		Guia d	ocente			
	Datos Iden	tificativos				2021/22
Asignatura (*)	Procesamiento avanzado de secuencias biológicas Código 6145			614522020		
Titulación	Mestrado Universitario en Bioinformática para Ciencias da Saúde					
		Descri	ptores			
Ciclo	Periodo Curso Tipo Créditos			Créditos		
Máster Oficial	1º cuatrimestre	Seg	Segundo Optativa 3			3
Idioma	CastellanoGallegoInglés					
Modalidad docente	Híbrida					
Prerrequisitos						
Departamento	Ciencias da Computación e Tecr	noloxías da Info	rmaciónCompu	tación		
Coordinador/a	Bernardo Roca, Guillermo de		Correo elect	rónico	guillermo.deberr	nardo@udc.es
Profesorado	Bernardo Roca, Guillermo de		Correo elect	rónico	guillermo.deberr	nardo@udc.es
	Santos Reyes, Jose				jose.santos@ud	c.es
Web	moodle.udc.es					
Descripción general	La asignatura introduce estructur	ras de datos, al	goritmos y herra	amientas	avanzadas para	el procesamiento de secuencias
	biológicas. En particular se introd	ducen técnicas	de compresión	y repres	entación sucinta c	le secuencias biológicas, grafos y
	redes, y técnicas de predicción d	le estructura de	proteínas.			
Plan de contingencia	Modificaciones en los contenidos					
	No hay					
	2. Metodologías					
	*Metodologías docentes que se	mantienen				
	Se mantienen todas las metodolo	ogías. El seguir	niento de las se	siones,	y la realización de	el examen, se realizarán por
	medios telemáticos si no fuese p	osible realizarlo	os de forma pre	sencial.		
	*Metodologías docentes que se	modifican				
	Mecanismos de atención personalizada al alumnado Se utilizarán los mecanismos habituales (Teams y/o email)					
	4. Modificaciones en la evaluació	ón				
	No hay					
	*Observaciones de evaluación:					
	5. Modificaciones de la bibliograf	ía o webgrafía				
	Ninguna	J				

	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
А3	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	Con	npetenc	ias /
	Result	ados de	el título
Conocer las principales estructuras de datos usadas en el estado del arte para almacenamiento compacto y auto-indexado de	AP1		
secuencias y los algoritmos para su manejo.	AP2		
	AP9		
Crear estructuras de datos comprimidas para realizar tareas de análisis y alineamiento de secuencias de forma eficiente en	AP2	BP1	CP6
tiempo y espacio.	AP3	BP2	CP7
	AP6	BP8	
	AP8		
Conocer los problemas asociados a la predicción de la estructura secundaria y terciaria de las proteínas y su importancia,	AP1	BP1	CP6
así como los principales métodos de predicción del estado del arte.	AP2		CP7
	AP3		
	AP6		
	AP9		

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	4	0	4
	B2			
Prácticas a través de TIC	A1 A2 B1 B2 B8 C6	10	38	48
	C7			
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	Realización de prácticas, individuales o en grupo, para desarrollar los conceptos adquiridos en las clases magistrales		
TIC			

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

		Evaluación	
Metodologías	Competencias /	Descripción	
	Resultados		
Prueba mixta	A1 A2 A3 A6 A8 A9	Constará de una prueba en la que deben ser demostrados los conocimientos y	20
	B2	competencias adquiridos.	
		Para aprobar la asignatura globalmente hay que obtener una NOTA MÍNIMA de 1	
		(sobre 2) en esta prueba. En caso de no alcanzar esta puntuación, la nota máxima	
		global de la asignatura no será en ningún caso superior a 4,0 y la materia se	
		considerará suspensa.	
Prácticas a través de	A1 A2 B1 B2 B8 C6	Los estudiantes deberán entregar boletines con los resulados de las prácticas	80
TIC	C7	realizadas o la solución a los problemas propuestos.	

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 podrán recuperarse todas las prácticas individuales y la prueba mixta. Solo podrán recuperarse aquellas partes no entregadas en la primera oportunidade, o en las que no se hubiese alcanzado un 50% de la calificación máxima. En caso de no recuperar alguna parte, se conservará la nota obtenida en esa parte en la primera oportunidad. En las partes recuepradas, se perderá la nota de la primera oportunidad y la calificación será la obtenida en la segunda 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