

## Guía Docente: Bioinformática aplicada

DATOS GENERALES	
<b>Facultad</b>	Facultad de Ciencias de la Salud
<b>Título Propio</b>	Especialista Universitario en Nutrigenómica
<b>Créditos ECTS</b>	3
<b>Carácter</b>	Obligatoria
<b>Curso</b>	Primero
<b>Período de impartición</b>	Segundo Trimestre
<b>Lengua en la que se imparte</b>	Castellano
<b>Prerrequisitos</b>	No se precisa
<b>Destinatarios</b>	Diplomados o graduados en Nutrición Humana y Dietética (NHyD), Enfermería y otros posibles estudios afines. Licenciados o graduados en Biología, Bioquímica, Biotecnología, Ciencia y Tecnología de los Alimentos (CyTA), Farmacia, Medicina, Ciencias de la Actividad Física y del Deporte (CAFD), y otros posibles estudios afines.

DATOS DEL PROFESORADO			
<b>Profesor</b>	Pedro Manuel Martínez García	<b>Correo electrónico</b>	pedromanuel.martinez@ui1.es
<b>Área</b>		<b>Facultad</b>	Facultad de Ciencias de la Salud
<b>Perfil Profesional 2.0</b>	<a href="#">LinkedIn</a> <a href="#">Twitter</a>		

## CONTEXTUALIZACIÓN Y JUSTIFICACIÓN DE LA ASIGNATURA

<p><b>Materias/ Asignaturas del Título Propio</b></p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Compuestos bioactivos y funcionales.</li> <li>• Nutrición Deportiva. (Itinerario Deportiva)</li> <li>• Nutrición Clínica. (Itinerario Clínica)</li> <li>• Genética molecular aplicada al rendimiento deportivo. (Itinerario Deportiva)</li> <li>• Genética molecular aplicada a la práctica clínica. (Itinerario Clínica)</li> <li>• Bioinformática aplicada</li> <li>• Nutrigenética y nutrigenómica deportiva.(Itinerario Deportiva)</li> <li>• Nutrigenética y nutrigenómica clínica. (Itinerario Clínica)</li> <li>• Asesoramiento genómico.</li> </ul>
<p><b>Contextualización del Título Propio y perfil profesional</b></p>	<p>En los últimos años se ha desarrollado el estudio de la interrelación entre genes, dieta y salud/enfermedad, desarrollando el reciente campo de la genómica nutricional o lo que se ha dado en llamar nutrigenómica y nutrigenética.</p> <p>Ambas tienen como objetivo alcanzar una mayor comprensión de los mecanismos moleculares que tienen lugar en nuestra maquinaria celular cuando nos alimentamos, e integrar así la realidad biológica de nuestra individualidad.</p> <p>Esta nueva disciplina científica hace confluir la nutrición y la genética, investigando cómo las distintas variaciones genéticas individuales participan en la compleja interacción entre la sensibilidad a los nutrientes y los estados de salud y enfermedad, aplicada al ámbito deportivo.</p> <p>El perfil académico e investigador de este título ofrecerá una formación de profesionales capaces de desenvolverse con soltura en un entorno de investigación, que incluirá el conocimiento y la aplicación de las tecnologías genómicas, así como la aplicación de los conceptos de Nutrición Personalizada aplicada al ámbito deportivo y basada en los análisis genómicos. Esta formación permitirá que los alumnos adquieran todos los conocimientos y las habilidades necesarias para aumentar el rendimiento deportivo a través de la nutrigenómica.</p>

## COMPETENCIAS QUE ADQUIERE EL ESTUDIANTE Y RESULTADOS DE APRENDIZAJE

<p><b>Competencias de la asignatura</b></p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Que los estudiantes sepan aplicar los conocimientos adquiridos y su capacidad de resolución de problemas en entornos nuevos o poco conocidos dentro de contextos más amplios (o multidisciplinares) relacionados con su área de estudio.</li> <li>• Que los estudiantes sean capaces de integrar conocimientos y enfrentarse a la complejidad de formular juicios a partir de una información que, siendo incompleta o limitada, incluya reflexiones sobre las responsabilidades sociales y éticas vinculadas a la aplicación de sus conocimientos y juicios.</li> <li>• Que los estudiantes sepan comunicar sus conclusiones (y los conocimientos y razones últimas que las sustentan) a públicos especializados y no especializados de un modo claro y sin ambigüedades.</li> <li>• 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.</li> <li>• Saber incorporar los avances científicos al propio campo profesional.</li> <li>• Capacidad para formular hipótesis y diseñar los estudios idóneos para su verificación.</li> <li>• Habilidad para analizar datos y extraer conclusiones de los resultados de investigación.</li> <li>• Capacidad para difundir el conocimiento en presentaciones orales y escritas.</li> <li>• Entender, saber leer y poder hacer análisis crítico de textos científicos y saber comunicarlo de manera clara y eficaz.</li> <li>• Aprender a utilizar herramientas informáticas para la búsqueda de información científica.</li> <li>• Identificar bases de datos biológicas fiables y ser capaz de extraer de ellas información genómica relevante.</li> <li>• Utilizar herramientas software especializadas para el tratamiento de datos provenientes de experimentos de secuenciación masiva de ADN.</li> <li>• Comprender y saber utilizar los distintos formatos de almacenamiento de datos de secuenciación masiva e integrarlos en análisis genómicos exploratorios y comparativos.</li> </ul>
<p><b>Resultados de aprendizaje de la asignatura</b></p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Conocer las características de los tipos de datos genómicos más relevantes en el ámbito científico.</li> <li>• Saber acceder a bases de datos biológicas fiables.</li> <li>• Comprender y realizar análisis de calidad y mapeo de muestras de secuenciación masiva de ADN utilizando las herramientas apropiadas.</li> </ul>

## PROGRAMACION DE CONTENIDOS

<b>Breve descripción de los contenidos</b>	<p>Esta asignatura tiene por objeto instruir al alumnado en la adquisición, procesado y análisis de datos de secuenciación masiva, con especial énfasis en el ámbito de la nutrigenómica. Los contenidos que se imparten se relacionan con otras materias de la titulación como Genética Molecular Aplicada, así como Nutrigenética y Nutrigenómica Deportiva.</p>
<b>Programación de contenidos</b>	<ol style="list-style-type: none"> <li>1. Bioinformática y secuenciación masiva <ul style="list-style-type: none"> <li>• Introducción a la Bioinformática.</li> <li>• Técnicas de secuenciación masiva de ADN.</li> <li>• Bases de datos biológicas.</li> <li>• Formatos de almacenamiento de secuencias no alineadas.</li> </ul> </li>   <li>2. Control de calidad y mapeo <ul style="list-style-type: none"> <li>• Visualización y análisis de calidad de lecturas.</li> <li>• Filtrado de archivos FASTQ.</li> <li>• Tipos de alineamiento.</li> <li>• Formatos de lecturas mapeadas.</li> <li>• Formatos de conteo y anotación.</li> <li>• Visualización de datos genómicos.</li> </ul> </li>   <li>3. Operaciones con muestras mapeadas <ul style="list-style-type: none"> <li>• Análisis de la expresión génica.</li> <li>• Identificación de regiones enriquecidas en lecturas (peak calling).</li> <li>• Análisis funcional.</li> </ul> </li> </ol>

## METODOLOGÍA

<b>Actividades formativas</b>	<p>El aula virtual, respondiendo a las necesidades formativas de los futuros profesionales, se centra en la participación activa del alumnado dentro de una comunidad virtual donde se promueve la construcción compartida de conocimiento guiada por un profesional de la materia. En cada unidad habrá enlaces a notas que amplíen los conocimientos plasmados en el texto en desarrollo, además de actividades de autoevaluación, que ayuden al estudiante en su proceso de adquisición de conocimientos y competencias a través de múltiples actividades formativas.</p> <p>Las actividades evaluables desarrolladas en cada unidad serán heterogéneas, se adaptarán a las temáticas que se estén trabajando en cada momento y se mantendrán actualizadas con las últimas aportaciones sobre el tema en desarrollo.</p>
-------------------------------	---

## EVALUACIÓN

<b>Sistema evaluativo</b>	<p>Se propondrá un cuestionario evaluable por cada unidad, y para finalizar la asignatura se realizará un trabajo, de carácter obligatorio, que abarcará todos los principales aspectos de la misma.</p> <p>Ambos módulos han de calificar, al menos, con un 4 sobre 10 para promediar. Para superar la asignatura la media ponderada debe alcanzar, al menos, un 5 sobre 10.</p> <p>Se propondrán actividades de recuperación para las asignaturas suspensas.</p>
---------------------------	--

## BIBLIOGRAFÍA Y OTROS RECURSOS

<b>Bibliografía básica</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Durbin, R., Eddy, S., Krogh, A. y Mitchison, G. (1998). <i>Biological Sequence Analysis: Probabilistic Models of Proteins and Nucleic Acids</i>. Cambridge University Press, 356 pp. doi: 10.1017/CBO9780511790492.</li> <li>• Rodríguez-Ezpeleta, N., Hackenberg, M., Aransay, A.M. (2012). <i>Bioinformatics for High Throughput Sequencing</i>. Springer, New York.</li> </ul>
<b>Bibliografía complementaria</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Alberts, B., Johnson, A., Lewis, J., Raff, M., Roberts, K. y Walter, P. (2008). <i>Molecular biology of the cell</i>, 5th edition. Biochemistry and Molecular Biology Education. doi: 10.1002/bmb.20192.</li> <li>• Diniz WJ y Canduri F. (2017). <i>Bioinformatics: an overview and its applications</i>.</li> <li>• Heather, J.M. y Chain, B. (2016). The sequence of sequencers: The history of sequencing DNA. <i>Genomics</i>, 107(1): 1-8. doi: 10.1016/j.ygeno.2015.11.003.</li> <li>• Luscombe NM, Greenbaum D y Gerstein M. (2001). What is bioinformatics? An introduction and overview.</li> <li>• Zhang, H. (2016). Overview of Sequence Data Formats. <i>Methods in Molecular Biology</i>, 418:3-17. doi: 10.1007/978-1-4939-3578-9_1.</li> <li>• Zou, D., Ma, L., Yu, J. y Zhang, Z. (2015). Biological databases for human research. <i>Genomics Proteomics Bioinformatics</i>, 13(1): 55–63. doi: 10.1016/j.gpb.2015.01.006.</li> </ul>
<b>Otros recursos</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Formatos de secuencias biológicas: <a href="https://www.genomatix.de/online_help/help/sequence_formats.htm">https://www.genomatix.de/online_help/help/sequence_formats.htm</a></li> <li>• BLAST (servidor del NCBI): <a href="https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi">https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi</a></li> <li>• Software de mapeo Bowtie: <a href="http://bowtie-bio.sourceforge.net/index.shtml">http://bowtie-bio.sourceforge.net/index.shtml</a></li> <li>• Software de mapeo BWA: <a href="http://bio-bwa.sourceforge.net/">http://bio-bwa.sourceforge.net/</a></li> <li>• Base de datos GenBank: <a href="https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/">https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/</a></li> <li>• Consorcio ENCODE: <a href="https://encodeproject.org">https://encodeproject.org</a></li> <li>• Base de datos GEO (<i>Gene Expression Omnibus</i>): <a href="https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/">https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/</a></li> <li>• Base de datos JASPAR: <a href="http://jaspar.genereg.net/">http://jaspar.genereg.net/</a></li> <li>• Base de datos UniProt: <a href="https://www.uniprot.org/">https://www.uniprot.org/</a></li> <li>• Plataforma Galaxy: <a href="https://usegalaxy.org/">https://usegalaxy.org/</a></li> </ul>

### COMENTARIOS ADICIONALES

Se recomienda seguir de forma continuada el desarrollo de la materia, entrando de manera regular en la plataforma, consultando las notas y las actividades desarrolladas en cada unidad y la bibliografía recomendada.