



Guía Docente				
Datos Identificativos				2022/23
Asignatura (*)	Xenómica	Código	610441015	
Titulación	Máster Universitario en Bioloxía Molecular, Celular e Xenética			
Descriptorios				
Ciclo	Período	Curso	Tipo	Créditos
Mestrado Oficial	2º cuatrimestre	Primeiro	Optativa	3
Idioma	CastelánGalegoInglés			
Modalidade docente	Presencial			
Prerrequisitos				
Departamento	BioloxíaDepartamento profesorado máster			
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 do título	
Código	Competencias 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 estudo
B1	Capacidade de análise e síntese de problemas biolóxicos en relación coa Bioloxía Molecular, Celular e Xenética
B5	Capacidade para redactar, representar, analizar, interpretar e presentar documentación técnica e datos relevantes no campo da rama de coñecemento do máster na lingua nativa e polo menos noutra lingua de difusión internacional
B9	Capacidade de preparación, exposición e defensa dun traballo
C2	Capacidade para coñecer e empregar axeitadamente a terminoloxía técnica do campo de coñecemento do máster, na lingua nativa e en inglés, como lingua de difusión internacional neste campo
C3	Capacidade de 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 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 BI5 BI9	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
Whole Genome Sequencing	Anotación Xenómica comparada
Next Generation Sequencing (NGS)	Plataformas Librarías paired-end Introdución ao tratamento dos datos
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 GALAXY. 3. Análise farmacoxenómica utilizando a base de datos PHARMGKB. 4. Introdución ao visor xenómico IGV.

Planificación				
Metodoloxías / probas	Competencias	Horas presenciais	Horas non presenciais / 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	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. 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 avaliábeis.

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.

Implicacións do PLAXIO na cualificación: aplicarase a normativa vixente na UDC,

### 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., Ambrose, 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>	<p>- Sensen, Christoph W. (2005). Handbook of genome research genomics, proteomics, metabolism, bioinformatics, ethical &amp; legal issues . Wiley-VCH</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 &amp; Sons</p> <p>- (). .</p> <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/TheWWWVirtualLibrary">http://www.genetics.wustl.edu/eddy/tRNAscan-SE/TheWWWVirtualLibrary</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/610441021

### Materias que se recomenda cursar simultaneamente

Proteómica/610441014  
 Cromosomas: Estructura. Función e Evolución/610441016  
 Xenética Humana/610441017  
 Toxicología Xenética/610441018

### Materias que continúan o temario

Traballo de Máster/610441023

### Observacións

Asúmese que o alumnado que cursa esta materia conta cun nivel de inglés equivalente a un B1. Programa Green Campus  
 Facultade de Ciencias Para axudar a conseguir unha contorna inmediata sustentable e cumprir co punto 6 da "Declaración Ambiental da Facultade de Ciencias (2020)", os traballos documentais que se realicen nesta materia solicitaranse en formato virtual e soporte informático.

(\*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