



SOLICITUD DE APROBACIÓN DE TÍTULO DE MÁSTER

1. INFORMACIÓN GENERAL

a) Denominación

Máster Universitario en Bioinformática y Biología Computacional

b) Centro, Departamento o Instituto responsable

Escuela Politécnica Superior

Facultad de Medicina

c) Aprobación en Junta de Centro

En Madrid, a 2 de Noviembre de 2016

Director Escuela Politécnica Superior

Fdo.: Javier Ortega García

En Madrid, a 24 de Octubre de 2016

Decano de la Facultad Medicina

Fdo: Juan Antonio Vargas Núñez

d) Relación con el plan estratégico de la Facultad/Escuela:

Justificación con respecto al número de titulaciones de Máster ofertadas, número de matriculados por titulación, etc.

La inclusión en el catálogo de títulos de la UAM del Máster Universitario en Bioinformática y Biología Computacional fue aprobada en el Consejo de Gobierno de 11 de Octubre de 2013.

En la presente solicitud se propone una modificación estratégica, en la que se mantiene el acuerdo de un título propuesto por los dos centros: Escuela Politécnica Superior y Facultad de Medicina, pero se considera como novedoso la transformación del prestigioso máster propio del mismo nombre, coordinado por el Dr. Alfonso Valencia y que cuenta con un número considerable de exitosas ediciones, en máster universitario. Además, se incorpora profesorado de la Facultad de Ciencias (Departamentos de Biología, Biología Molecular y Física de la Materia Condensada), que realiza su labor investigadora en el ámbito de la Bioinformática.

A continuación desarrollaremos, de nuevo, la motivación de este máster universitario. La Bioinformática y Biología Computacional (en adelante ByBC) es inherentemente multidisciplinar y, por tanto, el diseño de una titulación de máster en ByBC requiere de la colaboración entre distintos Centros y ramas de conocimiento. Este máster en

concreto, es propuesto desde la Escuela Politécnica Superior (EPS) y la Facultad de Medicina y cuenta con la participación de profesorado de la Facultad de Ciencias. El máster quedará adscrito a la EPS.

Tal y como se indicaba en la propuesta de solicitud de 2013, el máster no solapa con los másteres actualmente ofertados en la UAM. Se enumeran los másteres a los que se hacía referencia en la propuesta de 2013: Másteres del Posgrado en Biociencias Moleculares, Máster Universitario en Investigación Farmacológica, Máster Universitario en Métodos Cuantitativos de Investigación en Epidemiología y Máster Universitario en Neurociencia, Máster Universitario en Física de la Materia Condensada y de los Sistemas Biológicos, Master Universitario en Investigación e Innovación en las Tecnologías de la Información y las Comunicaciones y el Máster Universitario en Ingeniería Informática

Por la propia exigencia del máster y en base a la experiencia adquirida con el máster propio, el número de admitidos al máster estará dentro de la horquilla de 25-30 candidatos.

El proceso de admisión, seguirá las pautas marcadas por el Centro de Estudios de Posgrado y será la comisión de coordinación y seguimiento del título la encargada de seleccionar entre todas las solicitudes a los mejores candidatos.

El perfil de los candidatos al máster corresponderá a graduados en las ramas de ciencias experimentales o ciencias de la salud (Bioquímica, Medicina, Biología, Química, Farmacia, Biomedicina, etc.) así como ingenierías (Ingenieros Informáticos, Ingenieros Biomédicos, etc.)

Dado el marcado carácter multidisciplinar y el diferente perfil de entrada de estudiantes, se propone un módulo cero que incluye complementos formativos para adquirir los conocimientos básicos de Biología Molecular e Introducción a la Programación y Sistemas. De este modo, un graduado en la rama de ciencias experimentales o ciencias de la salud cursará los complementos correspondientes a informática y un graduado en ingeniería cursará los correspondientes a biología molecular.

e) Carácter del Máster: *Académico, Investigador, Profesional, Profesión Regulada*

Investigador, Profesional y Académico.

f) Datos del coordinador o de la coordinadora/responsable

Coordinador por parte de la Escuela Politécnica Superior

Apellidos y nombre: Martínez Muñoz, Gonzalo

Departamento: Ingeniería Informática

Teléfono: 91 497 7528 Fax: 91 497 2235

E-mail: gonzalo.martinez@uam.es

Coordinador por parte de la Facultad de Medicina

Apellidos y nombre: Díaz Uriarte, Ramón

Departamento: Bioquímica

Teléfono: 91 497 2412 Fax: 91 497 2594 y 91 585 4401

E-mail: ramon.diaz@iib.uam.es

g) Composición de la comisión de coordinación:

Perfil de los miembros de la Comisión:

- Presidente de la Comisión: Alfonso Valencia.
- Coordinador del Máster por parte de la EPS.
- Coordinador del Máster por parte de la Facultad de Medicina.

- Subdirector de Nuevas Enseñanzas y Posgrado de la EPS.
- Coordinador de Posgrado del Dpto. Bioquímica, Facultad de Medicina
- Tres profesores que imparten docencia en el Máster

Cuando el máster esté en funcionamiento se incorporarán a la comisión un estudiante del máster y una persona de administración y servicios.

h) En caso de ser título conjunto entre varias universidades:

Indicar el documento que se adjunta para acreditar que todas ellas están al corriente de la iniciativa:

Relación de universidades que participan en la titulación:

Datos de la Universidad Coordinadora del Máster:

Nombre de la Universidad
Coordinadora.....

Representante legal (rector,
vicerrector):.....

Coordinador del
Máster:.....

Dirección de
contacto:.....

Teléfono: Fax: E-mail.....

2. OBJETIVOS E INDICADORES DE CALIDAD DEL TÍTULO

a) Exposición breve de los objetivos del título

Formar profesionales e investigadores en el ámbito de la bioinformática y la biología computacional para atender la creciente demanda, tanto profesional como investigadora, en biología molecular, medicina traslacional, y biomedicina, donde el uso de las técnicas bioinformáticas es imprescindible ante el crecimiento en la generación de datos masivos procedentes de las nuevas tecnologías "ómicas" (genómica, transcriptómica, etc), así como la puesta en práctica de la medicina individualizada o de precisión.

b) Evidencia de la demanda social y potencial

Evidencia del interés para la sociedad del título presentado, justificando su adecuación a demandas sociales concretas

En los últimos 10 años se ha producido un crecimiento acelerado en las tecnologías "ómicas" (genómica, transcriptómica, etc), así como de la secuenciación de genomas con técnicas de nueva generación. Estas tecnologías son el fundamento de avances muy rápidos tanto en la comprensión del funcionamiento de fenómenos biológicos en el contexto de problemas de investigación básica (por ej., regulación de expresión génica a nivel de genoma completo), como en el diagnóstico y tratamiento de enfermedades siendo, por ejemplo, la base de la "medicina de precisión" (también conocida como "medicina personalizada" o "medicina individualizada").

El almacenamiento, procesamiento, análisis, e interpretación de estos datos requiere de profesionales con una formación interdisciplinar que incorpora biología molecular y computación. Dado el ritmo de crecimiento en el desarrollo de estas tecnologías, así como el creciente interés por la medicina de precisión como forma de abaratar y optimizar el diagnóstico y el tratamiento en poblaciones que envejecen (i.e., con un incremento en la prevalencia de enfermedades como el cáncer, enfermedades neurodegenerativas, etc, que se conocen como "enfermedades genéticas complejas"), es previsible que la demanda por este tipo de profesionales vaya en aumento, tanto en investigación básica, como en investigación biomédica aplicada (y en ámbitos tanto públicos como privados). En este sentido, los servicios de genética médica hospitalarios, prevén el uso de técnicas de genómica como una herramienta

diagnóstica fundamental en el futuro inmediato y, como consecuencia, la necesidad de incorporar expertos en bioinformática a estos servicios hospitalarios (“Applying Bioinformatics to Precision Medicine“, www.sciencemag.org/careers/2013/03/applying-bioinformatics-precision-medicine)

La demanda social de estos profesionales se pone de manifiesto por la aparición de titulaciones de posgrado en esta área en los últimos años. En el caso de la Comunidad de Madrid, el título propio de Máster en Bioinformática y Biología Computacional. (inicialmente impartido en la Universidad Complutense de Madrid ---UCM--- y actualmente en el Instituto de Salud Carlos III ---ISCIII) existe desde hace 14 años, con una tasa de ingreso de entre 16 y 25 alumnos por año. En otras comunidades autónomas existen también títulos similares, como por ejemplo el Máster Universitario en Bioinformática de la U. de Valencia, el Posgrado en Bioinformática y el Máster en Bioinformática y Bioestadística de la Universitat Oberta de Catalunya ---UOC---, el Máster en Bioinformática para Ciencias de la Salud de la Universidad Pompeu Fabra, el MSc in Bioinformatics for genomics and drug design de la Universidad Autónoma de Barcelona, y el MSc in Omics Data Analysis de la Universidad de Vic.

Pese a esta demanda, ninguna Universidad de la Comunidad de Madrid oferta un Título Oficial en esta disciplina.

El título propuesto consiste en la conversión en máster oficial del título propio “Master en Bioinformática y Biología Computacional” ofrecido actualmente por la Escuela Nacional de Sanidad perteneciente al Instituto Salud Carlos III. Este máster, que comienza ahora su XIV edición, tiene una larga tradición ya que fue uno de los primeros en esta área de conocimiento impartidos en nuestro país. A esta larga experiencia se une su reconocido prestigio, estando incluido entre los mejores másteres de nuestro país, ocupando la segunda posición dentro del área de biociencias en el ranking de 2016:

http://web.uam.es/departamentos/filoyletras/hantymed/hantigua/master/pdfs/RANKING_MASTER_2016.pdf

c) Calidad de la investigación

La Escuela Politécnica Superior (EPS) cuenta con 13 grupos de investigación en áreas que cubren un amplio espectro de las TIC.

La mayor parte de estos grupos desarrollan investigación y tecnologías aplicables en el contexto de la Bioinformática y la Biología Computacional: ciencia de datos, aprendizaje automático, infraestructura y diseño de bases de datos, computación paralela y de altas prestaciones, meta-modelado y modelado multinivel, herramientas de análisis y visualización, recuperación de información, tecnología electrónica para dispositivos de secuenciación masiva, tratamiento de señales biomédicas, etc.

El entorno de investigación multidisciplinar de la EPS ha producido publicaciones en revistas de referencia relacionadas con la biología computacional, a saber, Bioinformatics, Neuroimage, Reviews of Modern Physics, Physical Review Letters, Neuroimage, Journal of Neuroscience, Current Topics in Medicinal Chemistry, Journal of Biomolecular Screening, Physics of Life Reviews, etc.

El índice de sexenios efectivos (concedidos/posibles) de los investigadores de la EPS es alto alcanzando una puntuación de 1,04.

El Departamento de Bioquímica cuenta con varios grupos que desarrollan investigación en las áreas de Bioinformática y Biología Computacional, incluyendo desarrollo de modelos predictivos y clasificadores a partir de datos "ómicos", desarrollo de nuevos métodos para el análisis de datos de aCGH, y la evaluación de métodos estadísticos y computacionales para determinar orden de mutaciones en cáncer. Estos grupos también están implicados en el desarrollo de aplicaciones bioinformáticas de acceso libre que emplean computación paralela y de altas prestaciones; estas aplicaciones incluyen análisis de expresión diferencial y desarrollo de modelos de clasificación y análisis de datos de aCGH. Varias de estas aplicaciones han resultado en paquetes de software disponible desde repositorios de referencia (BioConductor). Además, estos grupos colaboran activamente con otros grupos de investigación en el análisis de datos "ómicos" incluyendo el análisis de datos procedentes de tecnologías de secuenciación masiva en experimentos de RNAseq, ChIPseq, DNaseq o methylSeq y el análisis funcional de las listas de genes y proteínas producidos por dichos experimentos.

Los investigadores del Dpto. de Bioquímica han producido publicaciones en revistas de referencia incluyendo Bioinformatics, PLoS Computational Biology, BMC Bioinformatics, Nucleic Acids Research, BMC Medical Genomics, Journal of Statistical Computation and Simulation, Current Bioinformatics, Nature Medicine, Nature Cell Biology, Nature Communications, Scientific Reports, PNAS, Cell Reports, Cancer Cell, Cell o Science. Varios de los investigadores de estos grupos son también editores asociados o revisores para revistas del área, como BMC Bioinformatics, Journal of Statistical Software, Bioinformatics, etc.

Asimismo, la Facultad de Ciencias cuenta con grupos de investigación que desarrollan investigación en las áreas de Bioinformática aplicada en Microbiología (metagenómica, ensamblaje de novo, transcriptómica, filogenómica...) y Biología de Sistemas. Estos grupos hacen un uso intensivo de datos procedentes de tecnologías NGS en experimentos de secuenciación shot-gun y de amplicones, habiendo producido publicaciones en revistas de prestigio incluyendo Science, ISME J, Molecular Ecology, Science Advances, Scientific Reports, BMC Genomics, o Frontiers in Microbiology.

d) Calidad de las prácticas

El máster en sí no cuenta con prácticas externas, sin embargo, el Trabajo Fin de Máster se realizará con investigadores y profesores de los departamentos implicados en este Máster, así como en otros Departamentos y centros asociados. A este fin, se mantienen contactos con investigadores de otros centros y Departamentos, incluyendo el Dpto. de Matemáticas de la UAM, el Centro Nacional de Biotecnología (CNB, el Instituto de Genética Médica y Molecular del Hospital Universitario La Paz (INGEMM), el Parque Científico de Madrid (PCM), y el Grupo de Biología Computacional del Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas (CNIO), de quienes se ha recibido contestación favorable para acoger a estudiantes del Máster.

En todos los casos, los grupos de investigación que acogerían estudiantes cuentan con los recursos técnicos para la realización de la parte computacional y bioinformática, y en su caso, la labor experimental del trabajo.

e) Internacionalización

Presencia de estudiantes extranjeros y participación de profesores procedentes de universidades extranjeras

La internacionalización del Máster es uno de nuestros objetivos fundamentales. Para ello planteamos varias estrategias:

- Captación de estudiantes extranjeros:

Para facilitar la incorporación de estudiantes extranjeros, todo el material docente estará en inglés. Además, aquellas asignaturas que cuenten con alumnos no castellanoparlantes se impartirán en inglés. Por último, en la medida que los recursos disponibles lo permitan, daremos difusión del Máster en el extranjero.

- Incorporación de profesores extranjeros:

Pretendemos acceder a los programas de movilidad para incorporar a docentes extranjeros a los másteres. También aprovecharemos visitas a la UAM de profesores/investigadores extranjeros para acomodar presentaciones en ciclos de seminarios de investigación a los que podrán asistir los alumnos.

3. ESTRUCTURA DEL PLAN DE ESTUDIOS

Rama de Conocimiento:

Tipo de materia	Créditos que debe cursar el estudiante	Créditos ofertados
Obligatorias.....	60	60
Optativas.....		
Prácticas externas.....		
Trabajo Fin de Máster.....	12	
Total.....	72	

PROGRAMA TENTATIVO		
Módulo	Asignatura	Créditos ECTS
Nivel 0 (Complementos Formativos) (12 ECTS)	Introducción a la Biología Molecular	6
	Introducción a la Programación y Sistema Operativo Linux	6
Módulo I - Análisis de Secuencias y Bioinformática Estructural (9 ECTS)	Análisis de secuencias	3
	Filogenia	3
	Estructura de Proteínas	3
Módulo II - Informática y Programación (9 ECTS)	Computación en la nube, procesado y manejo masivo de datos - Cloud Computing, Big Data Handling and Processing	6
	Programación en Avanzada en Python	3
Módulo III - Estadística y Análisis de Datos (15 ECTS)	Programación y Estadística en R	6
	Aprendizaje Automático	6
	Minería de Texto – Text Mining	3
Módulo IV - Genómica y Análisis de datos de secuenciación masiva (NGS) (15 ECTS)	Introducción a la NGS	6
	Genómica Traslacional	3
	Transcriptómica & Regulación Genómica y Epigenómica	6
Módulo V - Biología de Sistemas y Redes (9 ECTS)	Redes Biológicas y Biología de Sistemas	6
	Moléculas pequeñas y farmacogenómica	3
Módulo VI - Seminarios Investigación (3 ECTS)	Seminarios de Investigación	3

Propuesta de máster interuniversitario

Indicar la participación de la UAM en número de créditos

La mayor parte del Máster la impartirá profesorado de la UAM, participando la Facultad de Medicina, la Escuela Politécnica Superior y en menor medida la Facultad de Ciencias. Los Módulos 0, I, II, III se impartirán íntegramente por personal de la UAM mientras que en los módulos IV y V, el profesorado de la UAM tiene una participación mayoritaria. El único módulo que contará fundamentalmente con profesores externos es el VI (Seminarios de Investigación) que traerá invitados de prestigio para valorizar la calidad del Máster. En concreto, de los 72 ECTS (incluyendo complementos formativos y sin incluir el TFM) del máster, 51 ECTS (71%) serán impartidos por los profesores de la UAM.

Pese a que el grueso de la carga docente recae en personal de la UAM, para mantener la calidad del máster, es imprescindible contar con la colaboración de profesorado externo proveniente de centros nacionales de elevado prestigio en la disciplina del Máster y que están ubicados, principalmente, en Madrid. En este sentido contamos con la colaboración del Dr. Alfonso Valencia, director del actual Máster propio en Bioinformática y Biología Computacional, así como varios profesores del CNIO. También colaboran en el máster varios investigadores de centros del CSIC situados en el campus de la UAM (IIB, CNB y CBM).

DESTINATARIO	COMISION DE ESTUDIOS DE POSGRADO
---------------------	---