

GUÍA DOCENTE

Curso 2012-2013

1. DESCRIPCIÓN DE LA ASIGNATURA

Grado:	Ingeniería Informática en Sistemas de Información
Doble Grado:	
Asignatura:	Bioinformática
Módulo:	M9: Complementos Optativos Comunes a los títulos de Grado en Ingeniería Informática
Departamento:	Deporte e Informática
Año académico:	2012-2013
Semestre:	Segundo semestre
Créditos totales:	6
Curso:	3º
Carácter:	Optativa
Lengua de impartición:	Español

Modelo de docencia:	C1	
a. Enseñanzas Básicas (EB):		50%
b. Enseñanzas de Prácticas y Desarrollo (EPD):		50%
c. Actividades Dirigidas (AD):		

GUÍA DOCENTE

Curso 2012-2013

2. EQUIPO DOCENTE

2.1. Responsable de la asignatura Norberto Díaz Díaz

2.2. Profesores

Nombre:	Norberto Díaz Díaz
Centro:	Escuela Politécnica Superior
Departamento:	Deporte e Informática
Área:	Lenguajes y Sistemas Informáticos
Categoría:	Colaborador Nivel 2
Horario de tutorías:	Mediante cita previa: Martes de 8:30 a 10:30 y 20:30 a 21:30 Miercoles de 17:00 a 20:00
Número de despacho:	11.1.18
E-mail:	ndiaz@upo.es
Teléfono:	9549 77368

GUÍA DOCENTE

Curso 2012-2013

Nombre:	Domingo S. Rodriguez Baena
Centro:	Escuela Politécnica Superior
Departamento:	Departamento de Deportes e Informática
Área:	Área de Lenguajes y Sistemas Informáticos
Categoría:	Colaborador Nivel 2
Horario de tutorías:	
Número de despacho:	11.1.29
E-mail:	dsrodbae@upo.es
Teléfono:	9549 77590

3. UBICACIÓN EN EL PLAN FORMATIVO

3.1. Descripción de los objetivos

La presente asignatura tiene el objetivo fundamental la introducción al alumnado en la nueva ciencia interdisciplinar denominada Bioinformática desde el punto de vista de las ciencias de la computación. Así, se expondrá las demandas en el campo de la Bioinformática y cómo un Ingeniero Informático puede apoyar en su resolución.

3.2. Aportaciones al plan formativo

La presente asignatura se enmarca en el modulo "Complementos Optativos Comunes a los títulos de Grado en Ingeniería Informática ". Dentro de este ámbito, proporcionará a los alumnos un primer contacto con la Bioinformática. Gracias a ello, el alumno adquirirá conocimientos sobre la aplicación de las nuevas tecnologías en los campos de la Genómica y Proteómica, principalmente.

3.3. Recomendaciones o conocimientos previos requeridos

Es recomendable que el alumno haya superado la asignatura "Estructura de Datos" de

GUÍA DOCENTE

Curso 2012-2013

segundo curso, ya que en el transcurso de la asignatura se desarrollarán diferentes aproximaciones basadas en conceptos adquiridos en la misma.

4. COMPETENCIAS

4.1 Competencias de la Titulación que se desarrollan en la asignatura

4.1.1. Capacidad para concebir, desarrollar y mantener sistemas, servicios y aplicaciones informáticas empleando los métodos de la ingeniería del software como instrumento para el aseguramiento de su calidad (Competencia G5).

4.1.2. Capacidad para comprender y dominar los conceptos básicos de matemática discreta, lógica, algorítmica y complejidad computacional, y su aplicación para la resolución de problemas propios de la ingeniería (Competencia EB3).

4.1.3. Conocimiento de la estructura, organización, funcionamiento e interconexión de los sistemas informáticos, los fundamentos de su programación, y su aplicación para la resolución de problemas propios de la ingeniería(Competencia EB5).

4.2. Competencias del Módulo que se desarrollan en la asignatura

4.2.1. Capacidad para analizar, diseñar, construir y mantener aplicaciones de forma robusta, segura y eficiente, eligiendo el paradigma y los lenguajes de programación más adecuados (Competencia EC8).

4.3. Competencias particulares de la asignatura

4.3.1. Capacidad de analizar y modelar procesos abstractos complejos.

4.3.2. Capacidad de integrar soluciones tecnológicas para satisfacer las necesidades en otras áreas de conocimiento.

GUÍA DOCENTE

Curso 2012-2013

5. CONTENIDOS DE LA ASIGNATURA (TEMARIO)

BLOQUE I. Introducción

1. Introducción a la Biología
2. Introducción a la Bioinformática

BLOQUE II. Genómica

1. Expresión Genética. Micorarrays
2. Técnicas de análisis de datos de expresión genética.
3. Análisis funcional e interpretación biológica

BLOQUE III. Proteómica

1. Problemas en la Proteómica
2. Predicción de Estructura de Proteínas

BLOQUE III. Nuevos desafíos

1. Lipidomics
2. Transcriptomics

6. METODOLOGÍA Y RECURSOS

Los contenidos de la asignatura se articularán empleando dos tipos fundamentales de sesiones: sesiones de Enseñanzas Básicas (EB) y sesiones de Enseñanzas Prácticas de Desarrollo (EPD).

Por una parte, las sesiones de EB consistirán en clases magistrales en las que se introducirán los conceptos fundamentales dentro del ámbito de la asignatura. Además del empleo de la fórmula de clase magistral se permitirá la discusión y debate en su caso de tal forma que se trabaje el enfoque crítico y la reflexión de los alumnos con respecto a los objetivos de la asignatura. En las sesiones de EB se ofrecerá como recurso documentación sobre la materia tratada en cada una.

Las sesiones de EPD permitirán a los alumnos articular los conceptos vistos en las sesiones de EB. De una forma práctica los alumnos tendrán contacto directo con diferentes herramientas y aproximaciones bioinformáticas, teniendo ocasión de profundizar en el análisis de datos ómicos. Dado que en este tipo de sesiones los grupos serán reducidos, se propiciará el contacto personal y directo entre alumno y docente, facilitando así el seguimiento de la evolución del alumnado y un apoyo más directo de



GUÍA DOCENTE

Curso 2012-2013

éste. Estas sesiones, además, propiciarán, orientarán y potenciarán el trabajo autónomo del alumno. En las sesiones de EPD está disponible, con suficiente antelación, un guión de prácticas como recurso principal para el desarrollo de tanto del trabajo presencial como del no presencial.

Finalmente, se ha de destacar que se empleará una plataforma web (WebCT) como recurso principal de la asignatura. En esta plataforma se agruparán todos los materiales proporcionados al alumno, se publicarán los avisos relativos a cuestiones relacionadas con la asignatura, la entrega no presencial de trabajos, así como dará soporte a los foros de discusión tanto para coordinación de alumnos, tutoría de pares y realización virtual de distintos de tipos de actividades.

GUÍA DOCENTE

Curso 2012-2013

7. EVALUACIÓN

CONVOCATORIA DE JUNIO:

La asignatura se evaluará empleando un modelo de evaluación continua, siendo ésta aplicable a exclusivamente la primera convocatoria del curso. En caso de no superar esta convocatoria se aplicará el sistema de evaluación descrito en el siguiente epígrafe.

Las evaluación medirá la asimilación de los conceptos impartidos tanto en las sesiones de EB como en las EPD, teniéndose en cuenta, además, la participación del alumno durante las diversas actividades desarrolladas en la asignatura.

La prueba de evaluación tanto de enseñanzas básicas y prácticas se realizarán mediante el siguiente del trabajo presencial y autónomo realizado durante las sesiones prácticas y el desarrollo de uno o varios trabajos.

CONVOCATORIA DE JULIO:

La evaluación en la convocatoria extraordinaria de Julio se realizará mediante una prueba escrita y/o práctica para demostrar el nivel de adquisición de los conceptos tratados tanto en las sesiones de EB como las de EPD.

8. BIBLIOGRAFÍA GENERAL

1. Introduction to Machine Learning and Bioinformatics. Suhmita Mitra, Sujay Datta, Theodore Perkins, and George Michailidis. Editorial CRC Press. ISBN
2. Introduction to Bioinformatics (3rd Edition). Arthur M. Lesk. Editorial Oxford University Press. ISBN 978-0-19-920804-3
3. Similitud Funcional de Genes basada en Conocimiento Biológico. Norberto Díaz Díaz. Tesis Doctoral. ISBN 84-615-7289-0