FITXA IDENTIFICATIVA

Dades de l'Assignatura

Codi	42709
Nom	Tècniques òmiques per a l'obtenció massiva de dades
Cicle	Màster
Crèdits ECTS	6.0
Curs acadèmic	2022 - 2023

Titulació/titulacions

Titulació	Centre	Curs	Període
2116 - M.U. en Bioinformàtica 12-V.1	Escola Tècnica Superior d'Enginyeria	1	Segon quadrimestre

Matèries

Titulació	Matèria	Caràcter
2116 - M.U. en Bioinformàtica 12-V.1	4 - Tècniques òmiques per a l'obtenció massiva de dades	Obligatòria

Coordinació

Nom	Departament
GIL GARCIA, ROSARIO	194 - Genètica
PEREZ ORTIN, JOSE ENRIQUE	30 - Bioquímica i Biologia Molecular
SANCHEZ DEL PINO, MANUEL MATEO	30 - Bioquímica i Biologia Molecular

RESUM

La matèria “Tècniques òmiques per l’obtenció massiva de dades” s'estudia en el segon quadrimestre del Màster en Bioinformàtica a la Universitat de València. Es tracta d'una assignatura obligatòria i, per tant, haurà de ser cursada per tots els estudiants.

Les tecnologies òmiques ocupen des de finals del segle passat un paper capdavanter en bona part dels descobriments científics en els diferents camps de la Biologia. El terme Genòmica va ser emprat per primera vegada fa uns 25 anys per fer referència a la subdisciplina de la Genètica dedicada a l'estudi de la cartografia, seqüenciació i anàlisi de les funcions de genomes complets. Amb posterioritat s'ha estès el sufix “òmica” a moltes altres disciplines que tenen en comú ser globalitzadores i utilitzades en tots els camps de la Biologia actual. Donat que una bona part del contingut d'aquestes ciències òmiques és metodològic i que la major part dels possibles estudiants ja han de posseir nocions bàsiques sobre elles, la present assignatura s'enfoca principalment a l'estudi de les metodologies emprades i de les aplicacions que tenen en aquest moment en la investigació en Biologia Molecular i Cel·lular, Genètica i

Microbiologia.

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

Els estudiants han de tenir un nivell suficient de coneixements de Biologia Molecular i Genètica.

COMPETÈNCIES

2116 - M.U. en Bioinformàtica 12-V.1

- Que els estudiants sàpiguen aplicar els coneixements adquirits i la seua capacitat de resolució de problemes en entorns nous o poc coneguts dins de contextos més amplis (o multidisciplinaris) relacionats amb la seua àrea d?estudi.
- Que els estudiants siguen capaços d?integrar coneixements i afrontar la complexitat de formular judicis a partir d?una informació que, sent incompleta o limitada, incloga reflexions sobre les responsabilitats socials i ètiques vinculades a l?aplicació dels seus coneixements i judicis.
- Que els estudiants sàpiguen comunicar les conclusions (i els coneixements i les raons últimes que les sustenten) a públics especialitzats i no especialitzats d?una manera clara i sense ambigüitats.
- Que els estudiants posseïsquen les habilitats d?aprenentatge que els permeten continuar estudiant d?una forma que haurà de ser en gran manera autodirigida o autònoma.
- Ser capaços d'accedir a la informació necessària (bases de dades, articles científics, etc.) i tenir prou criteri per a la seua interpretació i utilització.
- Posseir i comprendre coneixements que aportin una base o oportunitat de ser originals en el desenvolupament i / o aplicació d'idees, sovint en un context de recerca.
- Ser capaços d'accedir a ferramentes d'informació en altres àrees del coneixement i utilitzar-les apropiadament.
- Ser capaços de valorar la necessitat de completar la seva formació científica, històrica, en llengües, en informàtica, en literatura, en ètica, social i humana en general, assistint a conferències o cursos i / o realitzant activitats complementàries, autoavaluant l'aportació que la realització d'aquestes activitats suposa per a la seva formació integral.
- Desenvolupar la iniciativa personal i ser capaces de realitzar una presa ràpida i eficaç de decisions en la seua labor professional i/o investigadora.

- Treballar en equip amb eficiència en la seua labor professional y/o investigadora i amb persones de diferent procedència.
- Comprendre les capacitats i les limitacions de les tècniques ómicas així com del tipus d'informació biomèdica rellevant que es pot obtindre d'elles i saber analitzar i adquirir una clara visió del futur.

RESULTATS DE L'APRENENTATGE

Entendre els fonaments de les tècniques òmiques, els seus enfocaments i la interpretació dels resultats que generen.
Conèixer les capacitats, les implicacions i les limitacions de les tècniques òmiques.
Realització pràctica de la identificació d'una proteïna mitjançant l'anàlisi de la seva empremta peptídica.
Comprendre quina informació biomèdica rellevant que es pot obtenir d'aquestes tècniques i quin és el seu àmbit d'aplicació.
Analitzar el futur d'aquestes tecnologies així com de la relació recursos / informació obtinguda.

DESCRIPCIÓ DE CONTINGUTS

1. Conceptos generales sobre las tecnologías ómicas

L'era de les ciències òmiques. Genòmica funcional i altres òmiques. Subjecte d'estudi, enfocaments globalitzadors i anàlisis dels resultats.

2. Mètodes de seqüenciació de DNA per a genomes complets

Mètodes de seqüenciació de DNA per a genomes complets. Metodologies actuals dultrasecuenciació (HTS). Tercera generació dHTS. Assemblatge de genomes complets. Anotació i anàlisi funcional de genomes. Metagenòmica i Metatranscriptòmica.

3. Mètodes d'anàlisis de l'expressió gènica global

Mètodes d'anàlisis de l'expressió gènica global. Comparació dels mètodes d'anàlisi individual i 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. Ultrasecuenciació per a estudis transcriptòmics. ChIP-chip y ChIP-seq.

4. Epigenomica y Fenomica

Epigenomica. ChIP-chip y ChIP-seq. Estudis fenotípics globals: Fenòmica. Colleccions de mutants per deleció o apagat amb iRNA. Colleccions de fusions gèniques. Tècniques d'anàlisis dels estudis fenotípics.

5. Preparació i separació de mostres en Proteòmica

Preparació de mostres per analitzar-les per tècniques proteòmiques. Tècniques de separació de pèptids i proteïnes. Proteòmica Bottom-up i Top-down.

6. Espectrometria de masses: instrumentació i procediments

Ionització de mostres biològiques i tipus danalitzadors de masses. Fragmentació i seqüenciació de novo de pèptids. Experiments de LC-MS/MS i mètodes dadquisició de dades en proteòmica.

7. Identificació i quantificació de proteïnes

Mètodes didentificació de proteïnes. Utilització de motors de cerca. Anàlisi de complexos macromoleculars. Quantificació de proteïnes: mètodes amb marcatge i sense. Proteòmica dirigida. Anàlisi de xarxes dinteracció i rutes metabòliques.

VOLUM DE TREBALL

ACTIVITAT	Hores	% Presencial
Classes de teoria	30,00	100
Assistència a esdeveniments i activitats externes	2,00	0
Estudi i treball autònom	30,00	0
Lectures de material complementari	40,00	0
Preparació de classes pràctiques i de problemes	8,00	0
Resolució de casos pràctics	40,00	0
TOTAL	**150,00**	

METODOLOGIA DOCENT

Les següents metodologies docents seran utilitzades per a les activitats d'aquest mòdul:

1) Classes teòriques. Basades en el mètode expositiu/lliçó magistral i en l'estudi de casos.

2) Laboratori. Al Servei de Genòmica (SCSIE) els alumnes veuran una demostració del funcionament dels equips de seqüenciació i xips de DNA.

3) Presentació de casos pràctics i interpretació de resultat (en aula d'informàtica).

4) Tutories personals. Ajudar i guiar als estudiants en relació amb els problemes que puguen sorgir durant el desenvolupament de les activitats presencials i no presencials.

AVALUACIÓ

Per a l'avaluació es valorarà la resolució durant el curs acadèmic de qüestions pràctiques, un examen final (96%) de coneixements teòrics o aplicats i en l'assistència a sessions teòriques o pràctiques (4%). L'examen final de cadascuna de les 3 parts de l'assignatura es realitzarà de forma independent i amb valoració a parts iguals, entre les 3 parts (Genòmica Estructural, Funcional i Proteòmica). El sistema d'avaluació de l'assignatura implica la superació d'un mínim global (50%) així com uns mínims (20%) en cadascuna de les tres parts. Per a la 2ª convocatòria d'examen (Juliol) es guardaran les qualificacions de visites i qüestions pràctiques i podrà guardar-se (si es demana) la nota d'una o dues de les tres parts d'assignatura.

REFERÈNCIES

Bàsiques

- Chee-Seng, K. et al. (2010). Next generation sequencing technologies and their applications. In: Encyclopedia of Life Sciences (ELS). John Wiley & Sons.
- Metzker, ML (2010). Sequencing technologies the next generation. Nat. Rev. Genet., 11: 31-46.
- Brent, M. R. (2006). Genome annotation past, present, and future: How to define an ORF at each locus. Genome Res., 15:1777-1786.
- Handelsman, J. (2004). Metagenomics: application of genomics to uncultured microorganisms. Microbiol. Mol. Biol. Rev., 68: 669-685.
- Xu, Y., and Gogarten, J. P. (2008). Computational Methods for Understanding Bacterial and Archaeal Genomes. Series on Advances in Bioinformatics and Computational Biology, vol. 7. Imperial College Press, London.
- Pérez-Ortín, J.E.; Alepuz, P. y Moreno; J. (2007). Genomics and gene transcription kinetics in yeast. Trends Genet. 23, 250-257.
- Eidhammer, I., Flikka, K., Martens, L., and Mikalsen, S.-O. (2008). Computational Methods for Mass Spectrometry Proteomics (Wiley-Interscience).
- Bar-Even A. et al. (2006). Noise in protein expression scales with natural protein abundance. Nat. Genet. 38: 636-643.
- Myers, C. L., et al., 2005. Discovery of biological networks from diverse functional genomic data. Genome Biology, 6: R114

Complementàries

- Biological database compilation at NAR: http://nar.oupjournals.org/content/vol29/issue1
- EMBL (European Molecular Blology Laboratory), Bioinformatics. http://www-db.embl.de/jss/servlet/de.embl.bk.emblGroups.EmblGroupsOrg/serv_0?t=0

- ExPASy (Expert Protein Analysis System). http://us.expasy.org/
- GenomeNet (Kyoto University Bioinformatics Center). http://www.genome.jp/
- Gene Ontology Consortium. http://www.geneontology.org/GO.consortiumlist.shtml
- GOLD (Genomes Online Database). http://www.genomesonline.org/
- KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes). http://www.genome.jp/kegg/kegg2.html
- MINT: Molecular Interaction Database. http://mint.bio.uniroma2.it/mint/Welcome.do
- NCBI (National Center for Biotechnology Information). http://www.ncbi.nlm.nih.gov/
- Saccharomyces Genome Database. http://www.yeastgenome.org/