



PRESENTACIÓN

Breve descripción:

La gran cantidad y la complejidad de los datos generados en los estudios biomédicos actuales requieren métodos computacionales específicos para 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. 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 explorar e interpretar los datos de forma crítica, así como ampliar su imaginario artístico para mostrar sus resultados.

- **Titulación:** Máster en Investigación Biomédica
- **Módulo/Materia:** Módulo III – Formación complementaria
- **ECTS:** 3 ECTS
- **Curso, semestre:** 2026/27, 1er semestre
- **Carácter:** Optativa
- **Profesorado:** Núria Planell
- **Idioma:** Castellano
- **Aula, Horario:** Aula 31, horario especificado en el calendario del máster

RESULTADOS DE APRENDIZAJE (Competencias)

• Resultados de Aprendizaje generales:

RA2 - 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.

RA4 - 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.

RA5 - 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.



RA7 - Identificar una cuestión o hipótesis significativa sobre un tema o problema biomédico y plantear los pasos que habría que dar para resolver dicha cuestión.

RA8 - Poseer la capacidad creativa y la originalidad para poder dar respuesta a las preguntas que plantea la investigación biomédica.

RA9 - Saber seleccionar y utilizar las técnicas adecuadas para desarrollar de manera eficaz y precisa un trabajo de investigación en biomedicina.

RA10 - 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.

RA11 - Poseer capacidad crítica, tanto en la lectura de la literatura científica biomédica, como en la interpretación de los resultados experimentales.

- **Resultados de Aprendizaje específicos:**

RAO30 - Manejar herramientas avanzadas de estadística y análisis computacional aplicadas a la biomedicina.

RAO31 - Aplicar métodos bioinformáticos al análisis de datos ómicos y moleculares, integrando diferentes fuentes de datos biológicos mediante herramientas estadísticas y computacionales, para ser capaz de gestionar, analizar e interpretar grandes volúmenes de información biomédica de manera rigurosa y reproducible.

PROGRAMA

1- Introducción a la Bioinformática (2h)

Sesión 1 (Núria Planell, AF1 – 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)

Sesión 2 (Núria Planell, AF1 – 2h):

- Introducción al entorno R.
- Conceptos básicos: asignación de variables y vectores.

Sesión 3 (Núria Planell, AF1 – 2h):

- Conceptos básicos: matrices y data frames.

Sesión 4 (Núria Planell, AF1 – 2h):

- Conceptos básicos de programación: introducción al bucle FOR.

Sesión 5 (Núria Planell, AF1 – 2h):

- Conceptos básicos de programación: bucles y condiciones (FOR e IF)

Sesión 6 (Núria Planell, AF3 – 4h):

- Práctica de programación en R.

Sesión 7 (Núria Planell, AF1 – 2h):



- Visualización en R (ggplot2).

3- Introducción al análisis de datos de secuenciación (14h)

Sesión 8 (Núria Planell, AF1 – 2h):

- Introducción a las tecnologías de secuenciación (NGS).
- Flujo de análisis de datos procedentes de secuenciación masiva:
 - del fichero FASTQ a la matriz de cuentas.

Sesión 9 (Núria Planell, AF1 – 2h):

- Repositorios de datos de secuenciación.
- Introducción al análisis de RNA-seq: de GEO a R (GEOquery).

Sesión 10 (Núria Planell, AF1 – 2h):

- Introducción al análisis de RNA-seq: Análisis exploratorio de los datos y normalización.

Sesión 11 (Núria Planell, AF1 – 2h):

- Introducción al análisis de RNA-seq: Análisis de expresión diferencial.

Sesión 12 (Núria Planell, AF1 – 2h):

- Introducción al análisis funcional de datos biológicos.

Sesión 13 (Núria Planell, AF1 – 2h):

- Discusión del flujo de análisis de datos de RNA-seq.

Sesión 14 (Núria Planell, AF1 – 2h):

- Introducción al análisis de datos de célula única (single-cell sequencing).

ACTIVIDADES FORMATIVAS

AF1 - Clases teóricas: 26h

AF4 - Clases prácticas presenciales: 4h

AF5 - Trabajo autónomo del alumno/a: 40h

AF7 – Evaluación: 2h

EVALUACIÓN

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

CONVOCATORIA ORDINARIA

- Evaluación continua (test, tareas puntuales para consolidar los conceptos dados en clase): 20%
- Examen (prueba escrita con una parte tipo test y una de desarrollar): 40%
- Presentación de un trabajo escrito y/o oral: 40%

CONVOCATORIA EXTRAORDINARIA

En la convocatoria extraordinaria, se conservará la calificación de las partes aprobadas (examen o trabajo), permitiendo al alumno recuperar solo la actividad suspensa. En



situaciones donde ambas partes estén aprobadas pero la media sea insuficiente, se permitirá la repetición de una prueba o la entrega de un trabajo complementario para mejorar la nota de la evaluación continua.

HORARIOS DE ATENCIÓN

Dra. Núria Planell (nplanellpic@unav.es)

- Despacho B.02. Edificio CIMA. Planta Baja.
- Horario de tutoría: Concretar cita previamente vía e-mail.

BIBLIOGRAFÍA Y RECURSOS

Todo el material utilizado en el curso estará a disposición del alumno a través del ADI.

Bibliografía general:

- Zoltán N. Oltvai, Albert-László Barabási, Life's Complexity Pyramid. *Science* 298, 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.
- Giorgi, F. M., Ceraolo, C., & Mercatelli, D. (2022). The R language: an engine for bioinformatics and data science. *Life*, 12(5), 648.
- Conesa, A., Madrigal, P., 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).
- Selzer, P. M., Marhöfer, R. J., & Rohwer, A. (Eds.). (2008). *Applied bioinformatics: an introduction*. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg. (LIBRO).
- 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. . (Notes on R: A Programming An Introduction to R Environment for Data Analysis and Graphics). (<https://cran.r-project.org/doc/manuals/R-intro.pdf>) (MANUAL GRATUITO)
- 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)

Páginas web:

- The Comprehensive R Archive Network (<https://cran.r-project.org/>)
- Bioconductor: Open source for bioinformatics (<https://www.bioconductor.org/>)



Universidad de Navarra

- 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/>)