



Guía Docente				
Datos Identificativos				2015/16
Asignatura (*)	Xenómica	Código	610441014	
Titulación				
Descritores				
Ciclo	Período	Curso	Tipo	Créditos
Mestrado Oficial	2º cuatrimestre	Primeiro	Optativa	3
Idioma	CastelánGalegoInglés			
Modalidade docente	Presencial			
Prerrequisitos				
Departamento	Bioloxía Celular e Molecular			
Coordinación	Becerra Fernandez, Manuel	Correo electrónico	manuel.becerra@udc.es	
Profesorado	Becerra Fernandez, Manuel Vila Taboada, Marta	Correo electrónico	manuel.becerra@udc.es marta.vila.taboada@udc.es	
Web				
Descrición xeral	<p>Denomínase xenómica ao estudo integral do funcionamento, evolución e orixe dos xenomas. A xenómica utiliza coñecementos derivados de distintas disciplinas como xenética, bioloxía molecular, bioquímica, informática, estatística, matemáticas e física.</p> <p>A diferenza da xenética clásica que a partires dun fenotipo (xeralmente mutante) procura o xene ou xenes responsables dese fenotipo, a xenómica ten como obxectivo predicir a función dos xenes a partir da súa secuencia ou das súas interaccións con outros xenes.</p> <p>As denominadas "ciencias ómicas" están na vangarda da ciencia, feito debido ás posibilidades abertas polas novas tecnoloxías de secuenciación masiva, aos avances en bioinformática e aos algoritmos cada vez máis sofisticados para análise de xenomas completos.</p>			

Competencias / Resultados do título	
Código	Competencias / Resultados do título

Resultados da aprendizaxe			
Resultados de aprendizaxe		Competencias / Resultados do título	
Utilizar ferramentas moleculares para o coñecemento do xenoma de diversos organismos	AI1	B11 B15	
Comprender o estado actual do coñecemento no eido da xenómica estrutural, funcional e evolutiva	AI1	B11 B15 B19	CM8
Comprender os mecanismos de evolución dos xenomas e das ferramentas moleculares e bioinformáticas para o seu estudo	AI1 AI3 AI11	B11 B12 B19	
Deseñar, interpretar e analizar experimentos e datos de microarrays de ADN	AI3	B11 B12 B13	CM3

Contidos	
Temas	Subtemas
Xenómica estrutural	Cartografiado, secuenciación, anotación e bases de datos O proxecto xenoma humano Next Generation Sequencing (NGS)
Xenómica comparada	Mecanismos de evolución xenómica
Xenomas de procariotas	Metaxenómica



Xenomas de eucariotas	Taxonomía Paleoxenómica Medicina
Xenómica funcional	Microarrais e transcriptómica
Prácticas de bioinformática	1. Exploración de bases de datos (v.g. ENSEMBL) e proxectos xenómicos a gran escala : ENCODE, EXOME, 1000Genomes 2. Ensamblaxe dun xenoma organular secuenciado por NGS utilizando o software GENEIOUS 3. Análise de expresión xénica e microarrais

Planificación				
Metodoloxías / probas	Competencias / Resultados	Horas lectivas (presenciais e virtuais)	Horas traballo autónomo	Horas totais
Sesión maxistral	A1 A11 B1	10	18.62	28.62
Presentación oral	B5 B9	5	3	8
Eventos científicos e/ou divulgativos	C8	1	3	4
Prácticas a través de TIC	A3 C3	10	20	30
Proba obxectiva	B2 B3	2	0	2
Atención personalizada		2.38	0	2.38

\*Os datos que aparecen na táboa de planificación son de carácter orientativo, considerando a heteroxeneidade do alumnado

Metodoloxías	
Metodoloxías	Descrición
Sesión maxistral	Exposición oral complementada co uso de medios audiovisuais coa pretensión de transmitir coñecementos e facilitar a aprendizaxe.
Presentación oral	Cada estudante debe presentar nun máximo de 15 minutos un artigo de revisión asignado polo profesorado.
Eventos científicos e/ou divulgativos	O alumnado asistirá á conferencia pronunciada por un especialista en xenómica. O profesorado facilitará con antelación un artigo relacionado co tema da conferencia.
Prácticas a través de TIC	As TIC constitúen un excelente soporte e canle para o tratamento da información e a aplicación práctica de coñecementos, facilitando a comunicación e aprendizaxe.
Proba obxectiva	Proba escrita utilizada para a avaliación da aprendizaxe e que pode combinar distintos tipos de preguntas.

Atención personalizada	
Metodoloxías	Descrición
Presentación oral Prácticas a través de TIC	A atención personalizada concíbese como tempo de interacción directa entre estudante e profesorado, ben presencialmente ou vía e-mail.

Avaliación			
Metodoloxías	Competencias / Resultados	Descrición	Cualificación
Sesión maxistral	A1 A11 B1	Asistencia e participación activa.	10
Presentación oral	B5 B9	Capacidade de síntese, habilidades de comunicación.	20
Prácticas a través de TIC	A3 C3	Asistencia e participación activa. O alumnado semipresencial terá que entregar unha memoria/cuestionario de prácticas co gallo de poder avaliar o aproveitamento das mesmas: capacidade de síntese e redacción.	10



Proba obxectiva	B2 B3	O exame escrito avaliará os coñecementos adquiridos durante as devanditas actividades.	50
Eventos científicos e/ou divulgativos	C8	Asistencia e participación no turno de preguntas.	10

### Observacións avaliación

Poderá optar a Matrícula de Honra o alumnado avaliado na primeira oportunidade (xuño).

### Fontes de información

<b>Bibliografía básica</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Lesk, Arthur M. (2012). Introduction to Genomics. Oxford University Press</li> <li>- Campbell, A.M &amp; Heyer, L.J. (2007). Discovering Genomics, Proteomics &amp; Bioinformatics. Pearson Benjamin Cummings</li> <li>- McLachlan, G. J., Do, K-A., Ambrose, C (2004). Analyzing Microarray Gene Expression Data. Wiley-Interscience. John Wiley &amp; Sons</li> <li>- Bowtell, D., Sambrook, J. (2003). DNA Microarrays. Cold Spring Harbor Laboratory Press.</li> <li>- Allison, David B., et al (2006). DNA microarrays and related genomics techniques design, analysis, and interpretation of experiments. Chapman &amp; Hall/CRC</li> <li>- E. Rinaldis, A. Lahm. (2007). DNA microarrays: current applications. Wymondham: Horizon Bioscience</li> </ul>
<b>Bibliografía complementaria</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Straalen, Nico M. van (2006). An introduction to ecological genomics. Oxford University Press</li> <li>- Zhanjiang, Liu (2007). Aquaculture genome technologies. Blackwell</li> <li>- Futuyama, Douglas J. (2006). Evolution. Sinauer Associates</li> <li>- Dale Jeremy (2008). From genes to genomes: concept and applications of DNA technology. John Wiley &amp; Sons</li> <li>- Sensen, Christoph W. (2005). Handbook of genome research genomics, proteomics, metabolism, bioinformatics, ethical &amp; legal issues. Wiley-VCH</li> </ul> <p>RECURSOS EN INTERNET: Biological database compilation at NAR:  <a href="http://nar.oupjournals.org/content/vol29/issue1">http://nar.oupjournals.org/content/vol29/issue1</a>DOE Joint Genome Institut. Why sequence them?  <a href="http://www.jgi.doe.gov/sequencing/why/index.html">http://www.jgi.doe.gov/sequencing/why/index.html</a>EMBL (European Molecular Biology Laboratory), Bioinformatics.  <a href="http://www-db.embl.de/jss/servlet/de.embl.bk.emblGroups.EmblGroupsOrg/serv_0?t=0ExPASy">http://www-db.embl.de/jss/servlet/de.embl.bk.emblGroups.EmblGroupsOrg/serv_0?t=0ExPASy</a> (Expert Protein Analysis System). <a href="http://us.expasy.org/GeneMark">http://us.expasy.org/GeneMark</a>: <a href="http://opal.biology.gatech.edu/GeneMark/GenomeNet">http://opal.biology.gatech.edu/GeneMark/GenomeNet</a> (Kyoto University Bioinformatics Center).<a href="http://www.genome.jp/Genoscope">http://www.genome.jp/Genoscope</a>. Le séquençage des génomes.  <a href="http://www.genoscope.cns.fr/externe/Francais/Sequencage/GOLD">http://www.genoscope.cns.fr/externe/Francais/Sequencage/GOLD</a> (Genomes Online Database).  <a href="http://www.genomesonline.org/Human%20genome%20advanced%20annotation%20tutorial">http://www.genomesonline.org/Human genome: advanced annotation tutorial</a>.<a href="http://www.mad-cow.org/00/annotation_tutorial.html">http://www.mad-cow.org/00/annotation_tutorial.html</a>Human Genome Project Information.<a href="http://www.ornl.gov/sci/techresources/Human_Genome/home.shtml">http://www.ornl.gov/sci/techresources/Human_Genome/home.shtml</a>lañez Pareja, E. (1997). Introducción a los Proyectos Genoma. <a href="http://www.ugr.es/~eianez/Biotecnologia/genoma-2.html">http://www.ugr.es/~eianez/Biotecnologia/genoma-2.html</a>KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes). <a href="http://www.genome.jp/kegg/kegg2.html">http://www.genome.jp/kegg/kegg2.html</a>Nacional Human Genome Research Institute: <a href="http://www.genome.gov/NCBI">http://www.genome.gov/NCBI</a> (National Center for Biotechnology Information).  <a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/The_Sanger_Institute">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/The_Sanger_Institute</a>.<a href="http://www.sanger.ac.uk/TIGR">http://www.sanger.ac.uk/TIGR</a> (The Institute for Genomic Research).  <a href="http://www.tigr.org/tRNAscan-SE">http://www.tigr.org/tRNAscan-SE</a> 1.21. <a href="http://www.genetics.wustl.edu/eddy/tRNAscan-SE/">http://www.genetics.wustl.edu/eddy/tRNAscan-SE/</a>The WWW Virtual Library: Model Organisms: <a href="http://www.ceolas.org/VL/mo/">http://www.ceolas.org/VL/mo/</a></p>

### Recomendacións

#### Materias que se recomenda ter cursado previamente

Técnicas Celulares/610441001  
 Técnicas Moleculares/610441002  
 Mecanismos de xeración da variación xenética/610441005  
 Regulación da expresión xénica/610441006  
 Bioinformática e Modelado de Biomoléculas/610441020

#### Materias que se recomenda cursar simultaneamente



Proteómica/610441013

Cromosomas: Estructura. Función e Evolución/610441015

Xenética Humana/610441016

Toxicología Xenética/610441017

Materias que continúan o temario

Traballo de Máster/610441022

Observacións

(\*A Guía docente é o documento onde se visualiza a proposta académica da UDC. Este documento é público e non se pode modificar, salvo casos excepcionais baixo a revisión do órgano competente dacordo coa normativa vixente que establece o proceso de elaboración de guías