

**FITXA IDENTIFICATIVA****Dades de l'Assignatura**

<b>Codi</b>	33183
<b>Nom</b>	Tecnologies d'anàlisi molecular integrada
<b>Cicle</b>	Grau
<b>Crèdits ECTS</b>	4.5
<b>Curs acadèmic</b>	2022 - 2023

**Titulació/titulacions**

<b>Titulació</b>	<b>Centre</b>	<b>Curs</b>	<b>Període</b>
1102 - Grau Biotecnologia	Facultat de Ciències Biològiques	3	Segon quadrimestre

**Matèries**

<b>Titulació</b>	<b>Matèria</b>	<b>Caràcter</b>
1102 - Grau Biotecnologia	87 - Tecnologies d'Anàlisi Molecular Integrada	Obligatòria

**Coordinació**

<b>Nom</b>	<b>Departament</b>
FORTE DELTELL, ANABEL	130 - Estadística i Investigació Operativa
GARCIA MARTINEZ, JOSE	194 - Genètica
GARCIA MURRIA, MARIA JESUS	30 - Bioquímica i Biologia Molecular

**RESUM**

Dins del programa del Grau en Biotecnologia de la Universitat de València, Tecnologies d'Anàlisi Molecular Integrat és una assignatura obligatòria que s'imparteix en el tercer curs del Grau. L'assignatura consta de 4,5 crèdits ECTS amb caràcter teòric-pràctic.

Una de les característiques essencials del Programa de Grau en Biotecnologia és la multidisciplinarietat, ja que la realització de molts desenvolupaments biotecnològics precisa de la interacció de diverses tecnologies. En aquest sentit aquest programa ha implementat les tecnologies de la Genòmica i la Proteòmica, que permeten obtenir grans quantitats d'informació, i de la Bioinformàtica, que permet analitzar aquesta informació



## CONEIXEMENTS PREVIS

### Relació amb altres assignatures de la mateixa titulació

No heu especificat les restriccions de matrícula amb altres assignatures del pla d'estudis.

### Altres tipus de requisits

Coneiximents previs de metabolisme, genètica i estructura de proteïnes

## COMPETÈNCIES (RD 1393/2007) // RESULTATS DE L'APRENTATGE (RD 822/2021)

### 1102 - Grau Biotecnologia

- Dissenyar protocols de separació, purificació i caracterització de molècules biològiques.
- Ser capaç de realitzar una anàlisi integrada d'expressió gènica a nivell de transcriptoma, proteoma i metaboloma.

## RESULTATS D'APRENTATGE (RD 1393/2007) // SENSE CONTINGUT (RD 822/2021)

Adquirir la capacitat d'observació i interpretació dels resultats obtinguts utilitzant diferents tècniques genòmiques i proteòmiques, aplicant els coneixements teòrics a la pràctica.

Conèixer de forma adequada la preparació del material biològic (bacteris, llevats, cèl·lules animals i vegetals) a analitzar mitjançant tècniques d'anàlisi molecular integrat.

Dissenyar experiments i comprendre les limitacions de l'aproximació experimental.

Pensar d'una manera integrada i abordar els problemes des de diferents perspectives diferenciant i complementant les estratègies reduccionistes i òmiques.

Interpretar els resultats d'experiments òmics.

Utilitza Internet com a font d'informació sobre bases de dades de gens i proteïnes adquirir la capacitat de manejar programari relacionat amb l'anàlisi de seqüències. Gestionar la informació.

Analitzar i sintetitzar els resultats d'un especialista i fer una presentació oral, escrita i visual del seu treball.

Ser capaç de comprendre temes de recerca en genòmica, proteòmica i metabolòmica.

## DESCRIPCIÓ DE CONTINGUTS

### 1. Introducció

Concepte de ciències òmiques. Història: seqüenciació de genomes i genòmica funcional. Estratègies per a l'estudi global dels diferents sistemes biològics.



## **2. Preparació i anàlisi de mostres en proteòmica**

Proteoma i proteòmica. Preparació i separació de mostres. Espectrometria de masses.

## **3. Identificació i quantificació de proteïnes**

Procediments d'identificació de proteïnes. Quantificació de proteïnes amb i sense marcatge. Proteòmica dirigida.

## **4. Caracterització del proteoma**

Estudi de les modificacions posttraduccional. Estudi de les interaccions proteïna - proteïna: interactoma i anàlisi de complexos macromoleculars. Xips de proteïnes.

## **5. Metabolòmica**

Tècniques per a l'anàlisi del metaboloma. Identificació i quantificació de metabòlits.

## **6. Mètodes d'anàlisi de l'expressió gènica global**

Comparació dels mètodes d'anàlisi individual i els d'anàlisi global. L'anàlisi en sèrie de l'expressió gènica (SAGE) i mètodes derivats. Els xips o micromatrius de DNA: fonaments i aplicacions. Anàlisi dels resultats. Estudis transcriptòmics amb xips de DNA. L'organització funcional dels genomes eucariòtics. Ultraseqüenciació per a estudis transcriptòmics.

## **7. Estudis fenotípics globals: Fenòmica**

Col·leccions de mutants per deleció o apagat amb IRNA. Col·leccions de fusions gèniques. Tècniques d'anàlisi dels estudis fenotípics.

## **8. Interactòmica i altres òmiques**

Interacció entre proteïnes: mètodes d'estudi i escalat genòmic. Interaccions entre proteïnes i DNA: ChIP. Epigenòmica.

## **9. Eines per a la Bioinformàtica estadística.**

Introducció a R, R-Studio and Bioconductor. Tractament i gestió de edades òmiques, incloent-hi accésits a bases de edades on-line, creació d'estructures de dades en R, pre-processat de dades, anotació de gens, etc.

**10. Minería de dades**

Estudiantes de tècniques que permeten realitzar una primera aproximación a les dades. Components principals i anàlisis cluster.

**11. Disseny d'experiments**

Introducción al disseny d'experiments i la seua aplicació a la Bioinformàtica

**12. Expressió diferencial**

Expressió diferencial marginal. Comparaciones múltiples. Tècniques de control de l'error.

**13. Anàlisi de grups de gens**

Test de Fisher o Multinomial. Estudi de la funcionalidad dels gens amb expressió diferencial.

**VOLUM DE TREBALL**

ACTIVITAT	Hores	% Presencial
Classes de teoria	31,00	100
Pràctiques en aula informàtica	12,00	100
Pràctiques en laboratori	2,00	100
Estudi i treball autònom	20,00	0
Preparació de classes de teoria	20,00	0
Resolució de casos pràctics	27,00	0
<b>TOTAL</b>	<b>112,00</b>	

**METODOLOGIA DOCENT**

**Classes de teoria:** S'impartiran 2 sessions setmanals d'una hora de durada. Fonamentalment, s'utilitzarà el model de lliçó magistral, ja que ofereix la possibilitat que el professor incideixi en els conceptes més rellevants per a la comprensió del tema i s'indicanen els recursos més recomanables per a la preparació posterior del tema en profunditat. S'utilitzaran els mitjans audiovisuals necessaris per al desenvolupament àgil i coherent de les classes. El professor deixarà accessible quan es requereixi, a la plataforma de suport a la docència Aula Virtual, el material necessari per al correcte seguiment de les classes de teoria. En alguns temes, s'utilitzarà el model participatiu, primant la comunicació entre els estudiants i entre aquests i el professor.



**Classe pràctica de la part de Proteòmica.** Es realitzarà una sessió de 2 hores de durada en l'aula d'informàtica per analitzar espectres de masses i realitzar una búsqueda d'empremta peptídica utilitzant MASCOT.

**Classes pràctiques en aula d'informàtica.** Són d'assistència obligatòria. Es realitzaran sis sessions de 2 hores de durada cadascuna de la part d'anàlisi estadística. Per a l'anàlisi de dades utilitzarem en l'assignatura el programari R així com diferents paquets, en particular, els relacionats amb Bioconductor.

## AVALUACIÓ

L'assignatura s'estructura en 2 parts principals: BIOLOGIA (Genòmica i Proteòmica) i BIOINFORMÀTICA. La part de BIOLOGIA suposa un 60% de la nota final de l'assignatura (26% Genòmica i 34% Proteòmica) mentre que la part de BIOINFORMÀTICA suposa un 40%.

Es realitzarà una avaluació dels continguts de les classes teòriques mitjançant un examen escrit dels 8 primers temes (BIOLOGIA). Serà necessari obtenir un mínim de 3 sobre 10 en cada part (Genòmica i Proteòmica) per poder fer mitjana entre elles.

L'avaluació de la part de Bioinformàtica es realitzarà mitjançant: (1) La resolució i lliurament de pràctiques en R. (35%) (2) Un treball que contemplarà la comprensió de la part estadística d'un article ja publicat.(35%) (3) Un examen que constarà de 3 preguntes sobre la temàtica tractada tant en pràctiques com en teoria (30%). El valor d'aquesta part de l'assignatura serà de 4 punts sobre 10.

Serà necessari obtenir un 40% de la nota màxima en cadascuna de les parts (BIOLOGIA i BIOINFORMÀTICA) per aconseguir l'aprovat. Si s'aprova qualsevol de les dues parts en la primera convocatòria (obtenint un 50% o més de la nota) es podrà optar a presentar-se sols a l'altra part (suspesa) en la segona convocatòria.

## REFERÈNCIES

### Bàsiques

- Referència b1: -C. David OConnor & B. David Hames. Proteomics. Scion, 2008.
- Referència b2: - Wim P. Krijnen. Applied Statistics for Bioinformatics using R. GNU Free Document
- Referència b3: - Jae K. Lee, editor. Statistical Bioinformatics A Guide for Life and Biomedical.Science Researchers. Wiley-Blackwell, 2010.
- Referència b4: - E. Wit and J.D. McClure. Statistics for microarrays: design, analysis, and inference. Wiley, 2004.
- Referència 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.
- Referència b6: W.N. Venables and B. D. Ripley. Modern Applied Statistics with S. Springer, New York, fourth edition, 2002. ISBN 0-387-95457-0.
- Referència b7: -J. Verzani. Using R for Introductory Statistics. Chapman & Hall / CRC, 2005.
- Referència 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

### **Complementàries**

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