

**Programación en Bioinformática**

Código: 42401  
Créditos ECTS: 6

Titulación	Tipo	Curso	Semestre
4313473 Bioinformática / Bioinformatics	OB	0	1

## Contacto

Nombre: Antonio Espinosa Morales

Correo electrónico: AntonioMiguel.Espinosa@uab.cat

## Equipo docente

Santiago Marco Sola

## Uso de idiomas

Lengua vehicular mayoritaria: inglés (eng)

## Prerequisitos

Para el desarrollo general del curso, se recomienda tener un nivel B2 de inglés o similar.

Para el módulo de programación es muy recomendable tener nociones básicas de Linux como usuario: conocer las herramientas básicas de gestión y edición de carpetas y ficheros

## Objetivos y contextualización

Los objetivos generales de este módulo son la aplicación de las herramientas y técnicas básicas para el desarrollo en esta área. Se trabajan las capacidades de resolver retos y adaptarse a las tecnologías y paradigmas de la bioinformática

## Competencias

- Diseñar y aplicar la metodología científica en la resolución de problemas.
- Identificar las necesidades bioinformáticas de los centros de investigación y las empresas del sector de la biotecnología y la biomedicina.
- Poseer y comprender conocimientos que aporten una base u oportunidad de ser originales en el desarrollo y/o aplicación de ideas, a menudo en un contexto de investigación.
- 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.
- Trabajar individualmente y en equipo en un contexto internacional y multidisciplinario.
- Utilizar sistemas operativos, programas y herramientas de uso común en bioinformática, así como, manejar plataformas de cómputo de altas prestaciones, lenguajes de programación y análisis bioinformáticos.

## Resultados de aprendizaje

1. Diseñar y aplicar la metodología científica en la resolución de problemas.
2. Diseñar, analizar y evaluar las prestaciones de infraestructuras paralelas y grandes volúmenes de datos.

3. Gestionar plataformas paralelas y bases de datos bioinformáticas de acuerdo a las necesidades existentes.
4. Identificar las ventajas y limitaciones de la bioinformática y la importancia de la aplicación de nuevas tecnologías computacionales en investigaciones ómicas.
5. Implementar algoritmos y técnicas de cálculo estadístico, para la gestión de grandes volúmenes de datos.
6. Poseer y comprender conocimientos que aporten una base u oportunidad de ser originales en el desarrollo y/o aplicación de ideas, a menudo en un contexto de investigación.
7. 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.
8. Trabajar individualmente y en equipo en un contexto internacional y multidisciplinario.

## Contenido

### Introducción al Módulo

#### Computational Thinking

- Por qué computadores y biología?
- Workflows computacionales
- Programas de computador
- Arquitectura de computadores
- Conceptos de programación
- Algoritmos y estructuras de datos

#### Lenguajes de programación: R

- Intro a la programación en R
- Bioconductor

#### Linux

- Introducción a Linux: herramientas básicas, gestión de usuarios, gestión de programas, sistema de ficheros
- Shell scripting: herramientas del terminal, variables, entornos de ejecución, ejemplos y ejercicios

#### Lenguajes de programación i algoritmos

- Introducción a los lenguajes de programación en Bioinformática
- Tipos de datos y contextos
- Manipulación de datos y operaciones
- Entrada/Salida
- Expresiones regulares
- Integración de código de bibliotecas y terceras partes

## Metodología

La metodología combinará el trabajo en el aula, la solución de problemas en el aula de forma supervisada, el trabajo en el aula de forma no supervisada y el trabajo a realizar de forma individual a partir de las lecturas recomendadas y entregas a realizar. Se utilizará una plataforma virtual para la entrega de los informes de los trabajos.

## Actividades

---

Título	Horas	ECTS	Resultados de aprendizaje
Tipo: Dirigidas			
Solución de problemas en el aula	14	0,56	1, 5, 7, 6
Trabajo realizado en el aula	20	0,8	1, 2, 3, 5, 7, 6
Trabajo realizado en el laboratorio	12	0,48	1, 3, 4, 5, 6, 8
Tipo: Supervisadas			
Trabajo realizado en el laboratorio a partir de las lecturas recomendadas	15	0,6	1, 4, 7, 6, 8
Tipo: Autónomas			
Trabajo realizado de forma semanal sobre los entregables y materiales proporcionados	83	3,32	1, 2, 5, 7, 8

## Evaluación

La metodología combinará el trabajo en clase, la solución de problemas en clase, el trabajo autónomo en el laboratorio y fuera del mismo. Se utilizarán las plataformas virtuales para el seguimiento del curso. Ninguna de las actividades de evaluación individuales representará más del 50% de la nota final.

### Examen de recuperación

Para poder participar en el proceso de recuperación, el alumno deberá previamente haber participado en como mínimo el equivalente a dos tercios de la nota final del módulo en actividades de evaluación. El profesorado informará de los procedimientos y plazos para el proceso de recuperación. Nótese que las actividades realizadas dentro de clase de forma continua no pueden recuperarse.

### No evaluable

El alumno será calificado como "No evaluable" cuando el peso de la evaluación en la que ha participado sea inferior al equivalente al 67% de la nota final del módulo.

## Actividades de evaluación

Título	Peso	Horas	ECTS	Resultados de aprendizaje
Evaluación del trabajo realizado por el alumno durante el módulo	10%	1	0,04	1, 4, 5, 7, 8
Exámen final	10%	1	0,04	1, 7, 6
Exámenes individuales teóricos y prácticos	50%	2	0,08	1, 2, 3, 7, 6
Trabajo en el laboratorio. Individual y en grupo	30%	2	0,08	1, 2, 3, 4, 5, 7, 8

## Bibliografía

- Rajkumar Buyya, "High Performance Cluster Computing: Programming and Applications", PH, 1999.
- Bell, Charles; Kindahl, Mats; Thalmann, Lars. "MySQL High Availability". O'Reilly, 2010.
- Benson, D. A., Karsch-Mizrachi, I., Lipman, D. J., Ostell, J., Rapp, B. A. & Wheeler, D. L. (2002).

- GenBank. *Nucl. Acids Res.*, 30(1):17-20. URL <http://nar.oupjournals.org/cgi/content/abstract/30/1/17>.
- Berman, H. M., Westbrook, J., Feng, Z., Gilliland, G., Bhat, T. N., Weissig, H., Shindyalov, I. N. & Bourne, P. E. (2000). The Protein Data Bank. *Nucleic Acids Res.*, 28(1):235-242.
- Bessant, C., Shadford, I., Oakley, D. "Building Bioinformatics Solutions with Perl, R and MySQL", Oxford University Press, 2009
- Boeckmann, B., Bairoch, A., Apweiler, R., Blatter, M.-C., Estreicher, A., Gasteiger, E., Martin, M. J., Michoud, K., O'Donovan, C., Phan, I., Pilbout, S. & Schneider, M. .The SWISS-PROT protein knowledgebase and its supplement TrEMBL in 2003. *Nucleic Acids Res.*, 31(1):365-370.
- Christiansen, P., Wall, L., Orwant, J., "Programming Perl". 4th Edition, O'Reilly, 2012
- Mäkinen et al., Genome-Scale Algorithm Design: Biological Sequence Analysis in the Era of High-Throughput Sequencing. Cambridge Univ. Press, 2015.
- Matloff, N., "The Art of R Programming". No Starch Press Inc., 2011
- Lutz, M., "Learning Python", O'Reilly, 5th edition, 2013
- Siever, E., Figgins, S., "Linux in a nutshell" O'Reilly 2009.
- Sobell, M., "A Practical Guide to Linux. Commands, editors and shell programming". Prentice Hall, 2009.
- Tindall, James., *Begining Perl for Bioinformatics*. O'Reilly 2012.

#### Páginas web de referencia

- <http://mscbioinformatics.uab.cat>
- <https://cv.uab.cat>

#### Recursos de bioinformática e informática en la biblioteca electrónica de la UAB

- <http://www.uab.cat/biblioteques/trobador>
- <http://sfx.cbuc.cat/uab/azbook>
- <http://pagines.uab.cat/bctdigital/>
- [http://cataleg.uab.cat/search~S1\\*cat/?SEARCH=\(02.034\)57](http://cataleg.uab.cat/search~S1*cat/?SEARCH=(02.034)57)

Linux manual: [http://materials.cv.uoc.edu/continguts/PID\\_00148368/index.html](http://materials.cv.uoc.edu/continguts/PID_00148368/index.html)