UNIVERSIDADE DA CORUÑA

Guia docente					
Datos Identificativos					2019/20
Asignatura (*)	Procesamiento avanzado de secuencias biológicas		Código		614522020
Titulación	Mestrado Universitario en Bioinformática para Ciencias da Saúde				
Descriptores					
Ciclo	Periodo	Curso	Tipo	Créditos	
Máster Oficial	1º cuatrimestre	Segundo	Optativa	3	
Idioma	CastellanoGallegoInglés				
Modalidad docente	Presencial				
Prerrequisitos					
Departamento	Ciencias da Computación e Tecnoloxías da InformaciónComputación				
Coordinador/a	Bernardo Roca, Guillermo de	Correo electrónico	guillermo.debernardo@udc.es		
Profesorado	Bernardo Roca, Guillermo de Santos Reyes, Jose	Correo electrónico	guillermo.debernardo@udc.es jose.santos@udc.es		
Web	moodle.udc.es				
Descripción general	La asignatura introduce estructuras de datos, algoritmos y herramientas avanzadas para el procesamiento de secuencias biológicas. En particular se introducen técnicas de compresión y representación sucinta de secuencias biológicas, grafos y redes, y técnicas de predicción de estructura de proteínas.				

Competencias / Resultados del título	
Código	Competencias / Resultados del título
A1	CE1 - Capacidad para conocer el ámbito de aplicación de la bioinformática y sus aspectos más importantes
A2	CE2 - Definir, evaluar y seleccionar la arquitectura y el software más adecuado para la resolución de un problema en el campo de la Bioinformática
A3	CE3 - Analizar, diseñar, desarrollar, implementar, verificar y documentar soluciones software eficientes sobre la base de un conocimiento adecuado de las teorías, modelos y técnicas actuales en el campo de la Bioinformática
A6	CE6 - Capacidad para identificar las herramientas software y fuentes de datos de bioinformática más relevantes, y adquirir destreza en su uso
A8	CE8 - Comprender a base da información do material hereditario, a súa transmisión, análise e evolución
A9	CE9 - Entender los beneficios y comprender los problemas asociados a la secuenciación y a la utilización de secuencias biológicas, así como conocer las estructuras y técnicas para su procesamiento
B1	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
B2	CB7 - Que los estudiantes sepan aplicar los conocimientos adquiridos y su capacidad de resolución de problemas en entornos nuevos o poco conocidos dentro de contextos más amplios (o multidisciplinares) relacionados con su área de estudio
B8	CG3 - Ser capaz de trabajar en un equipo, en especial de carácter interdisciplinar
C6	CT6 - Valorar críticamente el conocimiento, la tecnología y la información disponible para resolver los problemas con los que deben enfrentarse
C7	CT7 - Mantener y asentar estrategias encaminadas a la actualización científica como criterio de mejora profesional.

Resultados de aprendizaje			
Resultados de aprendizaje	Competencias / Resultados del título		
Conocer las principales estructuras de datos usadas en el estado del arte para almacenamiento compacto y auto-indexado de secuencias y los algoritmos para su manejo.	AP1 AP2 AP9		
Crear estructuras de datos comprimidas para realizar tareas de análisis y alineamiento de secuencias de forma eficiente en tiempo y espacio.	AP2 AP3 AP6 AP8	BP1 BP2 BP8	CP6 CP7

Conocer los problemas asociados a la predicción de la estructura secundaria y terciaria de las proteínas y su importancia, así como los principales métodos de predicción del estado del arte.	AP1 AP2 AP3 AP6 AP9	BP1	CP6 CP7

Contenidos	
Tema	**Subtema**
Compresión de secuencias biológicas	Lempel-Ziv Compresión de gramáticas
Indexación de secuencias biológicas	Transformada de Burrows-Wheeler FM-index Aplicaciones en búsqueda y ensamblaje
Representación sucinta de grafos y redes biológicas	Estructuras para la representación compacta de grafos Representación de redes biológicas Aplicaciones a secuencias biológicas
Predicción de estructura de proteínas	Conceptos básicos de proteínas Predicción de estructura secundaria con métodos de aprendizaje máquina Métodos de predicción de estructura terciaria Modelado del plegado de proteínas

Planificación				
Metodologías / pruebas	**Competencias / Resultados**	**Horas lectivas (presenciales y virtuales)**	**Horas trabajo autónomo**	**Horas totales**
Sesión magistral	A1 A2 A3 A6 A8 A9	11	11	22
Prueba mixta	A1 A2 A3 A6 A8 A9 B2	4	0	4
Prácticas a través de TIC	A1 A2 B1 B2 B8 C6 C7	10	38	48
Atención personalizada		1	0	1
(*)Los datos que aparecen en la tabla de planificación són de carácter orientativo, considerando la heterogeneidad de los alumnos				

Metodologías	
Metodologías	**Descripción**
Sesión magistral	Exposición de los contenidos de la materia
Prueba mixta	Realización de una prueba final para demostrar los conocimientos y competencias adquiridos durante las sesiones magistrales y las prácticas en el aula
Prácticas a través de TIC	Realización de prácticas, individuales o en grupo, para desarrollar los conceptos adquiridos en las clases magistrales

Atención personalizada	
Metodologías	**Descripción**
Prácticas a través de TIC	Entre el alumnado puede haber diferencias en el nivel de conocimiento de los algoritmos y técnicas específicas utilizados como base para la asignatura. Se prevé una atención personalizada para el trabajo realizado en las prácticas

Evaluación

Metodologías	Competencias / Resultados	Descripción	Calificación
Prueba mixta	A1 A2 A3 A6 A8 A9 B2	Constará dunha proba na que deben ser demostrados os coñecementos e competencias adquiridos. Para aprobar a materia globalmente hai que obter unha NOTA MÍNIMA de 1 (sobre 2) nesta proba. Non sendo así, a nota máxima global da materia non será en ningún caso superior a 4,9 e a materia considerarase sustpensa.	20
Prácticas a través de TIC	A1 A2 B1 B2 B8 C6 C7	Os estudantes deberán entregar boletíns cos resultados das prácticas realizadas ou solución aos problemas propostos.	80

Observaciones evaluación
PRIMERA OPORTUNIDADTendrá calificación de NO PRESENTADO cualquier estudiante que no realice la prueba mixta SEGUNDA OPORTUNIDADSolo podrán presentarse a la segunda oportunidad aquellos estudiantes que no superen la asignatura en la primera oportunidad. En la segunda oportunidad tendrá calificación de NO PRESENTADO cualquier estudiante que no opte a recuperar ninguna de las partes. OPORTUNIDAD ADELANTADA: La evaluación en la oportunidad adelantada consistirá en una prueba escrita (100% de la nota final) que recogerá los conocimientos y competencias adquiridos durante las sesiones magistrales y las prácticas.DISPENSA ACADÉMICA: Aquellos estudiantes con matrícula a tiempo parcial y dispensa académica que les exima de asistencia a las clases deberán contactar con los docentes durante las dos primeras semanas de clase para establecer las condiciones de entrega de las prácticas. PRIMEIRA OPORTUNIDADEOportunidade ganar

Fuentes de información	
Básica	- N. C. Jones, P. A. Pevzner (2004). An introduction to bioinformatics algorithms. MIT Press - A. Tramontano (2006). Protein structure prediction: Concepts and Applications. Wiley-VCH - V. Mäkinen, D. Belazzougui, F. Cunial, A.I.Tomescu (2015). Genome-scale algorithm design. Cambridge University Press
Complementária	- T.K. Attwood, D.J. Parry-Smith (2002). Introducción a la bioinformática. Pearson educacion

Recomendaciones
Asignaturas que se recomienda haber cursado previamente
Estructuras de datos y algoritmia para secuencias biológicas/614522013
Asignaturas que se recomienda cursar simultáneamente
Asignaturas que continúan el temario
Otros comentarios

(*) La Guía Docente es el documento donde se visualiza la propuesta académica de la UDC. Este documento es público y no se puede modificar, salvo cosas excepcionales bajo la revisión del órgano competente de acuerdo a la normativa vigente que establece el proceso de elaboración de guías