

Programación en Bioinformática

Código: 42401
Créditos ECTS: 6

2025/2026

Titulación	Tipo	Curso
Bioinformática / Bioinformatics	OB	0

Contacto

Nombre: Elisa Heymann Pignolo

Correo electrónico: elisa.heymann@uab.cat

Equipo docente

Lidia Garrido Sanz

Idiomas de los grupos

Puede consultar esta información al [final](#) del documento.

Prerrequisitos

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, analizar y evaluar las prestaciones de infraestructuras paralelas y grandes volúmenes de datos.
2. Diseñar y aplicar la metodología científica en la resolución de problemas.
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. Iniciarse en la creación, conexión, edición y consulta de bases de datos.
7. 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.
8. 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.
9. Trabajar individualmente y en equipo en un contexto internacional y multidisciplinario.
10. Utilizar los lenguajes de programación en Bioinformática R y Python.

Contenido

1. Linux (comandos y shell scripting)

Comandos básicos, manejo a nivel de usuario, gestión de software y sistema de ficheros

Herramientas de procesamiento de texto y manipulación de datos

Redirecciones, tuberías y filtros

Shell scripting en Bash

2. Lenguajes de programación

Introducción a la programación en Python para Bioinformática

Variables, expresiones, tipos de datos, operadores, construcciones programáticas y contextos

Funciones, módulos y subrutinas

Programación recursiva

Entrada/Salida

Depuración de código

Otros lenguajes de programación: R

3. Estructuras de datos y procesamiento de datos

Estructuras de datos básicas (cadenas, listas, tuplas, conjuntos y diccionarios)

Estructuras de datos anidadas y objetos

Árboles y grafos

Modelado y representación de datos en bioinformática

Formatos básicos en bioinformática (FASTQ, SAM, VCF)

Expresiones regulares

4. Algoritmos en bioinformática

Introducción a la complejidad algorítmica

Algoritmos de divide y vencerás

5. Herramientas y librerías en bioinformática

Herramientas para la visualización de datos
Introducción a Biopython
Introducción a NumPy y Pandas

Actividades formativas y Metodología

Título	Horas	ECTS	Resultados de aprendizaje
Tipo: Dirigidas			
Solución de problemas en el aula	14	0,56	2, 5, 8, 7
Trabajo realizado en el aula	20	0,8	1, 2, 3, 5, 8, 7
Trabajo realizado en el laboratorio	12	0,48	2, 3, 4, 5, 7, 9
Tipo: Supervisadas			
Trabajo realizado en el laboratorio a partir de las lecturas recomendadas	15	0,6	2, 4, 8, 7, 9
Tipo: Autónomas			
Trabajo realizado de forma semanal sobre los entregables y materiales proporcionados	83	3,32	1, 2, 5, 8, 9

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.

Uso restringido de IA: Para esta asignatura, se permite el uso de tecnologías de Inteligencia Artificial (IA) de manera limitada. Para las prácticas de laboratorio, los estudiantes pueden resolver dudas genéricas con herramientas de IA, pero NO pueden entregar trozos de código generados por estas herramientas. En la memoria de las prácticas de laboratorio se deberá identificar claramente la ayuda recibida por estas herramientas, especificar las herramientas utilizadas e incluir una reflexión crítica sobre cómo estas han influido en el proceso y el resultado final de la actividad. La falta de transparencia en el uso de la IA en las actividades evaluable se considerará una falta de honestidad académica y podrá conllevar una penalización parcial o total en la nota de la actividad, o sanciones mayores en casos de gravedad.

Nota: se reservarán 15 minutos de una clase dentro del calendario establecido por el centro o por la titulación para que el alumnado rellene las encuestas de evaluación de la actuación del profesorado y de evaluación de la asignatura o módulo.

Evaluación

Actividades de evaluación continuada

Resultados de

Título	Peso	Horas	ECTS	aprendizaje
Evaluación del trabajo realizado por el alumnado durante el módulo	10%	1	0,04	2, 4, 5, 8, 9
Exámen final	60%	2	0,08	2, 8, 7
Trabajo en el laboratorio	30%	3	0,12	1, 2, 3, 4, 5, 6, 8, 9, 10

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 alumnado 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 alumnado 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.

Esta asignatura/módulo no contempla el sistema de evaluación única.

Bibliografía

- 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>

- <http://www.uab.cat/biblioteques/trobador>
- <http://pagines.uab.cat/bctdigital/>

Software

Linux (Ubuntu, Bash, linux-tools, etc)

Python 3.x

Jupyter Notebook / PyCharm

Matplotlib/Seaborn

Numpy/Pandas

Grupos e idiomas de la asignatura

La información proporcionada es provisional hasta el 30 de noviembre de 2025. A partir de esta fecha, podrá consultar el idioma de cada grupo a través de este [enlace](#). Para acceder a la información, será necesario introducir el CÓDIGO de la asignatura

Nombre	Grupo	Idioma	Semestre	Turno
(PLABm) Prácticas de laboratorio (máster)	1	Inglés	primer cuatrimestre	mañana-mixto
(TEm) Teoría (máster)	1	Inglés	primer cuatrimestre	mañana-mixto