

## 4. Planificación de las enseñanzas

Código del plan de estudios: 1326

### 4.1 Estructura básica de las enseñanzas

Tipos de materia		Nº créditos ECTS
Ob	Obligatorias	30
Op	Optativas	0
PE	Prácticas Externas	0
TFM	Trabajo Fin de Máster (obligatorio en Máster)	0
	Créditos totales	30

### 4.2 Organización temporal de las asignaturas

#### PRIMER CURSO

PRIMER CUATRIMESTRE				
Código	Asignatura	Tipo	ECTS	Curso
208078	A1. Programación en Python orientada a Biología Molecular Computacional	Obligatoria(OB)	3	Primero
208079	A2. Herramientas computacionales para bioinformática: UNIX, expr. regulares y shell script	Obligatoria(OB)	3	Primero
208080	A3. Estructura, función y análisis bioinformático de genomas	Obligatoria(OB)	3	Primero
208081	A4. Uso de bases de datos biológicas	Obligatoria(OB)	3	Primero
208082	A5. Programación en R aplicada a bioinformática	Obligatoria(OB)	3	Primero
Total ECTS			15	

SEGUNDO CUATRIMESTRE				
Código	Asignatura	Tipo	ECTS	Curso

208083	B1. Análisis de secuenciación de DNA: genomas y epigenética	Obligatoria(OB)	3	Primero
208084	B2. Análisis de secuenciación de RNA: transcriptómica	Obligatoria(OB)	3	Primero
208085	B3. Métodos estadísticos en bioinformática usando R	Obligatoria(OB)	3	Primero
208086	B4. Bioinformática Estructural: secuencias, estructuras e interacciones de proteínas	Obligatoria(OB)	3	Primero
208087	B5. Visualización de datos biológicos	Obligatoria(OB)	3	Primero
<b>Total ECTS</b>			<b>15</b>	

ANUALES				
Código	Asignatura	Tipo	ECTS	Curso
<b>Total ECTS</b>			<b>0</b>	

## SEGUNDO CURSO

PRIMER CUATRIMESTRE				
Código	Asignatura	Tipo	ECTS	Curso
<b>Total ECTS</b>			<b>0</b>	

SEGUNDO CUATRIMESTRE				
Código	Asignatura	Tipo	ECTS	Curso
<b>Total ECTS</b>			<b>0</b>	

ANUALES				
Código	Asignatura	Tipo	ECTS	Curso
<b>Total ECTS</b>			<b>0</b>	

## TERCER CURSO

PRIMER CUATRIMESTRE				
Código	Asignatura	Tipo	ECTS	Curso
Total ECTS			0	

SEGUNDO CUATRIMESTRE				
Código	Asignatura	Tipo	ECTS	Curso
Total ECTS			0	

ANUALES				
Código	Asignatura	Tipo	ECTS	Curso
Total ECTS			0	

#### 4.3 Estructura en base a itinerarios formativos (si los hubiese)

## 4.4 Descripción detallada de las asignaturas

### ASIGNATURAS PRIMER CURSO

Asignatura: A1. Programación en Python orientada a Biología Molecular Computacional				Código: 208078	
<b>Carácter:</b> Obligatoria(OB)		<b>ECTS:</b> 3	<b>Curso:</b> Primero	<b>Cuatrimestre:</b> Primero	
<b>Idiomas de impartición:</b> Español					
<b>Porcentajes de modalidad de impartición</b>					
<ul style="list-style-type: none"><li>• <b>Presencial:</b> 100 %</li><li>• <b>Virtual:</b> 0 %</li><li>• <b>Híbrido:</b> 0 %</li></ul>					
<b>Profesores</b>					
Nombre	Apellidos	Nº Identificación	Interno/Externo	Nº ECTS Impartidos	
Antonio	Sánchez Puente	70891699H	Externo	3	
<b>Resultados de aprendizaje previstos</b>					
Tipo de resultado	Descripción	Código			
Conocimientos o contenidos (C)	Se busca que el estudiante se familiarice con los conceptos básicos de programación, fundamentales tanto para trabajar en equipo con técnicos informáticos como para comprender la algoritmia bioinformática y las herramientas relacionadas.	CON5			
Habilidades o Destrezas (HD)	Se busca dar una formación básica que permita al estudiante poder interpretar código así como realizar pequeños programas o adaptaciones, así como sentar los cimientos para aquellos estudiantes que quieran profundizar más en la programación.	DES1			
Habilidades o Destrezas (HD)	Interpretar las páginas de manual y de definición de funciones e interfaces de Python.	DES4			
<b>Tabla de evaluación</b>					
Prueba	Tipo	% Ponderado			
Trabajos e informes	Final	80			
Evaluación Continua	Continua	20			
<b>Descripción de contenidos</b>					
Para obtener los resultados de aprendizaje previstos, se planea impartir los siguiente contenidos 1. Lenguajes de programación: introducción a Python 2. Variables: tipos, asignación y operaciones básicas. 3. Entrada y Salida. Escritura/lectura de archivos. Formatos. 4. Colecciones: vectores, cadenas, conjuntos. Representación de secuencias. 5. Control de flujo: condiciones y bucles 6. Funciones. 7. Colecciones avanzadas: matrices y diccionarios. Representación de expresión 8. Bibliotecas. El entorno Scipy. Numpy. Matplotlib. BioConductor					

Asignatura: A2. Herramientas computacionales para bioinformática: UNIX, expr. regulares y shell script

Código: 208079

**Carácter:** Obligatoria(OB)      **ECTS:** 3      **Curso:** Primero      **Cuatrimestre:** Primero

**Idiomas de impartición:** Español

**Porcentajes de modalidad de impartición**

- **Presencial:** 100 %
- **Virtual:** 0 %
- **Híbrido:** 0 %

### Profesores

Nombre	Apellidos	Nº Identificación	Interno/Externo	Nº ECTS Impartidos
Rodrigo	Santamaría Vicente	70879303L	Interno	3

### Resultados de aprendizaje previstos

Tipo de resultado	Descripción	Código
Habilidades o Destrezas (HD)	Finalmente, aprenderán a almacenar protocolos de órdenes UNIX en archivos de shell script.	DES1
Conocimientos o contenidos (C)	Se busca que el estudiante se familiarice con los conceptos básicos de los sistemas operativos UNIX, fundamentales para trabajar en servidores con grandes volúmenes de datos y para manejar muchas de las herramientas bioinformáticas existentes.	CON5
Habilidades o Destrezas (HD)	El estudiante también aprenderá a manejar páginas de manual de UNIX y otros tipos de documentación relativa a órdenes de terminal	DES4
Habilidades o Destrezas (HD)	El estudiante obtendrá los conocimientos necesarios para conectarse y compartir información con un servidor remoto y navegar en un sistema operativo tipo UNIX.	DES5
Habilidades o Destrezas (HD)	Asimismo, conocerá las órdenes básicas del sistema de archivos y edición de textos, así como las técnicas para concatenar órdenes y para buscar patrones de texto.	DES2

### Tabla de evaluación

Prueba	Tipo	% Ponderado
Evaluación Continua	Continua	10
Trabajos prácticos	Continua	90

### Descripción de contenidos

Para obtener los resultados de aprendizaje previstos, se planea impartir los siguiente contenidos 1. Sistemas operativos: introducción a UNIX y GNU/Linux 2. Terminales y servidores: conexión, intercambio de información (ssh, sftp, scp, wget) 3. Navegando UNIX: sistema de rutas, información (permisos, propiedad), manejo de archivos, y edición

de texto (nano) 4. Expresiones regulares: búsqueda (grep) y modificación (sed, awk) 5. Tuberías: concatenación de órdenes (|) y deriva de datos (>, >>, 2>) 6. Shell script: variables, bucles, ejecución

Asignatura: A3. Estructura, función y análisis bioinformático de genomas

Código: 208080

Carácter: Obligatoria(OB)

ECTS: 3

Curso: Primero

Cuatrimestre: Primero

Idiomas de impartición: Español

Porcentajes de modalidad de impartición

- Presencial: 100 %
- Virtual: 0 %
- Híbrido: 0 %

### Profesores

Nombre	Apellidos	Nº Identificación	Interno/Externo	Nº ECTS Impartidos
Laura	Durán Prieto	53396720N	Externo	1.3
Francisco	Antequera Márquez	6972635R	Externo	0.4
Alicia	García Martínez	44915632J	Externo	1.3

### Resultados de aprendizaje previstos

Tipo de resultado	Descripción	Código
Conocimientos o contenidos (C)	También adquirirá competencia en la construcción de librerías de DNA para su posterior secuenciación masiva y en la interpretación de datos genómicos tanto a nivel biológico como a nivel de su relevancia Biomédica.	CON6
Conocimientos o contenidos (C)	El estudiante adquirirá una visión integrada de la lógica con la que la información codificada en los genomas dirige el funcionamiento de los organismos. Este conocimiento es imprescindible para dar un sentido biológico a los datos que serán analizados con las herramientas estadísticas y computacionales de las demás asignaturas.	CON4

### Tabla de evaluación

Prueba	Tipo	% Ponderado
Trabajos e informes	Final	80
Evaluación Continua	Continua	20

### Descripción de contenidos

Para obtener los resultados de aprendizaje previstos, se planea impartir los siguiente contenidos: 1. Naturaleza de la información genética y epigenética y de la diversidad y evolución de los genomas 2. Estructura y función del genoma humano y de sus alteraciones en situaciones patológicas 3. Métodos de secuenciación genómica, visualización y análisis bioinformático de los resultados 4. Metagenómica y epigenómica 5. Diseño y edición de genomas. Biología de sistemas y biología sintética

Asignatura: A4. Uso de bases de datos biológicas

Código: 208081

**Carácter:** Obligatoria(OB)      **ECTS:** 3      **Curso:** Primero      **Cuatrimestre:** Primero

**Idiomas de impartición:** Español

**Porcentajes de modalidad de impartición**

- **Presencial:** 80 %
- **Virtual:** 0 %
- **Híbrido:** 20 %

### Profesores

Nombre	Apellidos	Nº Identificación	Interno/Externo	Nº ECTS Impartidos
Santiago José	Bueno Fortes	70903174Q	Externo	3

### Resultados de aprendizaje previstos

Tipo de resultado	Descripción	Código
Conocimientos o contenidos (C)	También obtendrá un conocimiento preciso de las diferentes bases de datos públicas que son referencia en cada ámbito de la biología molecular.	CON2
Habilidades o Destrezas (HD)	Será capaz de efectuar consultas avanzadas en cada una de ellas y de manejar los diferentes tipos de resultados que se obtienen, tanto en pantalla como en ficheros.	DES2
Conocimientos o contenidos (C)	el estudiante obtendrá un conocimiento básico de la estructura interna de las bases de datos relacionales, así como algunos conceptos de otro tipo de bases de datos (no relacionales, orientadas a grafos, etc.).	CON2
Habilidades o Destrezas (HD)	Podrá acceder de forma automatizada a aquellos sistemas que proporcionen servicios web, implementado dicho acceso en diferentes lenguajes de programación.	DES1

### Tabla de evaluación

Prueba	Tipo	% Ponderado
Evaluación continua	Continua	20
Trabajos e informes	Final	80

### Descripción de contenidos

Para obtener los resultados de aprendizaje previstos, se planea impartir los siguiente contenidos: 1. Bases de datos y sistemas de información: arquitectura de los sistemas de información, modelo relacional, SQL, otros paradigmas. 2. Repositorios públicos: NCBI (Gene, Pubmed, GEO, SRA, etc.), EMBL-EBI (Ensembl, ArrayExpress, Reactome, PDB, Expression Atlas, etc.), UniProt (SwissProt, TrEMBL, Proteomes, etc.), KEGG, etc. 3. Anotaciones y ontologías: estructuración del conocimiento, vocabularios controlados, Gene Ontology, OLS, OBO. 4. Acceso automatizado: ficheros de datos, formatos, servicios web, acceso mediante lenguajes de programación.

Asignatura: A5. Programación en R aplicada a bioinformática

Código: 208082

Carácter: Obligatoria(OB) ECTS: 3 Curso: Primero Cuatrimestre: Primero

Idiomas de impartición: Español

Porcentajes de modalidad de impartición

- Presencial: 100 %
- Virtual: 0 %
- Híbrido: 0 %

### Profesores

Nombre	Apellidos	Nº Identificación	Interno/Externo	Nº ECTS Impartidos
Carlos	Prieto Sánchez	70865013N	Externo	3

### Resultados de aprendizaje previstos

Tipo de resultado	Descripción	Código
Habilidades o Destrezas (HD)	Se aprenderá a realizar y ejecutar programas en R, a través de RStudio u otros entornos de desarrollo.	DES1
Habilidades o Destrezas (HD)	Se aprenderá a manejar e interpretar la ayuda de las funciones de los paquetes de CRAN-R y Bioconductor	DES4
Conocimientos o contenidos (C)	El estudiante aprenderá la adaptación de los conceptos informáticos básicos adaptados a R, en especial respecto a bucles (sapply y derivados), la programación matricial y las bibliotecas más utilizadas	CON5
Conocimientos o contenidos (C)	Se introducirán algunos conceptos estadísticos básicos que servirán de enlace con la asignatura de Estadística (B3)	CON1

### Tabla de evaluación

Prueba	Tipo	% Ponderado
Evaluación continua	Continua	20
Entrega de trabajos e informes	Final	80

### Descripción de contenidos

Para obtener los resultados de aprendizaje previstos, se planea impartir los siguiente contenidos 1. Lenguajes de programación: introducción a Python 2. Variables: tipos, asignación y operaciones básicas. 3. Entrada y Salida. Escritura/lectura de archivos. Formatos. 4. Colecciones: vectores, cadenas, conjuntos. Representación de secuencias. 5. Control de flujo: condiciones y bucles 6. Funciones. 7. Colecciones avanzadas: matrices y diccionarios. Representación de expresión 8. Bibliotecas. El entorno Scipy. Numpy. Matplotlib. BioConductor

Asignatura: B1. Análisis de secuenciación de DNA: genomas y epigenética	Código: 208083
---	----------------

<b>Carácter:</b> Obligatoria(OB)	<b>ECTS:</b> 3	<b>Curso:</b> Primero	<b>Cuatrimestre:</b> Segundo
<b>Idiomas de impartición:</b> Español			
<b>Porcentajes de modalidad de impartición</b>			
<ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Presencial:</b> 80 %</li> <li>• <b>Virtual:</b> 0 %</li> <li>• <b>Híbrido:</b> 20 %</li> </ul>			

**Profesores**

Nombre	Apellidos	Nº Identificación	Interno/Externo	Nº ECTS Impartidos
Laura	Durán Prieto	53396720N	Externo	1.5
Alicia	García Martínez	44915632J	Externo	1.5

**Resultados de aprendizaje previstos**

Tipo de resultado	Descripción	Código
Habilidades o Destrezas (HD)	Además, el estudiante adquirirá competencias para la determinación de diferentes alteraciones a nivel genómico y epigenómico, así como para su posterior interpretación.	DES4
Conocimientos o contenidos (C)	Como resultados de aprendizaje el estudiante tendrá un conocimiento y capacidad amplia para manejar datos de secuenciación masiva.	CON6
Habilidades o Destrezas (HD)	En particular será capaz de evaluar su calidad, ensamblarlos y alinearlos contra genomas de referencia, evaluar la calidad de los alineamientos y determinar su cobertura.	DES2

**Tabla de evaluación**

Prueba	Tipo	% Ponderado
Evaluación Continua	Continua	15
Trabajos e informes	Final	85

**Descripción de contenidos**

Para obtener los resultados de aprendizaje previstos, se planea impartir los siguiente contenidos Datos de secuenciación masiva: formatos (FASTQ), fabricantes y repositorios (GEO, SRA) Generación del entorno analítico: máquinas virtuales, Unix, Conda, R y dependencias. Evaluación de calidad (fastQC), trimming. Alineamiento contra genomas de referencia: transformada de Burrows-Wheeler y Bowtie2, generación de índices, calidad del alineamiento (RSeqC) Aplicación de pipelines para la detección de variantes germinales y somáticas, INDEL y otras variantes estructurales. Variación del número de copias (CNV) y regiones mínimas comunes (MCR) Introducción a los estudios poblacionales (GWAS) Introducción al análisis de prevalencia celular y clonalidad Modificaciones epigenómicas y secuenciación masiva: ATAC-seq, methyl-seq y ChIP-Seq Metagenómica: alineamiento contra múltiples genomas de referencia

Asignatura: B2. Análisis de secuenciación de RNA: transcriptómica			Código: 208084	
<b>Carácter:</b> Obligatoria(OB)	<b>ECTS:</b> 3	<b>Curso:</b> Primero	<b>Cuatrimestre:</b> Segundo	
<b>Idiomas de impartición:</b> Español				
<b>Porcentajes de modalidad de impartición</b>				
<ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Presencial:</b> 80 %</li> <li>• <b>Virtual:</b> 0 %</li> <li>• <b>Híbrido:</b> 20 %</li> </ul>				
<b>Profesores</b>				
Nombre	Apellidos	Nº Identificación	Interno/Externo	Nº ECTS Impartidos
Narciso	Martín Quijada	70896858W	Externo	3
<b>Resultados de aprendizaje previstos</b>				
Tipo de resultado	Descripción	Código		
Conocimientos o contenidos (C)	Conocimiento de las tecnologías de secuenciación transcriptómica más extendida (RNA-seq) sin perjuicio de comprender tecnologías anteriores como los microarrays u otras tecnologías actuales hermanas.	CON6		
Habilidades o Destrezas (HD)	Aplicación de la teoría computacional y estadística subyacente a cualquier conjunto de datos que represente abundancia, ya sea en genómica, proteómica o transcriptómica, o incluso en otras disciplinas.	DES1		
Habilidades o Destrezas (HD)	Utilización de las bibliotecas y herramientas de análisis de datos de RNA-seq, desde el alineamiento y la cuantificación hasta el análisis de expresión diferencial, coexpresión y enriquecimiento funcional.	DES4		
<b>Tabla de evaluación</b>				
Prueba	Tipo	% Ponderado		
Evaluación Continua	Continua	10		
Trabajos e informes	Final	90		
<b>Descripción de contenidos</b>				
<p>Para obtener los resultados de aprendizaje previstos, se planea impartir los siguiente contenidos: 1. Tecnologías de medida de la transcripción: microarrays, NGS (RNA-seq), Nanoporos 2. Expresión: la matriz de expresión, repositorios, calidad de la medida, réplicas. 3. Análisis de expresión: fold change y significatividad estadística, expresión diferencial, coexpresión, enriquecimiento funcional. 4. RNA-Seq: alineamiento, calidad del alineamiento, cuantificación y normalización, cuasi-alineamiento, herramientas específicas y particularidades del análisis expresión diferencial. 5. Metatranscriptómica: breve introducción. En cada apartado se realizarán prácticas con tecnologías y soluciones concretas acordes al estado actual de arte.</p>				

<b>Asignatura:</b> B3. Métodos estadísticos en bioinformática usando R			<b>Código:</b> 208085	
<b>Carácter:</b> Obligatoria(OB)	<b>ECTS:</b> 3	<b>Curso:</b> Primero	<b>Cuatrimestre:</b> Segundo	
<b>Idiomas de impartición:</b> Español				
<b>Porcentajes de modalidad de impartición</b>				
<ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Presencial:</b> 80 %</li> <li>• <b>Virtual:</b> 0 %</li> <li>• <b>Híbrido:</b> 20 %</li> </ul>				
<b>Profesores</b>				
<b>Nombre</b>	<b>Apellidos</b>	<b>Nº Identificación</b>	<b>Interno/Externo</b>	<b>Nº ECTS Impartidos</b>
José Manuel	Sánchez Santos	07870414K	Interno	3
<b>Resultados de aprendizaje previstos</b>				
<b>Tipo de resultado</b>	<b>Descripción</b>	<b>Código</b>		
Conocimientos o contenidos (C)	El estudiante adquirirá una capacidad y conocimientos amplios para analizar estadísticamente datos de expresión ómica	CON1		
Habilidades o Destrezas (HD)	Será capaz de aplicar la teoría estadística subyacente a cualquier conjunto de datos que represente abundancia, ya sea en genómica, proteómica o transcriptómica, y manejará con soltura en el software R las principales herramientas estadísticas de análisis de datos ómicos.	DES1		
<b>Tabla de evaluación</b>				
<b>Prueba</b>	<b>Tipo</b>	<b>% Ponderado</b>		
Trabajos e informes	Final	80		
Evaluación continua	Continua	20		
<b>Descripción de contenidos</b>				
<p>Para obtener los resultados de aprendizaje previstos, se planea impartir los siguiente contenidos: 1. Conceptos básicos de Estadística y Distribuciones de Probabilidad. 2. Contrastes de hipótesis estadísticas. Comparaciones múltiples. 3. Enfoques clásicos para el análisis de datos. 4. Análisis de la varianza (ANOVA). 5. Modelos lineales. 6. Análisis multivariantes.</p>				

Asignatura: B4. Bioinformática Estructural: secuencias, estructuras e interacciones de proteínas

Código: 208086

Carácter: Obligatoria(OB)

ECTS: 3

Curso: Primero

Cuatrimestre: Segundo

Idiomas de impartición: Español, Inglés

Porcentajes de modalidad de impartición

- Presencial: 80 %
- Virtual: 0 %
- Híbrido: 20 %

### Profesores

Nombre	Apellidos	Nº Identificación	Interno/Externo	Nº ECTS Impartidos
Javier	De Las Rivas Sanz	15949000H	Externo	3

### Resultados de aprendizaje previstos

Tipo de resultado	Descripción	Código
Habilidades o Destrezas (HD)	Así mismo obtendrá capacidades para analizar e interpretar la estructura terciaria derivada, a través de modelos y visualizaciones, así como para comprender las relaciones entre proteínas y entre proteínas y otras moléculas, y su relación con el diseño de fármacos.	DES4
Conocimientos o contenidos (C)	El estudiante tendrá un conocimiento y capacidad amplia para analizar, comparar y clasificar secuencias de proteínas.	CON4

### Tabla de evaluación

Prueba	Tipo	% Ponderado
Evaluación Continua	Continua	20
Trabajos e informes	Final	80

### Descripción de contenidos

Para obtener los resultados de aprendizaje previstos, se planea impartir los siguiente contenidos 1. Protein sequence alignment: search for homologous using BLAST, PsiBLAST algorithms 2. Substitution matrices (PAM, BLOSUM) and score methos for sequence alignment. Sensitive homology detection using HMMER 3. Multiple Sequence alignmens (MSA): Clustal, T-coffee 4. Protein motifs and domains: PROSITE, PFAM, InterPro 5. Protein structural prediction: secondary structures, accessibility, remote 3D structural prediction (threading) 6. Public Repositories of 3D structural data: Protein Data Bank and Electron Microscopy Data Bank (EMDB) 7. Protein 3D structural analysis and classification: structural databases CATH, SCOP), structural comparison 8. Protein 3D structural modeling

Asignatura: B5. Visualización de datos biológicos			Código: 208087	
<b>Carácter:</b> Obligatoria(OB)	<b>ECTS:</b> 3	<b>Curso:</b> Primero	<b>Cuatrimestre:</b> Segundo	
<b>Idiomas de impartición:</b> Español				
<b>Porcentajes de modalidad de impartición</b>				
<ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Presencial:</b> 80 %</li> <li>• <b>Virtual:</b> 0 %</li> <li>• <b>Híbrido:</b> 20 %</li> </ul>				
<b>Profesores</b>				
Nombre	Apellidos	Nº Identificación	Interno/Externo	Nº ECTS Impartidos
Roberto	Therón Sánchez	07976246F	Interno	3
<b>Resultados de aprendizaje previstos</b>				
Tipo de resultado	Descripción	Código		
Conocimientos o contenidos (C)	El estudiante adquirirá los conceptos básicos de la representación de información para el análisis de datos.	CON3		
Habilidades o Destrezas (HD)	Será capaz de elegir la mejor técnica de representación en función de la tarea de análisis que se esté considerando, así como de interpretar adecuadamente las distintas representaciones que se utilizan dentro de los flujos de trabajo propios del análisis de datos de expresión ómica.	DES6		
Habilidades o Destrezas (HD)	El estudiante estará familiarizado con dendrogramas (filogenia), heatmaps, boxplots, MAplots, volcano plots (expresión), logos y navegadores genómicos (secuencia)	DES6		
<b>Tabla de evaluación</b>				
Prueba	Tipo	% Ponderado		
Examen final	Final	40		
Evaluación Continua	Continua	10		
Trabajos e informes	Final	50		
<b>Descripción de contenidos</b>				
<p>Para obtener los resultados de aprendizaje previstos, se planea impartir los siguientes contenidos: 1. Fundamentos teóricos: psicología de la percepción, visualización de la información, analítica visual Visualización en bioinformática. 2. Cómo explicar mediante datos 3. Manipulación de datos 4. Elección de técnicas y herramientas para visualizar datos 5. Visualización de patrones 6. Visualización de proporciones 7. Visualización de relaciones 8. Diseñar con un propósito 9. Laboratorio de visualización para datos biológicos</p>				

