



Guía Didáctica - MASTER

ASIGNATURA: 06MCAN

Título: Bioinformática aplicada a las ciencias avanzadas de la nutrición

Materia: II. Iniciación a la investigación en Ciencias Avanzadas de la Nutrición Humana

Créditos: 6 ECTS

Código: 06MCAN

Curso: 2020-21

Edición: Octubre

Índice

1. Organización general.....	3
1.1. Datos de la asignatura.....	3
1.2. Equipo docente	3
1.3. Introducción a la asignatura.....	4
1.4. Competencias.....	4
1.5. Actividades formativas	5
2. Contenidos/temario	6
3. Evaluación	7
Sistema de evaluación.....	7
Sistema de calificación	8
4. Bibliografía	9

1. Organización general

1.1. Datos de la asignatura

MATERIA	Materia II. Iniciación a la Investigación en Ciencias Avanzadas de la Nutrición Humana
ASIGNATURA	Bioinformática aplicada a las Ciencias Avanzadas de la Nutrición 6 ECTS
Carácter	Obligatorio
Semestre	Segundo
Idioma en que se imparte	Castellano
Requisitos previos	No existen
Dedicación al estudio recomendada por ECTS	25 horas

1.2. Equipo docente

Profesor	Dr. Jordi Tronchoni León <i>(Doctor en Biotecnología)</i> Jordi.tronchoni@campusviu.es
-----------------	---

1.3. Introducción a la asignatura

La bioinformática debe entenderse como una herramienta adicional con una aplicabilidad muy transversal en distintas áreas. El uso de estas tecnologías en nutrición, se realiza en la rama de la nutrición denominada, genética nutricional. La genética nutricional es el estudio de la dieta y los hábitos en la alimentación relacionados con el genoma. Para poder entender y utilizar estas herramientas, es necesario aprender sus bases. Esta asignatura pretende establecer esas bases.

1.4. Competencias

COMPETENCIAS BÁSICAS

CB-6: 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.

CB-7: Que los estudiantes sepan aplicar los conocimientos adquiridos y su capacidad de resolución en entornos nuevos o poco conocidos dentro de contextos más amplios (o multidisciplinares) relacionados con su área de estudio

CB-8: 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.

CB-9: 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.

CB-10: 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 ESPECÍFICAS

CE 6: Analizar mediante herramientas bioinformáticas los datos derivados de las tecnologías ómicas procedentes de un proceso de investigación en Ciencias Avanzadas de la Nutrición Humana.

CE7: Interpretar con un sentido biológico los datos analizados mediante herramientas bioinformáticas procedentes de un proceso de investigación en Ciencias Avanzadas de la Nutrición Humana.

1.5. Actividades formativas

Actividad Formativa	Horas	Presencialidad
Clases expositivas	19	100%
Clases prácticas:	23	100%
Tutorías	15	100%
Trabajo autónomo	90	0%
Prueba de conocimiento	3	100%

2. Contenidos/temario

TEMA 1. INTRODUCCIÓN A LA BIOINFORMÁTICA

- 1.1. Manejo de bases de datos
 - 1.1.1. Bases de datos de secuencias
 - 1.1.2. Bases de datos bibliográficas
 - 1.1.3. Acceso a la información
 - 1.1.4. Ontologías
- 1.2. Alineamientos de secuencias
- 1.3. Alineamientos múltiples
- 1.4. Secuenciación de Sanger
- 1.5. Formatos de ficheros de secuencia
- 1.6. Anotación
- 1.7. Filogenia

TEMA 2. INTRODUCCIÓN A NEXT GENERATION SEQUENCING

- 2.1. Historia de NGS
 - 2.1.1. Sistemas de secuenciación de NGS. Tipos de tecnologías.
- 2.2. ¿Qué es un Read?
 - 2.2.1. Ventajas, desventajas y aplicaciones en función de sus características.
 - 2.2.2. Illumina vs otros sistemas de secuenciación.
- 2.3. Protocolo de análisis de datos. Workflow.
 - 2.3.1. Control de calidad de secuencias
 - 2.3.2. Limpieza de secuencias

TEMA 3. MAPEO BÁSICO. DNASEQ. GENÓMICA COMPARADA.

- 3.1. Aplicaciones.
- 3.2. Flujo de trabajo.
 - 3.2.1. Ensamblaje de secuencias
 - 3.2.2. Mapeado de secuencias
 - 3.2.3. Comparación de secuencias
- 3.3. Análisis de resultados.

TEMA 4. RNASEQ.

- 4.1. Aplicaciones.
- 4.2. Flujo de trabajo.
- 4.3. Análisis de resultados.

TEMA 5. METATAXONÓMICA.

- 5.1. Aplicaciones.
- 5.2. Flujo de trabajo.
- 5.3. Análisis de resultados.
 - 5.3.1. MicrobiomeAnalyst.

3. Evaluación

Sistema de evaluación

El Modelo de Evaluación de estudiantes en la UNIVERSIDAD se sustenta en los principios del Espacio Europeo de Educación Superior (EEES), y está adaptado a la estructura de formación virtual propia de esta Universidad. De este modo, se dirige a la evaluación de competencias.

Es requisito indispensable aprobar el portafolio y la prueba final con un mínimo de 5.0 para ponderar las calificaciones.

Sistema de Evaluación	Ponderación
Portafolio*	60 %
<p>Se desarrolla a lo largo de todo el curso.</p> <p>Los elementos que componen esta evaluación son los trabajos que realizan los estudiantes en el marco de las clases prácticas (estudio de casos, resolución de problemas, revisión bibliográfica, simulación, trabajo cooperativo, diseño de proyectos, etc.).</p>	
Sistema de Evaluación	Ponderación
Prueba final*	40 %
<p>Valoración del nivel de adquisición por parte del estudiante de las competencias asociadas a la asignatura, empleando diversas tipologías de pregunta (preguntas de tipo test, preguntas de desarrollo, preguntas de respuesta breve o cualquier combinación de estas).</p>	

***Es requisito indispensable para superar la asignatura aprobar con una calificación mínima de 5.0 cada uno de los dos apartados (portafolio y prueba final).**

Atendiendo a la Normativa de Evaluación de la Universidad, se tendrá en cuenta que la utilización de **contenido de autoría ajena** al propio estudiante debe ser citada adecuadamente en los trabajos entregados. Los casos de plagio serán sancionados con suspenso (0) de la actividad en la que se detecte. Asimismo, el uso de **medios fraudulentos durante las pruebas de evaluación** implicará un suspenso (0) y podrá implicar la apertura de un expediente disciplinario.

Sistema de calificación

Los criterios de evaluación se definirán de manera específica para cada una de las actividades en el transcurso de la asignatura. De todos modos, sirva como norma general las pautas que se indican a continuación.

Se establecerá una calificación en los siguientes cálculos y términos:

Nivel de Competencia	Calificación Oficial	Etiqueta Oficial
Muy competente	9,0 - 10	Sobresaliente
Competente	7,0 - 8,9	Notable
Aceptable	5,0 - 6,9	Aprobado
Aún no competente	0,0 - 4,9	Suspense

El nivel de competencia en cada una de las actividades realizadas se medirá, en términos generales, en función de la adecuación en el planteamiento de los contenidos generales y contenidos específicos, así como en la 'corrección de la estructura formal y organización del discurso (semántica, sintaxis y léxico). Por último, se valorará la originalidad y creatividad de las intervenciones en las actividades que así lo requieran valorando también la fundamentación bibliográfica de éstas.

4. Bibliografía

1. Bibliografía Básica:

Blanco, G. E. (2013). Genómica computacional. Retrieved from <https://ebookcentral.proquest.com>

Reyes-López, M. Á., Hernández-Mendoza, J. L., & Mayek-Pérez, N. (2010). Fundamentos de la biotecnología genómica. Retrieved from <https://ebookcentral.proquest.com>

Yuste, L. F. J., & Fernando, J. (2016). Manual de prácticas de bioinformática. Retrieved from <https://ebookcentral.proquest.com>

2. Bibliografía Opcional:

Aguado, M. M. T., & Valcárcel, V. (2014). Métodos y técnicas para el estudio de la filogenia. Retrieved from <https://ebookcentral.proquest.com>

Lucas, C. E. A. (2009). Bio - informática (biotecnología). Retrieved from <https://ebookcentral.proquest.com>

Zepeda, G. O. (2009). Bioinformática. Retrieved from <https://ebookcentral.proquest.com>