



Guía Docente				
Datos Identificativos				2022/23
Asignatura (*)	Estruturas de datos e algoritmia para secuencias biolóxicas	Código	614522013	
Titulación	Mestrado Universitario en Bioinformática para Ciencias da Saúde			
Descritores				
Ciclo	Período	Curso	Tipo	Créditos
Mestrado Oficial	2º cuatrimestre	Primeiro	Obrigatoria	6
Idioma	CastelánInglés			
Modalidade docente	Presencial			
Prerrequisitos				
Departamento	Ciencias da Computación e Tecnoloxías da InformaciónComputación			
Coordinación	Ladra González, Susana	Correo electrónico	susana.ladra@udc.es	
Profesorado	Ladra González, Susana Silva Coira, Fernando	Correo electrónico	susana.ladra@udc.es fernando.silva@udc.es	
Web				
Descrición xeral	A materia introduce algoritmos e estruturas de datos comunmente utilizados no ámbito da bioloxía computacional.			

Competencias / Resultados do título	
Código	Competencias / Resultados do título
A1	CE1 - Capacidade para coñecer o eido de aplicación da bioinformática e os seus aspectos máis importantes
A2	CE2 - Definir, avaliar e seleccionar a arquitectura e o software máis axeitado para resolver un problema no campo da Bioinformática
A3	CE3 - Analizar , deseñar , desenvolver, implementar , verificar e documentar solucións software eficientes sobre a base dun coñecemento adecuado das teorías, modelos e técnicas actuais no eido da Bioinformática
A8	CE8 - Comprender a base da información do material hereditario, a súa transmisión, análise e evolución
A9	CE9 - Entender os beneficios e comprender os problemas asociados a secuenciación e ao uso de secuencias biolóxicas, así como coñecer as estruturas e técnicas para o seu procesamento
B1	CB6 ? Posuír e comprender o coñecemento que fornecen unha base ou oportunidade de orixinalidade no desenvolvemento e / ou aplicación de ideas, a miúdo nun contexto de investigación.
B2	CB7 - Que os estudantes saiban aplicar os coñecementos adquiridos e a súa capacidade de resolución de problemas en contornas novas ou pouco coñecidas dentro de contextos máis amplos (ou multidisciplinares) relacionados coa súa área de estudo
B8	CG3 - Ser capaz de traballar en equipa, en especial de carácter interdisciplinar
C6	CT6 - Valorar criticamente o coñecemento, a tecnoloxía e a información dispoñibles para resolver os problemas cos que deben enfrontarse
C7	CT7 - Manter e asentar estratexias encamiñadas a actualización científica como criterio de mellora profesional.

Resultados da aprendizaxe			
Resultados de aprendizaxe	Competencias / Resultados do título		
	Coñecer as estruturas de datos básicas e os algoritmos utilizados para o almacenamento compacto de secuencias biolóxicas e o seu procesamento.	AP1	
	AP2		
	AP9		
Analizar e comparar as estruturas de datos e a complexidade dos algoritmos que as manexan.	AP2	BP1	CP6
	AP3		CP7
Entender, analizar, deseñar e implementar solucións a diferentes problemas fundamentais do aliñamento de secuencias, como a corrección de erros nas lecturas, ensamblaxe de cóntigos, recheo de ocós, etc.	AP1	BP1	CP6
	AP2	BP2	CP7
	AP3	BP8	
	AP8		
	AP9		



Explicar, analizar, deseñar e implementar solucións a problemas relacionados coa evolución, como ensamblaxe de haplotipos, descubrimento de motivos, patróns de permutacións, reordenamento do xenoma, etc.	AP1	BP1	CP6
	AP2	BP2	CP7
	AP3	BP8	
	AP8		
	AP9		

Contidos	
Temas	Subtemas
Introdución á análise de algoritmos e complexidade	Análise de algoritmos Complexidade
Busca de patróns en secuencias	Métodos de busca exacta Métodos de busca aproximada Árbores e arrays de sufixos
Introdución á compresión e indexación de secuencias	Técnicas de compresión Índices e autoíndices
Aplicacións sobre secuencias biolóxicas	Comparación de secuencias Busca de motivos Reordenamento do xenoma Aliñamento de secuencias Ensamblaxe de secuencias Análise filoxenético

Planificación				
Metodoloxías / probas	Competencias / Resultados	Horas lectivas (presenciais e virtuais)	Horas traballo autónomo	Horas totais
Prácticas a través de TIC	A2 A3 B1 B2 B8 C6 C7	14	60	74
Traballos tutelados	A1 A2 A3 A8 A9 B1 B2 B8 C6 C7	3	30	33
Proba mixta	A1 A2 A3 A8 A9 B2	0	5	5
Sesión maxistral	A1 A2 A3 A8 A9	28	10	38
Atención personalizada		0	0	0

\*Os datos que aparecen na táboa de planificación son de carácter orientativo, considerando a heteroxeneidade do alumnado

Metodoloxías	
Metodoloxías	Descrición
Prácticas a través de TIC	Realización de prácticas en ordenador e boletíns para desenvolver os conceptos adquiridos nas clases maxistrais.
Traballos tutelados	Realización dun traballo, individualmente ou en grupo, baixo a supervisión do equipo docente da materia.
Proba mixta	Realización dunha proba escrita para demostrar os coñecementos e competencias adquiridos en relación á materia durante as sesións maxistrais e as prácticas na aula.
Sesión maxistral	Exposición dos contidos da materia.

Atención personalizada	
Metodoloxías	Descrición
Traballos tutelados Prácticas a través de TIC	Entre o alumnado haberá diferenzas notables en canto ao seu coñecemento sobre algoritmos e estruturas de datos. Por iso, prevese unha atención personalizada para as prácticas na aula e para o traballo, que se desenvolverán de forma individual ou en grupo.



## Avaliación

Metodoloxías	Competencias / Resultados	Descrición	Cualificación
Proba mixta	A1 A2 A3 A8 A9 B2	<p>Constará dunha proba escrita na que deben ser demostrados os coñecementos e as competencias adquiridos durante as clases maxistras e as prácticas.</p> <p>Para aprobar a materia globalmente hai que obter na proba mixta unha NOTA MÍNIMA de 1,5 (sobre 3). Non sendo así, a nota máxima GLOBAL da materia non será en ningún caso superior a un 4,9 (e polo tanto a materia se considerará SUSPENSA).</p>	30
Traballos tutelados	A1 A2 A3 A8 A9 B1 B2 B8 C6 C7	Os estudantes deberán realizar un traballo, individual ou en grupo, sobre un artigo científico, tendo que defendelo ante o profesorado.	20
Prácticas a través de TIC	A2 A3 B1 B2 B8 C6 C7	<p>Realizarase unha avaliación do traballo realizado polo alumnado durante as prácticas.</p> <p>Os estudantes deberán entregar boletíns coas solucións aos problemas propostos e defendelos ante o profesorado.</p>	50

## Observacións avaliación

### PRIMEIRA OPORTUNIDADE:

Terá cualificación de NON PRESENTADO calquera estudante que non realice a proba mixta.

### SEGUNDA OPORTUNIDADE:

Poderán presentarse á segunda oportunidade ÚNICAMENTE aqueles estudantes que non superen a materia na primeira oportunidade. A recuperación de cada unha das partes farase da seguinte forma:

**Prácticas (50%):** os estudantes poderán repetir as prácticas propostas durante o curso nas mesmas condicións que na primeira oportunidade (as prácticas entregadas de forma tardía obterán un máximo de 80%). Así, en caso de repetir todas as prácticas, a nota máxima que pode obterse é de 4 puntos. **Traballos tutelados (20% da nota final):** realización nas mesmas condicións que na primeira oportunidade. **Proba mixta (30%):** realización nas mesmas condicións que na primeira oportunidade. En caso de non realizar a recuperación dalgunha das partes, conservarase a nota obtida na primeira oportunidade nesa parte. Para aprobar a materia é obrigatorio obter unha nota mínima de 1,5 sobre 3 na proba mixta. Terá cualificación de NON PRESENTADO calquera estudante que non opte á recuperación de ningunha das partes. **OPORTUNIDADE ADIANTADA:**

A avaliación na oportunidade adiantada é equivalente á avaliación da primeira oportunidade (50% entrega das prácticas, 20% traballo tutelado, que deberá realizarse de forma individual, 30% proba escrita). **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 e dos traballos tutelados.

## Fontes de información

<b>Bibliografía básica</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Dan Gusfield (1997). Algorithms on Strings, Trees and Sequences. Cambridge University Press</li> <li>- Neil C. Jones, Pavel A. Pevzner (2004). An Introduction to Bioinformatics Algorithms. MIT Press</li> <li>- Veli Mäkinen, Djamel Belazzougui, Fabio Cunial, Alexandru I. Tomescu (2015). Genome-Scale Algorithm Design. Cambridge University Press</li> </ul>
<b>Bibliografía complementaria</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Enno Ohlebusch (2013). Bioinformatics Algorithms: Sequence Analysis, Genome Rearrangements, and Phylogenetic Reconstruction. Oldenbusch Verlag</li> <li>- G. Navarro y M Raffinot (2002). Flexible Pattern Matching in Strings. Cambridge University Press</li> <li>- A. Moffat y A. Turpin (2002). Compression and Coding Algorithms. Kluwer Academic Publishers</li> <li>- T. C. Bell, J. G. Cleary y I. H. Witten (1990). Text Compression. Prentice Hall</li> </ul>

## Recomendacións

**Materias que se recomenda ter cursado previamente**



Introdución á bioloxía molecular /614522004

Xenética e evolución molecular/614522005

Xenómica/614522006

Fundamentos de bioinformática/614522008

Introdución á programación/614522001

**Materias que se recomenda cursar simultaneamente**

**Materias que continúan o temario**

Procesamento avanzado de secuencias biolóxicas/614522020

Aplicacións e tendencias en bioinformática e enxeñaría biomédica/614522021

**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