



Curso Académico 2025-26

Bioinformática
Ficha Docente

ASIGNATURA

Nombre de asignatura: Bioinformática (71411709)
Créditos: 3

PLAN/ES DONDE SE IMPARTE

Plan: Máster en Biotecnología Industrial y Agroalimentaria
Curso: 1
Carácter: Optativa
Duración: Segundo Cuatrimestre
Idioma/s en que se imparte: Español
Módulo/Materia: Modulo Optativo, Especialidad I ¿Bioagronomía y Biotecnología de Alimentos¿/Bioinformática, Materias de Libre elección

PROFESOR/A COORDINADOR/A

Nombre	Departamento	Centro	Correo electrónico
Carretero Paulet, Lorenzo	Biología y Geología		

PROFESORADO

Nombre	Departamento	Centro	Correo electrónico
Carretero Paulet, Lorenzo	Biología y Geología		

DATOS BÁSICOS

Modalidad

Presencial

ELEMENTOS DE INTERÉS PARA EL APRENDIZAJE DE LA ASIGNATURA

Justificación de los contenidos

La bioinformática es una de las ramas del conocimiento que más se ha desarrollado en los últimos años toda vez que su aplicación es básica para los grandes proyectos de investigación en los que se ha determinado las secuencias de genomas completos, siendo el primer gran hito la secuenciación del genoma humano. La ingente cantidad de datos -ómicos que estos proyectos generan hace necesario el desarrollo de nuevas herramientas computacionales que hagan posible determinar la estructura, función, evolución y posibles aplicaciones de la información contenida en las secuencias biológicas. Por ello, está aceptado que la Bioinformática es una profesiones del futuro con mayor número de aplicaciones potenciales.

Materia con la que se relaciona en el Plan de Estudios

Biología Avanzada; Bioquímica y Biología Molecular avanzada; Ingeniería Genética y Genómica; Biotecnología Agrícola

Conocimientos necesarios para abordar la asignatura

Conocimientos básicos de biología molecular, genética e informática.

Requisitos previos recogidos en la memoria de la Titulación

Ninguno

RESULTADOS DEL PROCESO DE FORMACIÓN Y DE APRENDIZAJE

Competencias.

Conocimientos o contenidos

CC04 - Nombra las bases moleculares y fisiológicas de los procesos biológicos y su importancia en el campo de la biotecnología

Habilidades o destrezas.

HD03 - Aplica las metodologías básicas de investigación en el contexto de la Biotecnología Industrial y Agroalimentaria.

HD05 - Utiliza tecnologías emergentes y herramientas bioinformáticas de relevancia y evalúa su posible impacto sobre los procesos biotecnológicos.

PLANIFICACIÓN

Temario

Tema 1: Introducción a la Bioinformática

1.1. *Introducción*. Bibliografía. Definiciones. La bioinformática es un campo multidisciplinar. Aplicaciones de la bioinformática. La bioinformática es una disciplina en expansión.

1.2. *Sistemas operativos usados en bioinformática*. Bibliografía. ¿Por qué usamos Unix/Linux en bioinformática? Navegación y gestión de ficheros y directorios en Unix/Linux. Opciones de línea de comando en Unix/Linux. Creación de directorios y estructuras de directorios de un proyecto bioinformático. Comodines comunes de nombres de archivo Unix/Linux utilizados para buscar caracteres en nombres de archivo. Las expresiones regulares proporcionan una sintaxis expresiva para su uso con el shell y una variedad de comandos. Redireccionamiento del estándar out a un fichero. Redireccionamiento del estándar error. Uso de la redirección de entrada estándar. La todopoderosa tubería Unix: Velocidad y belleza en uno. Combinación de tuberías y redireccionamiento (usando tee). Procesos en segundo plano. Trabajar con máquinas remotas. Herramientas de datos Unix y el enfoque Unix One-Liner.

1.3. *Lenguajes de programación en bioinformática*. Cronología de los lenguajes de programación. Lenguajes de programación de alto y bajo nivel. Lenguajes de programación por tipo de paradigma de programación. Lenguajes de script frente a lenguajes de programación. Lenguajes de programación más populares. PERL en bioinformática. Python en bioinformática. R en bioinformática. Qué lenguaje de programación se utiliza más en Bioinformática? Puesta en común y desarrollo de código.

Tema 2: Bases de datos en bioinformática

2.1. *Bases de datos de secuencias biológicas*. Introducción. Bases de datos de secuencias de nucleótidos. Bases de datos de secuencias de aminoácidos. Bases de datos de estructuras de proteínas. Bases de datos de dominios estructurales y funcionales de proteína.

2.2. *Bases de datos de información biológica / biomédica*. Entrez. Europe PubMed Central. The Online Mendelian Inheritance in Man (OMIM).

Tema 3: Alineamiento de secuencias y análisis filogenético

3.1. *Alineamiento de secuencia*. Introducción. Matrices de puntuación. Métodos para alineamiento de secuencias. Basic Local Alignment Search Tool (BLAST). Position-specific iterated BLAST (PSI-BLAST). FASTA. Alineamientos de secuencias múltiples.

3.2. *Análisis filogenético*. Introducción. Árboles filogenéticos. Modelos de sustitución en el análisis filogenético. Métodos de análisis filogenético. Evaluación de la fiabilidad de los árboles inferidos. Software para análisis filogenético.

Tema 4: Herramientas bioinformáticas para el análisis de datos de secuenciación de nueva generación

4.1. *Bibliografía*.

4.2. *Análisis bioinformático de datos de secuenciación del genoma completo*. De la generación de datos de secuencias a los ficheros FaStQ. Ensamblaje de genomas. El formato SAM/BAM y SAMtools. Mapeo de variantes. Almacenamiento de datos en repositorios.

4.3. *Análisis bioinformático de datos de expresión de secuenciación de nueva generación (RNAseq)*. Introducción. Diseño experimental. Preprocesamiento de datos. Control de calidad. Normalización y efectos de lote. Análisis exploratorio de los datos. Análisis de expresión diferencial. Exploración de la significación biológica de listas de genes mediante el análisis de enriquecimiento funcional.

Tema 5: Aplicaciones de la bioinformática a la genómica estructural, funcional y comparada

5.1. *Anotación estructural de genomas*. Introducción. Software de predicción de genes y anotación estructural. Matrices de puntuación específicas por posición (PSSM). Modelos (Ocultos) de Markov. Predicción ab initio de genes en genomas procariontes. Predicción ab initio de genes en genomas eucariotes. ¿Cómo de bien funciona la anotación estructural ab initio?

5.2. *Anotación funcional de genomas*. Definición. Gene Ontology (GO). Anotación y análisis de rutas y redes genómicas. Herramientas para la anotación funcional de genomas.

5.3. *Navegadores genómicos*. Introducción. Lista de los principales navegadores de genomas. UCSC. ENSEMBL. Navegadores genómicos genéricos. Plataformas de genómica comparada.

Actividades Formativas y Metodologías Docentes

Actividades formativas:

- A01 Clase magistral participativa
- A11 Otros
- A16 Trabajo autónomo del alumno

Metodologías docentes:

- MD01 Clase magistral participativa
- MD02 Clases teórico-prácticas
- MD04 Realización de prácticas de laboratorio

Plan de Contingencia:

Ante niveles de alerta sanitaria elevados, las actividades formativas planificadas en los Grupos Docentes se impartirán mediante videoconferencia. Los Grupos de Trabajo seguirán con la impartición presencial conforme a la planificación establecida. Ante medidas más restrictivas acordadas por las autoridades sanitarias, los Grupos de Trabajo se realizarían también por videoconferencia.

Actividades de Innovación Docente

Diversidad Funcional

El estudiantado con discapacidad o necesidades específicas de apoyo educativo puede dirigirse a la Unidad de Inclusión y Atención a la Diversidad para recibir la orientación y el asesoramiento necesarios, facilitando así un mejor aprovechamiento de su proceso formativo. Asimismo, podrán solicitar las adaptaciones curriculares necesarias para garantizar la igualdad de oportunidades en su desarrollo académico. La información relativa a este alumnado se trata con estricta confidencialidad, en cumplimiento con la Ley Orgánica de Protección de Datos (LOPD). El equipo docente responsable de esta guía aplicará las adaptaciones aprobadas por la Unidad de Inclusión y Atención a la Diversidad, tras su notificación al Centro y a la coordinación del curso.

PROCEDIMIENTO DE EVALUACIÓN

Sistemas de evaluación:

Realización de trabajos/ensayos Sí

Resolución de problemas Sí

Asistencia y participación en clase Sí

Realización de actividades prácticas Sí

Otros

- Alta y acceso al aula virtual
- Participación en herramientas de comunicación (foros de debate, correos)
- Entrega de actividades en aula virtual

Criterios:

Criterios

Con los criterios de evaluación descritos a continuación se evalúan los Resultados del proceso de formación y aprendizaje CC04, HD03 y HD05.

Convocatoria ordinaria:

Constará de actividades teóricas y resolución de casos prácticos y problemas que representará del 100% de la calificación final. Las actividades propuestas estarán centradas en la utilización de distintas herramientas bioinformáticas con la que los alumnos tendrán oportunidad de realizar análisis de algunos de los procesos biológicos de importancia clave en la biotecnología.

Convocatoria extraordinaria:

Constará de actividades teóricas y resolución de casos prácticos y problemas que representará del 100% de la calificación final. Las actividades propuestas estarán centradas en la utilización de distintas herramientas bioinformáticas con la que los alumnos tendrán oportunidad de realizar análisis de algunos de los procesos biológicos de importancia clave en la biotecnología.

Evaluación única final:

Está regulada en el Reglamento de Evaluación del Estudiante, a la que podrán acogerse aquellos estudiantes que cumplan los supuestos que se establecen en la normativa. Se llevará a cabo mediante la entrega de los cuestionarios obligatorios y de la realización de los informes de actividades prácticas y problemas, en las fechas que se indiquen para el resto de alumnos, tanto en las convocatorias ordinarias como extraordinarias. Para otras fechas, deberán realizar la solicitud formal según el REGLAMENTO DE EVALUACIÓN DEL ESTUDIANTE DE LA UNIVERSIDAD DE ALMERÍA.

Plan de contingencia:

Se mantendrá lo indicado en el apartado de formación. En los casos en los que las autoridades sanitarias aconsejen y/o acuerden la no presencialidad de las pruebas de evaluación en las convocatorias ordinaria y/o extraordinaria, las pruebas se realizará a través la plataforma virtual.

RECURSOS

Bibliografía básica.

- Andreas D. Baxevanis, Gary D. Bader, David S. Wishart. Bioinformatics,. Wiley. 4. 2020.
- Arthur M Lesk. Introduction to Bioinformatics. Oxford University Press. 5. 2019.
- Jonathan Pevsner. Bioinformatics and Functional Genomics. Wiley. 3. 2015.
- P Lemey, M Salemi, AM Vandamme. The Phylogenetic Handbook. Cambridge University Press. 2. 2009.
- Vince Buffalo. Bioinformatics Data Skills. O'Reilly. 1. 2015.

Bibliografía complementaria.

Dan MacLean. R Bioinformatics Cookbook. Packt Publishing. 1. 2019.

James Tindall. Beginning Perl for Bioinformatics. O'Reilly. 1. 2001.

Tiago Antao. Bioinformatics with Python Cookbook. Packt Publishing. 2. 2018.

Otros recursos.