		Guia d	locente				
Datos Identificativos					2020/21		
Asignatura (*)	Genómica		Código	610441014			
Titulación	Mestrado Universitario en Bioloxía Molecular , Celular e Xenética						
		Descr	riptores				
Ciclo				Periodo Curso Tipo		Créditos	
Máster Oficial	2º cuatrimestre	Prir	mero		Optativa 3		
Idioma	CastellanoGallegoInglés			·			
Modalidad docente	Presencial						
Prerrequisitos							
Departamento	Bioloxía						
Coordinador/a	Vila Taboada, Marta		Correo elect	rónico	marta.vila.taboa	da@udc.es	
Profesorado	Becerra Fernandez, Manuel		Correo elect	rónico	manuel.becerra	@udc.es	
	Vila Taboada, Marta				marta.vila.taboa	da@udc.es	
Web							
Descripción general	Se denomina genómica al conjur	nto de ciencias	y técnicas dedi	cadas al	estudio integral d	lel funcionamiento, la evolución y	
	el origen de los genomas. La genómica usa conocimientos derivados de distintas ciencias como son: genética, biología						
	molecular, bioquímica, informátic	molecular, bioquímica, informática, estadística, matemáticas, física, etc.					
	A diferencia de la genética clásica que a partir de un fenotipo, generalmente mutante, busca el o los genes res						
	A diferencia de la genética clásic					sca el o los genes responsables	
	A diferencia de la genética clásic de dicho fenotipo, la genómica tie	a que a partir d	de un fenotipo, g	generalm	nente mutante, bu	• .	
		a que a partir d	de un fenotipo, g	generalm	nente mutante, bu	• .	
	de dicho fenotipo, la genómica tie	a que a partir d ene como objet	de un fenotipo, ç tivo predecir la f	generalm iunción c	nente mutante, bu le los genes a pa	rtir de su secuencia o de sus	
	de dicho fenotipo, la genómica tie interacciones con otros genes.	a que a partir de la que a partir de la que a partir de la que a l	de un fenotipo, ç tivo predecir la f uge en los últim	generalm iunción c	nente mutante, bu le los genes a pa , sobre todo grac	rtir de su secuencia o de sus	
	de dicho fenotipo, la genómica tie interacciones con otros genes. Las ciencias ómicas han tenido u	a que a partir de la que a partir de la que a partir de la que a l	de un fenotipo, ç tivo predecir la f uge en los últim	generalm iunción c	nente mutante, bu le los genes a pa , sobre todo grac	rtir de su secuencia o de sus	
Plan de contingencia	de dicho fenotipo, la genómica tie interacciones con otros genes. Las ciencias ómicas han tenido u de secuenciación de ADN, a los a	a que a partir c ene como objet un importante a avances en bic	de un fenotipo, g tivo predecir la f luge en los últim pinformática y a	generalm iunción c	nente mutante, bu le los genes a pa , sobre todo grac	rtir de su secuencia o de sus	
Plan de contingencia	de dicho fenotipo, la genómica tie interacciones con otros genes. Las ciencias ómicas han tenido u de secuenciación de ADN, a los a análisis de genomas completos.	a que a partir c ene como objet un importante a avances en bic	de un fenotipo, g tivo predecir la f luge en los últim pinformática y a	generalm iunción c	nente mutante, bu le los genes a pa , sobre todo grac	rtir de su secuencia o de sus	
Plan de contingencia	de dicho fenotipo, la genómica tie interacciones con otros genes. Las ciencias ómicas han tenido u de secuenciación de ADN, a los a análisis de genomas completos.	a que a partir o ene como objet un importante a avances en bio nto por causa o	de un fenotipo, g tivo predecir la f luge en los últim pinformática y a	generalm iunción c	nente mutante, bu le los genes a pa , sobre todo grac	rtir de su secuencia o de sus	
Plan de contingencia	de dicho fenotipo, la genómica tie interacciones con otros genes. Las ciencias ómicas han tenido u de secuenciación de ADN, a los a análisis de genomas completos. En caso de un nuevo confinamiento.	a que a partir o ene como objet un importante a avances en bio nto por causa o	de un fenotipo, g tivo predecir la f luge en los últim pinformática y a	generalm iunción c	nente mutante, bu le los genes a pa , sobre todo grac	rtir de su secuencia o de sus	
Plan de contingencia	de dicho fenotipo, la genómica tie interacciones con otros genes. Las ciencias ómicas han tenido u de secuenciación de ADN, a los a análisis de genomas completos. En caso de un nuevo confinamiento.	a que a partir o ene como objet un importante a avances en biconto por causa o contenidos.	de un fenotipo, g tivo predecir la f luge en los últim pinformática y a de la covid19:	generalm función c nos años las técni	nente mutante, bu le los genes a pa , sobre todo grac cas cada vez má	rtir de su secuencia o de sus ias a las tecnologías avanzadas s sofisticadas para realizar	
Plan de contingencia	de dicho fenotipo, la genómica tie interacciones con otros genes. Las ciencias ómicas han tenido u de secuenciación de ADN, a los a análisis de genomas completos. En caso de un nuevo confinamiento. 1. No habrá modificación de los o	a que a partir o ene como objet un importante a avances en biconto por causa o contenidos.	de un fenotipo, g tivo predecir la f luge en los últim pinformática y a de la covid19:	generalm función c nos años las técni	nente mutante, bu le los genes a pa , sobre todo grac cas cada vez má	rtir de su secuencia o de sus ias a las tecnologías avanzadas s sofisticadas para realizar	
Plan de contingencia	de dicho fenotipo, la genómica tie interacciones con otros genes. Las ciencias ómicas han tenido u de secuenciación de ADN, a los a análisis de genomas completos. En caso de un nuevo confinamiento. 1. No habrá modificación de los o	a que a partir o ene como objet un importante a avances en biconto por causa o contenidos.	de un fenotipo, g tivo predecir la f tuge en los últim pinformática y a de la covid19:	generalm función c nos años las técni	nente mutante, bu le los genes a pa , sobre todo grac cas cada vez má	rtir de su secuencia o de sus ias a las tecnologías avanzadas s sofisticadas para realizar a por TEAMS.	
Plan de contingencia	de dicho fenotipo, la genómica tie interacciones con otros genes. Las ciencias ómicas han tenido u de secuenciación de ADN, a los a análisis de genomas completos. En caso de un nuevo confinamiento. 1. No habrá modificación de los of control de los de los de control de los de control de los de l	a que a partir o ene como objet un importante a avances en biconto por causa o contenidos.	de un fenotipo, g tivo predecir la f tuge en los últim pinformática y a de la covid19:	generalm función c nos años las técni	nente mutante, bu le los genes a pa , sobre todo grac cas cada vez má	rtir de su secuencia o de sus ias a las tecnologías avanzadas s sofisticadas para realizar a por TEAMS.	
Plan de contingencia	de dicho fenotipo, la genómica tie interacciones con otros genes. Las ciencias ómicas han tenido u de secuenciación de ADN, a los a análisis de genomas completos. En caso de un nuevo confinamiento. 1. No habrá modificación de los of a completo de los of a completos. 2. Todas las clases (teóricas y programa de la completo de los of a completos).	a que a partir o ene como objet un importante a avances en biconto por causa o contenidos.	de un fenotipo, g tivo predecir la f tuge en los últim pinformática y a de la covid19:	generalm función c nos años las técni	nente mutante, bu le los genes a pa , sobre todo grac cas cada vez má	rtir de su secuencia o de sus ias a las tecnologías avanzadas s sofisticadas para realizar a por TEAMS.	
Plan de contingencia	de dicho fenotipo, la genómica tie interacciones con otros genes. Las ciencias ómicas han tenido u de secuenciación de ADN, a los a análisis de genomas completos. En caso de un nuevo confinamiento. 1. No habrá modificación de los of a completo de los of a completos. 2. Todas las clases (teóricas y programa de la completo de los of a completos).	a que a partir o ene como objet un importante a avances en biconto por causa o contenidos.	de un fenotipo, g tivo predecir la f tuge en los últim pinformática y a de la covid19:	generalm función c nos años las técni	nente mutante, bu le los genes a pa , sobre todo grac cas cada vez má e videoconferencia	rtir de su secuencia o de sus ias a las tecnologías avanzadas s sofisticadas para realizar a por TEAMS.	
Plan de contingencia	de dicho fenotipo, la genómica tie interacciones con otros genes. Las ciencias ómicas han tenido u de secuenciación de ADN, a los a análisis de genomas completos. En caso de un nuevo confinamiento. 1. No habrá modificación de los of control de	a que a partir o ene como objet un importante a avances en biconto por causa o contenidos.	de un fenotipo, g tivo predecir la f tuge en los últim pinformática y a de la covid19:	generalm función c nos años las técni	nente mutante, bu le los genes a pa , sobre todo grac cas cada vez má e videoconferencia	rtir de su secuencia o de sus ias a las tecnologías avanzadas s sofisticadas para realizar a por TEAMS.	
Plan de contingencia	de dicho fenotipo, la genómica tie interacciones con otros genes. Las ciencias ómicas han tenido u de secuenciación de ADN, a los a análisis de genomas completos. En caso de un nuevo confinamiento. 1. No habrá modificación de los of the confinemento de la confirma de la confinemento de la confine	a que a partir o ene como objet un importante a avances en biconto por causa o contenidos. rácticas) pasara dersonalizada a aluación es que a partir o contenidos.	de un fenotipo, g tivo predecir la f auge en los últim pinformática y a de la covid19: án a realizarse r al alumnado ser e todo el alumna	generalm función c nos años las técni mediante án vía e ado se e	nente mutante, bu le los genes a pa , sobre todo grac cas cada vez má e videoconferencia mail, videoconferencia	rtir de su secuencia o de sus ias a las tecnologías avanzadas s sofisticadas para realizar a por TEAMS.	

	Competencias / Resultados del título
Código	Competencias / Resultados del título
А3	Capacidad de utilizar herramientas Bioinformáticas a nivel de usuario.
A11	Capacidad de comprender la estructura, función y evolución de los genomas y aplicar las herramientas necesarias para su estudio.
B1	Capacidad de análisis y síntesis de problemas biológicos en relación con la Biología Molecular, Celular y Genética.
B5	Correcta comunicación oral y escrita sobre temas científicos en la lengua nativa y al menos en otra lengua de difusión Internacional.
В9	Capacidad de preparación, exposición y defensa de un trabajo.
C2	Dominar la expresión y la comprensión de forma oral y escrita de un idioma extranjero.
C3	Utilizar las herramientas básicas de las tecnologías de la información y las comunicaciones (TIC) necesarias para el ejercicio de su
	profesión y para el aprendizaje a lo largo de su vida.
C8	Valorar la importancia que tiene la investigación, la innovación y el desarrollo tecnológico en el avance socioeconómico y cultural de la
	sociedad.

Resultados de aprendizaje			
Resultados de aprendizaje	Con	npetenc	ias /
	Result	ados de	el título
Utilizar herramientas moleculares para el conocimiento del genoma de diversos organismos	Al3		СМЗ
	Al11		
Comprender el estado actual del conocimiento en el campo de la genómica estructural, funcional y evolutiva	Al3	BI1	CM2
	Al11	BI5	CM8
		BI9	
Comprender los mecanismos de evolución de los genomas y de las herramientas moleculares y bioinformáticas para su	Al3	BI1	CM2
estudio	Al11	BI5	CM8
		BI9	
Diseñar, interpretar y analizar experimentos y datos de microarrays de ADN	Al3		
	Al11		

Contenidos				
Tema	Subtema			
El Proyecto Genoma Humano	Historia y resultados			
Whole Genome Sequencing	Librerías mate-pair			
	Anotación			
	Genómica comparada			
	Paleogenómica			
Next Generation Sequencing (NGS)	Plataformas			
	Librerías paired-end			
	Generalidades sobre el tratamiento de datos			
Metagenómica	Metabarcoding			
Genómica clínica	Amplicon-seq			
	Panel-seq			
	Exome-seq			
	Farmacogenómica			
Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs)	Genome wide association studies (GWAS)			
	Digital genetic testing			
Genómica funcional	Estudio del transcriptoma: microarrays y NGS (RNA-seq)			
Prácticas de bioinformática	Tratamiento de datos NGS utilizando la plataforma GALAXY			
	2. Análisis de expresión génica utilizando la plataforma BABELOMICS.			
	3. Análisis farmacogenómico utilizando la base de datos PHARMGKB.			
	4. Introducción al visor genómico IGV.			

	Planificaci	ón		
Metodologías / pruebas	Competencias /	Horas lectivas	Horas trabajo	Horas totales
	Resultados	(presenciales y	autónomo	
		virtuales)		
Prácticas a través de TIC	A3 A11 B1 B5 B9 C2	7	21	28
	C3			
Sesión magistral	A3 A11 B1 C8	14	28	42
Prueba objetiva	A3 A11 B1 C8	2	0	2
Atención personalizada		3	0	3

Metodologías		
Metodologías	Descripción	



Prácticas a través de	Las TIC constituyen un excelente soporte y canal para el tratamiento de la información y la aplicación práctica de
TIC	conocimientos, facilitando así la comunicación y aprendizaje.
Sesión magistral	El profesorado explica el contenido principal de cada tema buscando la máxima interacción con el alumnado.
Prueba objetiva	Proba escrita utilizada para la evaluación del aprendizaje y que puede combinar distintos tipos de preguntas.

	Atención personalizada
Metodologías	Descripción
Prácticas a través de	La atención personalizada se concibe como tiempo de interacción directa del/a estudiante con el/la profesor/a, bien
TIC	presencialmente, bien vía telemática.

Evaluación			
Metodologías	Competencias /	Descripción	Calificación
	Resultados		
Prueba objetiva	A3 A11 B1 C8	El examen (tipo test con posibles preguntas de respuesta corta) evaluará la	70
		comprensión e interrelación de los contenidos trabajados en la materia.	
Prácticas a través de	A3 A11 B1 B5 B9 C2	La asistencia a las clases prácticas es obligatoria para el alumnado presencial. El	30
TIC	C3	alumnado semipresencial que non pueda asistir por causas justificadas deberá	
		consultar con el profesorado cómo proceder.	
		Se evaluarán dos documentos/informes que la/el alumna/o presentará conforme a las	
		indicaciones de cada profesor/a. En esos documentos, deberá resolver determinas	
		cuestiones/ejercicios utilizando su ordenador personal y los programas informáticos	
		utilizados en las clases.	

Observaciones evaluación

Aquellas/os alumnas/os con suma de puntuaciones igual o superior a 50 (de 100) puntos, pero que no alcanzasen los mínimos exigidos en cada una de las partes (prácticas: 15 de 30 puntos; teoría: 28 de 70 puntos) recibirán en acta una calificación final de 4,5 (sobre 10). Se guardarán las calificaciones aprobadas entre primera y segunda oportunidad.

Podrá optar a Matrícula de Honor el alumnado evaluado en la primera oportunidad.

La calificación de NO PRESENTADO solo se aplicará al alumnado que NO realizase NINGUNA de las actividades evaluables.

En el caso de situaciones excepcionales debidamente justificadas podrán adoptarse medidas adicionales para que el estudiante pueda superar la materia, tales como flexibilidad en la fecha de presentación de trabajos o realización de una prueba global de evaluación de los resultados del aprendizaje.

	Fuentes de información
Básica	- Allison, David B., et al (2006). DNA microarrays and related genomics techniques design, analysis, and interpretation
	of experiments. Chapman & amp; Hall/CRC
	- Bowtell, D., Sambrook, J. (2003). DNA Microarrays. Cold Spring Harbor Laboratory Press.
	- E. Rinaldis, A. Lahm. (2007). DNA microarrays: current applications. Wymondham: Horizon Bioscience
	- McLachlan, G. J., Do, K-A., Ambroise, C (2004). Analyzing Microarray Gene Expression Data. Wiley-Interscience.
	John Wiley & Dons
	- Brown, T. A. (2018). Genomes4. Garland Science
	- Pevsner, J. (2015). Bioinformatics and Functional Genomics. Wiley Blackwell
	- Kulkarni, S., Pfeifer, J. (2015). Clinical Genomics. A guide to Clinical NGS. Academic Press, Elsevier
	- Robison, P.N., Piro, R.M., Jäger, M. (2018). Computational Exome and Genome Analysis. CRC Press, Taylor & Computational Exome and Genome Analysis.
	Francis Group



Complementária

- Sensen, Christoph W. (2005). Handbook of genome research genomics, proteomics, metabolism, bioinformatics, ethical & proteomics, legal issues. Wiley-VCH
- Zhanjiang, Liu (2007). Aquaculture genome techonologies. Blackwell
- Dale Jeremy (2008). From genes to genomes: concepst and applications of DNA technology. John Wiley & DNA technology. John Wiley &
- ()...

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 Blology 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/

Recomendaciones

Asignaturas que se recomienda haber cursado previamente

Técnicas Celulares/610441001

Técnicas Moleculares/610441002

Mecanismos de generación de la variación genética/610441005

Regulación de la expresión génica/610441006

Bioinformática y Modelado de Biomoléculas/610441020

Asignaturas que se recomienda cursar simultáneamente

Proteómica/610441013

Cromosomas: Estructura. Función y Evolución/610441015

Genética Humana/610441016 Toxicología Genética/610441017

Asignaturas que continúan el temario

Trabajo de Máster/610441022

Otros comentarios

Se asume que el alumnado que curse esta materia cuenta con un nivel de inglés equivalente a un B1.

(*) La Guía Docente es el documento donde se visualiza la propuesta académica de la UDC. Este documento es público y no se puede modificar, salvo cosas excepcionales bajo la revisión del órgano competente de acuerdo a la normativa vigente que establece el proceso de elaboración de guías