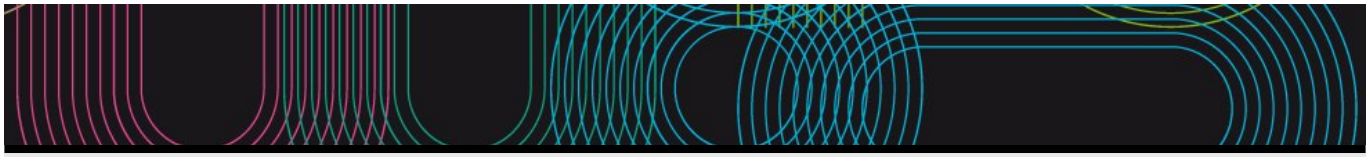

DATOS IDENTIFICATIVOS

Metodoloxía para a análise da Evolución Molecular Usando o Paquete de Software HYPHY e a súa Linguaxe de Programación

Materia	Metodoloxía para a análise da Evolución Molecular Usando o Paquete de Software HYPHY e a súa Linguaxe de Programación			
Código	V02M105V01116			
Titulación	Máster Universitario en Metodoloxía e Aplicacións en Bioloxía Molecular			
Descritores	Creditos ECTS	Sinale	Curso	Cuadrimestre
	4	OP	1	1c
Lingua de impartición	Castelán			
Departamento	Bioquímica, xenética e inmunoloxía			
Coordinador/a	Carvajal Rodríguez, Antonio			
Profesorado	Carvajal Rodríguez, Antonio			
Correo-e	acraaj@uvigo.es			
Web	http://http://cvida.uvigo.es/			
Descrición xeral	Hyphy es un programa y también un lenguaje de programación de alto nivel para realizar análisis de evolución molecular. Hyphy proporciona una plataforma flexible para estudiar tasas y patrones de cambio en secuencias de ADN.			

Competencias de titulación

Código	
A12	Realizar análisis estándar de genomas y evolución molecular y/o diseñar y programar sus propios análisis adaptados a sus necesidades
A13	Tratar estadísticamente datos experimentales en Biología molecular

Competencias de materia

Resultados previstos na materia	Tipoloxía	Resultados de Formación e Aprendizaxe
1. Manejo del programa Hyphy que permitirá al alumno realizar diferentes análisis estándar de evolución molecular (reloj molecular, detección de selección, etc).	saber facer	A12 A13
2. Aprender nociones de programación en el lenguaje Hyphy	saber facer	A12 A13
3. Capacidad de diseño de sus propios análisis adaptados a sus necesidades (por ejemplo: automatizar, calcular estadísticos, realizar diferentes contrastes sobre los análisis estándar en evolución molecular).	saber	A12 A13

Contidos

Tema	
Tema 1. Manejo de secuencias de ADN en Hyphy	1.1.- Instalación de Hyphy 1.2.- Ficheros de datos. Cálculo de la verosimilitud. 1.3.- Filtrado de datos (particiones y pautas de lectura) 1.4.- Cálculo de un árbol filogenético 1.5.- Selección de un modelo evolutivo

Tema 2. Contraste de hipótesis usando particiones múltiples	2.1.- Partición de los datos según posiciones de codón 2.2.- Contraste de hipótesis. Test de razón de verosimilitudes. 2.3.- Definición de un modelo de codones
Tema 3. Test del reloj molecular	3.1.- El reloj molecular 3.2. Test global de reloj molecular 3.3.- Test local de reloj molecular sobre la integrasa del HIV-1
Tema 4. Análisis de recombinación y selección	4.1.- Detección de recombinación 4.2.- Detección de selección 4.3 - Detección de selección en presencia de recombinación
Tema 5. El lenguaje de scripts de Hyphy	5.1.- Sintaxis del lenguaje Hyphy 5.2.- Calcular una verosimilitud 5.3.- Automatizar la repetición de análisis 5.4.- Escritura de resultados a fichero

Planificación

	Horas na aula	Horas fóra da aula	Horas totais
Estudo de casos/análises de situacións	25	45	70
Resolución de problemas e/ou exercicios	10	19	29
Probas de tipo test	1	0	1

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

Metodoloxía docente

	Descrición
Estudo de casos/análises de situacións	Realización de una actividad diseñada para poner en práctica los conocimientos adquiridos sobre alguno de lso temas estudiados. Para trabajar esta actividad es imprescindible la lectura previa del correspondiente apartado del curso y la bibliografía recomendada en el mismo. Se tratará de analizar un problema con secuencias o datos reales.
Resolución de problemas e/ou exercicios	Actividad en la que se formulan problemas y/o ejercicios relacionados con la materia. El alumno debe desarrollar las soluciones adecuadas o correctas mediante los métodos desarrollados en la clase presencial.

Atención personalizada

Metodoloxías	**Descrición**
Resolución de problemas e/ou exercicios	Los alumnos serán atendidos tanto en clase como personalmente respecto de cualquier duda que les pudiese surgir.
Estudo de casos/análises de situacións	Los alumnos serán atendidos tanto en clase como personalmente respecto de cualquier duda que les pudiese surgir.
Probas	**Descrición**
Probas de tipo test	Los alumnos serán atendidos tanto en clase como personalmente respecto de cualquier duda que les pudiese surgir.

Avaliación

	Descrición	Cualificación
Estudo de casos/análises de situacións	El alumno analizará un caso de datos real o simulado.	60%
Resolución de problemas e/ou exercicios	El alumno debe solucionar una serie de problemas o ejercicios aplicando los conocimientos adquiridos. Presencial y no presencial.	35%
Probas de tipo test	Los alumnos seleccionan una respuesta entre un número limitado de posibilidades.	5%

Outros comentarios sobre a Avaliación

Bibliografía. Fontes de información

Pond, S. L. K., and S. V. Muse, **HyPhy: hypothesis testing using phylogenies.Manual de uso de Hyphy**,

Kosakovsky Pond, S. L., and S. D. Frost., **Not so different after all: a comparison of methods for detecting amino acid sites under selection**, 2005,

Pond, S. K., and S. V. Muse, **Site-to-site variation of synonymous substitution rates**, 2005,

Pond, S. L. K., and S. D. W. Frost, **Datamonkey: rapid detection of selective pressure on individual sites of codon alignments**, 2005,

Pond, S. L. K., S. D. W. Frost, and S. V. Muse, **HyPhy: hypothesis testing using phylogenies**, 2005,

Felsenstein, J, **Inferring phylogenie**, 2004,

Antonio Carvajal-Rodriguez, **Detecting recombination and diversifying selection in human alpha-papillomavirus**, 2008,

Recomendacións

Materias que se recomenda cursar simultaneamente

(*)/