

**FICHA IDENTIFICATIVA****Datos de la Asignatura**

Código	33183
Nombre	Tecnologías de Análisis Molecular Integrado
Ciclo	Grado
Créditos ECTS	4.5
Curso académico	2023 - 2024

Titulación(es)

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

Materias

Titulación	Materia	Carácter
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 proteínas.

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 complementando 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. Métodos 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 delección 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.



Clase práctica de la parte de Proteómica. Se realizará una sesión de 2 horas de duración en el aula de informática para analizar espectros de masas y realizar una búsqueda de huella peptídica utilizando MASCOT.

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

La asignatura se estructura en 2 partes principales: BIOLOGÍA (Genómica y Proteómica) y BIOINFORMÁTICA. La parte de BIOLOGÍA supone un 60% de la nota final de la asignatura (26% Genómica y 34% Proteómica) mientras que la parte de BIOINFORMÁTICA supone un 40%.

Se realizará una evaluación de los contenidos de las clases teóricas mediante un examen escrito de los 8 primeros temas (BIOLOGÍA). Será necesario obtener un mínimo de 3 sobre 10 en cada parte (Genómica y Proteómica) para poder hacer media entre ellas.

La evaluación de la parte de Bioinformática se realizará mediante: (1) La resolución y entrega de prácticas en R. (35%) (2) Un trabajo que contemplará la comprensión de la parte estadística de un artículo ya publicado. (35 %) (3) Un examen que constará de 3 preguntas sobre la temática tratada tanto en prácticas como en teoría (30%). El valor de esta parte de la asignatura será de 4 puntos sobre 10.

Será necesario obtener un 40% de la nota máxima en cada una de las partes (BIOLOGÍA y BIOINFORMÁTICA) para conseguir el aprobado. Si se aprueba cualquiera de las dos partes en la primera convocatoria (obteniendo un 50% o más de la nota) se podrá optar a presentarse solo a la otra parte (suspendida) en la segunda convocatoria.

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.