboración multidisciplinar en Medicina Computacional.

#### *Tema 4: TIC en el entorno clínico y de investigación en medicina*

- Simulación y modelado
- Visualización de datos
- Procesamiento avanzado de datos
- Clasificación de patrones
- Diagnóstico asistido por ordenador
- Interfaces avanzadas

#### *Tema 5: Cibermedicina*

- Medicina robótica
- Simuladores y realidad virtual en medicina
- Telemedicina

## **PRÁCTICO**

### *Fuentes de información científica en ciencias de la salud.*

- Estrategias de búsqueda en bases bibliográficas sanitarias.
- Estrategias de búsqueda en bases de datos clínicas, bioquímicas y genómicas

### *Bioinformática*

- Laboratorio de métodos para el análisis de genotipado de alto rendimiento (high throughput genotyping), síntomas clínicos, y tratamiento de imágenes. Aplicación al análisis de esquizofrenia.
- Análisis de genes, funciones, y redes genéticas a partir de resultados de GWAS.
- Medicina transnacional: transformando resultados científicos en aplicaciones clínicas
- Análisis de datos provenientes de NGS. Formatos de los ficheros a utilizar (e.g., fastq). Herramientas para procesado, ensamblado y mapeo. Estudio de la calidad y filtrado de los datos. Herramientas para la detección variantes. Visualización de los datos. Interpretación de resultados obtenidos.

### TIC en entornos clínicos y Cibermedicina

- Sistemas virtuales para entrenamiento y aprendizaje
- Simulación en la investigación
- Sistemas expertos para diagnóstico

## BIBLIOGRAFÍA

### BIBLIOGRAFÍA FUNDAMENTAL

#### Fuentes de información científica en Ciencias de la salud.

- Búsquedas bibliográficas en bases de datos. Primeros pasos en investigación en Ciencias de la Salud. F. Faus y Elena Santainés. Elsevier (2011).
- Polit & Hungler. Investigación científica en ciencias de la salud. Editorial McGraw-Hill (2000).

#### Bioinformática:

- Libro de referencia: Genetics of Complex Human Diseases: A Laboratory Manual. Subject Area(s): Human Biology and Disease; Genetics; Laboratory Techniques. Edited by Ammar Al-Chalabi, MRC. Cold Spring Harbor Laboratory Press, NY, 2009. ISBN 978-087969883-6
- Arnedo, Javier; et al. (9/9). 2015. Decomposition of brain diffusion imaging data uncovers latent schizophrenias with distinct patterns of white matter anisotropy. NEUROIMAGE. Elsevier. Epub ahead of print, pp.1.
- Arnedo J, Svrakic DM, del Val C., Romero-Zaliz R, Hernández-Cuervo H, Molecular Genetics of Schizophrenia Consortium, Fanous Ayman, H., Pato MT, Pato CN, De Erausquin GA, Cloninger CR, and Zwir I. Uncovering the Hidden Risk Architecture of the Schizophrenias: Confirmation in Three Independent Genome-Wide Association Studies. American J. of Psychiatry (, June 2014, 172:1–15
- Arnedo J, del Val C, de Erausquin GA, Romero-Zaliz R, Svrakic D, Cloninger CR and Zwir I. (2013) PGMRA: A web server for (Phenotype X Genotype) many-to-many relation analysis in GWAS. Nucleic Acids Res; (Web Server issue).
- Svrakic DM, Zorumski CF, Svrakic NM, Zwir I, Cloninger CR. (2013) Risk architecture of schizophrenia: the role of epigenetics. Curr Opin Psychiatry. 2013 Mar;26(2):188-95.
- Purcell S, Neale B, Todd-Brown K, Thomas L, Ferreira MA, Bender D, Maller J, Sklar P, de Bakker PI, Daly MJ, Sham PC. PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. Am J Hum Genet. 2007;81:559-75.
- Holliday EG, McLean DE, Nyholt DR, Mowry BJ. Susceptibility Locus on Chromosome 1q23-25 for a Schizophrenia Subtype Resembling Deficit Schizophrenia Identified by Latent Class Analysis. Arch Gen Psychiatry. 2009;66:1058-67.
- Manolio TA. Genomewide association studies and assessment of the risk of disease. N Engl J Med. 2010;363:166-76.
- Hallmayer JF, Kalaydjieva L, Badcock J, Dragovic M, Howell S, Michie PT, Rock D, Vile D, Williams R, Corder EH, Hollingsworth K, Jablensky A. Genetic evidence for a distinct subtype of schizophrenia characterized by pervasive cognitive deficit. Am J Hum Genet. 2005;77:468-76.
- Zhang K, Chang S, Cui S, Guo L, Zhang L, Wang J. ICSNPathway: identify candidate causal SNPs and pathways from genome-wide association study by one analytical framework. Nucleic Acids Res. 2011;39:W437-43.

- Wu MC, Kraft P, Epstein MP, Taylor DM, Chanock SJ, Hunter DJ, Lin X. Powerful SNP-set analysis for case-control genome-wide association studies. *Am J Hum Genet.* 2010;86I:929-42.
- Next Generation Sequencing and Sequence Assembly: Methodologies and Algorithms. Ali Masoudi-Nejad, Zahra Narimani, Nazanin. SpringerBriefs in Systems Biology, Volume 4. 2013.
- Statistical Analysis of Next Generation Sequencing Data. Somnath Datta, Dan Nettleton. Springer eBooks in Frontiers in Probability and the Statistical Sciences. 2014
- A common molecular signature in ASD gene expression: Following Root 66 to Autism. Díaz-Beltrán L, Esteban FJ, Wall DP. *Translational Psychiatry* 2015 (en prensa).
- Systems Biology as a comparative approach to understand complex gene expression in neurological diseases. Diaz-Beltrán L, Cano C, Wall DP, Esteban FJ. *Behav Sci.* 2013; 3:253-272.
- Using game theory to detect genes involved in Autism Spectrum Disorder. Esteban FJ, Wall DP. *TOP* 2011; 19:121-9.
- Comparative analysis of neurological disorders focuses genome-wide search for autism genes. Wall DP, Esteban FJ, Deluca TF, Huyck M, Monaghan T, Velez de Mendizabal N, Goñi J, Kohane IS. *Genomics.* 2009; 93:120-9.
- A computational analysis of protein-protein interaction networks in neurodegenerative diseases. Goñi J, Esteban FJ, de Mendizábal NV, Sepulcre J, Ardanza-Trevijano S, Agirrezabal I, Villoslada P. *BMC Syst Biol.* 2008; 2:52.
- Fractals in the Neurosciences, part II: Clinical applications and future perspectives. Di Ieva A, Esteban FJ, Grizzi F, Martín-Landrove M, Klonowski W. *The Neuroscientist* 2015; 21:30-43.
- A Web platform for the interactive visualization and analysis of the 3D fractal dimension of MRI data. Jiménez J, López AM, Cruz J, Esteban FJ, Navas J, Villoslada P, Ruiz de Miras J. *Biomed Infor.* 2014; 51: 175-190.
- Fractal dimension analysis of grey matter in multiple sclerosis. Esteban FJ, Sepulcre J, de Miras JR, Navas J, de Mendizábal NV, Goñi J, Quesada JM, Bejarano B, Villoslada P. *J Neurol Sci.* 2009; 282:67-71.
- Fractal dimension and white matter changes in multiple sclerosis. Esteban FJ, Sepulcre J, de Mendizábal NV, Goñi J, Navas J, de Miras JR, Bejarano B, Masdeu JC, Villoslada P. *Neuroimage.* 2007; 36:543-9.
- Díaz Beltrán L, Madan CR, Finke C, Krohn S, Di Ieva A, Esteban FJ. Fractal Dimension Analysis in Neurological Disorders: An Overview. *Adv Neurobiol.* 2024;36:313-328. doi: 10.1007/978-3-031-47606-8\_16. PMID: 38468040.
- Castro-Martínez JA, Vargas E, Díaz-Beltrán L, Esteban FJ. Comparative Analysis of Shapley Values enhances transcriptomics insights across some common uterine pathologies. *Genes (Basel).* 2024 Jun 1;15(6):723. doi: 10.3390/genes15060723. PMID: 38927658; PMCID: PMC11203383.
- Esteban FJ, Ibáñez-Molina A, Iglesias-Parro S, Ruiz de Miras J, Soler-Toscano F. Editorial: Complex network dynamics in consciousness. *Front Comput Neurosci.* 2023 Nov 1;17:1310392. doi: 10.3389/fncom.2023.1310392. PMID: 38024447; PMCID: PMC10648109.
- Soler-Toscano F, Galadí JA, Escrichs A, Sanz Perl Y, López-González A, Sitt JD, Annen J, Gosseries O, Thibaut A, Panda R, Esteban FJ, Laureys S, Kringelbach ML, Langa JA, Deco G. What lies underneath: Precise classification of brain states using time-dependent topological structure of dynamics. *PLoS Comput Biol.* 2022 Sep 6;18(9):e1010412. doi: 10.1371/journal.pcbi.1010412. PMID: 36067227; PMCID: PMC9481177.
- Vargas E, Aghajanova L, Gemzell-Danielsson K, Altmäe S, Esteban FJ. Cross-disorder analysis of endometriosis and its comorbid diseases reveals shared genes and molecular pathways and proposes putative biomarkers of endometriosis. *Reprod Biomed Online.* 2020 Feb;40(2):305-318. doi: 10.1016/j.rbmo.2019.11.003.

Epub 2019 Nov 20. PMID: 31926826.

- ♦ Marín M, Esteban FJ, Ramírez-Rodrigo H, Ros E, Sáez-Lara MJ. An integrative methodology based on protein-protein interaction networks for identification and functional annotation of disease-relevant genes applied to channelopathies. *BMC Bioinformatics*. 2019 Nov 12;20(1):565. doi: 10.1186/s12859-019-3162-1. PMID: 31718537; PMCID: PMC6849233.
- ♦ Ruiz de Miras J, Soler F, Iglesias-Parro S, Ibáñez-Molina AJ, Casali AG, Laureys S, Massimini M, Esteban FJ, Navas J, Langa JA. Fractal dimension analysis of states of consciousness and unconsciousness using transcranial magnetic stimulation. *Comput Methods Programs Biomed*. 2019 Jul;175:129-137. doi: 10.1016/j.cmpb.2019.04.017. Epub 2019 Apr 18. PMID: 31104702.
- ♦ Krohn S, Froeling M, Leemans A, Ostwald D, Villoslada P, Finke C, Esteban FJ. Evaluation of the 3D fractal dimension as a marker of structural brain complexity in multiple-acquisition MRI. *Hum Brain Mapp*. 2019 Aug 1;40(11):3299-3320. doi: 10.1002/hbm.24599. Epub 2019 May 15. PMID: 31090254; PMCID: PMC6865657.
- ♦ Esteban FJ, Galadí JA, Langa JA, Portillo JR, Soler-Toscano F. Informational structures: A dynamical system approach for integrated information. *PLoS Comput Biol*. 2018 Sep 13;14(9):e1006154. doi: 10.1371/journal.pcbi.1006154. PMID: 30212467; PMCID: PMC6161919.
- ♦ Diaz-Beltran L, Esteban FJ, Varma M, Ortuzk A, David M, Wall DP. Cross-disorder comparative analysis of comorbid conditions reveals novel autism candidate genes. *BMC Genomics*. 2017 Apr 20;18(1):315. doi: 10.1186/s12864-017-3667-9. PMID: 28427329; PMCID: PMC5399393.

#### TIC en entornos clínicos y Cibermedicina

- ♦ L. Franco. Weaning: can the computer help? *Intensive Care Medicine*, 34(10):1746–1748, July 2008.
- ♦ A.Kho, L.E.Henderson, D.D.Dressler, and S.Kripalani. Use of handheld computers in medical education. A systematic review. *Journal of General Internal Medicine*, 21(5):531–537, May 2006.
- ♦ T. Hachaj and M. R. Ogiela. Nowadays and future computer application in medicine. *IT CoNvergence PRAc-tice (INPRA)*, 1(1):13–27, 2013.
- ♦ Carreras FJ, Medina J, Ruiz-Lozano M, Carreras I, Castro JL. Virtual Tissue Engineering and Optic Pathways: Plotting the Course of the Axons in the Retinal Nerve Fiber Layer. *Invest Ophthalmol Vis Sci*. 2014 Apr 17;55(5):3107-19
- ♦ V. Lopez, E. M. Eisman, and J. L. Castro, "A tool for training primary health care medical students: The virtual simulated patient," 20th IEEE International Conference on Tools with Artificial Intelligence, Vol 2, Proceedings, pp. 194-201, 2008.
- ♦ J.L. Castro, M. Navarro V. Lopez, E. M. Eisman, and J. M. Zurita. A multilingual virtual simulated patient framework for training primary health care students. *World Academy of Science, Engineering and Technology Vol:4* 2010-08-23

#### BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA

#### ENLACES RECOMENDADOS

- ♦ Trip Database: <https://www.tripdatabase.com/>
- ♦ RCSB Protein Data Bank: <http://www.rcsb.org/pdb/home/home.do>

- ◆ Ensembl Genome Browser: <http://www.ensembl.org/index.html>

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

### EVALUACIÓN ORDINARIA

El artículo 17 de la Normativa de Evaluación y Calificación de los Estudiantes de la Universidad de Granada establece que la convocatoria ordinaria estará basada preferentemente en la evaluación continua del estudiante.

- ◆ Cada profesor imparte un número de créditos ECTS y pedirá entregas regulares de trabajos teórico/prácticos durante el periodo en el que imparte clase y cada profesor pondrá una calificación a los trabajos relacionados con la materia que ha impartido.
- ◆ La calificación final será la media, ponderada por el número de créditos ECTS impartidos, de las calificaciones de los diferentes profesores.

### EVALUACIÓN EXTRAORDINARIA

El artículo 19 de la Normativa de Evaluación y Calificación de los Estudiantes de la Universidad de Granada establece que los estudiantes que no hayan superado la asignatura en la convocatoria ordinaria dispondrán de una convocatoria extraordinaria. A ella podrán concurrir todos los estudiantes, con independencia de haber seguido o no un proceso de evaluación continua. De esta forma, el estudiante que no haya realizado la evaluación continua tendrá la posibilidad de obtener el 100% de la calificación mediante la realización de una prueba y/o trabajo.

- ◆ La evaluación de los estudiantes en la convocatoria extraordinaria se realizará mediante la realización de una prueba académica de las mismas características que el recogido en el caso de estudiantes de Evaluación Única Final.

### EVALUACIÓN ÚNICA FINAL

El artículo 8 de la Normativa de Evaluación y Calificación de los Estudiantes de la Universidad de Granada establece que podrán acogerse a la evaluación única final, el estudiante que no pueda cumplir con el método de evaluación continua por causas justificadas.

Para acogerse a la evaluación única final, el estudiante, en las dos primeras semanas de impartición de la asignatura o en las dos semanas siguientes a su matriculación si ésta se ha producido con posterioridad al inicio de las clases o por causa sobrevenidas. Lo solicitará, a través del procedimiento electrónico, a la Coordinación 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 consistirá en un único acto académico. Tendrá dos partes:

- ◆ Resolución de un caso:
  - Los estudiantes tendrán que resolver un caso propuesto por los profesores de la asignatura.
  - Criterios de evaluación: Adecuación de la solución propuesta a los contenidos impartidos en la asignatura.

- Porcentaje sobre calificación final: 70%
- ♦ Cuestionario:
  - Los estudiantes tendrán que resolver un cuestionario sobre los contenidos de la asignatura.
  - Criterios de evaluación: Adecuación de la solución propuesta a los contenidos impartidos en la asignatura.
  - Porcentaje sobre calificación final: 30%
- ♦ El profesor podrá pedir al estudiantado que realice una defensa de la solución propuesta en caso de que lo estime oportuno.

### 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>).