



Guía docente				
Datos Identificativos				2021/22
Asignatura (*)	Métodos estadísticos avanzados en bioinformática	Código	614522009	
Titulación	Mestrado Universitario en Bioinformática para Ciencias da Saúde			
Descriptorios				
Ciclo	Periodo	Curso	Tipo	Créditos
Máster Oficial	2º cuatrimestre	Primero	Obligatoria	6
Idioma	CastellanoInglés			
Modalidad docente	Presencial			
Prerrequisitos				
Departamento	Matemáticas			
Coordinador/a	Lopez de Ullibarri Galparsoro, Ignacio	Correo electrónico	ignacio.lopezdeullibbarri@udc.es	
Profesorado	Lopez de Ullibarri Galparsoro, Ignacio	Correo electrónico	ignacio.lopezdeullibbarri@udc.es	
Web	www.master.bioinformatica.fic.udc.es			
Descripción general	Se pretende proporcionar al alumnado los conocimientos necesarios para abordar una selección de problemas importantes en Bioinformática desde una perspectiva eminentemente estadística/probabilística.			
Plan de contingencia	<p>1. Modificaciones en los contenidos Ninguna.</p> <p>2. Metodologías *Metodologías docentes que se modifican Sesión magistral, Solución de problemas y Prácticas a través de TIC serán impartidas por teledocencia (Teams). La Prueba mixta se realizará de modo no presencial por Moodle. La Prueba práctica se entregará por Moodle.</p> <p>3. Mecanismos de atención personalizada al alumnado Se atenderán las consultas del alumnado por correo electrónico dos días a la semana. Si fuese necesario se podrán hacer tutorías individuales por Teams concertándolas previamente por correo electrónico.</p> <p>4. Modificaciones en la evaluación Ninguna.</p> <p>5. Modificaciones de la bibliografía o webgrafía Ninguna.</p>			

Competencias / Resultados del título	
Código	Competencias / Resultados del título
A5	CE5 - Desarrollo de habilidades en el manejo de técnicas estadísticas y su aplicación a conjuntos de datos del 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
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
B6	CG1 - Buscar y seleccionar la información útil necesaria para resolver problemas complejos, manejando con soltura las fuentes bibliográficas del campo
B7	CG2 - Mantener y extender planteamientos teóricos fundados para permitir la introducción y explotación de tecnologías nuevas y avanzadas



C3	CT3 - Utilizar las herramientas básicas de las tecnologías de la información y las comunicaciones (TIC) necesarias para el ejercicio de su profesión y para el aprendizaje a lo largo de su vida
C6	CT6 - Valorar críticamente el conocimiento, la tecnología y la información disponible para resolver los problemas con los que deben enfrentarse

Resultados de aprendizaje			
Resultados de aprendizaje	Competencias / Resultados del título		
Conocer los principios estadísticos del análisis de sistemas de altas prestaciones para el estudio de la expresión génica	AP5 AP6	BP1 BP2 BP6 BP7	CP3 CP6
Comprender los aspectos estadísticos de la construcción de árboles filogenéticos	AP5 AP6	BP1 BP2 BP6 BP7	CP3 CP6
Conocer los fundamentos de los principales modelos estocásticos empleados en genética de poblaciones	AP5 AP6	BP1 BP2 BP6 BP7	CP3 CP6
Entender las bases probabilísticas y estadísticas de los métodos de análisis de secuencias biológicas	AP5 AP6	BP1 BP2 BP6 BP7	CP3 CP6

Contenidos	
Tema	Subtema
1. Análisis estadístico de sistemas de altas prestaciones para el estudio de la expresión génica	Generalidades sobre el estudio de la expresión génica con microarrays y RNA-seq. Preprocesamiento de los datos de microarrays y RNA-seq. Análisis de conglomerados de muestras y genes. Multiplicidad de los contrastes de hipótesis en los estudios de expresión génica diferencial. Métodos estadísticos para el análisis de la expresión génica diferencial con RNA-seq.
2. Árboles filogenéticos	Modelos de evolución de las secuencias de ADN. Construcción y estimación de árboles filogenéticos: métodos basados en los conceptos de parsimonia, distancia y máxima verosimilitud. Contrastes sobre filogenias y métodos relacionados.
3. Introducción a los modelos estocásticos en genética de poblaciones	El modelo de Wright-Fisher. El coalescente: el coalescente básico, contrastes de la hipótesis de neutralidad, extensiones del coalescente.
4. Aspectos estadísticos del análisis de secuencias biológicas	Sistemas de puntuación de alineamientos. Análisis de la significación estadística de alineamientos de secuencias.

Planificación				
Metodologías / pruebas	Competencias / Resultados	Horas lectivas (presenciales y virtuales)	Horas trabajo autónomo	Horas totales
Sesión magistral	A5 B1 B7	18	40	58



Solución de problemas	B2 B6 C6	12	28	40
Prácticas a través de TIC	A5 A6 B2 C3	12	25	37
Prueba mixta	A5	3	0	3
Prueba práctica	B6	0	10	10
Atención personalizada		2	0	2

(*) 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 oral complementada con el uso de medios audiovisuales, con la finalidad de transmitir al estudiante los conocimientos teóricos
Solución de problemas	Seminarios en grupos de tamaño intermedio destinados a la resolución de ejercicios y problemas
Prácticas a través de TIC	Resolución de supuestos prácticos y teóricos mediante la utilización de software estadístico
Prueba mixta	Prueba con preguntas de tipo test de opciones múltiples y/o preguntas de respuesta breve realizada con el fin de evaluar globalmente la adquisición de conocimientos por el estudiante
Prueba práctica	Resolución por el estudiante de un caso práctico

Atención personalizada	
Metodologías	Descripción
Sesión magistral Solución de problemas Prácticas a través de TIC Prueba práctica	La atención personalizada se hará mediante tutorías presenciales en el despacho del profesor

Evaluación			
Metodologías	Competencias / Resultados	Descripción	Calificación
Prueba mixta	A5	Prueba que constará de preguntas de tipo test con opciones múltiples y/o con preguntas de breve respuesta	65
Prueba práctica	B6	Caso práctico resuelto polo estudiante	35

Observaciones evaluación



Evaluación en la primera oportunidad

Podrá ser tenido en cuenta el seguimiento objetivable del curso y la

participación activa por parte del estudiante, reflejándose en la calificación con hasta un 20% de la nota final. El porcentaje restante de la calificación (entre el 80% y el 100%) dependerá de la evaluación de la Prueba mixta y de la Prueba práctica, y se calculará reescalando si es preciso los porcentajes que figuran en la tabla superior.

Para superar la

asignatura es

necesario alcanzar una calificación total mínima de 50 puntos, siendo en

todo caso obligatoria la presentación a la Prueba mixta. Quien no se

presente a la Prueba mixta será calificado como 'no presentado'.

Evaluación en la segunda oportunidad

Se hará con los mismos criterios de la primera oportunidad. El alumnado que hubiera presentado la Prueba práctica en la primera oportunidad conservará la nota obtenida en su evaluación en la primera oportunidad.

El alumnado con reconocimiento de dedicación a tiempo

parcial y

dispensa académica de exención de asistencia que decida no asistir regularmente a las clases, será

evaluado en las dos oportunidades como el resto de alumnado que se encuentra en una

situación similar.

La realización fraudulenta de las pruebas o actividades de evaluación

implicará directamente la calificación de 0 en la convocatoria

correspondiente.

Fuentes de información

Básica	<ul style="list-style-type: none"> - Deonier R C, Tavaré S, Waterman M S (2005). Computational Genome Analysis. Springer - Ewens W J, Grant G R (2005). Statistical Methods in Bioinformatics. Springer - Felsenstein J (2004). Inferring Phylogenies. Sinauer - Datta S, Nettleton DS (Editores) (2014). Statistical Analysis of Next Generation Sequence Data. Springer - Holmes S, Huber W (2019). Modern Statistics for Modern Biology. Cambridge University Press - Korpelainen E, Tuimala J, Somervuo P, Huss M, Wong G (2014). RNA-seq Data Analysis: A Practical Approach. Chapman&Hall/CRC - Wakeley J (2008). Coalescent Theory. Freeman - R (). Sitio web programa R. https://cran.r-project.org/ - Bioconductor Project (). Sitio web Bioconductor. https://www.bioconductor.org/
Complementaria	

Recomendaciones

Asignaturas que se recomienda haber cursado previamente

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