

Titulación	Tipo	Curso
Bioinformática / Bioinformatics	OB	1

Profesor/a de contacto

Nombre : Elisa Ruth Heymann Pignolo

Correo electrónico : elisa.heyman@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

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.

Resultados de aprendizaje

- CA01 (Programar con eficacia y precisión para la resolución de problemas bioinformáticos de distinta complejidad.) Programar con eficacia y precisión para la resolución de problemas bioinformáticos de distinta complejidad.
- CA02 (Proponer soluciones bioinformáticas a problemas complejos participando en equipos multidisciplinares.) Proponer soluciones bioinformáticas a problemas complejos participando en equipos multidisciplinares.
- KA01 (Describir los conceptos fundamentales de programación, algorítmica y organización de la información que se aplican en Bioinformática.) Describir los conceptos fundamentales de programación, algorítmica y organización de la información que se aplican en Bioinformática.
- KA02 (Identificar los principales esquemas algorítmicos y sus casos de aplicación en Bioinformática.) Identificar los principales esquemas algorítmicos y sus casos de aplicación en Bioinformática.
- KA03 (Explicar los fundamentos y procedimientos de los métodos de acceso, análisis y minería de

datos en Bioinformática, destacando su utilidad para el manejo eficiente e interpretación de grandes volúmenes de secuencias biológicas.) Explicar los fundamentos y procedimientos de los métodos de acceso, análisis y minería de datos en Bioinformática, destacando su utilidad para el manejo eficiente e interpretación de grandes volúmenes de secuencias biológicas.

- SA01 (Resolver problemas de índole biológica aplicando conceptos de programación y el uso de librerías bioinformáticas especializadas (como BioPython o Bioconductor), garantizando la fiabilidad del código y la interpretación biológica de los resultados.) Resolver problemas de índole biológica aplicando conceptos de programación y el uso de librerías bioinformáticas especializadas (como BioPython o Bioconductor), garantizando la fiabilidad del código y la interpretación biológica de los resultados.
- SA02 (Aplicar los esquemas algorítmicos principales y algunas de sus variantes en la resolución de problemas bioinformáticos.) Aplicar los esquemas algorítmicos principales y algunas de sus variantes en la resolución de problemas bioinformáticos.
- SA03 (Integrar el acceso a grandes bases de datos biológicas con infraestructuras locales y sistemas Cloud, combinando los algoritmos necesarios.) Integrar el acceso a grandes bases de datos biológicas con infraestructuras locales y sistemas Cloud, combinando los algoritmos necesarios.

Contenidos

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 scripts en Bash

2. Lenguajes de programación

Introducción a R

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

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. 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
Trabajo realizado en el aula	20	0,8	
Solución de problemas en el aula	14	0,56	
Trabajo realizado de forma semanal sobre los entregables y materiales proporcionados	83	3,32	
Trabajo realizado en el laboratorio	12	0,48	
Trabajo realizado en el laboratorio a partir de las lecturas recomendadas	15	0,6	

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 practicas 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 practicas de laboratorio se deberá identificar claramente la ayuda recibida por estas herramientas, especificar las herramientas utilizadas y mostrar los prompts que se utilizaron. 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

Título	Peso	Horas	ECTS	Resultados de aprendizaje
Trabajo en el laboratorio	30%	3	0,12	CA01, CA02, KA01, KA02, SA01, SA02, SA03
Evaluación del trabajo realizado por el alumnado durante el módulo	10%	1	0,04	CA01, CA02, KA01, KA02
Exámen final	60%	2	0,08	CA01, CA02, KA01, KA02, KA03, SA02

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.

La realización de cualquier irregularidad en un acto de evaluación (fraude académico, plagio o uso indebido de la IA, salvo que este uso esté autorizado expresamente a la guía docente), que pueda conducir a una variación significativa de la calificación, supone que este acto se calificará con un 0. En caso de que la guía docente prevea que para superar la asignatura sea requisito imprescindible haber obtenido una nota mínima en este acto de evaluación o que se produzcan varias irregularidades en los actos de evaluación de una misma asignatura, la calificación final de esta asignatura es 0. Al margen de esto, se podrá instruir un proceso disciplinario al estudiante que incurra en alguna de estas irregularidades.

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., Beginning 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 dela UAB

- <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. 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

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