

FICHA DE ASIGNATURA

Título: Generación y mantenimiento de datos ómicos

Descripción: Esta asignatura nos permite conocer la generación y mantenimiento de bases de datos, el acceso a su información y la capacidad para entenderlas y utilizarlas en el contexto de la bioinformática.

Carácter: Obligatorio

Créditos ECTS: 6

Contextualización: La asignatura Generación y mantenimiento de datos ómicos es la tercera materia del Máster.

Modalidad: Online

Temario: Los contenidos que trataremos en la asignatura son:

- Uso avanzado de bases de datos biológicas.
- Bioética aplicada al análisis de datos.
- Uso avanzado de la Herramienta BLAST (Basic Local Alignment Search Tool): aplicación de las distintas matrices de alineamiento, selección de k-mers, instalación en local, uso de BLAST desde el terminal, uso de BLAST en la nube.
- Formatos y alineamiento de secuencias: uso avanzado de herramientas bioinformáticas para el alineamiento múltiple de secuencias. Uso avanzado mediante terminal (lectura, escritura, búsqueda de elementos, unión, extracción de información) y propiedades de los principales formatos de secuencia (raw, ABI, FASTA, FASTQ (Sanger, Illumina, Solexa), mega, GFF).
- Secuenciadores: elección del método de secuenciación en función del diseño experimental. Limitaciones y resultados esperables. Flujos de trabajo posibles en función del secuenciador. Flujos de trabajo para la secuenciación mediante el uso mixto de secuenciadores.
- Archivo FASTQ: parámetros de calidad y filtrado de secuencias.
- Principales flujos de trabajo en bioinformática: DNaseq, RNAseq, metagenómica, metataxonomía, proteómica, metabolómica.

Competencias:

Competencias específicas

CE11: Analizar los principales formatos de secuencias en la aplicación de datos ómicos.

CE12: Extraer la información necesaria de las principales bases de datos de depósito de información biológica en la resolución de problemas.

CE13: Operar las principales herramientas genómicas disponibles en las bases de datos bioinformáticas.

CE14: Realizar una interpretación crítica de los últimos avances en los conocimientos teóricos y prácticos en la bioinformática.

CE15: Conocer los principales métodos, herramientas y técnicas en la secuenciación genómica, en la valoración de la correcta metodología para cada flujo de trabajo en bioinformática.

CE16: Establecer los distintos parámetros que definen la calidad de las secuencias que se obtienen de los secuenciadores.

Actividades Formativas:

| Actividad Formativa | Horas | Presencialidad |
|--|--------------|-----------------------|
| Clases expositivas | 12 | 0% |
| Clases prácticas (Estudio de casos, resolución de problemas) | 12 | 0% |
| Tutorías | 10 | 0% |
| Trabajo autónomo | 114 | 0% |
| Prueba final | 2 | 100% |

Metodologías docentes:

| Metodologías docentes | |
|------------------------------|---|
| Lección magistral | El profesor expone los contenidos de la asignatura sin intervención del estudiante. |
| Estudio de casos | El profesor facilita al estudiante herramientas para facilitar el aprendizaje activo y que este adquiera las competencias asignadas a la materia. |
| Resolución de problemas | La finalidad de esta metodología es favorecer la consecución de un grado elevado de autonomía intelectual mediante un planteamiento concreto formulado por el profesor. |

Sistema de Evaluación:

| Sistemas de evaluación | Ponderación mínima | Ponderación máxima |
|-------------------------------|---------------------------|---------------------------|
|-------------------------------|---------------------------|---------------------------|

| | | |
|---|----|----|
| Evaluación del portafolio. Estudio de casos | 20 | 50 |
| Evaluación del portafolio. Resolución de problemas | 20 | 50 |
| Prueba Final | 40 | 60 |

Normativa específica: *(En el caso de que haya prerequisites)*

Bibliografía: *Autor. (Año de publicación.) Título en itálicas (edición). Lugar de publicación: Casa publicadora.*

Ejemplo:

- Elgar, R. (1965). Introduction to the double bass (2ª Edición) Lussex: Raymond Elgar