FICHA IDENTIFICATIVA

Datos de la Asignatura

Código	33183
Nombre	Tecnologías de Análisis Molecular Integrado
Ciclo	Grado
Créditos ECTS	4.5
Curso académico	2019 - 2020

Titulación(es)

Titulación	Centro	Curso	Periodo
1102 - Grado de Biotecnología	Facultad de Ciencias Biológicas	3	Segundo cuatrimestre

Materias

Titulación	Materia	Caracter
1102 - Grado de Biotecnología	87 - Tecnologías de Análisis Molecular Integrado	Obligatoria

Coordinación

Nombre	Departamento
FORTE DELTELL, ANABEL	130 - Estadística e Investigación Operativa
GARCIA MARTINEZ, JOSE	194 - Genética
GARCIA MURRIA, MARIA JESUS	30 - Bioquímica y Biología Molecular

RESUMEN

Dentro del programa del Grado en Biotecnología de la Universitat de València, Tecnologías de Análisis Molecular Integrado es una asignatura obligatoria que se imparte en el tercer curso del Grado. La asignatura consta de 4,5 créditos ECTS con carácter teórico –práctico.

Una de las características esenciales del Programa de Grado en Biotecnología es la multidisciplinariedad, ya que la realización de muchos desarrollos biotecnológicos precisa de la interacción de diversas tecnologías. En este sentido este programa ha implementado las tecnologías de la Genómica y la Proteómica, que permiten obtener grandes cantidades de información, y de la Bioinformática, que permite analizar esa información

CONOCIMIENTOS PREVIOS

Relación con otras asignaturas de la misma titulación

No se han especificado restricciones de matrícula con otras asignaturas del plan de estudios.

Otros tipos de requisitos

Se necesitan conocimientos previos de metabolismo, de genética y de estructura de prteínas.

COMPETENCIAS

1102 - Grado de Biotecnología

- Diseñar protocolos de separación, purificación y caracterización de moléculas biológicas.
- Ser capaz de realizar un análisis integrado de expresión génica a nivel de transcriptoma, proteoma y metaboloma.

RESULTADOS DE APRENDIZAJE

- Adquirir la capacidad de observación e interpretación de los resultados obtenidos utilizando diferentes técnicas genómicas y proteómicas, aplicando los conocimientos teóricos a la práctica.
- Conocer de forma adecuada la preparación del material biológico (bacterias, levaduras, células animales y vegetales) a analizar mediante técnicas de análisis molecular integrado.
- Diseñar experimentos y comprender las limitaciones de la aproximación experimental.
- Pensar de una forma integrada y abordar los problemas desde diferentes perspectivas diferenciando y complementado las estrategias reduccionistas y ómicas.
- Interpretar los resultados de experimentos ómicos.
- Usar Internet como fuente de información sobre bases de datos de genes y proteínas adquirir la capacidad de manejar software relacionado con el análisis de secuencias. Gestionar la información.
- Analizar y sintetizar los resultados de un especialista y hacer una presentación oral, escrita y visual de su trabajo.

Ser capaz de comprender temas de investigación en genómica, proteómica y metabolómica.

DESCRIPCIÓN DE CONTENIDOS

1. Introducción

Concepto de ciencias Ómicas. Historia: secuenciación de genomas y genómica funcional. Estrategias para el estudio global de los distintos sistemas biológicos.

2. Preparación y análisis de muestras en proteómica

Proteoma y proteómica. Preparación y separación de muestras. Espectrometría de masas.

3. Identificación y cuantificación de proteínas

Procedimientos de identificación de proteínas. Cuantificación de proteínas con y sin marcaje. Proteómica dirigida.

4. Caracterización del proteoma

Estudio de las modificaciones post-traduccionales. Estudio de las interacciones proteína-proteína: interactoma y análisis de complejos macromoleculares. Chips de proteínas.

5. Metabolómica

Técnicas para el análisis del metaboloma. Identificación y cuantificación de metabolitos.

6. Métodods de análisis de la expresión génica global

Comparación de los métodos de análisis individual y los de análisis global. El análisis en serie de la expresión génica (SAGE) y métodos derivados. Los chips o micromatrices de DNA: fundamentos y aplicaciones. Análisis de los resultados. Estudios transcriptómicos con chips de DNA. La organización funcional de los genomas eucarióticos. Ultrasecuenciación para estudios transcriptómicos.

7. Estudios fenotípicos globales: Fenómica

Colecciones de mutantes por deleción o apagado con iRNA. Colecciones de fusiones génicas. Técnicas de análisis de los estudios fenotípicos.

8. Interactómica y otras ómicas

Interacción entre proteínas: métodos de estudio y escalado genómico. Interacciones entre proteínas y DNA: ChIP. Epigenómica.

9. Herramientas para la Bioinformática estadística.

Introducción a R, R-Studio y Bioconductor. Tratamiento y manejo de datos ómicos incluyendo el acceso a bases de datos on-line, creación de estructuras de datos en R, pro-procesado de datos, anotación de genes, etc.

10. Minería de datos

Estudio de técnicas que permiten realizar una primera aproximación a los datos. Componentes principales y análisis cluster.

11. Diseño de experimentos

Introducción al diseño de experimentos y su aplicación a la Bioinformática.

12. Expresión diferencial

Expresión diferencial marginal. Comparaciones múltiples. Técnicas de control del error.

13. Análisis de grupos de genes

Test de Fisher o Multinomial. Estudio de la funcionalidad de los genes con expresión diferencial.

VOLUMEN DE TRABAJO

ACTIVIDAD	Horas	% Presencial
Clases de teoría	31,00	100
Prácticas en aula informática	12,00	100
Prácticas en laboratorio	2,00	100
Estudio y trabajo autónomo	20,00	0
Preparación de clases de teoría	20,00	0
Resolución de casos prácticos	27,00	0
TOTAL	**112,00**	

METODOLOGÍA DOCENTE

El desarrollo de la asignatura se estructura en:

Clases de teoría: Se impartirán 2 sesiones semanales de una hora de duración. Fundamentalmente, se utilizará el modelo de lección magistral, ya que ofrece la posibilidad de que el profesor incida en los conceptos más relevantes para la comprensión del tema y se indicarán los recursos más recomendables para la preparación posterior del tema en profundidad. Se utilizarán los medios audiovisuales necesarios para el desarrollo ágil y coherente de las clases. El profesor dejará accesible cuando se requiera, en la plataforma de apoyo a la docencia Aula Virtual, el material necesario para el correcto seguimiento de las clases de teoría. En algunos temas, se utilizará el modelo participativo, primando la comunicación entre los estudiantes y entre éstos y el profesor.

Clases prácticas de laboratorio. Son de asistencia obligatoria y se desarrollarán de forma intensiva. Se realizará una sesión de 2 horas de duración.

Clases prácticas en aula de informática. Son de asistencia obligatoria. Se realizarán seis sesiones de 2 horas de duración cada una de la parte de análisis estadístico. Para el análisis de datos utilizaremos en la asignatura el software R así como distintos paquetes, en particular, los relacionados con Bioconductor.

EVALUACIÓN

Se realizará una evaluación de los contenidos de las clases teóricas mediante un examen escrito de los primeros 8 temas. El valor de esta prueba será 6 puntos sobre 10. En la parte de bioinformática (Temas 9-10 y 11) se propondrán diversos problemas de análisis de datos con el software R. Estos trabajos serán de dos tipos: un primer tipo en donde el estudiante responde unos problemas correspondientes a los distintos temas y un segundo tipo con problemas más globales. También habrá un examen teórico práctico en donde el estudiante tendrá que responder cuestiones utilizando salidas de R que se le proporcionan. El valor de esta parte de la asignatura será de 4 puntos sobre 10. Será necesario obtener un 35% de la nota máxima en cada una de las para conseguir el aprobado. Si se aprueba cualquiera de las dos partes en la convocatoria de junio (obteniendo un 50% o más de la nota) se podrá optar a presentarse solo a la otra parte (suspensa) en la convocatoria de julio.

REFERENCIAS

Básicas

- Referencia b1: -C. David OConnor & B. David Hames. Proteomics. Scion, 2008.
  Referencia b2: - Wim P. Krijnen. Applied Statistics for Bioinformatics using R. GNU Free Document
  Referencia b3: - Jae K. Lee, editor. Statistical Bioinformatics A Guide for Life and Biomedical.Science Researchers. Wiley-Blackwell, 2010.
  Referencia b4: - E. Wit and J.D. McClure. Statistics for microarrays: design, analysis, and inference. Wiley, 2004.
  Referencia b5: -R Development Core Team. R: A Language and Environment for Statistical. Computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2008. ISBN 3-900051-07-0.
  Referencia b6: W.N. Venables and B. D. Ripley. Modern Applied Statistics with S. Springer, New York, fourth edition, 2002. ISBN 0-387-95457-0.
  Referencia b7: -J. Verzani. Using R for Introductory Statistics. Chapman & Hall / CRC, 2005.
  Referencia b8: -S.B. Primrose y R.M. Twyman. Principles of Gene Manipulation and Genomics. Balckwell. 2007. ISBN 978-1-4051-3544-3
  Referencia b9: -Fernando Corrales y Juan J. Calvete (2014) Manual de proteómica. Sociedad Española de Proteómica

Complementarias

- Artículos de revisión publicados en revistas especializadas en el tema.

ADENDA COVID-19

Esta adenda solo se activará si la situación sanitaria lo requiere y previo acuerdo del Consejo de Gobierno

Contenidos

Se mantienen los contenidos inicialmente programados

Volumen de trabajo y planificación temporal de la docencia

La asignatura se divide en dos partes de las cuales, en el momento de la suspensión de la docencia presencial solo quedaba una por impartir. En concreto, la parte correspondiente a bioinformática.

En ese sentido, el volumen de trabajo que se ha debido desarrollar de forma no presencial ha sido de 13 horas de teoría y 3 sesiones de prácticas en aula de informática (6 horas en total).

En el siguiente cuadro se muestra el cambio en el reparto de la carga de trabajo del estudiante.

Actividad	Horas	% Presencial
Clases de Teoría	28	100%
Prácticas en Aula de informática	6	100%
Resolución de prácticas de informática de forma autónoma	6	0
Practicas de laboratorio	2	100%
Estudio y trabajo autónomo	20	0
Preparación de clases de teoría;	33	0

Visualización y lectura de materiales		
Resolución de casos prácticos	27	0
Total	**112**	

Metodología docente

Se ha optado por una docencia asíncrona donde, al principio de cada semana, el alumnado tiene un listado de actividades a realizar/materiales a estudiar, disponible en el aula virtual.

Para compensar las horas presenciales de teoría y ayudar a la comprensión de la materia, se ha optado por la grabación de videos que se han colgado en YouTube añadiendo el enlace en el aula virtual en la ya mencionada lista de tareas.

En la parte de prácticas, el alumnado cuenta con pdfs autocontenidos y scripts con todo el código necesario para el seguimiento de estas.

Para las tutorías se ha optado por un grupo de Telegram en el que los alumnos pueden preguntar las dudas que les van surgiendo.

Evaluación

Para la parte Biológica (8 primeros temas) se realizará una evaluación de los contenidos de las clases teóricas mediante un examen online que constará de un cuestionario tipo test y una tarea (el peso de cada una de estas pruebas se corresponderá con las horas de docencia de cada parte). El valor final de esta prueba será 6 puntos sobre 10.

Los 4 puntos restantes se corresponden con la parte de Bioinformatica y se evaluará mediante Evaluación continua. En concreto se pedirá:

- La resolución y entrega de prácticas en R mediante el aula virtual.
- Diseño de un experimento
- Cuestionario sobre la parte de expresión diferencial y comparaciones múltiples
- Comprensión de la parte estadística de un artículo publicado.

Será necesario obtener un 35% de la nota máxima en cada una de las partes para conseguir el aprobado. Si se aprueba cualquiera de las dos partes en la convocatoria de junio (obteniendo un 50% o más de la nota) se podrá optar a presentarse solo a la otra parte (suspensa) en la convocatoria de julio.

Bibliografía

No se han introducido modificaciones