



Guía Docente

Datos Identificativos					2024/25
Asignatura (*)	Xestión de Datos Ómicos e Modelización			Código	614G02042
Titulación					
Descritores					
Ciclo	Período	Curso	Tipo	Créditos	
Grao	2º cuatrimestre	Cuarto	Optativa	6	
Idioma	Castelán				
Modalidade docente	Presencial				
Prerrequisitos					
Departamento	Ciencias da Computación e Tecnoloxías da Información				
Coordinación	Fernández Lozano, Carlos	Correo electrónico	carlos.fernandez@udc.es		
Profesorado	Fernández Lozano, Carlos	Correo electrónico	carlos.fernandez@udc.es		
Web	cafernandezlo.github.io/es_github_cafernandezlo/teaching/				
Descrición xeral	<p>Ao longo dos últimos anos, a cantidade de datos biolóxicos dispoñibles está a crecer de maneira exponencial. Isto fai posible que diferentes disciplinas científicas poidan dispoñer deles para estudar a nivel molecular diferentes organismos co obxectivo de xerar novo coñecemento e/o verificar o existente. O perfil dun investigador que utilice datos ómicos debe ser computacional pero, á súa vez, debe levar asociado un perfil de interese biolóxico para que as técnicas de análises a aplicar e os resultados obtidos cobren sentido. Devanditos coñecementos biolóxicos integranse durante as clases de forma sinxela para que o alumnado adquira as competencias necesarias no desenvolvemento das análises.</p> <p>A redución de custos e o incremento da capacidade de cómputo dos últimos tempos logrou achegar as plataformas de secuenciación masiva ao día a día da investigación e, nalgúns casos, á asistencia clínica diaria. Como exemplo, a día de hoxe, existen paneis ómicos que se utilizan para determinar se unha determinada paciente sofre un cancro de mama, o estadio no que se atopa, o subtipo concreto que padece e xéranse modelos de predición de recidivas e de resposta a fármaco. Todo iso é posible grazas aos datos ómicos e a análises bioinformáticos.</p> <p>Grazas ás aproximacións de ciencia de datos é posible comprender o funcionamento de fenómenos biolóxicos complexos a diferentes niveis (xenoma, proteoma, microbioma, etc) e é necesario aplicar novos paradigmas capaces de xestionar e analizar o enorme volume de datos do que se dispón.</p>				

Competencias / Resultados do título

Código	Competencias / Resultados do título
--------	-------------------------------------

Resultados da aprendizaxe

Resultados de aprendizaxe	Competencias / Resultados do título		
Coñecemento e aplicación de técnicas de análises de datos ómicos desde a xeración de datos científicos de secuencias de ácidos nucleicos ou secuencias de proteínas ata o estudo de diferenzas entre subtipos dunha determinada patoloxía	A2	B2 B3 B4 B7 B8 B9 B10	C1 C4
Manexar as ferramentas e contornas máis actuais no ámbito de análise de datos biolóxicos	A2	B9 B10	C1 C4

Contidos

Temas	Subtemas
-------	----------



1. Introducción aos datos ómicos	<ul style="list-style-type: none"> 1.1. O ADN 1.2. O dogma central da bioloxía molecular 1.3. As ómicas
2. Traballo con secuencias moleculares	<ul style="list-style-type: none"> 2.1. O formato FASTA 2.2. Bases de datos abertas 2.3. Ferramentas para a análise de secuencias moleculares: BLAST, Clustal, Galaxy...
3. Tecnoloxías de secuenciación masiva (NGS)	<ul style="list-style-type: none"> 3.1. A orixe coa secuenciación Sanger 3.2. Novas tecnoloxías NGS 3.3. Illumina, PacBio, MinION, Solexa 3.4. Diferenzas entre plataforma de secuenciación curta e longa, aplicacións máis frecuentes
4. Análise da calidade e filtrado de secuencias	<ul style="list-style-type: none"> 4.1. Formato FASTAQ 4.2. Control e avaliación de calidade das secuencias 4.3. Filtrado das secuencias
5. Ensamblaxe de xenomas e metaxenomas	<ul style="list-style-type: none"> 5.1. Ensamblaxe de xenomas 5.2. Ensamblaxe de novo 5.3. Ensamblaxe contra xenoma de referencia 5.4. Ferramentas software de ensamblaxe 5.5. Mapeado contra xenoma 5.6. Anotación de secuencias 5.7. Exemplos de uso
6. Análise de expresión xénica mediante RNA-Seq	<ul style="list-style-type: none"> 6.1. Preprocesado 6.2. Análise de expresión diferencial con R/Bioconductor: DESeq2 6.3. The Cancer Genome Atlas (TCGA)
7. Análise do metaxenoma	<ul style="list-style-type: none"> 7.1. Secuenciación do xenoma completo (Shotgun) 7.2. Secuenciación do xenoma bacteriano 16S rRNA <ul style="list-style-type: none"> 7.2.1. Anotación baseada en asignación de OTUs e ASVs 7.2.2. Análise de diferenzas en equilibrio microbiano 7.3. American Gut Project (AGP), Human Microbiome Project (HMP)

Planificación

Metodoloxías / probas	Competencias / Resultados	Horas lectivas (presenciais e virtuais)	Horas traballo autónomo	Horas totais
Prácticas de laboratorio	A2 B2 B9 B10 C1 C4	16	16	32
Proba de resposta múltiple	B7 B8	3	21	24
Traballos tutelados	A2 B2 B3 B4 B7 B9 B10 C1 C4	6	30	36
Sesión maxistral	B7 B8 C1 C4	21	36	57
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
Prácticas de laboratorio	Resolución de problemas e diferentes partes individuais do pipeline de análise de datos ómicos
Proba de resposta múltiple	Proba de avaliación escrita na que o/a estudante deberá demostrar os coñecementos adquiridos



Traballos tutelados	Elaboración supervisada de análise de datos ómicos reais mediante técnicas aprendidas ao longo das sesións maxistrais e de prácticas de laboratorio da materia
Sesión maxistral	Impartición teórica da materia. Alternaranse a exposición de novos conceptos teóricos coa revisión de exemplos e a resolución de pequenos exercicios

Atención personalizada

Metodoloxías	Descrición
Prácticas de laboratorio Traballos tutelados	O profesor guiará o proceso de resolución dos problemas e liquidará as dúbidas que xurdan no desenvolvemento

Avaliación

Metodoloxías	Competencias / Resultados	Descrición	Cualificación
Prácticas de laboratorio	A2 B2 B9 B10 C1 C4	As/os estudantes deberán realizar pequenas partes dos pipelines de análises de datos ómicos para asentar o coñecemento teórico e prepararse para o traballo tutelado	10
Traballos tutelados	A2 B2 B3 B4 B7 B9 B10 C1 C4	As/os estudantes deberán analizar datos ómicos reais aplicando as técnicas/aproximacións aprendidas na materia. Deberá acompañarse dun informe replicable de resultados, código e conclusións realizado en contorna R xustificando o pipeline de análise utilizada e as conclusións obtidas	60
Proba de resposta múltiple	B7 B8	No período de avaliación realizarase unha proba de coñecementos teórico-prácticos para avaliar a adquisición das competencias por parte do alumno	30

Observacións avaliación

A/o estudante deberá obter unha nota mínima de 3 sobre 10 puntos na proba obxectiva e unha nota mínima de 4 sobre 10 puntos nos traballos tutelados. As prácticas de laboratorio non teñen nota mínima. De non alcanzar esta nota mínima nalgún dos devanditos apartados, a nota da materia será a menor das dúas. As entregas correspondentes aos traballos tutelados nas datas indicadas e a asistencia ás clases prácticas son obrigatorias para aprobar a materia. Un/unha estudante considerárase presentado/a en unha convocatoria se fai entrega dos traballos tutelados ou se se presenta á proba obxectiva. Todos os aspectos relacionados con dispensa académica, dedicación ao estudo, permanencia e fraude académica rexeranse de acordo coa normativa académica vixente da UDC. Sobre a responsabilidade compartida dos traballos en grupo. Nas actividades que levan a cabo en grupos, tales como os traballos tutelados, todos os membros do grupo serán responsables solidarios do traballo realizado e entregado, así como das consecuencias que se deriven do incumprimento das normas de autoría do mesmo. Segunda oportunidade e convocatorias posteriores Na segunda oportunidade, mantense a nota obtida nos traballos tutelados. Só no caso de non presentar os traballos tutelados na primeira oportunidade ou que estas obtivesen a cualificación de SUSPENSO (cualificación menor que 5), poderanse presentar novamente os traballos tutelados na segunda oportunidade. En caso de suspender a materia, os traballos tutelados con nota igual ou superior a 5 gardaranse para cursos posteriores con cualificación de aprobado (5). En cada curso, o/a estudante terá a opción de entregar un novo traballo tutelado que substituirá a nota da anterior. Os traballos non se gardarán máis dun curso. Titorías A maiores, as tutorías considéranse unha parte importante dentro do desenvolvemento da materia. Están orientadas de tal maneira que as/os estudantes teñan e/o poidan consultar distintas cuestións como: 1. Problemas no desenvolvemento das prácticas 2. Maneiras de enfocar/organizar os traballos tutelados 3. Resolución de dúbidas sobre as cuestións teóricas. Pedirase ás/os estudantes que soliciten cita aos/as profesores/as responsables para realizar reunións presenciais dentro dos horarios de titorías do profesorado establecido en espazos.udc.es. O uso de Teams deberá limitarse a cuestións puntuais organizativas.

Fontes de información



Bibliografía básica	<ul style="list-style-type: none"> - Love MI, Huber W, Anders S (2014). Moderated estimation of fold change and dispersion for RNA-seq data with DESeq2. Genome Biology - Chen Y, Lun AAT, Smyth GK (2016). From reads to genes to pathways: differential expression analysis of RNA-Seq experiments using Rsubread and the edgeR quasi-likelihood pipeline. F1000Research - Enis Afgan, Dannon Baker, Bérénice Batut, Marius van den Beek, Dave Bouvier, Martin ?ech, John Chilt (2018). The Galaxy platform for accessible, reproducible and collaborative biomedical analyses: 2018 update. Nucleic Acids Research - TCGA Consortium (2022). The Cancer Genome Atlas. https://portal.gdc.cancer.gov/ - NCBI Gene Expression Omnibus (2022). NCBI Gene Expression Omnibus. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/ - Michael Love, Wolfgang Huber y Simon Anders. (2014). Moderated estimation of fold change and dispersion for RNA-seq data with DESeq2. Genome Biology - Malachi Griffith y col. (2015). Informatics for RNA Sequencing: A Web Resource for Analysis on the Cloud. Plos Computational Biology
Bibliografía complementaria	<ul style="list-style-type: none"> - Liñares-Blanco J., Fernandez-Lozano C., Seoane JA y López-Campos G. (2022). Machine Learning Based Microbiome Signature to Predict Inflammatory Bowel Disease Subtypes. Frontiers in Microbiology - Fernández-Edreira D., Liñares-Blanco J. y Fernandez-Lozano C. (2021). Machine Learning analysis of the human infant gut microbiome identifies influential species in type 1 diabetes. Expert Systems with Applications - Liñares-Blanco, J., Gestal, M., Dorado, J., y Fernandez-Lozano, C. (2019). Differential gene expression analysis of RNA-seq data using machine learning for cancer research. Machine Learning Paradigms. Learning and Analytics in Intelligent Systems. Vol 1. Springer, Cham.

Recomendacións

Materias que se recomenda ter cursado previamente

Análise Estatística de Datos Complexos/614G02031
 Aprendizaxe Automática I/614G02019
 Cálculo Multivariable/614G02006

Materias que se recomenda cursar simultaneamente

Materias que continúan o temario

Análise Estatística de Datos Complexos/614G02031
 Aprendizaxe Automática a Gran Escala/614G02032

Observacións

- Segundo se recolle nas distintas normativas de aplicación para a docencia universitaria deberase incorporar a perspectiva de xénero nesta materia (usarase linguaxe non sexista, utilizarase bibliografía de autores/as de ambos sexos, propiciarse a intervención en clase de alumnos e alumnas...)- Traballarase para identificar e modificar prexuízos e actitudes sexistas e influirase na contorna para modificalos e fomentar valores de respecto e igualdade.- Deberanse detectar situacións de discriminación por razón de xénero e proporanse accións e medidas para corrixilas.

(*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