



Guía Docente				
Datos Identificativos				2018/19
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			
Coordinación	Vila Taboada, Marta	Correo electrónico	marta.vila.taboada@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	AI3 AI11		CM3
Comprender o estado actual do coñecemento no eido da xenómica estrutural, funcional e evolutiva	AI3 AI11	BI1 BI5 BI9	CM2 CM8
Comprender os mecanismos de evolución dos xenomas e das ferramentas moleculares e bioinformáticas para o seu estudo	AI3 AI11	BI1 BI5 BI9	CM2 CM8
Deseñar, interpretar e analizar experimentos e datos de microarrays de ADN	AI3 AI11		

Contidos	
Temas	Subtemas
O proxecto Xenoma Humano	Historia e resultados
Next Generation Sequencing (NGS)	Plataformas Librarías paired-end Introdución ao tratamento dos datos



Whole Genome Sequencing	Librerías mate-pair Anotación Xenómica comparada Paleoxenómica
Xenómica clínica	Amplicon-seq Panel-seq Exome-seq Micromatriz CGH Farmacoxenómica
Metaxenómica	Metabarcoding
Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs)	Genome wide association studies (GWAS) Digital genetic testing
Xenómica funcional	Estudo do transcriptoma: microarrays e NGS (RNA-seq) Proxecto ENCODE Epixenómica
Prácticas de bioinformática	1. Exercicios utilizando a plataforma GALAXY 2. Análise da expresión xénica e microarrays.

Planificación				
Metodoloxías / probas	Competencias / Resultados	Horas lectivas (presenciais e virtuais)	Horas traballo autónomo	Horas totais
Prácticas a través de TIC	A3 A11 B1 B5 B9 C2 C3	7	21	28
Sesión maxistral	A3 A11 B1 C8	14	28	42
Proba obxectiva	A3 A11 B1 C8	2	0	2
Atención personalizada		3	0	3

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

Metodoloxías	
Metodoloxías	Descrición
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.
Sesión maxistral	O profesorado explica os contidos principais procurando a máxima interacción co alumnado.
Proba obxectiva	Proba escrita utilizada para a avaliación da aprendizaxe e que pode combinar distintos tipos de preguntas.

Atención personalizada	
Metodoloxías	Descrición
Prácticas a través de TIC	A atención personalizada concíbese como tempo de interacción directa entre estudante e profesorado, ben presencialmente ben vía correo electrónico ou SKYPE.

Avaliación			
Metodoloxías	Competencias / Resultados	Descrición	Cualificación
Proba obxectiva	A3 A11 B1 C8	Exame de tipo test (con posibilidade de preguntas de resposta curta) que vai avaliar a comprensión e interrelación dos contidos traballados durante as as devanditas actividades. Cómpre acadar 28 (dos 70 puntos) nesta proba para superar a materia.	70



Prácticas a través de TIC	A3 A11 B1 B5 B9 C2 C3	A asistencia ás clases prácticas é obrigatoria. O alumnado semipresencial que non poida asistir por causas xustificadas deberán consultar co profesorado como proceder. Todo o alumnado terá que realizar un exame no que resolver determinados exercicios utilizando o seu ordenador persoal e os programas informáticos utilizados nas clases. Cómpre acadar 15 (dos 30) puntos nesta proba para superar a materia.	30
---------------------------	--------------------------	--	----

Observacións avaliación

Aqueles alumnos cunha suma de puntuacións igual ou superior a 50 (de 100) puntos, pero que non acadasen os mínimos esixidos nos exames de prácticas e proba obxectiva recibirán na acta unha cualificación final de 4,5 (sobre 10). Gardarásese as cualificacións aprobadas entre primeira e segunda oportunidade.

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

A cualificación de NON PRESENTADO só figurará para aquel alumnado que non realizase NINGUNHA das actividades avaliadas.

No caso de situacións excepcionais debidamente xustificadas poderán adoptarse medidas adicionais para que o estudante poda superar a materia, tales como flexibilidade na data de presentación de traballos ou realización dunha proba global de avaliación da aprendizaxe.

Fontes de información

Bibliografía básica

- Allison, David B., et al (2006). DNA microarrays and related genomics techniques design, analysis, and interpretation of experiments. Chapman & Hall/CRC
- Lesk, Arthur M. (2012). Introduction to Genomics. Oxford University Press
- Bowtell, D., Sambrook, J. (2003). DNA Microarrays. Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- E. Rinaldis, A. Lahm. (2007). DNA microarrays: current applications. Wymondham: Horizon Bioscience
- Campbell, A.M & Heyer, L.J. (2007). Discovering Genomics, Proteomics & Bioinformatics. Pearson Benjamin Cummings
- McLachlan, G. J., Do, K-A., Ambrose, C (2004). Analyzing Microarray Gene Expression Data. Wiley-Interscience. John Wiley & Sons



Bibliografía complementaria	<p>- Sensen, Christoph W. (2005). Handbook of genome research genomics, proteomics, metabolism, bioinformatics, ethical & legal issues . Wiley-VCH</p> <p>- Futuyama, Douglas J. (2006). Evolution. Sinauer Associates</p> <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>- Dale Jeremy (2008). From genes to genomes: concept and applications of DNA technology. John Wiley & Sons</p> <p>RECURSOS EN INTERNET: Biological database compilation at NAR: http://nar.oupjournals.org/content/vol29/issue1DOE Joint Genome Institut. Why sequence them? http://www.jgi.doe.gov/sequencing/why/index.htmlEMBL (European Molecular Biology Laboratory), Bioinformatics. http://www-db.embl.de/jss/servlet/de.embl.bk.emblGroups.EmblGroupsOrg/serv_0?t=0ExPASy (Expert Protein Analysis System). http://us.expasy.org/GeneMark: http://opal.biology.gatech.edu/GeneMark/GenomeNet (Kyoto University Bioinformatics Center).http://www.genome.jp/Genoscope. Le séquençage des génomes. http://www.genoscope.cns.fr/externe/Francais/Sequencage/GOLD (Genomes Online Database). http://www.genomesonline.org/Human genome: advanced annotation tutorial.http://www.mad-cow.org/00/annotation_tutorial.htmlHuman Genome Project Information.http://www.ornl.gov/sci/techresources/Human_Genome/home.shtmllañez Pareja, E. (1997). Introducción a los Proyectos Genoma. http://www.ugr.es/~eianez/Biotecnologia/genoma-2.htmlKEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes). http://www.genome.jp/kegg/kegg2.htmlNacional Human Genome Research Institute: http://www.genome.gov/NCBI (National Center for Biotechnology Information). http://www.ncbi.nlm.nih.gov/The_Sanger_Institute.http://www.sanger.ac.uk/TIGR (The Institute for Genomic Research). http://www.tigr.org/tRNAscan-SE 1.21. http://www.genetics.wustl.edu/eddy/tRNAscan-SE/The WWW Virtual Library: Model Organisms: http://www.ceolas.org/VL/mo/</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

Asúmese que o alumnado que cursa esta materia conta cun nivel de inglés equivalente a un B1.

(*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