

ASIGNATURA TRATAMIENTO DE DATOS MASIVOS DE CONTENIDO BIOTECNOLÓGICO

Código	270003
Titulación	MÁSTER EN BIOTECNOLOGÍA
Módulo	COMÚN
Materia	ASPECTOS TRANSVERSALES Y METODOLÓGICOS
Duración	PRIMER SEMESTRE
Tipo	OBLIGATORIA
Idioma	CASTELLANO
Ofertable en Lengua Extranjera	NO
Movilidad Nacional	SÍ
Movilidad Internacional	SÍ
Estudiante Visitante Nacional	SÍ
ECTS	3,00
Teoría	0
Práctica	2,73
Departamento	C125 - BIOMEDICINA,BIOTECNOLOGIA Y SALUD PUBLIC

REQUISITOS Y RECOMENDACIONES

Recomendaciones

Tener conocimientos previos de Biotecnología y Genómica.

OFERTA EN LENGUA EXTRANJERA

No se oferta para Lengua Extranjera.

MOVILIDAD

- Movilidad Nacional (SICUE): Sí. Tipo de enseñanza: Presencial
- Movilidad Internacional: Sí. Tipo de enseñanza: Presencial
- Estudiante Visitante Nacional: Sí. Nº Plazas: 10. Tipo de enseñanza: Presencial

RESULTADO DEL APRENDIZAJE

Id.	Resultados
1	Identificar y extraer información a partir de listas masivas de genes, variantes (SNPs, CNV) o genomas completos
2	Comprender la manera de procesar ficheros de texto de gran tamaño generados en tecnologías ómicas: filtrar, comparar, extraer.
3	Comprender el uso básico de lenguajes de programación Perl y Python como herramientas para el análisis de datos genómicos: introducción a Bioperl y Biopython.

CONTENIDOS

Contenido	Descripción
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.	
Introducción a Python y su uso en análisis de datos NGS: Un primer programa; Control de flujo; Funciones y ficheros; Minería de datos; Biopython.	
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.	

SISTEMA DE EVALUACIÓN

Procedimientos de evaluación

Tarea/Actividades	Medios, técnicas e instrumentos	Ponderación
Presentación de trabajos y actividades	Corrección y calificación.	50 %
Pruebas escritas	Corrección y calificación.	50 %

Criterios 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.

PROFESORADO

Profesorado	Categoría	Coordinador
CROSS PACHECO, ISMAEL	PROFESOR TITULAR UNIVERSIDAD	Sí
ARIAS PEREZ, ALBERTO	PROFESOR AYUDANTE DOCTOR	No

ACTIVIDADES FORMATIVAS

Actividad	Horas	Detalle
02 Prácticas, seminarios y problemas	21,8	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.
10 Actividades formativas no presenciales	35,00	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.
11 Actividades formativas de tutorías	18,20	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 dispone cada universidad.

BIBLIOGRAFÍA

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.
- Rodríguez-Ezpeleta, N.; Hackenberg, M. and Aransay, A. M., 2011. Bioinformatics for high throughput sequencing. Springer, New York, London.
- Next-generation Sequencing: Current Technologies and Applications (2014). Book. Publisher: Caister Academic Press Edited by: Jianping Xu McMaster University, Ontario, Canada. ISBN: 978-1-908230-33-1
- Genome Analysis: Current Procedures and Applications (2014). Book. Publisher: Caister Academic Press Edited by: Maria S. Poptsova Weill Cornell Medical College, New York, USA and Moscow State University, Russia. ISBN: 978-1-912530-20-5.
- Next-generation Sequencing and Bioinformatics for Plant Science (2017). Book. Publisher: Caister Academic Press Edited by: Vijai Bhaduria Semiarid Prairie Agricultural Research Centre, Agriculture and Agri-Food Canada, Swift Current, Canada. ISBN: 978-1-910190-65-4

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 syntenic studies give insights into the evolution of a sex proto-chromosome in *Solea senegalensis*. *Chromosoma* 126:261277.

Portela-Bens, S., Merlo, M.A., Rodríguez, M.E., Cross, I., Manchado, M., Kosyakova, N., Liehr, T., Rebordinos, L. 2016. Integrated gene mapping and syntenic studies give insights into the evolution of a sex proto-chromosome in *Solea senegalensis*. *Chromosoma* 126:261277.

El presente documento es propiedad de la Universidad de Cádiz y forma parte de su Sistema de Gestión de Calidad Docente.

En aplicación de la Ley 3/2007, de 22 de marzo, para la igualdad efectiva de mujeres y hombres, así como la Ley 12/2007, de 26 de noviembre, para la promoción de la igualdad de género en Andalucía, toda alusión a personas o colectivos incluida en este documento estará haciendo referencia al género gramatical neutro, incluyendo por lo tanto la posibilidad de referirse tanto a mujeres como a hombres.