

Estudio: **MICROCREDENCIAL UNIVERSITARIA EN COMPETENCIAS
BIOINFORMÁTICAS PARA EL ANÁLISIS DE DATOS ÓMICOS**

Código Plan de Estudios: **FD92**

Año Académico: **2025-2026**

PLAN DE ESTUDIOS

Código Asignatura	707731	
Nombre de la asignatura	COMPETENCIAS BIOINFORMÁTICAS PARA EL ANÁLISIS DE DATOS ÓMICOS	
Créditos (1 ECTS=25 horas)	5	
Modalidad (elegir una opción)		Presencial (más del 80% de las sesiones son presenciales)
		Híbrida (sesiones on-line entre el 40% y 60%, resto presencial)
	X	Virtual (al menos el 80% de las sesiones son on-line o virtuales)
Profesor/a responsable	Matilde Alique Aguilar	
Idioma en el que se imparte	Español	

A) PROFESORES IMPLICADOS EN LA DOCENCIA

Dra. Matilde Alique Aguilar
Dr. Luis Francisco Lorenzo Martín
Dra. Laura Clavaín Mateo
Estela Villaoslada González

B) TEMARIO (lista de los distintos temas que se abordan en la asignatura)

Tema 1: Introducción a la Bioinformática.
+ Evaluación evaluación continua

Tema 2: Bash scripting, fundamentos de Bash y manejo básico.
+ Ejercicio evaluación continua

Tema 3: Programación básica en R.
- Fundamentos del lenguaje R.
- Introducción a R y Rstudio.
- Manejo básico de R.
- Manipulación y visualización de datos con graphics y ggplot2.
+ Ejercicio evaluación continua

Tema 4: Programación básica en Python.
- Fundamentos del lenguaje Python.
- Introducción a Python.
- Manejo básico de Python.
- Análisis de datos con Pandas.

Tema 5: Análisis de datos genómicos, epigenómicos, transcriptómicos y proteómicos.

- Introducción al alineamiento de secuencias.
- Análisis genómicos, epigenómicos, transcriptómicos y proteómicos.

+ Ejercicio evaluación continua

Tema 6: Visualización de datos biológicos.

- Heatmaps.
- Volcanos plots.

+ Ejercicio evaluación continua

Tema 7: Anotación funcional.

- Introducción, conceptos básicos y objetivos de la anotación funcional.
- Bases de datos (Gene Ontology, KEGG).
- Análisis de sobrerrepresentación funcional.
- Gene Set Enrichment Analysis (GSEA).
- Redes de interacción molecular.

+ Ejercicio evaluación continua

+ Trabajo final: desarrollo de un pequeño proyecto bioinformático y presentación de un informe.

C) ACTIVIDADES

ACTIVIDADES DIRIGIDAS Y SUPERVISADAS

Marcar las necesarias	Metodología	Horas de contacto*	Modalidad (elegir una opción)					
x	Clases teóricas	25		Presencial		Híbrida	x	Virtual
	Clases prácticas			Presencial		Híbrida		Virtual
	Prácticas de laboratorio			Presencial		Híbrida		Virtual
x	Seminarios/talleres/debates	2		Presencial		Híbrida	x	Virtual
x	Tutorías	5		Presencial		Híbrida	x	Virtual
x	Otros (foros de discusión)	5		Presencial		Híbrida	X	Virtual

ACTIVIDAD AUTÓNOMA

Metodología	Horas autónomas del estudiante
Trabajo del estudiante	88

ESFUERZO RESULTANTE

Total de horas (1 ECTS=25 horas)	125
-----------------------------------------	------------

*Horas de contacto hace referencia a las horas presenciales/síncronas con apoyo de profesorado.

D) RESULTADO DE APRENDIZAJE (incluir como máximo cinco, al menos una)			
RESULTADO DE APRENDIZAJE 1			
Denominación	Bioestadística [Manejo de herramientas bioinformáticas básicas que les permitirá realizar análisis convencionales de datos ómicos, anotación y enriquecimiento funcional y visualización de datos.]		
TIPO: (seleccionar uno)			
	Capacidad	X	Conocimiento
Capacidades ESCO relacionadas (https://esco.ec.europa.eu/es/classification/skill_main)			
Capacidades relacionadas: S2.7.2: analizar datos experimentales de laboratorio S2.7.2: evaluar la información genética			
RESULTADO DE APRENDIZAJE 2			
Denominación	Utilizar estrategias de aprendizaje [Los estudiantes tendrán la capacidad de adaptarse a nuevas herramientas y metodologías bioinformáticas, manteniéndose al día con los avances en tecnologías de secuenciación y análisis de datos.]		
TIPO: (seleccionar uno)			
X	Capacidad		Conocimiento
Capacidades ESCO relacionadas (https://esco.ec.europa.eu/es/classification/skill_main)			
S2.3 - gestionar información S2.4 - procesar información S1.9 - solucionar problemas			
RESULTADO DE APRENDIZAJE 3			
Denominación	Análisis de datos [Los estudiantes serán capaces de llevar a cabo análisis bioinformáticos de manera independiente, reduciendo la dependencia de colaboraciones externas y aumentando la eficiencia y precisión en sus investigaciones.]		
TIPO: (seleccionar uno)			
	Capacidad	X	Conocimiento
Capacidades ESCO relacionadas (https://esco.ec.europa.eu/es/classification/skill_main)			
S2.1.0 - realizar estudios, investigaciones y análisis S2.7 - analizar y evaluar información y datos			

E) INSTRUMENTOS DE EVALUACIÓN								
Marcar los necesarios		Descripción*	% peso sobre el total	Modo de evaluación (seleccionar uno)				Fiabilidad de la evaluación**
Examen				Presencial	Híbrida	Virtual		
X	Exposición	El 30% de la nota final corresponderá a un ejercicio final de mayor complejidad, diseñado para integrar y aplicar todos los conocimientos adquiridos a lo largo del curso. Este ejercicio se expondrá individualmente a un profesor, que lo evaluará mediante preguntas sobre su trabajo. La obtención de una nota mínima de 5 sobre 10 en este ejercicio final es obligatoria para aprobar el estudio.	30	Presencial	Híbrida	X	Virtual	3: Supervisado con verificación de la identidad. (Cuando se realicen sesiones de tutoría o evaluaciones a través de videoconferencia el estudiante siempre deberá usar la cámara para mostrar su cara y deberá enseñar su DNI a través de su cámara para verificar la identidad.)
X	Trabajo	Cada tema incluirá un ejercicio asociado que se evaluará de manera individual. La suma de estos ejercicios representará el 65% de la evaluación total (evaluación continua). Su entrega se propondrá estratégicamente para que vaya marcando los tiempos de estudio óptimo de cada tema. Con el fin de facilitar la conciliación de este estudio con otras ocupaciones, no se establecerá una nota mínima en la evaluación continua.	65	Presencial	Híbrida	X	Virtual	2: No supervisado sin verificación de la identidad
X	Otros (especificar)	Participación en el foro de discusión. Esto ayudará a generar debate entre los estudiantes y fomentará la participación activa y la implicación del alumnado con el estudio.	5	Presencial	Híbrida	X	Virtual	2: No supervisado sin verificación de la identidad

*Hacer constar si el instrumento de evaluación consiste en una evaluación a lo largo del tiempo (como la participación o la actitud) y no en la obtención de una calificación en un momento puntual (entrega de un trabajo, realización de un examen, ...)

**Indicar únicamente en el caso de evaluación en modo híbrida o virtual. 1: No supervisado con verificación

de la identidad; 2: No supervisado sin verificación de la identidad; 3: Supervisado con verificación de la identidad; 4: Supervisado sin verificación de la identidad

F) SEGUIMIENTO DEL PROGRESO DEL ESTUDIANTE

El seguimiento del estudiante se realizará de manera que cada estudiante reciba retroalimentación de las tareas que va realizando y se sienta apoyado por los profesores. Las estrategias son las siguientes:

- Ejercicios voluntarios: se le dará al estudiante información sobre su desempeño y orientación individualizada para mejorar sus habilidades si fuera necesario.
- Tutorías online en formato de seminario, donde los estudiantes podrán plantear y resolver sus dudas de manera colectiva.
- Disponibilidad de los profesores: estarán siempre disponibles a través del correo electrónico para resolver dudas.
- Foro en el aula virtual: se motivará a los estudiantes a crear debates y resolver preguntas planteadas tanto por sus compañeros como por los profesores, fomentando así el aprendizaje colaborativo.

G) BIBLIOGRAFÍA

https://www.juntadeandalucia.es/averroes/centros-tic/14002996/helvia/sitio/upload/Introduccion_bash.pdf

https://cran.r-project.org/doc/contrib/rdebuts_es.pdf

<https://docs.python.org/es/3/tutorial/>

Chung, M., Bruno, V.M., Rasko, D.A. *et al.* Best practices on the differential expression analysis of multi-species RNA-seq. *Genome Biol* **22**, 121 (2021). <https://doi.org/10.1186/s13059-021-02337-8>

https://docs.gdc.cancer.gov/Data/Bioinformatics_Pipelines/Expression_mRNA_Pipeline/

Ritchie, M. E., Phipson, B., Wu, D., Hu, Y., Law, C. W., Shi, W., & Smyth, G. K. (2015). limma powers differential expression analyses for RNA-sequencing and microarray studies. *Nucleic acids research*, 43(7), e47. <https://doi.org/10.1093/nar/gkv007>

Zhao, S., Guo, Y., Sheng, Q. *et al.* Heatmap3: an improved heatmap package with more powerful and convenient features. *BMC Bioinformatics* **15** (Suppl 10), P16 (2014). <https://doi.org/10.1186/1471-2105-15-S10-P16>

Li W. (2012). Volcano plots in analyzing differential expressions with mRNA microarrays. *Journal of bioinformatics and computational biology*, 10(6), 1231003. <https://doi.org/10.1142/S0219720012310038>