



Guía Docente

Datos Identificativos					2024/25
Asignatura (*)	Fundamentos de bioinformática	Código	614522008		
Titulación					
Descritores					
Ciclo	Período	Curso	Tipo	Créditos	
Mestrado Oficial	1º cuatrimestre	Primeiro	Obrigatoria	6	
Idioma	CastelánGalegoInglés				
Modalidade docente	Híbrida				
Prerrequisitos					
Departamento	Ciencias da Computación e Tecnoloxías da InformaciónComputaciónFisioterapia, Medicina e Ciencias Biomédicas				
Coordinación	Munteanu , Cristian Robert	Correo electrónico	c.munteanu@udc.es		
Profesorado	Munteanu , Cristian Robert Puente Castro, Alejandro	Correo electrónico	c.munteanu@udc.es a.puentec@udc.es		
Web	udconline.udc.gal				
Descrición xeral	Esta materia impártese en inglés. Expóñense os conceptos sobre os principios básicos da anotación do xenoma, o análise de secuencias, as ferramentas de procesamento de información molecular, as ferramentas para deseño de fármacos e a avaliación da toxicidade, as bases de datos biolóxicas, omics e epixenética, os proxectos Xenoma humano, Varioma e Exposoma, e as aplicacións de bioinformática en la clínica.				

Competencias / Resultados do título

Código	Competencias / Resultados do título
--------	-------------------------------------

Resultados da aprendizaxe

Resultados de aprendizaxe	Competencias / Resultados do título		
Identificar as características do ámbito de aplicación das ciencias da computación ás ciencias da saúde	AP1 AP6	BP1 BP2 BP3	
Ser capaz de desenvolver un proxecto de investigación no ámbito da informática biomédica segundo ás exigencias éticas e de seguridade dos datos de saúde	AP7	BP5 BP6 BP7 BP8	CP1 CP2 CP3 CP6 CP8
Saber identificar campos de aplicación das tecnoloxías da información e as comunicacións para mellorar a prestación de servizos sanitarios ao cidadán	AP7		CP1 CP2 CP3 CP6 CP8

Contidos

Temas	Subtemas
Fundamentos de Bioinformática	Principios básicos de anotación de xenomas Análise de secuencias Ferramentas de procesamento de información molecular Ferramentas para deseño de fármacos e a avaliación da toxicidade Bases de datos biolóxicas Omics e epixenética: Xenómica, proteómica, transcriptómica Proxectos: Xenoma humano, Varioma, Exposoma Aplicacións de bioinformática na clínica



Planificación				
Metodoloxías / probas	Competencias / Resultados	Horas lectivas (presenciais e virtuais)	Horas traballo autónomo	Horas totais
Prácticas a través de TIC	A1 A6 A7 B1 B2 B3 B5 B6 B7 B8 C1 C2 C3 C6 C8	30	40	70
Presentación oral	A1 C1 C2 C3 C6 C8	5	20	25
Sesión maxistral	A1 A6 A7 B1 B2 B3 B5 B6 B7 B8 C1 C2 C3 C6 C8	20	20	40
Atención personalizada		15	0	15

*Os datos que aparecen na táboa de planificación son de carácter orientativo, considerando a heteroxeneidade do alumnado

Metodoloxías	
Metodoloxías	Descrición
Prácticas a través de TIC	A práctica de laboratorio pode ser presencial ou a través de plataformas informáticas como TEAMS.
Presentación oral	A presentación pública do traballo supervisado pode ser presencial ou a través de plataformas informáticas como TEAMS.
Sesión maxistral	Nas sesións teóricas, o profesor describe os obxectivos e contidos da asignatura, para dar unha visión particular do tema a tratar e relacionalo con outros dentro da asignatura. A continuación, o tema correspondente desenvólvese en forma dunha sesión de clase, utilizando os instrumentos técnicos dispoñibles, facendo fincapé en certas cuestións nas que o estudante debe profundar o seu autoaprendizaje. As sesións magistrales poden ser presenciais ou a través de plataformas informáticas como os TEAMS. Tamén é posible incluír videos explicativos de diferentes partes dos contidos teóricos.

Atención personalizada	
Metodoloxías	Descrición
Presentación oral Sesión maxistral Prácticas a través de TIC	Para resolver os aspectos mais complexos da materia, realizaranse titorías individuais ou grupais cos alumnos.

Avaliación			
Metodoloxías	Competencias / Resultados	Descrición	Cualificación
Presentación oral	A1 C1 C2 C3 C6 C8	A exposición en público do traballo tutelado formará parte da valoración final da materia (45%). Terase en conta a calidade do traballo desenvolvido durante as horas de clase (30%).	75
Prácticas a través de TIC	A1 A6 A7 B1 B2 B3 B5 B6 B7 B8 C1 C2 C3 C6 C8	Valorarase a calidade e entrega en prazo nas prácticas.	25

Observacións avaliación



Para superar a materia será preciso

obter un porcentaxe mínimo en cada unha das metodoloxías.

Plaxio:

En calquera entrega na que se detecte plaxio, a entrega será valorada cun cero. O plaxio na proba obxectiva será sancionado de acordo coa normativa vixente da universidade.

O exame de segunda oportunidade é o mesmo que o exame de primeira oportunidade (presentación dun proxecto).

Os estudantes a tempo parcial poderán solicitar aos decanos/directores dos centros responsables da súa titulación, ou aos coordinadores dos mestrados, no seu caso, a dispensa académica que os exima da asistencia a clase daquelas materias, ou partes de materias, nas que se admita a citada dispensa na súa guía docente; non obstante, en todo caso, serán avaliados polo sistema de avaliación continua.

Fontes de información

Bibliografía básica

- Stekel, Dov. (2003). Microarray bioinformatics. Cambridge: Cambridge University Press, 2003
- Ohlebusch, Enno (2013). Bioinformatics algorithms : sequence analysis, genome rearrangements, and phylogenetic reconstruction. Ulm : Oldenbusch Verlag
- Dan E. Krane, Michael L. Raymer (2003). Fundamental concepts of bioinformatics. San Francisco, California : Benjamin Cummings
- Edward Keedwell and Ajit Narayanan (2005). Intelligent bioinformatics the application of artificial intelligence techniques to bioinformatics problems. Chichester : John Wiley & Sons
- Graph-based Processing of Macromolecular Information, Current Bioinformatics 10(5): 606-631 (2016), DOI: 10.2174/1574893610666151008012438 | Cristian R. Munteanu, Vanessa Aguiar-Pulido, Ana Freire, Marcos Martínez-Romero, Ana B. Porto-Pazos, Javier Pereira, Julian Dorado | onlineRRegrs: An R package for Computer-aided Model Selection with Multiple Regression Models, Journal of Cheminformatics 7(1), 1-16, doi:10.1186/s13321-015-0094-2 (2015) | Georgia Tsiliki, Cristian R. Munteanu, Jose A Seoane, Carlos Fernandez-Lozano, Haralambos Sarimveis, Egon L. Willighagen | GitHub| 10.5281/zenodo.21946 | online Bio-AIMS Collection of Cheminformatics Web Tools based on Molecular Graph Information and Artificial Intelligence Models, Combinatorial Chemistry & High Throughput Screening 18(8):735-50 (2015) | Cristian R. Munteanu, Humberto González-Díaz, Rafael García, Mabel Loza, Alejandro Pazos | online S2SNet: A Tool for Transforming Characters and Numeric Sequences into Star Network Topological Indices in Cheminformatics, Bioinformatics, Biomedical, and Social-Legal sciences, Current Bioinformatics 8(4), 429-437 (2013) | Cristian R. Munteanu, Alexandre L Magalhães, Aliuska Duardo Sánchez, Alejandro Pazos, Humberto González-Díaz | onlineTutorial Biopython: <http://biopython.org/DIST/docs/tutorial/Tutorial.html>

Bibliografía complementaria

Recomendacións

Materias que se recomenda ter cursado previamente

Materias que se recomenda cursar simultaneamente

Materias que continúan o temario

Observacións

Materia impartida en inglés

(*A Guía docente é o documento onde se visualiza a proposta académica da UDC. Este documento é público e non se pode modificar, salvo casos excepcionais baixo a revisión do órgano competente dacordo coa normativa vixente que establece o proceso de elaboración de guías