



DESCRIPCIÓN DE LA ASIGNATURA

| | |
|---|---|
| Grado/Máster en: | Graduado/a en Ingeniería de la Salud por la Universidad de Málaga |
| Centro: | Escuela Técnica Superior de Ingeniería Informática |
| Asignatura: | Técnicas y Modelos Algorítmicos |
| Código: | 325 |
| Tipo: | Optativa |
| Materia: | DESARROLLO DE SOFTWARE |
| Módulo: | MÓDULO DE FORMACIÓN ESPECÍFICA EN BIOINFORMÁTICA |
| Experimentalidad: | 69 % teórica y 31 % práctica |
| Idioma en el que se imparte: | Español |
| Curso: | 3 |
| Semestre: | 2 |
| Nº Créditos: | 6 |
| Nº Horas de dedicación del estudiante: | 150 |
| Tamaño del Grupo Grande: | 72 |
| Tamaño del Grupo Reducido: | 30 |
| Página web de la asignatura: | |

EQUIPO DOCENTE

| | |
|----------------------|---|
| Departamento: | ARQUITECTURA DE COMPUTADORES |
| Área: | ARQUITECTURA Y TECNOLOGÍA DE COMPUTADORES |

| Nombre y Apellidos | Mail | Teléfono Laboral | Despacho | Horario Tutorías |
|--|------------|------------------|----------------------------------|---|
| Coordinador/a: OSWALDO ROGELIO TRELLES SALAZAR | ots@uma.es | 952132823 | 2.2.50 - E.T.S.I. INFORMÁTICA | Todo el curso: Lunes 12:00 - 14:00, Martes 09:00 - 11:00, Lunes 09:00 - 11:00 |

RECOMENDACIONES Y ORIENTACIONES

Esta asignatura integra dos líneas de conocimiento básicas en bioinformática y por tanto tiene un punto de partida en los conocimientos previos de las líneas de Ciencias de la Computación y de Biología.

Los conocimientos de base en programación, algoritmos y estructuras de datos se han adquirido en las asignaturas de primer y segundo curso; Programación, Fundamentos de programación, Estructuras de datos y algoritmos, entre otras.

La vertiente de base biológica proviene de las asignaturas de Bioquímica, Biología celular y genética; Biología molecular y Bioquímica entre otras.

En esta asignatura veremos de cerca las técnicas más usadas en el procesamiento de datos moleculares usando las tecnologías aprendidas en las ramas computacionales.

CONTEXTO

Los grandes avances tecnológicos en la adquisición de datos biológicos demandan grandes retos computacionales para dar respuesta al procesamiento de cantidades masivas de datos. Los resultados de este procesamiento tiene crucial influencia en aspectos muy importantes en diversos campos de la actividad humana, la agricultura, el medio ambiente y en especial, en la salud ciudadana.

El area de biología computacional es muy rica en algoritmos diseñados para abordar grandes retos computacionales, en particular para enfrentarse a conjuntos de datos cada vez mas grandes y ruidosos, por la naturaleza de la calidad de la señal y la intensidad del ruido presente en los datos, debido en parte a la variabilidad biológica intrínseca de los organismos vivos. Por ejemplo, el genoma humano contiene del orden de 3 mil millones de letras, entre 25 mil y 50 mil genes, varios miles de señales de regulación que controlan la activación de dichos genes en cada una de las células del cuerpo humano. Estos genes interactúan unos con otros en complejas rutas metabólicas formando densas redes de regulación. Todo ello bajo las fuerzas evolutivas que van modificándolas lentamente.

El procesamiento de datos biológicos trata de explicar las interrelaciones entre los datos y su activación debida a los factores externos al organismo. La elaboración de modelos que expliquen la naturaleza de los datos permite el diseño e implantación de algoritmos eficientes para su procesamiento.

La asignatura pretende abordar los siguientes retos en biología computacional:

Ensamblaje de genomas completos a partir de pequeñas lecturas

Los genomas tienen una longitud de varios miles de millones de letras (nucleótidos), y todavía las técnicas de secuenciación solo leen cientos de nucleótidos de una sola vez. Ensamblar todas las piezas para formar el genoma completo es todo un reto, dado el alto nivel de repetición del genoma humano, y el grado de error de las técnicas de secuenciación

Identificación de genes en grandes regiones genómicas

La célula reconoce varias señales biológicas que guían los procesos de transcripción, selección alternativa de exones y traducción. Veremos cómo mapear estas señales en el genoma y reconocer estructuras completas de genes en presencia de gran cantidad de regiones no codificantes.

Descubrimiento de motivos reguladores

En respuesta a los cambios de entorno, las células leen un código complejo de señales reguladoras que dictan el uso de los genes. Estos patrones son muy cortos (10 nucleótidos), normalmente degeneran y ocurren a varias distancias del inicio del gen. Desarrollaremos algoritmos que detecten estos elementos entre océanos de nucleótidos no funcionales.

Alineamiento de genomas y comparación

La fuerza de la selección natural y de la mutación aleatoria han llevado la evolución de los genomas y de las especies modernas. La comparación de genomas relacionados puede ayudar a comprender sus restricciones evolutivas, y revelar los elementos funcionales comunes en ambos.



Estudiaremos algoritmos para alineamiento de secuencias, a nivel de nucleótidos, y de genomas.

Reconstrucción de redes de regulación

Los genes de una especie raramente actúan por sí solos. Redes de regulación complejas gobiernan su uso, y las redes de interacción determinan sus patrones de cooperación. Estudiaremos algoritmos para inferir módulos de cooperación de genes, reconstrucción de redes de regulación, y estudiar sus propiedades emergentes.

Inferencia de mecanismos evolutivos

Quizás el mecanismo más intrigante de los sistemas biológicos es su habilidad para evolucionar. Estudiaremos algoritmos para detectar eventos evolutivos, comprendiendo los ancestros de las especies y sus relaciones evolutivas.

COMPETENCIAS

1 Competencias generales y básicas.

- 1.12** CG07 Capacidad para analizar y valorar el impacto social y medioambiental de las soluciones técnicas, comprendiendo la responsabilidad ética y profesional en el ámbito de las ingenierías aplicadas a la salud.
- 1.14** CG09 Conocimiento y aplicación de elementos básicos de organización y planificación en el ámbito de la empresa y otras instituciones, de gestión de recursos humanos, así como la legislación, regulación y normalización en el ámbito de los equipos médicos, las instalaciones sanitarias y los sistemas de información clínicos y biológicos.
- 1.15** CG10 Capacidad para comunicar y transmitir los conocimientos y conclusiones en el ámbito de la ingeniería de la salud, a público especializado y no especializado, de un modo claro y preciso.

3 Competencias específicas. Mención Bioinformática

- 3.5** CE-BI-05 Conocimiento de los principios, herramientas y técnicas para la comparación y análisis de secuencias y estructuras moleculares.
- 3.6** CE-BI-06 Conocimiento de criterios de decisión para seleccionar aplicaciones bioinformáticas para la resolución de diferentes tipos de problemas.

CONTENIDOS DE LA ASIGNATURA

Secuenciación y análisis de secuencias

Algoritmos de ensamblado de secuencias (+RNAseq) provenientes de técnicas de secuenciación del ADN y
Algoritmos de análisis de secuencias
Algoritmos de anotación de genomas (anotación funcional de genomas y secuencias)
Algoritmos de genómica comparativa

Biología evolutiva y biodiversidad

Algoritmos para el estudio de la biología evolutiva computacional
Algoritmos de medición de la biodiversidad

Transcriptómica

Algoritmos para el análisis de la expresión génica (adquisición de datos por análisis de imagen) y regulación
Algoritmos de análisis de la regulación
Algoritmos de análisis de la expresión de proteínas (adquisición de datos por análisis de imagen)

Algoritmos en sistemas biológicos

Algoritmos de análisis de mutaciones en el cáncer (GWAS studies)
Algoritmos de predicción de la estructura de las proteínas
Algoritmos de modelado de sistemas biológicos, análisis de imagen (System Biology)

ACTIVIDADES FORMATIVAS

Actividades presenciales

Actividades expositivas

Lección magistral

Actividades prácticas en instalaciones específicas

Prácticas en laboratorio

Actividades no presenciales

Actividades de elaboración de documentos

Elaboración de memorias

Actividades prácticas

Estudios de casos

ACTIVIDADES DE EVALUACIÓN

Actividades de evaluación presenciales

Actividades de evaluación de la asignatura con participación alumnos

Entrevista en pequeño grupo

Actividades de evaluación del estudiante

Realización de trabajos y/o proyectos: Presentación del trabajo por grupos

Realización de trabajos y/o proyectos

Participación en clase



RESULTADOS DE APRENDIZAJE / CRITERIOS DE EVALUACIÓN

Entre los resultados de aprendizaje que se esperan que obtenga el alumno al superar la asignatura se encuentran:

- Identificar y expresar formalmente los tipos de datos (secuencias, estructuras, rutas metabólicas, etc) y diseñar estructuras de datos para gestionarlas (Competencias: 3.5 CE-BI-05)
- Decidir si la tecnología puede satisfacer unos requisitos de procesamiento y proporcionar soluciones eficientes para un problema propuesto (Competencias: 3.6-CE-BI-06, 1.14 CG09)
- Seleccionar la técnica o el método de desarrollo software más apropiado para abordar un problema (Competencias: 3.5 CE-BI-05; 1.12 CG07).
- Expresar diseños de aplicaciones y modelos de datos usando un lenguaje de alto nivel (Competencias: 1.15 CG10).
- Saber expresarse en el lenguaje de cada usuario final, hacer análisis de los requisitos del problema y a partir de él abordar creativamente el diseño de una aplicación o modelo de datos y expresar los resultados (Competencias: 1.15 CG10; 1.12 CG07).

En los procedimientos de evaluación se analizará el grado de consecución de los anteriores objetivos por parte del alumno. También se evaluará su capacidad de trabajar en grupo

PROCEDIMIENTO DE EVALUACIÓN

La evaluación de la asignatura se realizará de forma continua mediante:

- (a) La participación en las cuestiones que se planteen en clase incluyendo la presentación en clase de trabajos solicitados sobre aspectos de la asignatura (desarrollo de programas, documentación sobre conceptos, etc.)
 - (b) La resolución de pruebas escritas de breve duración (15-30 minutos) con periodicidad al menos semanal;
 - (c) El desarrollo, pruebas y documentación de un trabajo final consistente en la resolución de un determinado problema de la asignatura.
- Estos tres componentes aportarán con el mismo peso a la nota final.

La evaluación de la segunda convocatoria (septiembre) o cualquiera extraordinaria sólo tendrá en cuenta la calificación alcanzada por el alumno en el examen final correspondiente a dicha convocatoria. Este examen contendrá preguntas sobre los conocimientos y habilidades que deberían haberse adquirido durante el curso

Estudiantes de tiempo parcial y deportistas universitarios de alto nivel:

Los estudiantes en esta situación, deberán ponerse en contacto lo antes posible con su tutor/a, de manera que si fuera necesario, puedan buscarse alternativas horarias a las actividades presenciales, utilizando prioritariamente los horarios existentes en los diferentes grados en los que se imparte la misma asignatura

BIBLIOGRAFÍA Y OTROS RECURSOS

Básica

- Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins. 2nd Edition A. Baxevanis & B.F.F. Ouellette (eds.) Wiley (2001).
- Durbin, Richard, Graeme Mitchison, S. Eddy, A. Krogh, and G. Mitchison. Biological Sequence Analysis: Probabilistic Models of Proteins and Nucleic Acids. Cambridge, UK: Cambridge University Press, 1997. ISBN: 0521629713.
- Gusfield, Dan. Algorithms on Strings, Trees and Sequences: Computer Science and Computational Biology. Cambridge, UK: Cambridge University Press, 1997. ISBN: 0521585198.
- Jones, Neil, and Pavel Pevzner. An Introduction to Bioinformatics Algorithms. Cambridge, MA: MIT Press, 2004. ISBN: 0262101068.
- Waterman, Michael. Introduction to Computational Biology: Maps, Sequences, and Genomes. Boca Raton, FL: CRC Press, 1995. ISBN: 0412993910.

Complementaria

- "Web Design in a Nutshell. J. Niederst. O'Reilly" que es una Buena referencia aunque no sea realmente una guía de programación
- Acerca de como Perl "salvo" el Proyecto Genoma humano (algo pretensioso pero ilustrativo de lo que se puede hacer con el ordenador) se puede leer en http://bio.perl.org/GetStarted/tpj_ls_bio.html
- Devshed.com - Perl 101 tiene muy buenas guías de trabajo
- El portal <http://www.utexas.edu/learn/html> es un buen inicio para principiantes
- Finalmente, siempre hay novedades editoriales interesantes en <http://www.bioinformaticscourses.com/books/>
- Información básica en temas de biología celular: <http://cellbio.utmb.edu/cellbio/>
- La lista de genomas microbianos secuenciados o en el camino de conseguirlo: <http://www.tigr.org/tdb/mdb/mdbcomplete.html>
- Learning the UNIX Operating System. J. Strang, J. Peek, G. Todino. O'Reilly. Contiene un sesión de trabajo con el sistema operativo Unix; es por tanto breve! y un buen libro para empezar
- Para profesores de genética en el proyecto genoma humano, por lo que si es bueno para los profesores, es recomendable para los alumnos: <http://www.kumc.edu/gec/>
- Para ver por donde van los lenguajes de programación iniciales se puede consultar el libro Learning Perl. R.L. Schwartz and T. Christiansen (Ed. O'Reilly), como un buen inicio a Perl
- Perl.com contiene excelentes recursos que se pueden descargar e incluye enlaces a páginas Perl en la Web
- Un buen sitio para desarrolladores algo más expertos esta en <http://hotwired.lycos.com/webmonkey/>
- Un libro con las referencias básicas sobre Genética Molecular preparado en el proyecto Genoma Humano: <http://www.ornl.gov/hgmis/publicat/primer/index.shtml>
- Visual Quickstart Guide: UNIX. D.S. Ray and E. J. Ray. Peachpit Press. Es conciso pero con suficiente detalle para servir de referencia
- Y el libro "The Cartoon Guide to Genetics. L. Gonick and M. Wheelis" que es sencillo de seguir
- <http://www.ee.surrey.ac.uk/Teaching/Unix/>
- <http://www.genome.washington.edu/uwgc/unix/unix.htm>
- http://www.ncbi.nlm.nih.gov/About/primer/genetics_cell.html
- http://www.ncbi.nlm.nih.gov/About/primer/genetics_genome.html
- http://www.ncbi.nlm.nih.gov/About/primer/genetics_molecular.html



ACTIVIDAD FORMATIVA PRESENCIAL

| Descripción | Horas | Grupo grande | Grupos reducidos |
|---|-----------|-------------------------------------|--------------------------|
| Prácticas en laboratorio | 20 | <input checked="" type="checkbox"/> | <input type="checkbox"/> |
| Lección magistral | 40 | <input checked="" type="checkbox"/> | <input type="checkbox"/> |
| TOTAL HORAS ACTIVIDAD FORMATIVA PRESENCIAL | 60 | | |

ACTIVIDAD FORMATIVA NO PRESENCIAL

| Descripción | Horas |
|--|------------|
| Estudios de casos | 40 |
| Elaboración de memorias | 35 |
| TOTAL HORAS ACTIVIDAD FORMATIVA NO PRESENCIAL | 75 |
| TOTAL HORAS ACTIVIDAD EVALUACIÓN | 15 |
| TOTAL HORAS DE TRABAJO DEL ESTUDIANTE | 150 |

ADAPTACIÓN A MODO VIRTUAL POR COVID19

ACTIVIDADES FORMATIVAS

Escenario A (Docencia bimodal o híbrida):

Para las clases de teoría y explicación de las prácticas se impartirá docencia on-line y se combinarán sesiones síncronas y asíncronas. En caso de que se programen sesiones presenciales, estarán restringidas a prácticas de laboratorio en grupos reducidos.

Escenario B (Docencia virtual):

Se impartirá docencia on-line y se combinarán sesiones síncronas así como actividades asíncronas para las clases de teoría y prácticas de laboratorio.

Para la docencia on-line se usarán las plataformas de videoconferencia puestas a disposición por la Universidad de Málaga.

PROCEDIMIENTOS DE EVALUACIÓN

Escenario A (Docencia bimodal o híbrida):

Primera convocatoria ordinaria:

La asignatura implementa un sistema de evaluación continua en el que se realiza un test al final de cada tema. Cada uno de estos test se realizará de forma presencial, dividiendo a los alumnos en grupos pequeños y citándolos de forma que no haya aglomeraciones.

Los alumnos que no aprueben en la modalidad de evaluación continua deberán ir al examen final. En este caso, la nota final corresponderá a la obtenida en un examen final presencial donde se evaluarán todos los contenidos teórico-prácticos de la asignatura.

Segunda convocatoria ordinaria y extraordinarias:

En este caso, la nota final corresponderá a la obtenida en un examen final presencial donde se evaluarán todos los contenidos teórico-prácticos de la asignatura.

Escenario B (Docencia virtual):

Primera convocatoria ordinaria:

Los test de evaluación continua se realizarán de forma on-line utilizando herramientas del campus virtual. Si se diesen casos de fallos de conexión se tomarían las medidas de contingencia oportunas. En caso de pérdida de conexión individual de un estudiante, éste deberá notificarlo a la mayor brevedad usando uno o varios de los medios más rápidos disponibles, chat, mensajería del campus, correo electrónico, etc. En caso de que el estudiante no pueda restablecer la conexión, deberá notificarlo en cuanto le sea posible y se estudiará un medio alternativo, de entre los disponibles, para evaluar al estudiante, dependiendo de si la pérdida de conexión afectó a la totalidad o únicamente a una parte del ejercicio.

Segunda convocatoria ordinaria y extraordinarias:

Los alumnos que no aprueben deberán realizar el examen final usando un mecanismo similar al ya indicado en el apartado anterior

CONTENIDOS

Escenario A (Docencia bimodal o híbrida):

Los contenidos no sufren ningún cambio.

Escenario B (Docencia virtual):

Los contenidos no sufren ningún cambio.

TUTORÍAS



Escenario A (Docencia bimodal o híbrida):

Se utilizarán las herramientas telemáticas que la Universidad de Málaga ha puesto a disposición de la comunidad universitaria para la realización de tutorías sincrónicas (videoconferencias) y asincrónicas (foros, correo electrónico, chat).

Escenario B (Docencia virtual):

Se utilizarán las herramientas telemáticas que la Universidad de Málaga ha puesto a disposición de la comunidad universitaria para la realización de tutorías sincrónicas (videoconferencias) y asincrónicas (foros, correo electrónico, chat).