

Ficha de asignatura 2017-2018

DATOS DE ASIGNATURA

Código	270003		
Asignatura	Tratamiento de datos masivos de contenido biotecnológico	Créditos teóricos	1
Título:	Máster en Biotecnología	Créditos Prácticos	2
Módulo	Obligatorio	Créditos ECTS totales	3
Materia	Aspectos transversales y metodológicos	Tipo	Obligatorio
Departamento	Biomedicina, Biotecnología y Salud Pública	Modalidad:	PRESENCIAL
Semestre	1	Curso	1

Requisitos previos y recomendaciones

Requisitos previos

Ninguno

Recomendaciones

Profesorado

Nombre	Apellidos	Categoría	Coordinador
Ismael	Cross Pacheco	Prof. Titular Universidad	Sí
Alberto	Arias Pérez	Prof. Ayudante Doctor	No

--	--	--	--

Competencias

(cumplimentar según Memoria del Máster)

Identificador	Competencia	Tipo
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.	Básico
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.	Básico
CG2	Demostrar una buena capacidad de acceder por búsquedas electrónicas en bases de datos a la literatura científico-técnica.	General
CE6	Comprender y aplicar los modelos y métodos avanzados de análisis cualitativo y cuantitativo en el área de la materia correspondiente.	Específica
CE7	Analizar e interpretar los resultados obtenidos con el objeto de obtener conclusiones biotecnológicas relevantes a partir de los mismos.	Específica
CE16	Aplicar herramientas informáticas para el tratamiento masivo de datos biotecnológicos	Específica
CE17	Comprender el uso básico de lenguajes de programación Phyton y Perl y el manejo, en entorno Linux, de datos masivos como herramientas para el análisis de datos de contenido biotecnológico.	Específica
CT2	Actuar según principios de carácter universal que se basan en el valor de la persona y se dirigen a su pleno desarrollo.	Transversal

Resultados del aprendizaje

Identificador	Resultado
R1	Introducción al S.O. Unix/Ubuntu en el análisis de datos ómicos: Procesamiento de ficheros de datos masivos, usados en análisis biómicos, con Linux; Comandos básicos aplicados a las ómicas; Lenguajes de programación en Bioinformática: Python y Perl.
R2	Introducción a Python y su uso en análisis de datos NGS: Un primer programa; Control de flujo; Funciones y ficheros; Minería de datos; Biopython.
R3	Introducción a Perl y su uso en análisis de datos NGS: El lenguaje Perl; Un primer programa; Sintaxis básica de Perl; Entrada, salida de datos; Minería de datos

	biológicos; Bioperl.
--	----------------------

Actividades formativas
(cumplimentar según Memoria del Máster)

Actividad formativa	Horas	Grupo	Detalle	Competencias a desarrollar
Clases teóricas	8	Único	Exposición de contenidos mediante presentación o explicación por parte del profesorado. Desarrollo de ejemplos en la pizarra o con ayuda de medios audiovisuales	CE16, CE17, CE6
Clases prácticas	16	Único	Engloba resolución de problemas, ejercicios y casos prácticos vinculados con los contenidos teóricos, realizados en grupos grandes o pequeños, pudiendo incluir ejercicios de simulación con software específico. Actividades prácticas realizadas en grupos pequeños en laboratorios especializados de las distintas materias o en aulas de informática	CB7, CG2, CE7
Trabajo autónomo del estudiante	35		Estudio autónomo de los contenidos teórico-prácticos de la materia, preparación de trabajos, búsquedas bibliográficas y documental y, en general, todo el trabajo relacionado con los seminarios, tutorías colectivas, conferencias	CB10, CG2
Tutoría individual y/o en grupo	16		En general, es una actividad para asesorar, resolver dudas, orientar, realizar el seguimiento de los conocimientos adquiridos, etc. Además, es una actividad en la que se podrá promover el aprendizaje cooperativo y pudiendo realizarse tanto en grupos grandes como en grupos pequeños. Las tutorías también se pueden desarrollar haciendo uso de la plataforma virtual que	CT2, CB7, CB10

			dispone cada universidad.	
--	--	--	---------------------------	--

Total de actividades formativas de docencia presencial: 24

Total de otras actividades: 51

Total de la asignatura: 75

Sistema de evaluación

Criterios generales de evaluación

La asistencia es obligatoria para todas las actividades. La adquisición de competencias se valorará a través de la evaluación del trabajo realizado por el alumno y el examen final.

Procedimientos de evaluación (*cumplimentar según Memoria del Máster*)

Tarea/actividad	Medios, técnicas e instrumentos	Evaluador/es	Competencias a evaluar
Presentación de trabajos y actividades	Corrección y Calificación	Profesor	CG2, CE6, CE7, CE16, CE17, CT2
Pruebas escritas	Corrección y calificación	Profesor	CB7, CB10, CG2, CE6, CE7, CE16, CE17.

Procedimiento de calificación (*cumplimentar según Memoria del Máster*)

La calificación global se obtiene a partir de la evaluación de trabajos y actividades (40% de la nota final) y la evaluación de una prueba final escrita (60% de la nota final).

Para superar la asignatura será necesario obtener una puntuación mínima de 5 puntos (sobre 10) en cada prueba de evaluación (trabajos/prueba escrita).

Aquellos alumnos que lo deseen podrán solicitar una evaluación global de la asignatura, en las convocatorias extraordinarias, de acuerdo al protocolo que tenga el centro.

Descripción de contenidos

Descripción de contenidos	Competencias relacionadas	Resultados del aprendizaje relacionados
<p>Introducción al S.O. Unix/Ubuntu en el análisis de datos ómicos: Procesamiento de ficheros de datos masivos, usados en análisis biómicos, con Linux; Comandos básicos aplicados a las ómicas; Lenguajes de programación en Bioinformática: Python y Perl.</p> <p>· Introducción a Python y su uso en análisis de datos NGS: Un primer</p>	CB7, CB10, CG2, CE6, CE7, CE16, CE17, CT2	R1, R2, R3

<p>programa; Control de flujo; Funciones y ficheros; Minería de datos; Biopython.</p> <p>· Introducción a Perl y su uso en análisis de datos NGS: El lenguaje Perl; Un primer programa; Sintaxis básica de Perl; Entrada, salida de datos; Minería de datos biológicos; Bioperl.</p>		
--	--	--

Bibliografía y fuentes electrónicas

Bibliografía básica

- Baxevanis, A. D. and Ouellette, B. F. F., 2005. Bioinformatics: a practical guide to the analysis of genes and proteins. Wiley-Interscience, Hoboken, New Jersey.
- Brown, S. M., 2013. Next-generation DNA sequencing informatics. CSH, Cold Spring Harbor, NY.
- Dardel, F.; Kepes, F. and Hardy, N., 2006. Bioinformatics: genomics and post-genomics. John Wiley & Sons, Hoboken, New Jersey.
- Deonier, R. C.; Tavaré, S. and Waterman, M. S., 2005. Computational genome analysis: an introduction. Springer, New York.
- Hahne, F., 2008. Bioconductor case studies. Springer, New York.
- Rodriguez-Ezpeleta, N.; Hackenberg, M. and Aransay, A. M., 2011. Bioinformatics for high throughput sequencing. Springer, New York, London.

Bibliografía específica

- Antao, T., 2015. Bioinformatics with Python Cookbook: learn how to use modern Python bioinformatics libraries and applications to do cutting-edge research in computational biology. Packt Publishing, Birmingham.
- Pevsner, J., 2009. Bioinformatics and functional genomics. John Wiley & Sons, New Jersey.

Bibliografía ampliación

- Attwood, T. K. and Parry-Smith, D. J., 2002. Introducción a la bioinformática. Prentice Hall, Madrid.
- Barnes, M. R., 2007. Bioinformatics for geneticists: a bioinformatics primer for the analysis of genetic data. John Wiley & Sons, West Sussex.
- Barnes, M. R. and Gray, I. C., 2003. Bioinformatics for geneticists. Wiley, Chichester, West Sussex, England, Hoboken, N.J..
- Bergeron, B. P., 2003. Bioinformatics computing. Prentice Hall/Professional Technical Reference, Upper Saddle River, NJ.
- Cross, I., Merlo, M.A., Rodríguez, M.E., Portela-Bens, S., Rebordinos, L. 2014. Adaptation to abiotic stress in the oyster *Crassostrea angulata* relays on genetic polymorphisms. Fish and Shellfish Immunology 41 (2): 618-624
- Deshmukh, S. R. and Purohit, S. G., 2007. Microarray data: statistical analysis using R. Alpha Science International, Oxford, UK.
- Gromiha, M. M., 2010. Protein bioinformatics: from sequence to function. Elsevier Science [distributor], Delhi.
- Pevzner, P. and Shamir, R., 2011. Bioinformatics for biologists. Cambridge University Press, Cambridge.
- Portela-Bens, S., Merlo, M.A., Rodríguez, M.E., Cross, I., Manchado, M., Kosyakova, N., Liehr, T., Rebordinos, L. 2016. Integrated gene mapping and synteny studies give insights into the evolution of a sex proto-chromosome in *Solea senegalensis*. Chromosoma 126:261–277.

Fuentes electrónicas:

<http://linuxcommand.org/>

<https://www.python.org/>

<https://www.perl.org/>

<https://www.bioconductor.org/>

Molecular Ecology Resources. Special Issue: Population Genomics with R.

<http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/men.2017.17.issue-1/issuetoc>

Blanco, V. J., 1996. Linux: instalación, administración y uso del sistema. Ra-m, Madrid.

Lemay, L. and Colburn, R., 2002. Sams Teach Yourself Perl in 21 Days, Second Edition. Sams.

Markoff, A., 2005. Analytical tools for DNA, genes and genomes: nuts & bolts. DNA Press, Eagleville, Pa.

Robles, M.; José, F. and Peramato García, I., 2010. Enciclopedia de GNU/Linux: para usuarios y administrador. Ra-Ma, Madrid.

Schroder, C., 2005. Curso de Linux. Anaya Multimedia, Madrid.

Comentarios/observaciones adicionales

Mecanismos de control y seguimiento

Se realizarán reuniones periódicas de coordinación.