



Algoritmos bioinformática

Máster Universitario en
Bioinformática
Curso 2024/2025



UNIVERSIDAD
NEBRIJA

GUÍA DOCENTE

Asignatura: Algoritmos bioinformática

Titulación: Máster Universitario en Bioinformática

Carácter: Obligatoria

Idioma: Castellano

Modalidad: Presencial

Créditos: 4

Curso: 1º

Semestre: 2º

Profesores/Equipo Docente:

1. COMPETENCIAS Y RESULTADOS DE APRENDIZAJE

1.1. Conocimientos o contenidos (Knowledge)

K2. Comprender los conceptos clave de las estructuras de datos masivos necesarios en biología y los algoritmos necesarios para trabajar con ellas

K5. Conocer las principales infraestructuras de computación relacionadas con el trabajo con datos médicos.

K7. Conocer cómo se comportan las entidades biológicas, entendiéndolas como sistemas simplificados y modelables

1.2. Habilidades o destrezas (Skills)

H2. Resolver problemas de bioinformática, aplicando métodos estadísticos y computacionales, relacionados con la investigación médica.

H3. Realizar diseños conceptuales para aplicaciones de bioinformática, trabajando en un equipo interdisciplinar.

H4. Generar modelos computacionales que permitan predecir el comportamiento de entidades biológicas (células, proteínas, aminoácidos, etc.) a ordenador, para optimizar los recursos necesarios en investigación.

H5. Analizar y plantear soluciones a problemas dados a través del análisis y representación de datos en el ámbito de la medicina.

1.3. Competencias (Competences)

C1. Aplicar los conocimientos obtenidos de biología, informática, matemáticas, física y estadística para comprender las principales problemáticas que se presentan en la bioinformática.

C2. Analizar y resolver problemas biológicos y biomédicos con el soporte de herramientas computacionales, en el ámbito de la investigación biomédica básica y traslacional.

C3. Explotar tecnologías avanzadas de aprendizaje automático y minería de textos para obtener información y analizar datos mediante inteligencia artificial.

C4. Emplear técnicas computacionales para procesado, almacenamiento y manejo de datos masivos, principalmente generados por las tecnologías "ómicas" de alto rendimiento en biología y biomedicina.

C5. Diseñar, implementar y evaluar modelos computacionales de estructuras biológicas (aminoácidos, nucleótidos, etc.) para predecir sus comportamientos (*estructuras, funciones, y dinámica*) *in silico*. C2,

2. CONTENIDOS

2.1. Requisitos previos

Ninguno.

2.2. Descripción de los contenidos

- Introducción a la biología sintética
- Circuitos biológicos y redes de regulación
- Bioconductor: open source sw.

2.3. Actividades formativas

Modalidad presencial:

ACTIVIDAD FORMATIVA	HORAS	PORCENTAJE DE PRESENCIALIDAD
AF1 Lección magistral, con estudio y resolución de casos y problemas	28	100% = 28
AF4 Estudio individual y trabajo autónomo	58	0%
AF6 Resolución de casos prácticos	12	100% = 12
AF7 Evaluación	2	100% = 2
NÚMERO TOTAL DE HORAS	100	

3. METODOLOGÍA DOCENTES

El profesorado podrá elegir entre una o varias de las siguientes metodologías detalladas en la memoria verificada del título.

Código	METODOLOGÍAS DOCENTES	Descripción
MD1	Metodología clásica	Lecciones magistrales participativas en las que se trabajará el contenido de la asignatura a través de la exposición docente apoyada en presentaciones, vídeos, etc. y actividades de análisis, reflexión, debates, etc.
MD2	Aprendizaje basado en Proyectos/Problemas	El alumnado trabajará en la resolución de problemas planteados por el docente en relación con la asignatura a través de la investigación y planificación, planteando soluciones basadas en sus conocimientos y destrezas adquiridas.
MD3	Aprendizaje cooperativo	El alumnado, organizado en equipos de tamaño reducido, desarrollará tareas o proyectos con una meta común, cuidando la interdependencia y responsabilidad individual, estableciendo roles para la organización del trabajo y normas para la resolución de los conflictos que puedan surgir.

4. SISTEMA DE EVALUACIÓN

4.1. Sistema de calificaciones

El sistema de calificaciones finales se expresará numéricamente del siguiente modo:

- 0 - 4,9 Suspenso (SS)
- 5,0 - 6,9 Aprobado (AP)
- 7,0 - 8,9 Notable (NT)
- 9,0 - 10 Sobresaliente (SB)

La mención de "matrícula de honor" podrá ser otorgada a alumnos que hayan obtenido una calificación igual o superior a 9,0. Su número no podrá exceder del cinco por ciento de los alumnos matriculados en la materia en el correspondiente curso académico, salvo que el número de alumnos matriculados sea inferior a 20, en cuyo caso se podrá conceder una sola "Matrícula de Honor".

4.2. Criterios de evaluación

Convocatoria ordinaria

Sistema de evaluación	Ponderación
Participación	5%-10%
Trabajos y proyectos	20%-25%
Examen parcial	10%-20%
Examen final	50%-60%

Convocatoria extraordinaria

Sistema de evaluación	Ponderación
Trabajos y proyectos	10%-20%
Examen final	80%-90%

5. BIBLIOGRAFÍA

Bibliografía básica

- Algoritmos de Bioinformática: técnicas y aplicaciones. Ion Mandoiu , Alexander Zelikovsky. ISBN: 978-0-470-09773-1. Wilney series in Bioinformatics. 2008.
- An introduction to Algorithms. Thomas H. Cormen, Charles E. Leiserson, Ronald L. Rivest, Clifford Stein. The MIT Press, Cambridge, Massachusetts London, England. 2009.
- An introduction to Bioinformatics Algorithms. N.C. Jones, D.A. Pevzner. The MIT Press, Cambridge, 2004.

Bibliografía recomendada

- Garret Grolemond. Hands-On Programming With R. O'Reilly Media, Inc. 2016

- Michael J. Crawley. *Statistics: An Introduction using R*. Wiley. 2005.
- Torsten Hothorn and Brian S. Everitt. *A Handbook of Statistical Analyses Using R*. Chapman and Hall. 2009.
- Norman Matloff. *The Art of R Programming*. No Starch Press. 2011
- Mark Ptashne, Alexander Gann. *Genes and Signals*. Memorial Sloan-Kettering Cancer Center. Cold Spring Harbor Laboratory (2001) ISBN 978-087969633-7
- Uri Alon. *An Introduction to Systems Biology: Design Principles of Biological Circuits*, Second Edition. Chapman & Hall/CRC Mathematical & Computational Biology. (2007)
- Harari O, Park SY, Huang H, Groisman EA, Zwir I. Defining the plasticity of transcription factor binding sites by Deconstructing DNA consensus sequences: the PhoP-binding sites among gamma/enterobacteria. *PLoS Comput Biol*. 2010 Jul 22;6(7):e1000862. doi: 10.1371/journal.pcbi.1000862.
- Zwir I, Shin D, Kato A, Nishino K, Latifi T, Solomon F, Hare JM, Huang H, Groisman EA. Dissecting the PhoP regulatory network of *Escherichia coli* and *Salmonella enterica*. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2005 Feb 22;102(8):2862-7. Epub 2005 Feb 9.
- De Smet R1, Marchal K. Advantages and limitations of current network inference methods. *Nat Rev Microbiol*. 2010 Oct;8(10):717-29. doi: 10.1038/nrmicro2419. Epub 2010 Aug 31.

6. DATOS DEL PROFESOR

Puede consultar el correo electrónico de los profesores y el perfil académico y profesional del equipo docente, en <https://www.nebrija.com/programas-postgrado/master/bioinformatica/>