



Guía Docente				
Datos Identificativos				2020/21
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			
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>			
Plan de continxencia	<p>En caso dun novo confinamento por mor da covid19:</p> <ol style="list-style-type: none"><li>1. Non haberá modificacións nos contidos.</li><li>2. Todas as clases (teóricas e prácticas) pasarán a realizarse mediante videoconferencia por TEAMS.</li><li>3. Os mecanismos de atención personalizada ao alumnado serán vía email, videoconferencia ou chat implementado en TEAMS.</li><li>4. A única modificación da avaliación será que todo o alumnado será avaliado de xeito remoto.</li><li>5. Non haberá modificacións da bibliografía ou webgrafía. De ser preciso, o profesorado facilitará os recursos necesarios ao alumnado.</li></ol>			

Competencias / Resultados do título	
Código	Competencias / Resultados do título
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
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
C2	Dominar a expresión e a comprensión de forma oral e escrita dun idioma estranxeiro.
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	AI3 AI11		CM3
Comprender o estado actual do coñecemento no eido da xenómica estrutural, funcional e evolutiva	AI3 AI11	B11 B15 B19	CM2 CM8
Comprender os mecanismos de evolución dos xenomas e das ferramentas moleculares e bioinformáticas para o seu estudo	AI3 AI11	B11 B15 B19	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	Librarías mate-pair Anotación Xenómica comparada Paleoxenómica
Xenómica clínica	Amplicon-seq Panel-seq Exome-seq 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)
Prácticas de bioinformática	1. Tratamento de datos NGS utilizando a plataforma GALAXY. 2. Análise da expresión xénica utilizando a plataforma BABELOMICS. 3. Análise farmacoxenómica utilizando a base de datos PHARMGKB. 4. Introdución ao visor xenómico IGV.

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 a/o estudante e o profesor/a, ben presencialmente ben vía telemática.

## Avaliación

Metodoloxías	Competencias / Resultados	Descrición	Cualificación
Proba obxectiva	A3 A11 B1 C8	Exame de tipo test (con posibilidade de preguntas de resposta curta) que ha de avaliar a comprensión e interrelación dos contidos traballados na 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. Avaliaranse dous documentos/informes que o alumnado presentará conforme ás indicación de cada profesor/a. Neses documentos o alumnado resolverá determinadas cuestións/exercicios utilizando o seu ordenador persoal e os programas informáticos utilizados nas clases.	30

## Observacións avaliación

Aqueles alumnos cunha suma de puntuacións igual ou superior a 50 (de 100) puntos, pero que non acadasen os mínimos esixidos nalgunha das dúas partes (prácticas: 15 de 30 puntos; teoría: 28 de 70 puntos) recibirán na acta unha cualificación final de 4,5 (sobre 10). Gardaránse 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 avaliáveis.

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



<b>Bibliografía básica</b>	<ul style="list-style-type: none"> <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>- Bowtell, D., Sambrook, J. (2003). DNA Microarrays. Cold Spring Harbor Laboratory Press.</li> <li>- E. Rinaldis, A. Lahm. (2007). DNA microarrays: current applications. Wymondham: Horizon Bioscience</li> <li>- McLachlan, G. J., Do, K-A., Ambroise, C (2004). Analyzing Microarray Gene Expression Data. Wiley-Interscience. John Wiley &amp; Sons</li> <li>- Brown, T. A. (2018). Genomes4. Garland Science</li> <li>- Pevsner, J. (2015). Bioinformatics and Functional Genomics. Wiley Blackwell</li> <li>- Kulkarni, S., Pfeifer, J. (2015). Clinical Genomics. A guide to Clinical NGS. Academic Press, Elsevier</li> <li>- Robison, P.N., Piro, R.M., Jäger, M. (2018). Computational Exome and Genome Analysis. CRC Press, Taylor &amp; Francis Group</li> </ul>
<b>Bibliografía complementaria</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Sensen, Christoph W. (2005). Handbook of genome research genomics, proteomics, metabolism, bioinformatics, ethical &amp; legal issues . Wiley-VCH</li> <li>- Zhanjiang, Liu (2007). Aquaculture genome technologies. Blackwell</li> <li>- Dale Jeremy (2008). From genes to genomes: concept and applications of DNA technology. John Wiley &amp; Sons</li> <li>- ( ) . .</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">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>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/TheSangerInstitute">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/TheSangerInstitute</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

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