



Guía Docente				
Datos Identificativos				2023/24
Asignatura (*)	Métodos estadísticos avanzados en bioinformática	Código	614522009	
Titulación				
Descriptorios				
Ciclo	Período	Curso	Tipo	Créditos
Mestrado Oficial	2º cuatrimestre	Primeiro	Obrigatoria	6
Idioma	CastelánInglés			
Modalidade docente	Presencial			
Prerrequisitos				
Departamento	Matemáticas			
Coordinación	Lopez de Ullibarri Galparsoro, Ignacio	Correo electrónico	ignacio.lopezdeullibarrí@udc.es	
Profesorado	Lopez de Ullibarri Galparsoro, Ignacio	Correo electrónico	ignacio.lopezdeullibarrí@udc.es	
Web	www.master.bioinformatica.fic.udc.es			
Descrición xeral	Preténdese proporcionar ó alumnado os coñecementos necesarios para abordar unha selección de problemas importantes en Bioinformática dende unha perspectiva eminentemente estatística/probabilística.			

Competencias / Resultados do título	
Código	Competencias / Resultados do título

Resultados da aprendizaxe			
Resultados de aprendizaxe	Competencias / Resultados do título		
Coñecer os principios estadísticos da análise de sistemas de altas prestacións para o estudo da expresión xénica	AP5 AP6	BP1 BP2 BP6 BP7	CP3 CP6
Comprender os aspectos estadísticos da construción de árbores filoxenéticas	AP5 AP6	BP1 BP2 BP6 BP7	CP3 CP6
Coñecer os fundamentos dos principais modelos estocásticos empregados en xenética de poboacións	AP5 AP6	BP1 BP2 BP6 BP7	CP3 CP6
Entender as bases probabilísticas e estadísticas dos métodos de análise de secuencias biolóxicas	AP5 AP6	BP1 BP2 BP6 BP7	CP3 CP6

Contidos	
Temas	Subtemas



1. Análise estatística de sistemas de altas prestacións para o estudo da expresión xénica	Xeneralidades sobre o estudo da expresión xénica con microarrays e RNA-seq. Preprocesamento dos datos de microarrays e RNA-seq. Análise de conglomerados de mostras e xenos. Multiplicidade dos contrastes de hipóteses nos estudos de expresión xénica diferencial. Métodos estatísticos para a análise da expresión xénica diferencial con RNA-seq.
2. Árbores filoxenéticas	Modelos de evolución das secuencias de ADN. Construción e estimación de árbores filoxenéticas: métodos baseados nos conceptos de parsimonia, distancia e máxima verosimilitude. Contrastes sobre filoxenias e métodos relacionados.
3. Introdución ós modelos estocásticos en xenética de poboacións	O modelo de Wright-Fisher. O coalescente: o coalescente básico, contrastes da hipótese de neutralidade, extensións do coalescente.
4. Aspectos estatísticos da análise de secuencias biolóxicas	Sistemas de puntuación de alineamentos. Análise da significación estatística de alineamentos de secuencias.

Planificación				
Metodoloxías / probas	Competencias / Resultados	Horas lectivas (presenciais e virtuais)	Horas traballo autónomo	Horas totais
Sesión maxistral	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
Proba mixta	A5	3	0	3
Proba práctica	B6	0	10	10
Atención personalizada		2	0	2

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

Metodoloxías	
Metodoloxías	Descrición
Sesión maxistral	Exposición oral complementada co uso de medios audiovisuais, coa finalidade de transmitir ó estudante os coñecementos teóricos
Solución de problemas	Seminarios en grupos de tamaño intermedio destinados á resolución de exercicios e problemas
Prácticas a través de TIC	Resolución de supostos prácticos e teóricos mediante a utilización de software estatístico
Proba mixta	Proba con preguntas de tipo test de opcións múltiples e/ou preguntas de resposta breve realizada co fin de avaliar globalmente a adquisición de coñecementos polo estudante
Proba práctica	Resolución polo estudante dun caso práctico

Atención personalizada	
Metodoloxías	Descrición



Sesión maxistral Solución de problemas Prácticas a través de TIC Proba práctica	A atención personalizada farase mediante titorías presenciais no despacho do profesor
--	---

Avaliación			
Metodoloxías	Competencias / Resultados	Descrición	Cualificación
Proba mixta	A5	Proba que constará de preguntas de tipo test con opcións múltiples e/ou con preguntas de breve resposta	65
Proba práctica	B6	Caso práctico resolto polo estudante	35

Observacións avaliación
<p>Avaliación na primeira oportunidade</p> <p>Poderá ser tido en conta o seguimento obxectivo do curso e a participación activa pola parte do estudante, reflectíndose na calificación con ata un 20% da nota final. A porcentaxe restante da calificación (entre 80% e 100%) dependerá da avaliación da Proba mixta e da Proba práctica, e calcularase reescalando se é preciso as porcentaxes que figuran na táboa superior.</p> <p>Para superar a materia é necesario acadar unha calificación total mínima de 50 puntos, sendo en todo caso obligatoria a presentación á Proba mixta. Quen non se presente á Proba mixta será calificado como 'non presentado'.</p> <p>Avaliación na segunda oportunidade</p> <p>Farase cos mesmos criterios da primeira oportunidade. O alumnado que houbera presentado a Proba práctica na primeira oportunidade conservará a nota obtida na súa avaliación na primeira oportunidade. O alumnado con recoñecemento de dedicación a tempo parcial e dispensa académica de exención de asistencia que decida non asistir regularmente ás clases, será evaluado nas dúas oportunidades como o resto do alumnado que se atopa nunha situación similar.</p> <p>A realización fraudulenta das probas ou actividades de avaliación, unha vez comprobada, implicará directamente a calificación de suspenso na convocatoria en que se cometa: o/a estudante será cualificado con suspenso (0) na convocatoria correspondente do curso académico, tanto se a comisión da falta se produce na primeira oportunidade como na segunda. Para isto, procederase a modificar a súa calificación na acta de primeira oportunidade, se fose necesario.</p>

Fontes de información



Bibliografía 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/
Bibliografía complementaria	

Recomendacións

Materias que se recomenda ter cursado previamente

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