

## Guía docente

### 2703125 - ML - Aprendizaje Automático

Última modificación: 30/01/2026

**Unidad responsable:** Facultad de Informática de Barcelona  
**Unidad que imparte:** 707 - ESAII - Departamento de Ingeniería de Sistemas, Automática e Informática Industrial.

**Titulación:** GRADO EN BIOINFORMÁTICA (Plan 2024). (Asignatura obligatoria).

**Curso:** 2025      **Créditos ECTS:** 6.0      **Idiomas:** Inglés

#### PROFESORADO

---

**Profesorado responsable:** ALEXANDRE PERERA LLUNA

**Otros:**

#### CAPACIDADES PREVIAS

---

Python

#### RESULTADOS DE APRENDIZAJE

---

##### Conocimientos:

- K2. Identificar los métodos estadísticos y computacionales y los modelos matemáticos que permiten resolver problemas en los campos de la biología molecular, la genómica, la investigación médica y la genética de poblaciones.
- K3. Identificar los fundamentos matemáticos, las teorías informáticas, los esquemas algorítmicos y los principios de organización de la información aplicables al modelado de sistemas biológicos y a la resolución eficiente de problemas bioinformáticos mediante el diseño de herramientas computacionales.
- K4. Integrar los conceptos ofrecidos por los lenguajes de programación de mayor uso en el ámbito de las Ciencias de la Vida para modelar y optimizar estructuras de datos y construir algoritmos eficientes, relacionándolos entre sí y con sus casos de aplicación.
- K5. Identificar la naturaleza de las variables biológicas que es preciso analizar, así como los modelos matemáticos, los algoritmos y las pruebas estadísticas adecuadas para desarrollar y evaluar análisis estadísticos y herramientas computacionales.

##### Habilidades:

- S2. Analizar computacionalmente secuencias de ADN, ARN y proteínas, incluyendo análisis comparativos de genomas, usando la computación, las matemáticas y la estadística como herramientas básicas de la bioinformática.
- S3. Resolver problemas en los campos de la biología molecular, la genómica, la investigación médica y la genética de poblaciones mediante la aplicación de métodos estadísticos y computacionales y modelos matemáticos.
- S4. Elaborar herramientas específicas que permitan la resolución de problemas sobre la interpretación de datos biológicos y biomédicos, incluyendo visualizaciones complejas.
- S8. Enfrentarse a la toma de decisiones, y defenderlas con argumentos, en la resolución de problemas de las áreas de biología, así como, dentro de los ámbitos adecuados, las ciencias de la salud, las ciencias de la computación y las ciencias experimentales.

##### Competencias:

- C3. Comunicarse de forma oral y escrita con otras personas, en lengua inglesa, sobre los resultados del aprendizaje, de la elaboración del pensamiento y de la toma de decisiones.
- C6. Detectar deficiencias en el propio conocimiento y superarlas mediante la reflexión crítica y la elección de la mejor actuación para ampliar este conocimiento.

#### METODOLOGÍAS DOCENTES

---

Las clases serán principalmente expositivas. También habrá sesiones prácticas y de práctica con Python.

## OBJETIVOS DE APRENDIZAJE DE LA ASIGNATURA

1. Aplicar modelos de aprendizaje profundo a datos biológicos y biomédicos, seleccionando y adaptando arquitecturas como redes convolucionales, recurrentes y transformers para resolver problemas específicos en bioinformática y bioingeniería.
2. Preprocesar, representar y analizar datos biomédicos heterogéneos (imágenes médicas, secuencias biológicas, señales fisiológicas), empleando herramientas computacionales modernas y buenas prácticas de programación científica.
3. Interpretar y evaluar el rendimiento de modelos de deep learning en contextos biomédicos, utilizando métricas adecuadas y comprendiendo las limitaciones y riesgos éticos del uso de inteligencia artificial en biomedicina.

## HORAS TOTALES DE DEDICACIÓN DEL ESTUDIANTE

| Tipo                       | Horas | Porcentaje |
|----------------------------|-------|------------|
| Horas aprendizaje autónomo | 90,0  | 60.00      |
| Horas grupo grande         | 30,0  | 20.00      |
| Horas grupo pequeño        | 30,0  | 20.00      |

**Dedicación total:** 150 h

## CONTENIDOS

### Introducción al aprendizaje profundo en bioinformática y bioingeniería

**Descripción:**

Introducción al aprendizaje profundo en bioinformática y bioingeniería, tipos de datos biológicos y herramientas de software para flujos de trabajo de aprendizaje efectivos.

### Perceptrones multicapa: fundamentos del aprendizaje profundo

**Descripción:**

Una introducción a los componentes fundamentales del aprendizaje profundo a través de perceptrones multicapa (MLP), que abarca la arquitectura de red, las funciones de activación, la propagación hacia adelante y hacia atrás y su papel en el modelado de relaciones no lineales complejas en datos biológicos.

### Análisis de imágenes biomédicas con CNN

**Descripción:**

Este módulo explora las redes neuronales convolucionales (CNN) para analizar imágenes biomédicas, centrándose en tareas de extracción de características, clasificación y segmentación en aplicaciones como patología, radiología y microscopía.

### Modelado de series temporales y secuencias biológicas con RNN

**Descripción:**

Una mirada en profundidad a las redes neuronales recurrentes (RNN) y sus variantes para modelar datos biológicos secuenciales y temporales, incluidas series de tiempo, señales fisiológicas y secuencias de nucleótidos o proteínas.

### Transformadores y mecanismos de atención para secuencias biológicas

**Descripción:**

Introducción a los mecanismos de atención y arquitecturas de transformadores, enfatizando su efectividad para capturar dependencias de largo alcance en secuencias biológicas para tareas como predicción de estructuras y anotación funcional.

### Arquitecturas de codificador-decodificador

**Descripción:**

Diseño y aplicación de modelos codificadores-decodificadores para transformar, anotar y generar secuencias biológicas y datos biomédicos, con énfasis en RNN y variantes de transformadores, integración de atención y tareas de modelado de secuencias del mundo real.

### Modelos de lenguaje y PNL en bioinformática y biomedicina

**Descripción:**

Este módulo explora cómo se aplican los modelos de lenguaje a textos biomédicos y secuencias biológicas, lo que permite tareas como el reconocimiento de entidades nombradas, la clasificación de documentos y la anotación funcional a través de modelos previamente entrenados como BioBERT, DNABERT y transformadores de secuencias de proteínas.

## ACTIVIDADES

### Clases teóricas

**Objetivos específicos:**

1, 2

**Dedicación:** 70h

Grupo grande/Teoría: 25h

Aprendizaje autónomo: 45h

### Laboratorios

**Objetivos específicos:**

2, 3

**Dedicación:** 75h

Grupo mediano/Prácticas: 30h

Aprendizaje autónomo: 45h

### Parcial.

**Dedicación:** 2h

Actividades dirigidas: 2h

### Examen Final

**Dedicación:** 3h

Actividades dirigidas: 3h

## SISTEMA DE CALIFICACIÓN

---

La evaluación del curso es la siguiente:

- 30% corresponde a trabajos prácticos (en parejas),
- 70% consiste en dos exámenes teóricos parciales, uno parcial (35%) y otro final (35%).

Información sobre la recuperación:

Se puede recuperar.

Solo los alumnos que, tras la evaluación, obtengan una calificación igual o superior a 3 podrán realizar el examen de reevaluación. En el examen de reevaluación (R) sólo se reevalúa la parte teórica y la nota de reevaluación en este caso será 70%R más 30% de los trabajos prácticos realizados durante el curso

## BIBLIOGRAFÍA

---

### Básica:

- Bharath Ramsundar, Peter Eastman, Pat Walters, Vijay Pande. Deep Learning for the Life Sciences. O'Reilly Media, Inc., ISBN 9781492039839.
- Tiago Antão. Bioinformatics with Python Cookbook. ISBN 978-1789344691.