



Guía docente				
Datos Identificativos				2022/23
Asignatura (*)	Estructuras de datos y algoritmia para secuencias biológicas	Código	614522013	
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	Ciencias da Computación e Tecnoloxías da InformaciónComputación			
Coordinador/a	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				
Descripción general	La asignatura introduce algoritmos y estructuras de datos comúnmente utilizados en el ámbito de la biología computacional.			

Competencias del título	
Código	Competencias 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
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 del título		
Conocer las estructuras de datos básicas y los algoritmos utilizados para el almacenamiento compacto de secuencias biológicas y su procesamiento.	AP1 AP2 AP9		
Analizar y comparar las estructuras de datos y la complejidad de los algoritmos que las manejan.	AP2 AP3	BP1	CP6 CP7
Entender, analizar, diseñar e implementar soluciones a diferentes problemas fundamentales del alineamiento de secuencias, como la corrección de errores en las lecturas, ensamblaje de contigs, relleno de huecos, etc.	AP1 AP2 AP3 AP8 AP9	BP1 BP2 BP8	CP6 CP7



Explicar, analizar, diseñar e implementar solucións a problemas relacionados con la evolución, como ensamblaje de haplotipos, descubrimiento de motivos, patrones de permutaciones, reordenamiento del genoma, etc.	AP1	BP1	CP6
	AP2	BP2	CP7
	AP3	BP8	
	AP8		
	AP9		

Contenidos	
Tema	Subtema
Introducción al análisis de algoritmos y complejidad	Análisis de algoritmos Complejidad
Búsqueda de patrones en secuencias	Métodos de búsqueda exacta Métodos de búsqueda aproximada Árboles y arrays de sufijos
Introducción a la compresión e indexación de secuencias	Técnicas de compresión Índices y autoíndices
Aplicaciones sobre secuencias biológicas	Comparación de secuencias Búsqueda de motivos Reordenamiento del genoma Alineamiento de secuencias Ensamblaje de secuencias Análisis filogenético

Planificación				
Metodologías / pruebas	Competencias	Horas presenciales	Horas no presenciales / trabajo autónomo	Horas totales
Prácticas a través de TIC	A2 A3 B1 B2 B8 C6 C7	14	60	74
Trabajos tutelados	A1 A2 A3 A8 A9 B1 B2 B8 C6 C7	3	30	33
Prueba mixta	A1 A2 A3 A8 A9 B2	0	5	5
Sesión magistral	A1 A2 A3 A8 A9	28	10	38
Atención personalizada		0	0	0

(*Los datos que aparecen en la tabla de planificación són de carácter orientativo, considerando la heterogeneidad de los alumnos

Metodologías	
Metodologías	Descripción
Prácticas a través de TIC	Realización de prácticas en ordenador y boletines para desarrollar los conceptos adquiridos en las clases magistrales.
Trabajos tutelados	Realización de un trabajo, individualmente o en grupo, bajo la supervisión del equipo docente de la asignatura.
Prueba mixta	Realización de una prueba escrita para demostrar los conocimientos y competencias adquiridos en relación a la materia durante las sesiones magistrales y las prácticas en el aula.
Sesión magistral	Exposición de los contenidos de la asignatura

Atención personalizada	
Metodologías	Descripción
Trabajos tutelados Prácticas a través de TIC	Entre el alumnado habrá diferencias notables en cuanto a su conocimiento sobre algoritmos y estructuras de datos. Por eso, se prevé una atención personalizada para las prácticas en el aula y para el trabajo, que se desarrollarán de forma individual o en grupo.



Evaluación

Metodologías	Competencias	Descripción	Calificación
Prueba mixta	A1 A2 A3 A8 A9 B2	<p>Constará de una prueba escrita en la que deben ser demostrados los conocimientos y las competencias adquiridos durante las clases magistrales y las prácticas.</p> <p>Para aprobar la asignatura globalmente hay que obtener en la prueba mixta una NOTA MÍNIMA de 1,5 (sobre 3). No siendo así, la nota máxima GLOBAL de la asignatura no será en ningún caso superior a un 4,9 (y por lo tanto la asignatura se considerará SUSPENSA).</p>	30
Trabajos tutelados	A1 A2 A3 A8 A9 B1 B2 B8 C6 C7	Los estudiantes deberán realizar un trabajo, individual o en grupo, sobre un artículo científico, teniendo que defenderlo ante el profesorado.	20
Prácticas a través de TIC	A2 A3 B1 B2 B8 C6 C7	Se realizará una evaluación del trabajo realizado por el alumnado durante las prácticas. Los estudiantes deberán entregar boletines con las soluciones a los problemas propuestos y defenderlos ante el profesorado.	50

Observaciones evaluación

PRIMERA OPORTUNIDAD:

Tendrá calificación de NO PRESENTADO cualquier estudiante que no realice la prueba mixta.

SEGUNDA OPORTUNIDAD:

Podrán presentarse a la segunda oportunidad ÚNICAMENTE aquellos estudiantes que no superen la materia en la primera oportunidad. La recuperación de cada una de las partes se hará de la siguiente forma:

Prácticas (50%): los estudiantes podrán repetir las prácticas propuestas durante el curso en las mismas condiciones que en la primera oportunidad (las prácticas entregadas de forma tardía obtendrán un máximo de 80%). Así, en caso de repetir todas las prácticas, la nota máxima que se puede obtener es de 4 puntos. Trabajos tutelados (20% de la nota final): realización en las mismas condiciones que en la primera oportunidad. Prueba mixta (30% de la nota final): realización en las mismas condiciones que en la primera oportunidad. En caso de no realizar la recuperación de alguna de las partes, se conservará la nota obtenida en la primera oportunidad en esa parte. Para aprobar la asignatura es obligatorio obtener una nota mínima de 1,5 sobre 3 en la prueba mixta. Tendrá calificación de NO PRESENTADO cualquier estudiante que no opte a la recuperación de ninguna de las partes. OPORTUNIDAD ADELANTADA:

La evaluación en la oportunidad adelantada es equivalente a la evaluación de la primera oportunidad (50% entrega de las prácticas, 20% trabajo tutelado, que deberá realizarse de forma individual, 30% prueba escrita). DISPENSA ACADÉMICA:

Aquellos estudiantes con matrícula a tiempo parcial y dispensa académica que les exima de la asistencia a las clases deberán contactar con los docentes durante las dos primeras semanas de clase para establecer las condiciones de entrega y defensa de las prácticas y de los trabajos tutelados.

Fuentes de información

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

Recomendaciones

Asignaturas que se recomienda haber cursado previamente



Introducción a la biología molecular /614522004

Genética y evolución molecular/614522005

Genómica/614522006

Fundamentos de bioinformática/614522008

Introducción a la programación/614522001

Asignaturas que se recomienda cursar simultáneamente

Asignaturas que continúan el temario

Procesamiento avanzado de secuencias biológicas/614522020

Aplicaciones y tendencias en bioinformática e ingeniería biomédica/614522021

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