



Asignatura: Bioinformática y Biología Molecular de Sistemas
Código: 18231
Centro: Facultad de Ciencias
Titulación: Bioquímica
Curso Académico: 2016 - 2017
Tipo: Formación Obligatoria
Nº de créditos: 6 ECTS

ASIGNATURA / COURSE TITLE

BIOINFORMÁTICA Y BIOLOGÍA MOLECULAR DE SISTEMAS / [BIOINFORMATICS AND SYSTEMS MOLECULAR BIOLOGY](#)

1.1. Código / Course number

18231

1.2. Materia / Content area

Bioquímica y Biología Molecular / [Biochemistry and Molecular Biology](#)
Modulo Docente: Métodos Bioquímicos y Biología Molecular de Sistemas
[Learning area: Biochemical methods and systems molecular biology](#)

1.3. Tipo / Coursetype

Formación obligatoria / [Compulsory subject](#)

1.4. Nivel / Course level

Grado / [Bachelor \(first cycle\)](#)

1.5. Curso / Year

4º / [4th](#)

1.6. Semestre / Semester

1º / [1st \(Fall semester\)](#)

1.7. Idioma / Language

Español. Se emplea también Inglés en material docente / [In addition to Spanish, English is also extensively used in teaching material](#)

1.8. Requisitos previos / Prerequisites

El alumno debe estar familiarizado con los conceptos vistos en las asignaturas de los módulos docente de “Bioquímica y Biología molecular” (en particular “Estructura de macromoléculas”, “Función de macromoléculas”, “Genética molecular e ingeniería



Asignatura: Bioinformática y Biología Molecular de Sistemas
Código: 18231
Centro: Facultad de Ciencias
Titulación: Bioquímica
Curso Académico: 2016 - 2017
Tipo: Formación Obligatoria
Nº de créditos: 6 ECTS

genética” y “Biosíntesis de macromoléculas”) y “Física y Matemáticas aplicadas a Biociencias Moleculares” (en particular “Matemáticas” y “Estadística aplicada”) / Students must be familiar with the notions acquired in the learning areas of “Biochemical methods and systems molecular biology” (in particular “Structure of macromolecules”, “Function of macromolecules”, “Molecular genetics and genetic engineering”, “Biosynthesis of macromolecules”) and “Applied Physics and mathematics in biomedical sciences” (in particular (Mathematics” and “Applied statistics”).

Disponer de un nivel de inglés que permita al alumno leer el material docente / Students must have a suitable level of English to read the teaching material.

1.9. Requisitos mínimos de asistencia a las sesiones presenciales / **Minimum attendance requirement**

La asistencia es muy recomendable / **Attendance is highly advisable**

1.10. Datos del equipo docente / **Faculty data**

Prof. Luis del Peso Ovalle
Coordinator

Departamento de Bioquímica
Facultad de Medicina (Lab IIB-252)
email: luis.peso@uam.es
Telephone: 91-585-4440
Office hours: by appointment.
URL: <http://www.bq.uam.es>

Prof. Ramón Díaz-Uriarte

Departamento de Bioquímica
Facultad de Medicina (Lab B-25)
email: ramon.diaz@iib.uam.es
Telephone: 91-497-2412
Office hours: by appointment.
URL: <http://www.bq.uam.es>,
<http://ligarto.org/rdiaz>

Prof. Raúl Guantes

Departamento de Física de la Materia
Condensada
Facultad de Ciencias (Lab 401-12)
email: raul.guantes@uam.es
Telephone: 91-497-8735
Office hours: by appointment.
URL: http://www.uam.es/personal_pdi/icmnc/rguantes/
<http://sysbio.openwetware.org/>

(Enlace a profesorado de grado:

<http://www.uam.es/ss/Satellite/Ciencias/es/1242671468321/listadoCombo/Profesorado.htm>)



1.11. Objetivos del curso / Course objectives

El objetivo de esta asignatura es comprender las aproximaciones computacionales y modelos matemáticos aplicados a la investigación de problemas de investigación en Bioquímica y ser capaces de aplicar estas herramientas conociendo sus ventajas y limitaciones. A través de la metodología docente empleada y las actividades formativas desarrolladas a lo largo del curso, que es estudiante, al finalizar el mismo sea capaz de:

- Identificar los principales algoritmos, herramientas computacionales básicas de interés en Bioquímica
- Identificar e interpretar los formatos más usados para la representación de datos masivos
- Elegir y aplicar las herramientas computacionales apropiada para diversos problemas bioquímicos
- Interpretar el resultado de programas informáticos y análisis estadísticos aplicados a datos bioquímicos.
- Formular y analizar modelos matemáticos básicos de procesos biológicos

Estos resultados de aprendizaje contribuyen a la adquisición de las siguientes competencias del título:

Competencias específicas

CE1.- Entender las bases físicas y químicas de los procesos biológicos, así como las principales herramientas físicas, químicas y matemáticas utilizadas para investigarlos.

CE7.- Comprender la estructura, organización, expresión, regulación y evolución de los genes en los organismos vivos, así como las bases moleculares de la variación genética y epigenética entre individuos.

CE16.- Conocer los principios y aplicaciones de los principales métodos experimentales e instrumentación utilizados en Bioquímica y Biología Molecular, con énfasis en las técnicas de aislamiento y caracterización de macromoléculas biológicas.

CE21.- Poseer las habilidades “cuantitativas” para el trabajo en el laboratorio bioquímico, incluyendo la capacidad de preparar reactivos para experimentos de manera exacta y reproducible.

CE23.- Saber aplicar protocolos experimentales de laboratorio dentro del área de la Bioquímica y Biología Molecular.

CE24.- Poseer las habilidades matemáticas, estadísticas e informáticas para obtener, analizar e interpretar datos, y para entender modelos sencillos de los sistemas y procesos biológicos a nivel celular y molecular.

CE25.- Saber buscar, obtener e interpretar la información de las principales bases de datos biológicos (genómicos, transcriptómicos, proteómicos, metabolómicos y similares derivados de otros análisis masivos) y de datos bibliográficos, y usar las herramientas bioinformáticas básicas.

CE26.- Capacidad para plantear y resolver cuestiones y problemas en el ámbito de la Bioquímica y Biología Molecular a través de hipótesis científicas que puedan examinarse empíricamente.



Asignatura: Bioinformática y Biología Molecular de Sistemas
Código: 18231
Centro: Facultad de Ciencias
Titulación: Bioquímica
Curso Académico: 2016 - 2017
Tipo: Formación Obligatoria
Nº de créditos: 6 ECTS

Competencias generales

CG1.- Poseer y comprender los conocimientos fundamentales acerca de la organización y función de los sistemas biológicos en los niveles celular y molecular, siendo capaces de discernir los diferentes mecanismos moleculares y las transformaciones químicas responsables de un proceso biológico. Estos conocimientos se apoyarán en los libros de texto avanzadas, pero también incluirán algunos aspectos de fuentes de la literatura científica de la vanguardia del conocimiento en el ámbito de la Bioquímica y Biología Molecular.

CG2.- Saber aplicar los conocimientos en Bioquímica y Biología Molecular al mundo profesional, especialmente en las áreas de investigación y docencia, y de actividades biosanitarias, incluyendo la capacidad de resolución de cuestiones y problemas en el ámbito de las Biociencias Moleculares utilizando el método científico.

CG3.- Capacidad de reunir e interpretar datos relevantes dentro del área de la Bioquímica y Biología Molecular, así como de extraer conclusiones y reflexionar críticamente sobre las mismas en distintos temas relevantes en el ámbito de las Biociencias Moleculares.

CG4.- Capacidad para transmitir información, ideas, problemas y soluciones dentro del área de la Bioquímica y Biología Molecular, incluyendo la capacidad de comunicar aspectos fundamentales de su actividad profesional a otros profesionales de su área, o de áreas afines, y a un público no especializado

CG5.- Haber desarrollado las habilidades de aprendizaje necesarias para emprender estudios posteriores de especialización con un alto grado de autonomía, incluyendo la capacidad de asimilación de las distintas innovaciones científicas y tecnológicas que se vayan produciendo en el ámbito de las Biociencias Moleculares.

Competencias transversales

CT1.- Capacidad de razonamiento crítico y autocrítico.

CT4.- Capacidad de aprendizaje y trabajo autónomo.

CT5.- Capacidad para aplicar los principios del método científico.

CT6.- Capacidad para reconocer y analizar un problema, identificando sus componentes esenciales, y planear una estrategia científica para resolverlo.

CT7.- Capacidad de utilizar las herramientas informáticas básicas para la comunicación, la búsqueda de información, y el tratamiento de datos en su actividad profesional.

Contribuyen de manera notable a:

CE24.- Poseer las habilidades matemáticas, estadísticas e informáticas para obtener, analizar e interpretar datos, y para entender modelos sencillos de los sistemas y procesos biológicos a nivel celular y molecular.

CE25.- Saber buscar, obtener e interpretar la información de las principales bases de datos biológicos (genómicos, transcriptómicos, proteómicos, metabolómicos y similares derivados de otros análisis masivos).



Asignatura: Bioinformática y Biología Molecular de Sistemas
Código: 18231
Centro: Facultad de Ciencias
Titulación: Bioquímica
Curso Académico: 2016 - 2017
Tipo: Formación Obligatoria
Nº de créditos: 6 ECTS

CT7.- Capacidad de utilizar las herramientas informáticas básicas para la comunicación, la búsqueda de información, y el tratamiento de datos en su actividad profesional.

The main goal of this course is to understand the computational approaches and mathematical modeling applied to research questions in Biochemistry and promote the use of these tools knowing their advantages and limitations. The course teaching methodology and activities are designed so that, by the end of the course, the student should:

- Identify main algorithms and basic computational tools of interest for biochemistry research.
- Select and apply the appropriate computational tool to specific problems in biochemistry.
- Identify and understand the most common data formats to represent the result of high-throughput experiments.
- Understand the output of bioinformatics software and statistical analysis applied to biological datasets.
- Construct and analyze basic mathematical models of biological processes.

These learning results contribute to the acquisition of the following general skills: CG1, CG2, CG3, CG4, CG5, CE1, CE4, CE5, CE7, CE16, CE17, CE18, CE20, CE21, CE22, CE23, CE24, CE25, CE26, CE27, CE29, CT1, CT2, CT4, CT5, CT6 and CT7.

Most notably they contribute to:

CE24.- Acquire the mathematical, statistical and computational skills required to get, analyze and evaluate data. Understand simple models of biological systems and processes at the cellular and molecular level.

CE25.- Be able to search for, get and evaluate the information from the major biological databases (genomic, transcriptomic, proteomics, metabolomics and other derived from “-omics” databases).

CT7.- Capacidad de utilizar las herramientas informáticas básicas para la comunicación, la búsqueda de información, y el tratamiento de datos en su actividad profesional.

1.12. Contenidos del programa / Course contents

Bloque 0: INTRODUCCIÓN / BLOCK 0: INTRODUCTION

Tema 0. Presentación de la asignatura/Unit 0. Course introduction.

Objetivos, estructura y método evaluación del curso. Biología cuantitativa. Leyes en Biología. Modelización de sistemas biológicos moleculares. Contenidos del curso.

Course objectives, organization and assessment method. Quantitative biology. Laws in biology. Modeling of biological systems. Course contents in brief.



BLOQUE I: HERRAMIENTAS BÁSICAS / BLOCK I: BASIC TOOLS

Tema 1. Alineamiento de pares de secuencias. / Unit 1. Pair-wise alignment.

Alineamientos locales y globales. Métodos visuales: Dot-plots. Programación dinámica. Algoritmos de Needleman-Wunsch y Smith-Waterman. Matrices puntuación (PAM y BLOSSUM). Penalización de gaps. Búsquedas en bases de datos. Sensitividad y especificidad. Métodos heurísticos. Algoritmos FASTA y BLAST. Significación estadística: p-valor, E-valor y bit scores.

Local and global alignment. Visual methods: dot-plots. Dynamic programming. Needleman-Wunsch and Smith-Waterman algorithms. Scoring matrices. PAM and BLOSSUM. Gap penalty. Database queries. Sensitivity and specificity. Heuristic methods. FASTA and BLAST algorithms. Statistical significance: p-value, E-value and bit scores.

Tema 2. Alineamiento de múltiples secuencias (MSA) / Unit 2. Multiple sequence alignment (MSA)

Métodos y estrategias para MSA. Puntuaciones (scores) en MSA: suma de pares. Representación de MSA (I): secuencias consenso, expresiones regulares, Position-Specific Scoring Matrices (PSSM). BLAST iterativos. Contenido de información de un MSA. Teoría de la información. Logos. Representación de MSA (II): Perfiles probabilísticos. Modelos ocultos de Markov.

MSA methods and strategies. Scoring: Sum of scores. MSA representation (I): Importance. Definition of consensus sequence, regular expressions, Position-Specific Scoring Matrices (PSSM). Iterative BLAST and PSSM: PSI-BLAST and PHI-BLAST. MSA information content. Information theory. Logos. MSA representation (II): probabilistic profiles. Hidden Markov Models.

Tema 3. Bioinformática estructural y proteómica / Unit 3. Structural bioinformatics and proteomics.

Predicción de la estructura de proteínas. Estrategias para predecir la estructura secundaria y terciaria: Bases de datos y búsquedas estructurales. Predicción localización y modificaciones postraduccionales. El proteoma, interactoma y topónoma. Caracterización de la expresión de proteínas mediante técnicas de alto rendimiento. Análisis de datos proteómica y bases de datos. Interacciones entre macromoléculas (“docking”). Bases de datos de interacciones.

Protein structure prediction. Strategies to predict secondary and tertiary structure of proteins. Databases and structural searches. Prediction of subcellular localization and post-translational modifications. RNA structure prediction. Proteome, interactome and toponome. High-throughput characterization of protein expression. Proteomics data analysis and databases. Interactions between macromolecules (molecular docking). Databases of protein-protein interactions.

Tema 4. Reconstrucción de filogenias / Unit 4. Phylogenetic reconstruction

Inferencia filogenética. Terminología, tipos de árboles y grupos externos. Etapas en reconstrucción filogenética: elección de marcadores y secuencias, MSA, modelos de sustitución en DNA y proteínas, construcción y evaluación de árboles. Modelos (probabilísticos) de evolución. Reconstrucción de árboles. Árboles con y sin raíz.



Asignatura: Bioinformática y Biología Molecular de Sistemas
Código: 18231
Centro: Facultad de Ciencias
Titulación: Bioquímica
Curso Académico: 2016 - 2017
Tipo: Formación Obligatoria
Nº de créditos: 6 ECTS

Métodos basados en distancias: UPGMA y neighbor-joining. Métodos basados en caracteres: máxima parsimonia, máxima verosimilitud y métodos bayesianos. Exploración del espacio de árboles. Evaluación de modelos y árboles reconstruidos. Bootstrap y MCMC (Markov Chain Monte Carlo).

Phylogeny inference. Terminology, tree types and outgroups. Steps in phylogenetic reconstruction: marker and sequence selection, MSA, substitution models, tree construction and evaluation. (Probabilistic) Models of evolution. Tree reconstruction. Rooted and unrooted trees. MSA considerations. Methods based on distances: UPGMA y neighbor-joining. Methods based on characters: maximum parsimony and maximum likelihood. Bayesian methods. Exploring the tree space. Model and tree evaluation. Bootstrap and MCMC.

BLOQUE II: TÉCNICAS “-OMICAS” / BLOCK II: “-OMICS” TECHNIQUES

Tema 5. Genómica y transcriptómica / Unit 5. Genomics and transcriptomics

Técnicas de secuenciación de alto rendimiento. Ensamblado de genomas. Navegadores genómicos. Predicción de genes, regiones reguladoras y sitios unión de factores de transcripción (TFBS). Bases de datos de TFBS. Alineamiento de genomas completos y genómica comparativa. Proyecto ENCODE. Identificación de variación interindividual. Bases de datos de variación genética humana. Predicción del impacto de la variación en la función. Genome-wide association studies (GWAS). Proyectos de los 1000 genomas y HapMap. Técnicas de alto rendimiento para el análisis de la transcripción. Bases de datos de perfiles de expresión génica. Anotación de resultados. Métodos estadísticos que incorporan anotaciones (GSEA).

High-throughput sequencing techniques. Genome assembly. Genome browsers. Gene prediction and prediction of cis-regulatory regions and transcription factor binding sites (TFBS). TFBS databases. Whole genome alignment and comparative genomics. ENCODE project. Interindividual variation. Human genomic variation databases. Prediction of functional impact of variation. Genome-wide association studies (GWAS). 1000 genomes and HapMap projects. High-throughput techniques for the analysis of gene expression. Gene expression profile databases. Statistical methods that incorporate annotations (GSEA).

Tema 6. Análisis estadístico de datos “-omicos” / Unit 6. Statistical analysis of “-omics” data

Detección de genes con expresión diferencial. Contraste de hipótesis, modelos lineales, corrección de “multiple testing” y “false discovery rate” (FDR). Clasificación de casos (pacientes) a partir de datos de expresión. Algoritmos de clasificación. Aprendizaje supervisado y clasificadores. Estimación de error de clasificación: validación cruzada. Descubrimiento de grupos y clustering.

Identification of differentially expressed genes: outcome-related gene finding. Hypothesis testing, lineal models multiple testing correction and FDR. Class discovery. Supervised prediction. Validation procedure. Clustering. Annotation.

BLOQUE III: MODELIZACIÓN DE SISTEMAS BIÓLOGICOS / BLOCK III: MODELING OF BIOLOGICAL SYSTEMS



Asignatura: Bioinformática y Biología Molecular de Sistemas
Código: 18231
Centro: Facultad de Ciencias
Titulación: Bioquímica
Curso Académico: 2016 - 2017
Tipo: Formación Obligatoria
Nº de créditos: 6 ECTS

Tema 7. Introducción a la biología molecular de sistemas / [Unit 7. Introduction to systems molecular biology](#)

Conceptos generales. Redes biológicas y motivos de red.

[General concepts. Biological networks and network motifs.](#)

Tema 8. Introducción al análisis de redes biológicas I. / [Unit 8. Introduction to biological networks analysis I](#)

Procesos dinámicos en Biología y escalas temporales. Análisis de modelos sencillos de crecimiento celular, producción y degradación de biomoléculas. Introducción a la teoría de sistemas dinámicos: estados estacionarios y estabilidad. Sistemas bistables y oscilatorios.

[Dynamical processes in Biology and temporal scales. Analysis of simple models of cell growth, production and degradation of biomolecules. Introduction to dynamical systems theory: steady states and stability. Bistable and oscillatory systems.](#)

Tema 9. Introducción al análisis de redes biológicas II. / [Unit 9. Introduction to biological networks analysis II](#)

Redes biológicas: propiedades topológicas y motivos de red. De la estructura a la función: análisis de los motivos de red. Modelos cinéticos de redes de regulación. Interruptores y osciladores genéticos. Redes que muestran adaptación al estímulo.

[Biological networks: topological properties and network motifs. From structure to function: analysis of network motifs. Kinetic models of regulatory networks. Genetic switches and oscillators. Networks that adapt to stimuli.](#)

1.13. Referencias de consulta / [Course bibliography](#)

Muchas de las referencias recomendadas están disponibles en las bibliotecas de la Universidad. La disponibilidad se puede consultar en el siguiente enlace/[Many of these books are available in the UAM libraries. You can check availability of the recommended references at:](#)

<http://biblos.uam.es/uhtbin/cgisirsi/ uam123/FILOSOFIA/uam456/28/1044/X>

NIVEL BÁSICO / [BASIC LEVEL](#)

1. Bioinformatics for dummies. Jean-Michel Claverie and Cedric Notredame. 1. John Wiley & Sons Ltd; Edición: 2nd Revised edition (2006) (temas/[units](#) 1-6)
2. Introduction to Bioinformatics. Teresa K. Attwood, David J. Parry-Smith. Prentice Hall (1999) (temas/[units](#) 1-6)
3. BIOS Instant Notes: Bioinformatics, 2nd ed. T. Charlie Hodgman, Andrew French, David Westhead. Taylor and Francis (2010) (temas/[units](#) 1-9)

NIVEL INTERMEDIO / [INTERMEDIATE LEVEL](#)



4. Introduction to Computational Genomics: A Case Studies Approach. Nello Cristianini and Matthew W. Hahn. Cambridge University Press (2006). (temas/[units](#) 1-4)
5. Essential Bioinformatics. Jin Xiong. Cambridge University Press (2006). (temas/[units](#) 1-6)
6. Bioinformatics and functional genomics. Jonathan Pevsner. Wiley-Blackwell. Second edition (2009). (temas/[units](#) 1-6)
7. Bioinformatics --From Genomes to Therapies. Edited by Thomas Lengauer. Wiley-VCH (2007). (temas/[units](#) 1-6)
8. Bioinformatics (Sequence and Genome analysis). David W. Mount. Cold Spring Harbor Laboratory Press (2001) (temas/[units](#) 1-6)
9. A first course in systems biology. Eberhard O. Voit. Garland Publishing Inc. (2012) (temas/[units](#) 7-11)
10. An introduction to systems biology. Uri Alon. Chapman & Hall/CRC (2007) (temas/[units](#) 8-9)
11. Bioinformatics and Molecular Evolution. Paul Higgs and Teresa Attwood. Blackwell. 2005. (temas/[units](#) 1-6)
12. Introduction to Bioinformatics, 3rd ed. Arthur M Lesk. Oxford University Press. (2008) (temas/[units](#) 1-6)
13. Phylogenetic trees made easy, 4th ed. Barry G. Hall. Sinauer (2011) (temas/[units](#) 3)
14. An Introduction to Systems Biology, 3rd ed. Uri Alon. CRC (2007)

NIVEL AVANZADO / [ADVANCED LEVEL](#)

15. Biological sequence analysis. Richard Durbin, Sean Eddy, Anders Krogh and Graeme Mitchison. Cambridge University Press (2007, 10th reprint). (temas/[units](#) 1-2)
16. Molecular evolution and phylogenetics. Masatoshi Nei and Sudhir Kumar. Oxford University Press (2000). (temas/[units](#) 3)
17. Structural Bioinformatics. Philip E. Bourne and Helge Weissig. Wiley-Liss (2nd edition, 2009) (temas/[units](#) 6)
18. Fundamentals of Molecular Evolution, 2nd ed. Dan Graur, Wen-Hsiung Li. Sinauer. 2000. (temas/[units](#) 3)
19. Systems Biology, a textbook. Edda Klipp, Wolfram Liebermeister, Christoph Wierling, Axel Kowald, Hans Lehrach, Ralf Herwig. Wiley-Blackwell. 2009 (temas/[units](#) 7-10)



2. Métodos docentes / Teaching methodology

La asignatura se divide en 9 temas agrupados en tres bloques conceptuales. A lo largo del curso se realizarán varias actividades presenciales, que tendrán una duración de 80 minutos, y no presenciales que se repiten para cada tema o bloque como se indica a continuación.

Por cada tema:

- a) Un conjunto de 1-3 sesiones presenciales en las que se combinan explicaciones por el profesor (**clases magistrales**) con breves **ejercicios prácticos a realizar durante la clase**.
- b) Una sesión presencial para corregir en el aula un conjunto de ejercicios/casos prácticos que están disponibles desde el comienzo del tema y que los estudiantes deben entregar resueltos antes del comienzo las sesiones de sesiones de **corrección de ejercicios (lo denominado "Taller" or "Workshop" en el cronograma)**.

Por otro lado, por cada bloque temático, los alumnos deberán realizar:

- Un ejercicio de autoevaluación en su tiempo de estudio personal (**aprendizaje autónomo académicamente dirigido**) en el tiempo no presencial.
- Un **control** de conocimientos que se realizará en una sesión específica presencial.
- Los **controles** se resolverán en el aula inmediatamente tras su finalización en una sesión de **tutoría** específica.

The course is divided into 9 units that are grouped into three conceptual blocks. The course teaching method includes a variety of activities that are repeated for each unit or block as detailed bellow. All in-class sessions will be 80 minutes long.

For each unit:

- 1) A group of 1-3 in-class sessions to introduce the topic by means of **didactic lectures** and short practical **exercises to be done during the class**.
- 2) An in-class session devoted to solve a set of exercises and or practical cases that will be available to students from the beginning of the unit. Students must hand in the solutions to the exercises prior the **problem/case solving** sessions (these are the sessions called "Taller" or "Workshop" in the Course calendar).

For each block, the students are expected to:

- Complete an autoevaluation in their study hours (**teacher-guided autonomous learning**).
- Take a **block test** (in-class session)
- Attend a in-class session devoted solve the block test ("**tutoria**")



3. Tiempo de trabajo del estudiante / Student workload

		Nº de horas	Porcentaje total (Pr/NPr)
Presencial	Clases teóricas	31	21 % (63%)
	Taller Ejercicios	11	7% (22%)
	Controles	2	1.3% (4%)
	Tutorías Resolución Controles	1	0.7% (2%)
	Realización del examen final	2	1.3% (4%)
	TOTAL presencial	49	33%
No presencial	Realización Talleres Ejercicios (3h x 6 talleres)	18	12% (18%)
	Preparación y realización Autoevaluación (3h x 3)	9	6% (9%)
	Preparación Controles (3h x 2)	6	4% (6%)
	Estudio semanal (4h x 15 semanas)	60	40% (59%)
	Preparación del examen final	8	5% (8%)
	TOTAL No presencial	101	67%
Carga total de horas de trabajo: 25 horas x 6 ECTS		150	100%

		Hours	Percentage total (Pr/NPr)
In-class	Didactic Lectures	31	21 % (63%)
	Problem workshops	11	7% (22%)
	Unit tests	2	1.3% (4%)
	Unit test solving sessions	1	0.7% (2%)
	Final exam	2	1.3% (4%)
	TOTAL in-class	49	33%
Personal Study Hours	Problem solving/case studies (3h x 6 workshops)	18	12% (18%)
	Autoevaluation (3h x 3)	9	6% (9%)
	Unit test study (3h x 3)	6	4% (6%)
	Self-Learning (4h x 15 semanas)	60	40% (59%)
	Exam preparation	8	5% (8%)
	TOTAL out-of-class	101	67%
Total workload (hours): 25 h x 6 ECTS		150	100%



4. Métodos de evaluación y porcentaje en la calificación final / Evaluation procedures and weight of components in the final grade

Los resultados del aprendizaje relacionados con las competencias enumeradas anteriormente serán evaluados a lo largo del curso mediante diferentes métodos de evaluación, cuya contribución a la calificación final será la que se indica a continuación.

A lo largo de la asignatura hay programadas un total de 11 entregas de actividades (6 talleres de ejercicios 3 autoevaluaciones y 2 controles de bloque) **para aprobar la asignatura en la convocatoria ordinaria se deben realizar un mínimo de 8 (73%) de las 12 entregas. Solo se considerarán las entregas realizadas en los plazos establecidos en el cronograma.**

Salvo causas debidamente justificadas, los alumnos que no completen un mínimo de 75% de las entregas serán calificados como “No evaluado” en la convocatoria ordinaria.

Además, **para aprobar la asignatura es imprescindible presentarse al examen final.** Si se cumplen las dos condiciones anteriores (mínimo de entregas y examen final) la **calificación final** de la asignatura se calculará en base a la evaluación continua y el examen final de la siguiente forma:

- 20% media de las calificaciones obtenidas en los entregas de ejercicios y autoevaluaciones (las actividades no entregadas computan en el cálculo como cero).
- 40% media de las calificaciones en cada uno de los dos controles (los controles no presentados computan en el cálculo de la media como cero)
- 40% nota obtenida en el examen final

Para aprobar la asignatura se debe obtener como mínimo 5 puntos sobre 10 en el examen final. Los alumnos que obtengan menos de 5 puntos en el examen final serán calificados como “Suspenso”.

Todos los alumnos calificados “No evaluado” o “Suspenso” en la evaluación ordinaria podrán presentarse a un examen final extraordinario único. La nota de los estudiantes presentados al examen extraordinario se calculará como:

40% nota obtenida en el examen final extraordinario.

60% evaluación continua calculada como se indicó anteriormente. Los estudiantes tendrán la opción de completar las entregas que no hayan realizado durante el curso antes del examen final extraordinario.

Superarán la asignatura los alumnos que obtengan como mínimo 5 puntos sobre 10 en la calificación del examen final de la convocatoria extraordinaria.6

There are a total of 12 assignments during the course (6 sets of problems/cases, 3 autoevaluations and 2 block tests), in order to pass the course a minimum of 8 assignments (73%) must be handed in. Only those assignments submitted before their deadline, as indicated in the course chronogram, will be taken into account.



Except for exceptional and justified cases, students not having completed the minimum number of assignments will get “No evaluado” grade the ordinary evaluation period.

As an additional requirement, to pass the course the students must take the final exam.

If both (number of assignments and final exam) of the above conditions are met, the final grade for the course, in the ordinary evaluation period, will be calculated based on the marks obtained in the final exam and the different elements of continuous evaluation as follows:

- 20% average of the marks obtained in the autoevaluation and problem/case assignments (non-delivered assignments are included in the calculation as a zero).
- 40% average of the marks obtained in the unit tests (non-taken tests are included in the calculation as a zero).
- 40% mark in the final exam.

In order to pass the course, it is required a minimum of 5 out 10 points in the final exam. Students with a final mark below 5 in the final exam will get a “Suspenso” grade in the ordinary evaluation period.

Students with “No evaluado” or “Suspenso” grades in the ordinary evaluation have the right to take an extraordinary final exam. The final mark for students taking this exam will be computed as follows:

40% mark in the extraordinary final exam

60% continuous evaluation as indicated above. Students may hand in the assignments not completed during the course.

In order to pass the course in the extraordinary evaluation period, it is required a minimum of 5 out 10 points in the extraordinary final exam.

5. Cronograma* / Course calendar

Semana Week	Sesión Session	Contenido Contents	Horas presenciales Contact hours	Horas no presenciales Independent study time
1	1	Presentación/Int	1.5	4 (estudio / self-learning)
	2	Tema 1 / Unit 1	1.5	
2	3	Tema 1 / Unit 1	1.5	4 (estudio / self-learning)
	4	Taller 1 /	1.5	
3	5	Tema 2 / Unit 2	1.5	4 (estudio / self-learning)
	6	Tema 2 / Unit 2	1.5	
4	7	Tema 2 / Unit 3	1.5	4 (estudio / self-learning)



	7	Taller 2	/ 1.5	4 (estudio / self-learning)
5	8	Tema 3 / Unit 4	1.5	
	9	Tema 3 / Unit 4	1.5	4 (estudio / self-learning)
6	11	Taller 3	/ 1.5	4 (estudio / self-learning)
	12	Control I / Unit I test	45' 45'	
7	13	Tema 5 / Unit 5	1.5	4 (estudio / self-learning)
	14	Tema 5 / Unit 5	1.5	
8	15	Tema 5 / Unit 5	1.5	4 (estudio / self-learning)
	16	Taller 4	/ 1.5	
9	17	Tema 6 / Unit 6	1.5	4 (estudio / self-learning)
	18	Tema 6 / Unit 6	1.5	
10	19	Tema 6 / Unit 6	1.5	4 (estudio / self-learning)
	20	Tema 6 / Unit 6	1.5	
11	21	Taller 5B	/ 1.5	4 (estudio / self-learning)
	22	Control II / Unit II test	45' 45'	4 (estudio / self-learning)
12	23	Tema 7 / Unit 7	1.5	
	24	Tema 8 / Unit 8	1.5	4 (estudio / self-learning)
13	25	Tema 8 / Unit 8	1.5	
	26	Tema 8 / Unit 8	1.5	
14	27	Tema 9 / Unit 9	1.5	4 (estudio / self-learning)
15	28	Tema 9 / Unit 9	1.5	
	29	Tema 9 / Unit 9	1.5	4 (estudio C1 / self-learning C1)
16	30	Taller 6 / Workshop 6		
	31	Examen / Exam	2	6 (Examen / Exam)