

Curso Académico: (2024 / 2025)

Fecha de revisión: 25/04/2024 12:25:32

Departamento asignado a la asignatura: Departamento de Bioingeniería

Coordinador/a: QUILEZ LOPEZ, CRISTINA

Tipo: Obligatoria Créditos ECTS : 6.0

Curso : 4 Cuatrimestre : 1

REQUISITOS (ASIGNATURAS O MATERIAS CUYO CONOCIMIENTO SE PRESUPONE)

Tener conocimientos de programación y fundamentos en Biología Molecular y Celular, y/o de Bioquímica.

RESULTADOS DEL PROCESO DE FORMACIÓN Y APRENDIZAJE

RA4: Ser capaces de usar métodos apropiados para llevar a cabo estudios y resolver problemas del ámbito biomédico, en consonancia con su nivel de conocimiento. La investigación implica la realización de búsquedas bibliográficas, el diseño y ejecución de prácticas experimentales, la interpretación de datos, la selección de la mejor propuesta y la comunicación de los conocimientos, ideas y soluciones en el ámbito de su campo de estudio. Puede requerir la consulta de bases de datos, normas y procedimientos de seguridad.

RA5: Adquirir conocimientos medios-avanzados de la ingeniería y de las ciencias biomédicas, así como demostrar una comprensión de los aspectos teóricos y prácticos y de la metodología de trabajo en su campo de estudio.

CB1: Que los estudiantes hayan demostrado poseer y comprender conocimientos en un área de estudio que parte de la base de la educación secundaria general, y se suele encontrar a un nivel que, si bien se apoya en libros de texto avanzados, incluye también algunos aspectos que implican conocimientos procedentes de la vanguardia de su campo de estudio.

CB2: Que los estudiantes sepan aplicar sus conocimientos a su trabajo o vocación de una forma profesional y posean las competencias que suelen demostrarse por medio de la elaboración y defensa de argumentos y la resolución de problemas dentro de su área de estudio.

CB3: Que los estudiantes tengan la capacidad de reunir e interpretar datos relevantes (normalmente dentro de su área de estudio) para emitir juicios que incluyan una reflexión sobre temas relevantes de índole social, científica o ética.

CB4: Que los estudiantes puedan transmitir información, ideas, problemas y soluciones a un público tanto especializado como no especializado.

CG2: Capacidad para diseñar, redactar y desarrollar proyectos científico-técnicos en el ámbito de la ingeniería biomédica.

CG4: Capacidad de resolver problemas con iniciativa, toma de decisiones, creatividad, y de comunicar y transmitir conocimientos, habilidades y destrezas, comprendiendo la responsabilidad ética, social y profesional de la actividad del ingeniero biomédico. Capacidad de liderazgo, innovación y espíritu emprendedor.

CG7: Redactar, representar e interpretar documentación científico-técnica.

CG12: Capacidad para resolver problemas formulados matemáticamente aplicados a la biología, física y química, empleando algoritmos numéricos y técnicas computacionales.

CG16: Capacidad de manejo y "mining" de datos obtenidos a través de tecnologías "ómicas" empleando técnicas bioinformáticas. Aplicaciones en Biología y Medicina.

ECRT18: Capacidad de aplicar diferentes técnicas computacionales a resolver problemas complejos típicos de la biología y la medicina. Capacidad de aplicar la información obtenida de bases de datos para la resolución de problemas biomédicos.

CT1: Capacidad de comunicar los conocimientos oralmente y por escrito, ante un público tanto especializado como no especializado.

CT2: Capacidad de establecer una buena comunicación interpersonal y de trabajar en equipos multidisciplinares e internacionales.

CT3: Capacidad de organizar y planificar su trabajo tomando las decisiones correctas basadas en la información disponible, reuniendo e interpretando datos relevantes para emitir juicios dentro de su área

de estudio.

OBJETIVOS

Introducción a los fundamentos del aprendizaje-máquina para aplicaciones biomédicas, con especial énfasis en el análisis de datos en genómica. Técnicas de aprendizaje supervisado y no supervisado, extracción y selección de características, reducción de dimensionalidad, regresión, clasificación, agrupamiento, ajuste y evaluación de modelos. Uso de librerías y herramientas específicas de bioinformática empleando lenguajes de programación dinámicos y avanzados. Aplicaciones en el alineamiento de secuencias de ADN y ARN, el plegamiento e interacciones de proteínas y medicamentos, y la creación de árboles filogenéticos. Se investigarán las relaciones de la investigación en biología computacional con la biotecnología

DESCRIPCIÓN DE CONTENIDOS: PROGRAMA

Introducción a los fundamentos del aprendizaje-máquina para aplicaciones biomédicas, con especial énfasis en el análisis de datos en genómica. Técnicas de aprendizaje supervisado y no supervisado, extracción y selección de características, reducción de dimensionalidad, regresión, clasificación, agrupamiento, ajuste y evaluación de modelos. Uso de librerías y herramientas específicas de bioinformática empleando lenguajes de programación dinámicos y avanzados. Aplicaciones en el alineamiento de secuencias de ADN y ARN, el plegamiento e interacciones de proteínas y medicamentos, y la creación de árboles filogenéticos. Se investigarán las relaciones de la investigación en biología computacional con la biotecnología

Los temas a tratar incluyen enfoques y técnicas computacionales para la búsqueda de la estructura genética, secuencia de alineación mediante uso de programación dinámica, predicción del plegado y la estructura de proteínas, interacciones de proteínas y medicamentos. Se revisarán distintos ejemplos de estudio en las distintas áreas y los estudiantes harán uso de herramientas de biología computacional para su análisis. Como parte de la asignatura, se investigarán las relaciones de la investigación en biología computacional con la biotecnología.

Los temas a tratar incluyen:

1. Enfoques y técnicas computacionales para la búsqueda en bases de datos de secuencias, estructurales, de expresión y su relación con bases de datos de enfermedad.
2. Alineamiento y comparación de secuencias mediante uso de programación dinámica
3. Predicción de la estructura génica
4. Obtención de la secuencia proteica codificada
5. Predicción de estructura secundaria y análisis de plegamiento
6. Predicción de dominios funcionales y de unión a proteínas
7. Análisis de evolución molecular y filogenético de secuencias
8. Análisis de ligamiento y realización de mapas físicos para la identificación del gen asociado a enfermedad.
9. Análisis de la estructura del genoma, búsqueda de secuencias repetitivas y micrnas.
10. Evaluación de la patogenicidad de variantes en enfermedad.
11. Búsqueda de sitios de restricción y generación de vectores recombinantes in silico.

Se revisarán distintos ejemplos de estudio en las distintas áreas y los estudiantes harán uso de herramientas de biología computacional para su análisis.

ACTIVIDADES FORMATIVAS, METODOLOGÍA A UTILIZAR Y RÉGIMEN DE TUTORÍAS

La metodología docente estará basada en clases presenciales e incluirá:

- Clases magistrales, donde se presentarán los conocimientos que los alumnos deben adquirir y las herramientas bioinformáticas a utilizar. Para facilitar su desarrollo los alumnos recibirán las notas de clase y tendrán textos básicos de referencia que les facilite seguir las clases y desarrollar el trabajo posterior. Se incluirá la resolución de problemas tipo sobre la materia impartida.
- Prácticas en laboratorio computacional para la resolución de los ejercicios mediante las herramientas bioinformáticas necesarias.
- Clases presenciales para la resolución de dudas, tutorías y realización de las pruebas de evaluación continua.

SISTEMA DE EVALUACIÓN

Peso porcentual del Examen/Prueba Final: 60

Peso porcentual del resto de la evaluación: 40

El sistema de evaluación incluye la evaluación continua del trabajo del alumno (participación en clase y 2 pruebas de evaluación de habilidades y conocimientos teórico-prácticos) y la evaluación final a través de un examen teórico-práctico en que se evaluará de forma global los conocimientos, destrezas y capacidades adquiridas a lo largo del curso. Adicionalmente puede entregarse un proyecto de investigación propuesto por los profesores como nota complementaria. Los porcentajes asignados quedan definidos en los siguientes términos.

Peso porcentual del Examen Final: 60% (mínima nota requerida es igual a 4)

Peso porcentual del resto de la evaluación: 40%

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA

- - Lesk, A.M Introduction to Bioinformatics, Oxford University Press, Third Edition
- - Mount, DW Bioinformatics, Sequence and Genome Analysis, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Second Edition