

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

Código	44695
Nombre	Tecnologías ómicas
Ciclo	Máster
Créditos ECTS	5.0
Curso académico	2022 - 2023

Titulación(es)

Titulación	Centro	Curso	Periodo
2224 - M.U. Investigación y Desarrollo en Biotecnología Biomedicina	Facultad de Ciencias Biológicas	1	Primer cuatrimestre

Materias

Titulación	Materia	Caracter
2224 - M.U. Investigación y Desarrollo en Biotecnología Biomedicina	1 - Nuevas tecnologías	Obligatoria

Coordinación

Nombre	Departamento
PEREZ ORTIN, JOSE ENRIQUE	30 - Bioquímica y Biología Molecular
SANCHEZ DEL PINO, MANUEL MATEO	30 - Bioquímica y Biología Molecular

RESUMEN

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

COMPETENCIAS

2224 - M.U. Investigación y Desarrollo en Biotecnología Biomedicina

- 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
- 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 integrar las nuevas tecnologías en su labor profesional y/o investigadora.
- Ser capaces de analizar de forma crítica tanto su trabajo como el de su compañeros.
- Capacidad de seleccionar y gestionar los recursos disponibles (instrumentales y humanos) para optimizar resultados en investigación.
- Ser capaces de realizar una toma rápida y eficaz de decisiones en situaciones complejas de su labor profesional o investigadora, mediante el desarrollo de nuevas e innovadoras metodologías de trabajo adaptadas al ámbito científico/investigador, tecnológico o profesional en el que se desarrolle su actividad.
- Ser capaces de acceder a la información necesaria en el ámbito específico de la materia (bases de datos, artículos científicos, etc.) y tener suficiente criterio para su interpretación y empleo.
- Aplicar el razonamiento crítico y la argumentación desde criterios racionales.
- Capacidad para preparar, redactar y exponer en público informes y proyectos de forma clara y coherente, defenderlos con rigor y tolerancia y responder satisfactoriamente a las críticas que pudieren derivarse de su exposición.



- Ser capaces de trabajar en equipo, sin discriminación entre hombres y mujeres, con eficiencia en su labor profesional o investigadora adquiriendo la capacidad de participar en proyectos de investigación y colaboraciones científicas o tecnológicas.
- Capacidad para desarrollar los resultados científicos obtenidos por uno mismo o por otros científicos a las aplicaciones prácticas de rentabilidad social y/o económica.
- Ser capaz de aplicar los conocimientos adquiridos en la identificación de salidas profesionales y yacimientos de empleo.
- Adquirir las habilidades personales que faciliten la inserción y desarrollo profesional.
- Conocer y usar las técnicas y herramientas de búsqueda de empleo.
- Considerar el emprendimiento como alternativa profesional.
- Motivación por la calidad y la mejora continua, actuando con rigor, responsabilidad y ética profesional.
- Respeto a los derechos fundamentales y de igualdad entre hombres y mujeres.
- Capacidad de proyectar los conocimientos, habilidades y destrezas adquiridos para promover una sociedad basada en los valores de la libertad, la justicia, la igualdad y el pluralismo.
- Aprendizaje en la redacción de artículos científicos en los campos de la Biomedicina y la Biotecnología.
- Manejar adecuadamente las fuentes de información científica y poseer la habilidad de hacer una valoración crítica de las mismas, integrando la información para aportar conocimientos a grupos de investigación multidisciplinares.
- Utilizar adecuadamente las herramientas informáticas, métodos estadísticos y de simulación de datos, aplicando los programas informáticos y la estadística a los problemas biomédicos y biotecnológicos.
- Dominar el método científico, el planteamiento de protocolos experimentales y la interpretación de resultados en el ámbito biomédico y biotecnológico.
- Ser capaces de aplicar la experiencia investigadora adquirida tanto en la empresa privada como en organismos públicos.
- Saber diseñar estrategias experimentales multidisciplinares en el ámbito de las biociencias moleculares para la resolución de problemas biológicos complejos, especialmente los relacionados con salud humana.
- Adquirir destrezas en el manejo de las metodologías avanzadas empleadas en las biociencias moleculares y en el registro anotado de actividades.
- Mejorar la capacidad para trabajar de manera autónoma, responsable y rigurosa en el laboratorio, aplicando los conocimientos sobre los aspectos legales y prácticos en la manipulación y eliminación de agentes de riesgo.
- Mejorar la capacidad de trabajar con seres vivos o muestras biológicas.



- Tener una visión integrada del funcionamiento de los sistemas vivos utilizando el enfoque que proporcionan las ciencias ómicas.
- Aprendizaje del uso de la instrumentación y equipamientos empleados en los laboratorios de biotecnología y biomedicina.
- Saber utilizar un lenguaje integrador y no discriminatorio en todos los ámbitos de la comunicación anteriormente mencionados.

RESULTADOS DE APRENDIZAJE

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

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.

Descripción histórica de la secuenciación de genomas. Metodologías actuales de ultrasecuenciación (HTS). Metodologías HTS de tercera generación y el futuro de la tecnología. Ensamblaje de genomas completos. Anotación de genomas. Metagenómica

3. Métodos de análisis de la expresión génica global.

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. Estudios transcriptómicos con chips de DNA. Ultrasecuenciación para estudios transcriptómicos: RNAseq y otras técnicas. Análisis de los resultados. Estudio de otros parámetros de la expresión génica. Metatranscriptómica.



4. Interactómica, Epigenómica y Fenómica.

Interacciones entre DNA y proteínas: ChIP-chip y ChIP-seq. Organización tridimensional del genoma. Epigenómica. Interacciones RNA-proteína y estructura del RNA. Estudios fenotípicos globales: Fenómica. Colecciones de mutantes por delección o apagado de genes. Genes esenciales. Colecciones de fusiones génicas. Técnicas de análisis de los estudios fenotípicos.

5. Preparación y separación de muestras en Proteómica

Preparación de muestras para su análisis por técnicas proteómicas. Técnicas de separación de péptidos y proteínas. Proteómica Bottom-up y Top-down.

6. Espectrometría de masas: instrumentación y procedimientos.

Técnicas de ionización de muestras biológicas. Tipos de analizadores de masas y su aplicación en proteómica. Fragmentación y secuenciación de novo de péptidos. Experimentos de LC-MS/MS. Adquisición dependiente e independiente de datos.

7. Identificación de proteínas.

Métodos de identificación de proteínas. Utilización de motores de búsqueda. Análisis de complejos macromoleculares.

8. Cuantificación de proteínas.

Cuantificación de proteínas empleando métodos de marcaje fluorescente e isotópico. Técnicas de cuantificación sin marcaje. Proteómica dirigida (SRM/MRM). Análisis de redes de interacción y rutas metabólicas.

9. Metabolómica.

Técnicas de análisis en metabolómica. Identificación y cuantificación de metabolitos.



VOLUMEN DE TRABAJO

ACTIVIDAD	Horas	% Presencial
Clases de teoría	50,00	100
Elaboración de trabajos en grupo	10,00	0
Elaboración de trabajos individuales	25,00	0
Estudio y trabajo autónomo	30,00	0
Lecturas de material complementario	10,00	0
TOTAL	125,00	

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) Seminarios elaborados por las/los estudiantes tutorizados por el profesor
- 3) Seminarios impartidos por expertos en temas de actualidad.
- 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

La evaluación se basará en un examen de las dos partes de la asignatura: proteómica/metabolómica (valor 40%) y genómica (valor 60%). Para aprobar será necesario superar el 30% de la nota de cada parte para poder promediar las dos notas. El examen constituirá el 90% de la nota final. El otro 10% se basará en seminarios impartidos por los/las estudiantes que evaluará el profesor correspondiente en base al contenido del seminario, calidad de la exposición y de las respuestas a las preguntas que se les hagan sobre su contenido.

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.
- Fernando Corrales y Juan J. Calvete (2014) Manual de proteómica. Sociedad Española de Proteómica

Complementarias

- Biological database compilation at NAR: <http://nar.oupjournals.org/content/vol29/issue1>
- EMBL (European Molecular Biology Laboratory), Bioinformatics. http://wwwdb.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/>