UNIVERSIDADE DA CORUÑA

Guía Docente					
Datos Identificativos					2021/22
Asignatura (*)	Procesamento avanzado de secuencias biolóxicas			Código	614522020
Titulación					
Descriptores					
Ciclo	Período	Curso		Tipo	Créditos
Mestrado Oficial	1º cuadrimestre	Segundo		Optativa	3
Idioma	Casteláns Galego Inglés				
Modalidade docente	Híbrida				
Prerrequisitos					
Departamento	Ciencias da Computación e Tecnoloxías da Información Computación				
Coordinación	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				
Descrición xeral	A materia introduce estructuras de datos, algoritmos e ferramentas avanzadas para o procesamento de secuencias biolóxicas. En particular introdúcense técnicas de compresión e representación sucinta de secuencias biolóxicas, grafos e redes, e técnicas de predicción de estrutura de proteínas				
Plan de continxencia	1. Modificacións nos contidos Non hai 2. Metodoloxías *Metodoloxías docentes que se manteñen Mantéñense todas as metodoloxías. O seguimento das sesións, e a realización do exame, serán telemáticos se non fose posible realizalos de forma presencial. *Metodoloxías docentes que se modifican 3. Mecanismos de atención personalizada ao alumnado Utilizaranse os mecanismos habituais (Teams e/ou email) 4. Modificacións na avaliación Non se realizan modificacións *Observacións de avaliación: 5. Modificacións da bibliografía ou webgrafía Ningunha				

Competencias / Resultados do título	
Código	Competencias / Resultados do título

Resultados da aprendizaxe			
Resultados de aprendizaxe	Competencias / Resultados do título		
Coñecer as principais estruturas de datos usadas no estado da arte para o almacenamento compacto e auto-indexado de secuencias, e algoritmos para o seu uso.	AP1 AP2 AP9		

Crear estruturas de datos comprimidas para realizar tarefas de análise e aliñamento de secuencias de forma eficiente en tempo e espazo.	AP2 AP3 AP6 AP8	BP1 BP2 BP8	CP6 CP7
Coñecer os problemas asociados á predicción da estrutura secundaria e terciaria das proteínas e a súa importancia, así como os principais métodos de predicción do estado da arte.	AP1 AP2 AP3 AP6 AP9	BP1	CP6 CP7

Contidos	
Temas	**Subtemas**
Compresión de secuencias biolóxicas	Lempel-Ziv Compresión de gramáticas
Indexación de secuencias biolóxicas	Transformada de Burrows-Wheeler FM-index Aplicacións en busca e ensamblaxe
Representación sucinta de grafos e redes biolóxicas	Estruturas para a representación compacta de grafos Representación de redes biolóxicas Aplicacións a secuencias biolóxicas
Predicción de estrutura de proteínas	Conceptos básicos de proteínas Predicción de estrutura secundaria con métodos de aprendizaxe máquina Métodos de predicción de estrutura terciaria Modelado do plegado de proteínas

Planificación				
Metodoloxías / probas	**Competencias / Resultados**	**Horas lectivas (presenciais e virtuais)**	**Horas traballo autónomo**	**Horas totais**
Sesión maxistral	A1 A2 A3 A6 A8 A9	11	11	22
Proba 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
***Os datos que aparecen na táboa de planificación son de carácter orientativo, considerando a heteroxeneidade do alumnado**				

Metodoloxías	
Metodoloxías	**Descrición**
Sesión maxistral	Exposición dos contidos da materia
Proba mixta	Realización dunha proba final para demostrar os coñecementos e competencias adquiridos durante as sesións maxistrais e as prácticas na aula
Prácticas a través de TIC	Realización de prácticas, individuais ou en grupo, para desenvolver os conceptos adquiridos nas clases maxistrais

Atención personalizada	
Metodoloxías	**Descrición**
Prácticas a través de TIC	Entre o alumnado pode haber diferenzas no nivel de coñecemento dos algoritmos e técnicas específicas utilizados como base para a asignatura. Prevese unha atención personalizada para o traballo realizado nas prácticas

Avaliación			
Metodoloxías	Competencias / Resultados	Descrición	Cualificación
Proba 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 4,0 e a materia considerarase suspensa.	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

Observacións avaliación
PRIMEIRA OPORTUNIDADETerá calificación de NON PRESENTADO calquera estudante que non realice a proba mixta. SEGUNDA OPORTUNIDADESó poderán presentarse á segunda oportunidade aqueles estudantes que non superen a materia na primeira oportunidade. Na segunda oportunidade poderán recuperarse todas as prácticas individuais e a proba mixta. Só se poderán recuperar aquelas partes non entregadas na primeira oportunidade ou nas que non se tivese acadado un 50% da cualificación máxima. En caso de non recuperar algunha parte, conservarase a nota obtida nesa parte na primeira oportunidade. Nas partes recuperadas, perderase a nota da primeira oportunidade e a cualificación será a obtida na segunda oportunidade. Na segunda oportunidade terá calificación de NON PRESENTADO calquera estudante que non opte a recuperar ningunha das partes. OPORTUNIDADE ADIANTADA: A avaliación na oportunidade adiantada consistirá dunha proba escrita (100% da nota final), que recollerá os coñecementos e competencias adquiridos durante as sesións maxistrais e as prácticas.DISPENSA ACADÉMICA: Aqueles estudantes con matrícula a tempo parcial e dispensa académica que lles exima da asistencia ás clases deberán contactar cos docentes durante as dúas primeiras semanas de clase para establecer as condicións de entrega e defensa das prácticas. PRIMEIRA OPORTUNIDADEOportunidade ganar

Fontes de información	
Bibliografía 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
Bibliografía complementaria	- T.K. Attwood, D.J. Parry-Smith (2002). Introducción a la bioinformática. Pearson educacion

Recomendacións
Materias que se recomenda ter cursado previamente
Estruturas de datos e algoritmia para secuencias biolóxicas/614522013
Materias que se recomenda cursar simultaneamente
Materias que continúan o temario
Observacións

(*)A Guía docente é o documento onde se visualiza a proposta académica da UDC. Este documento é público e non se pode modificar, salvo casos excepcionais baixo a revisión do órgano competente dacordo coa normativa vixente que establece o proceso de elaboración de guías