FICHA IDENTIFICATIVA

Datos de la Asignatura

Código	42709
Nombre	Técnicas ómicas para la obtención masiva de datos
Ciclo	Máster
Créditos ECTS	6.0
Curso académico	2023 - 2024

Titulación(es)

Titulación	Centro	Curso	Periodo
2116 - M.U. en Bioinformática 12-V.1	Escuela Técnica Superior de Ingeniería	1	Segundo cuatrimestre

Materias

Titulación	Materia	Caracter
2116 - M.U. en Bioinformática 12-V.1	4 - Técnicas ómicas para la obtención masiva de datos	Obligatoria

Coordinación

Nombre	Departamento
DZUNKOVA, MARIA	194 - Genética
GIL GARCIA, ROSARIO	194 - Genética
SANCHEZ DEL PINO, MANUEL MATEO	30 - Bioquímica y Biología Molecular

RESUMEN

La materia “Técnicas Ómicas” se estudia en el segundo cuatrimestre del Máster en Bioinformática en la Universitat de Valencia. Se trata de una asignatura obligatoria, por lo que deberá ser cursada por todos los estudiantes.

Las tecnologías ómicas ocupan desde finales del siglo pasado un papel puntero en buena parte de los descubrimientos científicos en los campos de la Biología que abarca este Máster. El término Genómica fue acuñado hace 25 años para hacer referencia a la subdisciplina de la Genética dedicada al estudio de la cartografía, secuenciación y análisis de las funciones de genomas completos. Con posterioridad se ha extendido el sufijo “ómica” a muchas otras disciplinas que tienen en común ser globalizadoras y utilizadas en todos los campos de la Biología actual. dado que una buena parte del contenido de estas ciencias ómicas es metodológico y que la mayor parte de los posibles estudiantes ya deben poseer conceptos básicos sobre ellas la presente asignatura se enfoca principalmente al estudio de las metodologías empleadas y de las aplicaciones que tienen en este momento en la investigación en Biología

Molecular, Celular, Genética y Microbiología.

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

Los estudiantes deben tener un nivel suficiente de conocimientos de Biología Molecular y Genética.

COMPETENCIAS

2116 - M.U. en Bioinformática 12-V.1

- Que los/las estudiantes sepan aplicar los conocimientos adquiridos y su capacidad de resolución de problemas en entornos nuevos o poco conocidos dentro de contextos más amplios (o multidisciplinares) relacionados con su área de estudio.
- Que los/las estudiantes sean capaces de integrar conocimientos y enfrentarse a la complejidad de formular juicios a partir de una información que, siendo incompleta o limitada, incluya reflexiones sobre las responsabilidades sociales y éticas vinculadas a la aplicación de sus conocimientos y juicios.
- Que los/las estudiantes sepan comunicar sus conclusiones y los conocimientos y razones últimas que las sustentan a públicos especializados y no especializados de un modo claro y sin ambigüedades.
- Que los/las estudiantes posean las habilidades de aprendizaje que les permitan continuar estudiando de un modo que habrá de ser en gran medida autodirigido o autónomo
- Ser capaces de acceder a la información necesaria (bases de datos, artículos científicos, etc.) y tener suficiente criterio para su interpretación y empleo.
- Poseer y comprender conocimientos que aporten una base u oportunidad de ser originales en el desarrollo y/o aplicación de ideas, a menudo en un contexto de investigación.
- Ser capaces de acceder a herramientas de información en otras áreas del conocimiento y utilizarlas apropiadamente.
- Ser capaces de valorar la necesidad de completar su formación científica, histórica, en lenguas, en informática, en literatura, en ética, social y humana en general, asistiendo a conferencias o cursos y/o realizando actividades complementarias, autoevaluando la aportación que la realización de estas actividades supone para su formación integral.
- Desarrollar la iniciativa personal y ser capaces de realizar una toma rápida y eficaz de decisiones en su labor profesional y/o investigadora.

- Trabajar en equipo con eficiencia en su labor profesional y/o investigadora y con personas de diferente procedencia.
- Comprender las capacidades y las limitaciones de las técnicas ómicas así como del tipo de información biomédica relevante que se puede obtener de ellas y saber analizar y adquirir una clara visión del futuro.

RESULTADOS DE APRENDIZAJE

Entender el fundamento de las técnicas ómicas, sus enfoques y la interpretación de los resultados que generan.
Conocer las capacidades, las implicaciones y las limitaciones de las técnicas ómicas.
Realización práctica de la identificación de una proteína mediante el análisis de su huella peptídica.
Comprender qué información biomédica relevante que se puede obtener de dichas técnicas y cuál es su ámbito de aplicación.
Analizar el futuro de estas tecnologías así como de la relación recursos/información obtenida.

DESCRIPCIÓN DE CONTENIDOS

1. Conceptos generales sobre las tecnologías ómicas

La era de las ciencias ómicas. Genómica funcional y otras ómicas. Sujeto de estudio, enfoques globalizadores y análisis de los resultados.

2. Métodos de secuenciación de DNA para genomas completos

Métodos de secuenciación de DNA para genomas completos. Metodologías actuales de ultrasecuenciación (HTS). Tercera generación de HTS. Ensamblaje de genomas completos. Anotación y análisis funcional de genomas. Metagenómica y Metatranscriptómica.ca.

3. Métodos de análisis de la expresión génica global

Comparación de los métodos de análisis individual y global: fundamentos y aplicaciones. Estudios transcriptómicos con chips de DNA. Ultrasecuenciación para estudios transcriptómicos: RNA-seq.

4. Epigenómica y Fenómica

La organización funcional de los genomas eucarióticos. ChIP-chip y ChIP-seq. Estudios fenotípicos globales: Fenómica. Colecciones de mutantes por deleción o apagado con iRNA. Colecciones de fusiones génicas. Técnicas de análisis de los estudios fenotípicos.

5. Preparación y separación de muestras en Proteómica

Ionización de muestras biológicas y tipos de analizadores de masas. Fragmentación y secuenciación de novo de péptidos. Experimentos de LC-MS/MS y métodos de adquisición de datos en proteómica.

6. Espectrometría de masas: instrumentación y procedimientos

Ionización de muestras biológicas y tipos de analizadores de masas. Fragmentación y secuenciación de novo de péptidos. Experimentos de LC-MS/MS y métodos de adquisición de datos en proteómica.

7. Interactómica, Metabolómica y otras ómicas

Interacción entre proteínas: métodos de estudio y escalado genómico. Definición de complejos macromoleculares. Estudio de los metabolitos celulares mediante técnicas exhaustivas. Relación con la Proteómica descriptiva y funcional. Otras ciencias ómicas.

VOLUMEN DE TRABAJO

ACTIVIDAD	Horas	% Presencial
Clases de teoría	30,00	100
Asistencia a eventos y actividades externas	2,00	0
Estudio y trabajo autónomo	30,00	0
Lecturas de material complementario	40,00	0
Preparación de clases prácticas y de problemas	8,00	0
Resolución de casos prácticos	40,00	0
TOTAL	**150,00**	

METODOLOGÍA DOCENTE

Las siguientes metodologías docentes serán utilizadas para las actividades de este módulo:

1) Clases teóricas. Basadas en el método expositivo /lección magistral y en el estudio de casos

2) Laboratorio. En el Servicio de Genómica (SCSIE) los alumnos verán una demostración del funcionamiento de los equipos de secuenciación.

3) Presentación de casos prácticos e interpretación de resultado (en aula de informática).

4) Tutorías personales. Ayudar y guiar a los estudiantes en relación con los problemas que surjan durante el desarrollo de las actividades presenciales y no presenciales.

EVALUACIÓN

Para la evaluación se valorará la resolución durante el curso académico de cuestiones prácticas, un examen final (96%) de conocimientos teóricos o aplicados y en la asistencia a sesiones teóricas o practicas (4%). El examen final de cada una de las 3 partes de la asignatura se realizará de forma independiente y con valoración a partes iguales, entre las 3 partes (Genómica Estructural, Funcional y Proteómica). El sistema de evaluación de la asignatura implica la superación de un mínimo global (50%) así como unos mínimos (20%) en cada una de las tres partes . Para la 2ª convocatoria de examen (Julio) se guardarán las calificaciones de visitas y cuestiones prácticas y podrá guardarse (si se solicita) la nota de una o dos de las tres partes de asignatura.

REFERENCIAS

Básicas

- 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

Complementarias

- Biological database compilation at NAR: http://nar.oupjournals.org/content/vol29/issue1
- EMBL (European Molecular Biology 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/