Universidad de Navarra

Bioinformática. (MinvB)
Guía docente 2026-27

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 nueva hipótesis. La bioinformática nos proporciona éstos métodos computacionales, incluyendo herramientas para interpretar, procesar, analizar y mostrar los datos.

Aunque la bioinformática es una ciencia computacional, aglutina múltiples disciplinas, cómo la biología, la matemática, la estadística, la programación, y no menos importante, la artística. Cómo más complejos sean nuestros datos, mayor será el reto de análisis y la aproximación multidisciplinar 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**: Marta Pozuelo del Río (Responsable) y Carlos Ruiz Arenas
- **Idioma**: Castellano
- **Aula, Horario**: Aula 1, horario especificado en el calendario del máster

RESULTADOS DE APRENDIZAJE (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.

- **Competencias Generales:**

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

Universidad de Navarra

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 (2h)

- Breve historia de la bioinformática.
- Definición de bioinformática y su importancia en la investigación biomédica.
- Complejidades y buenas prácticas en bioinformática.

2- Programación en R para bioinformáticos (14h)

- Conceptos básicos: clases, objetos, funciones y bucles.
- Importación y exportación de datos.
- Visualización en R (ggplot).
- Redacción de informes con RMarkdown.
- Creación de aplicaciones web interactivas en R (Shiny).
- Prácticas de programación en R.

3- Introducción al análisis de datos de alto rendimiento (12h)

- Introducción a las tecnologías ómicas y los repositorios de datos.
- Flujo de análisis de datos procedentes de secuenciación masiva.
- Introducción a los análisis de expresión (transcriptomica).
- Introducción al análisis funcional de datos biológicos.
- Introducción al análisis de datos de célula única (single-cell sequencing).

ACTIVIDADES FORMATIVAS

Actividades presenciales (30h)

- Clases teórico-prácticas de bioinformática (28h).
- Evaluación final (2h)

Actividades no presenciales (45h)

- Estudio, ejercicios prácticos y trabajos personales.

Universidad de Navarra

EVALUACIÓN

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

CONVOCATORIA ORDINARIA

- Resolución de problemas y tests: 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. Marta Pozuelo del Río (mpozuelor@unav.es)

Dr. Carlos Ruiz Arenas (cruizarenas@unav.es)

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

BIBLIOGRAFÍA

Bibliografía general:

- Zoltán N. Oltvai, Albert-László Barabási, **Life's Complexity Pyramid**.Science298, 763-764 (2002). DOI: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 Biol17, 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
- Rougier, N. P., Droettboom, M., & Bourne, P. E. (2014). **Ten simple rules for better figures**. PLoS computational biology, 10(9), e1003833.
- Schnell, S. (2015). **Ten simple rules for a computational biologist's laboratory notebook**. PLoS computational biology, 11(9), e1004385.

Material para el aprendizaje de R/Bioconductor:

- 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

Universidad de Navarra

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/)