



Universidad
Internacional
de Valencia

Guía didáctica

Análisis de datos ómicos para poblaciones

Título: *Máster Universitario en Bioinformática*

Materia: *Bioinformática genómica*

Créditos: 6 ECTS

Código: 06MBIF

Índice

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

1. Organización general

1.1. Datos de la asignatura

MATERIA	Bioinformática genómica
ASIGNATURA	Análisis de datos ómicos para poblaciones 6 ECTS
Carácter	Obligatorio
Cuatrimestre	Segundo
Idioma en que se imparte	Castellano
Requisitos previos	No existen
Dedicación al estudio por ECTS	25 horas

1.2. Equipo docente

Profesor/a	Dra. María Lairón Peris <i>maria.lairon@campusviu.es</i>
-------------------	--

1.3. Introducción a la asignatura

Esta asignatura tiene como objetivo fundamental ofrecer a los estudiantes del Máster de Bioinformática conocimientos teóricos y prácticos fundamentales para el estudio de poblaciones de microorganismos mediante el uso de herramientas bioinformáticas. A lo largo de las sesiones se abordarán: los objetivos, principios y diseño experimental de estos estudios ómicos; la metodología que se utiliza en estudios tanto metagenómicos como metataxonómicos, haciendo hincapié en el flujo de trabajo y en los programas utilizados; el uso de herramientas utilizadas para analizar estadísticamente y representar los resultados.

1.4. Competencias

COMPETENCIAS BÁSICAS

CB6: 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.

CB7: 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

CB8: 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.

CB9: 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.

CB10: 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 DE LA ASIGNATURA

C.E.3.- Saber utilizar herramientas de Python en el entorno de la bioinformática.

C.E.4.- Ser capaz de analizar ficheros de datos biológicos mediante el lenguaje de programación Python.

C.E.5.- Saber interpretar los resultados de los análisis bioinformáticos en el lenguaje de programación Python.

C.E.6.- Saber utilizar herramientas de R en el entorno de la bioinformática.

C.E.7.- Saber analizar ficheros de datos biológicos mediante el lenguaje de programación R.

C.E.8.- Saber interpretar los resultados de los análisis bioinformáticos en el lenguaje de programación R.

C.E.9.- Saber utilizar herramientas de conexión remota a centros de procesamiento de datos (CPD) en la resolución de problemas específicos de bioinformática.

C.E.10.- Ser capaz de seleccionar las técnicas bioestadísticas adecuadas para el análisis en bioinformática.

C.E.11.- Saber analizar los principales formatos de secuencias en la aplicación de datos ómicos.

C.E.12.- Ser capaz de extraer la información necesaria de las principales bases de datos de depósito de información biológica, mediante herramientas de automatización o scripting, en la resolución de problemas bioinformáticos.

C.E.14.- Saber establecer los distintos parámetros que definen la calidad de las secuencias que se obtienen de los secuenciadores.

C.E.15.- Ser capaz de aplicar los principales métodos de selección y mejora de calidad de secuencias en la bioinformática.

C.E.16.- Saber diseñar el flujo de trabajo aplicando los principios generales del diseño de experimentos ómicos.

C.E.17.- Ser capaz de aplicar los principales algoritmos de alineamiento de secuencias de datos ómicos.

CE20: Saber aplicar herramientas bioinformáticas avanzadas en el análisis de expresión génica, de poblaciones y de expresión diferencial de proteínas en datos ómicos.

2. Contenidos/temario

Capítulo 1. Introducción al análisis de datos ómicos de poblaciones. Diseños experimentales.

- 1.1. Los inicios de los estudios ómicos de poblaciones
- 1.2. Conceptos básicos en los estudios ómicos de poblaciones
 - 1.2.1. Metagenómica y metataxonómica
 - 1.2.2. Diversidad alfa y diversidad beta
- 1.3. Consideraciones de los estudios ómicos
 - 1.3.1. Diseño experimental
 - 1.3.2. Secuenciación y pipeline bioinformático
 - 1.3.3 Preparación de librerías o bibliotecas
 - 1.3.4 Análisis o pipeline bioinformático
- 1.4 Formatos de archivos usados en metagenómica y metataxonómica

Capítulo 2. Metagenómica (whole genome sequencing)

- 2.1. Introducción a la metagenómica
 - 2.1.1 Ensamblaje metagenómico
 - 2.1.2 Binning metagenómico
 - 2.1.3 Perfil taxonómico
- 2.2. Herramientas bioinformáticas para la identificación y cuantificación de la abundancia de especies: MG-RAST.
- 2.3. Herramientas bioinformáticas para la identificación de genes
- 2.4. Herramientas para la anotación de lecturas
 - 2.4.1 BLAST
 - 2.4.2 USEARCH
 - 2.4.3 Otros algoritmos: VSEARCH y UBLAST
- 2.5 Metatranscriptómica, metaproteómica y perfil funcional
 - 2.5.1 Metatranscriptómica
 - 2.5.2 Metaproteómica
 - 2.5.3 Perfil funcional

Capítulo 3. Metataxómica

- 3.1. Herramientas para la corrección de errores de secuenciación
 - 3.1.1 DADA2
 - 3.1.2 deblur
- 3.2. Herramientas para la clasificación de los genes ARNr 16S
- 3.3. Herramientas de análisis metataxonómico
 - 3.3.1. QIIME

3.3.2 mothur

Capítulo 4. Análisis e interpretación biológica de resultados, principales herramientas de análisis bioestadístico

4.1 Análisis de rarefacción

4.2 Métricas para la estimación de la riqueza en especies

4.2.1 Índices para calcular la diversidad alfa

4.2.2 Índices para calcular la diversidad beta

4.2.3. LEfSe

4.3. Herramientas de análisis bioestadístico

4.3.1 Paquete de R vegan

4.3.2 Paquete de R Phyloseq

4.3.3 Paquete de R microbiome

4.3.4 Paquete de R CuratedMetagenomicData

4.3.5 Paquetes de R de uso general en bioestadística y construcción de gráficos

Capítulo 5. Otras herramientas o interfaces web para llevar a cabo análisis en estudios ómicos de poblaciones

5.1. Galaxy

5.2. Interfaz web MicrobiomeAnalyst

5.3 PICRUSSt

3. Metodología

La metodología de la Universidad Internacional de Valencia (VIU) se caracteriza por una apuesta decidida en un modelo de carácter e-presencial. Así, siguiendo lo estipulado en el calendario de actividades docentes del Título, se impartirán en directo un conjunto de sesiones, que, además, quedarán grabadas para su posterior visionado por parte de aquellos estudiantes que lo necesitasen. En todo caso, se recomienda acudir, en la medida de lo posible, a dichas sesiones, facilitando así el intercambio de experiencias y dudas con el docente.

En lo que se refiere a las metodologías específicas de enseñanza-aprendizaje, serán aplicadas por el docente en función de los contenidos de la asignatura y de las necesidades pedagógicas de los estudiantes. De manera general, se impartirán contenidos teóricos y, en el ámbito de las clases prácticas se podrá realizar la resolución de problemas, el estudio de casos y/o la simulación.

Por otro lado, la Universidad y sus docentes ofrecen un acompañamiento continuo al estudiante, poniendo a su disposición foros de dudas y tutorías para resolver las consultas de carácter académico que el estudiante pueda tener. Es importante señalar que resulta fundamental el trabajo autónomo del estudiante para lograr una adecuada consecución de los objetivos formativos previstos para la asignatura.

4. Actividades formativas

Durante el desarrollo de cada una de las asignaturas se programan una serie de actividades de aprendizaje que ayudan a los estudiantes a consolidar los conocimientos trabajados.

A continuación, se relacionan las actividades que forman parte de la asignatura:

1. Actividades de carácter teórico

Se trata de un conjunto de actividades guiadas por el profesor de la asignatura destinadas a la adquisición por parte de los estudiantes de los contenidos teóricos de la misma. Estas actividades, diseñadas de manera integral, se complementan entre sí y están directamente relacionadas con los materiales teóricos que se ponen a disposición del estudiante (manual y material complementario).

2. Actividades de carácter práctico

Se trata de un conjunto de actividades guiadas y supervisadas por el profesor de la asignatura vinculadas con la adquisición por parte de los estudiantes de las competencias asociadas. Estas actividades, diseñadas con visión de conjunto, están relacionadas entre sí para ofrecer al estudiante una formación completa e integral.

3. Tutorías

Se trata de sesiones, tanto de carácter síncrono como asíncrono (e-mail), individuales o colectivas, en las que el profesor comparte información sobre el progreso académico del estudiante y en las que se resuelven dudas y se dan orientaciones específicas ante dificultades concretas en el desarrollo de la asignatura.

4. Trabajo autónomo

Se trata de un conjunto de actividades que el estudiante desarrolla autónomamente y que están enfocadas a lograr un aprendizaje significativo y a superar la evaluación de la asignatura. La realización de estas actividades es indispensable para adquirir las competencias y se encuentran entroncadas en el aprendizaje autónomo que consagra la actual ordenación de enseñanzas universitarias. Esta actividad, por su definición, tiene carácter asíncrono.

5. Prueba objetiva final

Como parte de la evaluación de cada una de las asignaturas (a excepción del Trabajo fin de Máster), se realiza una prueba objetiva (examen). Esta prueba se realiza en tiempo real (con los medios de control antifraude especificados) y tiene como objetivo evidenciar el nivel de adquisición de conocimientos y desarrollo de competencias por parte de los estudiantes. Esta actividad, por su definición, tiene carácter síncrono.

5. Evaluación

5.1. 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.

Sistema de Evaluación	Ponderación
Portafolio*	70 %
<i>Se desarrolla a lo largo de todo el curso. 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.).</i>	
Sistema de Evaluación	Ponderación
Prueba final*	30 %
<i>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).</i>	

***Es requisito indispensable para superar la asignatura aprobar cada apartado (portafolio y prueba final) con un mínimo de 5.0 para ponderar las calificaciones.**

Los enunciados y especificaciones propias de las distintas actividades serán aportados por el docente, a través del Campus Virtual, a lo largo de la impartición de la asignatura.

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.

5.2. Sistema de calificación

La calificación de la asignatura se establecerá en los siguientes cálculos y términos:

Nivel de aprendizaje	Calificación numérica	Calificación cualitativa
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	Suspenso

Sin detrimento de lo anterior, el estudiante dispondrá de una **rúbrica simplificada** en el aula que mostrará los aspectos que valorará el docente, como así también los **niveles de**

desempeño que tendrá en cuenta para calificar las actividades vinculadas a cada resultado de aprendizaje.

La mención de «**Matrícula de Honor**» podrá ser otorgada a estudiantes que hayan obtenido una calificación igual o superior a 9.0. Su número no podrá exceder del cinco por ciento de los estudiantes matriculados en una materia en el correspondiente curso académico, salvo que el número de estudiantes matriculados sea inferior a 20, en cuyo caso se podrá conceder una sola «Matrícula de Honor».

6. Bibliografía

6.1. Bibliografía de referencia

- Asnicar, F., Weingart, G., Tickle, T. L., Huttenhower, C., & Segata, N. (2015). Compact graphical representation of phylogenetic data and metadata with GraPhlAn. *PeerJ*, 2015(6), 1–17.
- Callahan, B. J., McMurdie, P. J., Rosen, M. J., Han, A. W., Johnson, A. J. A., & Holmes, S. P. (2016). DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data. *Nature Methods*, 13(7), 581–583.
- Dixon, P. (2003). Computer program review VEGAN , a package of R functions for community ecology. *Journal of Vegetation Science*, 14(6), 927–930.
- McMurdie, P. J., & Holmes, S. (2013). Phyloseq: An R Package for Reproducible Interactive Analysis and Graphics of Microbiome Census Data. *PLoS ONE*, 8(4).
- Meyer, F., Paarmann, D., D'Souza, M., Olson, R., Glass, E. M., Kubal, M., Paczian, T., Rodriguez, A., Stevens, R., Wilke, A., Wilkening, J., & Edwards, R. A. (2008). The metagenomics RAST server - A public resource for the automatic phylogenetic and functional analysis of metagenomes. *BMC Bioinformatics*, 9, 1–8.

6.2. Bibliografía complementaria

- Cheng, M., & Ning, K. (2019). Stereotypes About Enterotype: the Old and New Ideas. *Genomics, Proteomics and Bioinformatics*, 17(1), 4–12.
- Chong, J., Liu, P., Zhou, G., & Xia, J. (2020). Using MicrobiomeAnalyst for comprehensive statistical, functional, and meta-analysis of microbiome data. *Nature Protocols*, 15(3), 799–821.
- Lahti, L., Shetty, S., & Al., E. (2017). Tools for microbiome analysis in R.
- Noguchi, H., Taniguchi, T., & Itoh, T. (2008). Meta gene annotator: Detecting species-specific patterns of ribosomal binding site for precise gene prediction in anonymous prokaryotic and phage genomes. *DNA Research*, 15(6), 387–396.
- Nurk, S., Meleshko, D., Korobeynikov, A., & Pevzner, P. A. (2017). MetaSPAdes: A new versatile metagenomic assembler. *Genome Research*, 27(5), 824–834.