



PRESENTACIÓN

Breve descripción:

La gran cantidad y complejidad de datos generados en los estudios biomédicos actuales requieren de métodos computacionales específicos para poder extraer conclusiones y formular nuevas hipótesis. La bioinformática nos proporciona estos métodos computacionales, incluyendo herramientas para interpretar, procesar, analizar y mostrar los datos.

Aunque la bioinformática es una ciencia computacional, aglutina múltiples disciplinas, como la biología, la matemática, la estadística, la programación, y no menos importante, la artística. Como más complejos sean nuestros datos, mayor será el reto de análisis y la aproximación multidisciplinaria indispensable.

Por este motivo, aquellos investigadores que tengan nociones de las herramientas bioinformáticas, de los procesos básicos de análisis y de los tipos de datos y resultados que podemos obtener con las tecnologías de secuenciación multiplican sus capacidades para exprimir los datos generados y obtener información de calidad.

A lo largo del curso generaremos puentes entre los investigadores y la bioinformática, proporcionándoles el lenguaje pertinente para poder explorar e interpretar los datos de forma crítica, así como ampliar su imaginario artístico para mostrar sus resultados.

- **Titulación:** Máster en Investigación Biomédica (MInvB)
- **Módulo/Materia:** Módulo III - Formación Complementaria
- **ECTS:** 3 ECTS
- **Curso, semestre:** 1er semestre
- **Carácter:** Optativa
- **Profesorado:** Núria Planell Picola
- **Idioma:** Castellano
- **Aula, Horario:** [Calendario del Máster](#)

COMPETENCIAS

• Competencias Básicas:

CB6 - Poseer y comprender conocimientos que aporten una base u oportunidad de ser originales en el desarrollo y/o aplicación de ideas, a menudo en un contexto de investigación

CB7 - 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

CB10 - 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.



Universidad de Navarra

• Competencias Generales:

CG3 - Poseer la capacidad creativa y la originalidad para poder dar respuesta a las preguntas que plantea la investigación biomédica

CG4 - Saber seleccionar y utilizar las técnicas adecuadas para desarrollar de manera eficaz y precisa un trabajo de investigación en biomedicina.

CG5 - Tener capacidad técnica para obtener resultados precisos y reproducibles a partir de los cuales se puedan sacar conclusiones válidas y objetivas en el área de biomedicina.

CG6 - Poseer capacidad crítica, tanto en la lectura de la literatura científica biomédica, como en la interpretación de los resultados experimentales.

• Competencias Específicas:

CE2 - Conocer las herramientas y técnicas de expresión oral y escrita propias del lenguaje científico en biomedicina para ser capaz de aplicarlas a lo largo del desarrollo del Máster.

• Competencias Específicas de la especialidad:

CEE1 - Comprender la conexión que existe entre distintas áreas de conocimiento que permita abrir horizontes a la hora de abordar con creatividad un proyecto de investigación biomédica.

CEE2 - Profundizar en aspectos concretos que permitan ampliar los conocimientos adquiridos en la especialidad.

CEE3 - Adquirir fundamentos técnicos específicos para comprender la literatura científica y/o para la realización del proyecto de investigación.

PROGRAMA

1- Introducción a la Bioinformática (4h)

- Definición de bioinformática y su importancia en la investigación biomédica.
- Introducción a las bases de datos biológicas.
- Herramientas para el análisis bioinformático.

2- Introducción al lenguaje de programación en R (12h)

- Introducción a R
- Clases y Objetos en R
- Funciones
- Bucles
- Importación y exportación de datos
- Gráficos en R
- Estadística básica en R
- Prácticas de iniciación a R

3- Introducción al análisis de datos de alto rendimiento (10h)

- Introducción a las tecnologías ómicas
- Flujo de análisis de datos procedentes de secuenciación masiva
- Introducción a los análisis de expresión (transcriptómica)
- Introducción al análisis funcional de datos biológicos



- Introducción a la integración de datos ómicos

ACTIVIDADES FORMATIVAS

Actividades presenciales (28h)

- Clases teórico-prácticas de bioinformática (26h).
- Evaluación final (2h)

Actividades no presenciales (47h)

- Estudio, ejercicios prácticos y trabajos personales.

EVALUACIÓN

La evaluación de la asignatura se realizará teniendo en cuenta los siguientes criterios:

CONVOCATORIA ORDINARIA

- Asistencia, participación y resolución de problemas: 20%
- Trabajos prácticos: 50%
- Examen que incluye contenidos teóricos y prácticos: 30%

CONVOCATORIA EXTRAORDINARIA

- En caso de no aprobar se realizará un examen con el temario completo.

HORARIOS DE ATENCIÓN

Dra. Núria Planell Picola (nplanellpic@unav.es)

- Horario de tutoría:
 - Sin horario definido. Enviar email para concretar cita.

BIBLIOGRAFÍA

Bibliografía general:

- Zoltán N. Oltvai, Albert-László Barabási, **Life's Complexity Pyramid**. Science 298, 763-764(2002). DOI:[10.1126/science.1078563](https://doi.org/10.1126/science.1078563)
- Martin, J. A., & Wang, Z. (2011). **Next-generation transcriptome assembly**. Nature Reviews Genetics, 12(10), 671-682. [Localízalo](#)
- Giorgi, F. M., Ceraolo, C., & Mercatelli, D. (2022). **The R language: an engine for bioinformatics and data science**. Life, 12(5), 648. [Localízalo](#)
- Conesa, A., Madrigal, P., Tarazona, S. et al. **A survey of best practices for RNA-seq data analysis**. Genome Biol 17, 13 (2016). <https://doi.org/10.1186/s13059-016-0881-8>
- Shortliffe, E. H., Shortliffe, E. H., Cimino, J. J., & Cimino, J. J. (2014). **Biomedical informatics: computer applications in health care and biomedicine**. Springer. (LIBRO) [Localízalo en la Biblioteca](#)
- Selzer, P. M., Marhöfer, R. J., & Rohwer, A. (Eds.). (2008). **Applied bioinformatics: an introduction**. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg. (LIBRO) [Localízalo en la Biblioteca](#)

Material para el aprendizaje de R/Bioconductor:



Universidad de Navarra

- N. Venables, D. M. Smith and the R CoreTeam. An N. Venables, D. M. Smith and the R CoreTeam. **An Introduction to R**. (Notes on R: A Programming Environment for DataAnalysis and Graphics). (<https://cran.r-project.org/doc/manuals/R-intro.pdf>) (MANUAL GRATUITO) [Localízalo en la Biblioteca](#)
- Dalgaard, Peter. **Statics and Computing Introductory Statistics with R**. Springer, 2008. (LIBRO)
- Gentleman, R., Carey, V., Huber, W., Irizarry, R., Dudoit, S. (Eds.) **Bioinformatics and Computational Biology Solutions Using R and Bioconductor** (Springer) 2005. (LIBRO) [Localízalo en la Biblioteca](#)

Páginas web:

- The Comprehensive R Archive Network (<https://cran.r-project.org/>)
- Bioconductor: Open source for bioinformatics (<https://www.bioconductor.org/>)
- RStudio (<https://education.rstudio.com/learn/beginner/>)
- R Graph Gallery (<https://r-graph-gallery.com/>)
- Shiny (<https://shiny.posit.co/>)
- Gene Expression Omnibus (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/>)
- National Center for Biotechnology Information (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)
- EMBL's European Bioinformatics Institute (<https://www.ebi.ac.uk/>)
- University of California Santa Cruz (<https://genome.ucsc.edu/>)
- Seurat (<https://satijalab.org/seurat/>)