



| Guía Docente          |  |                    |  |          |
|-----------------------|--|--------------------|--|----------|
| Datos Identificativos |  |                    |  | 2015/16  |
| Asignatura (*)        | Xenómica   | Código             | 610441014  |          |
| Titulación            | Mestrado Universitario en Bioloxía Molecular , Celular e Xenética  |                    |  |          |
| 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<br>Vila Taboada, Marta   | Correo electrónico | manuel.becerra@udc.es<br>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   |
| A1                                  | Capacidade de utilizar técnicas e instrumentos habituais na investigación biolóxica celular e molecular: que sexan capaces de manexar as técnicas e protocolos así como comprender as potenciais das mesmas, os seus usos e aplicacións |
| A3                                  | Capacidade de utilizar ferramentas Bioinformáticas a nivel de usuario   |
| A11                                 | Capacidade de comprender a estrutura, función e evolución dos xenomas e aplicar as ferramentas necesarias para o seu estudio  |
| B1                                  | Capacidade de análise e síntese de problemas biolóxicos en relación coa Bioloxía Molecular, Celular e Xenética  |
| B2                                  | Capacidade de toma de decisións para a resolución de problemas: que sexan capaces de aplicar os coñecementos teóricos e prácticos adquiridos na formulación de problemas biolóxicos e a busca de solucións                              |
| B3                                  | Capacidade de xestión da información: reunir e interpretar datos, información e resultados relevantes, obter conclusións e emitir informes razoados sobre cuestións científicas e biotecnolóxicas                                       |
| B5                                  | Correcta comunicación oral e escrita sobre temas científicos na lingua nativa e polo menos noutra lingua de difusión Internacional a través da lectura de artigos científicos e exposición de traballos                                 |
| B9                                  | Capacidade de preparación, exposición e defensa dun traballo  |
| C3                                  | Utilizar as ferramentas básicas das tecnoloxías da información e as comunicacións (TIC) necesarias para o exercicio da súa profesión e para a aprendizaxe ao longo da súa vida.   |
| C8                                  | Valorar a importancia que ten a investigación, a innovación e o desenvolvemento tecnolóxico no avance socioeconómico e cultural da sociedade.   |

| Resultados da aprendizaxe  |     |  |  |     |     |  |  |     |  |
|--|-----|--|--|-----|-----|--|--|-----|--|
| Resultados de aprendizaxe  |     |  | Competencias / Resultados do título  |     |     |  |  |     |  |
| Utilizar ferramentas moleculares para o coñecemento do xenoma de diversos organismos |     |  | <table border="1"> <tr> <td>A11</td> <td>B11</td> <td></td> </tr> <tr> <td></td> <td>B15</td> <td></td> </tr> </table> | A11 | B11 |  |  | B15 |  |
| A11  | B11 |  |  |     |     |  |  |     |  |
|  | B15 |  |  |     |     |  |  |     |  |



|   |                    |                   |     |
|---|--------------------|-------------------|-----|
| Comprender o estado actual do coñecemento no eido da xenómica estrutural, funcional e evolutiva                     | AI1                | B11<br>B15<br>B19 | CM8 |
| Comprender os mecanismos de evolución dos xenomas e das ferramentas moleculares e bioinformáticas para o seu estudo | AI1<br>AI3<br>AI11 | B11<br>B12<br>B19 |     |
| Deseñar, interpretar e analizar experimentos e datos de microarrays de ADN  | AI3                | B11<br>B12<br>B13 | CM3 |

| Contidos                    |   |
|-----------------------------|---|
| Temas                       | Subtemas  |
| Xenómica estrutural         | Cartografiado, secuenciación, anotación e bases de datos<br>O proxecto xenoma humano<br>Next Generation Sequencing (NGS)  |
| Xenómica comparada          | Mecanismos de evolución xenómica  |
| Xenomas de procariotas      | Metaxenómica  |
| Xenomas de eucariotas       | Taxonomía<br>Paleoxenómica<br>Medicina  |
| Xenómica funcional          | Microarraís e transcriptómica   |
| Prácticas de bioinformática | 1. Exploración de bases de datos (v.g. ENSEMBL) e proxectos xenómicos a gran escala : ENCODE, EXOME, 1000Genomes<br>2. Ensamblaxe dun xenoma organular secuenciado por NGS utilizando o software GENEIOUS<br>3. Análise de expresión xénica e microarrays |

| 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<br>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.<br>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

| Bibliografía básica |  |
|---------------------|--|
|                     | <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> | <p>- Straalen, Nico M. van (2006). An introduction to ecological genomics. Oxford University Press</p> <p>- Zhanjiang, Liu (2007). Aquaculture genome technologies. Blackwell</p> <p>- Futuyama, Douglas J. (2006). Evolution. Sinauer Associates</p> <p>- Dale Jeremy (2008). From genes to genomes: concept and applications of DNA technology. John Wiley &amp; Sons</p> <p>- Sensen, Christoph W. (2005). Handbook of genome research genomics, proteomics, metabolism, bioinformatics, ethical &amp; legal issues . Wiley-VCH</p> <p>RECURSOS EN INTERNET: Biological database compilation at NAR:<br/> <a href="http://nar.oupjournals.org/content/vol29/issue1">http://nar.oupjournals.org/content/vol29/issue1</a> DOE Joint Genome Institut. Why sequence them?<br/> <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.<br/> <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.<br/> <a href="http://www.genoscope.cns.fr/externe/Francais/Sequencage/GOLD">http://www.genoscope.cns.fr/externe/Francais/Sequencage/GOLD</a> (Genomes Online Database).<br/> <a href="http://www.genomesonline.org/Human">http://www.genomesonline.org/Human</a> genome: advanced annotation tutorial.<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>Lañe Perea, 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).<br/> <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).<br/> <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/The_WWW_Virtual_Library">http://www.genetics.wustl.edu/eddy/tRNAscan-SE/The_WWW_Virtual_Library</a>: 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