



Guía Docente

Datos Identificativos					2022/23
Asignatura (*)	Xenómica	Código	610441015s		
Titulación					
Descritores					
Ciclo	Período	Curso	Tipo	Créditos	
Mestrado Oficial	2º cuatrimestre	Primeiro	Optativa	3	
Idioma	CastelánGalegoInglés				
Modalidade docente	Híbrida				
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

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	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
Next Generation Sequencing (NGS)	Plataformas Librarías paired-end Introdución ao tratamento dos datos
Whole Genome Sequencing	Anotación Xenómica comparada



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: microarrais 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. Introducción 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	3	24	27
Sesión maxistral	A3 A11 B1 C8	2	40	42
Proba obxectiva	A3 A11 B1 C8	2	0	2
Atención personalizada		4	0	4

*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. O estudantado poderá asistir de xeito síncrono a través de TEAMS ás sesións presenciais. As sesións quedarán gravadas para a súa visualización de xeito asíncrono.
Proba obxectiva	Proba a través de Moodle 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	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 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.

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

Fontes de información

Bibliografía básica	<ul style="list-style-type: none"> - McLachlan, G. J., Do, K-A., Ambrose, C (2004). Analyzing Microarray Gene Expression Data. Wiley-Interscience. John Wiley & Sons - Brown, T. A. (2018). Genomes4. Garland Science - E. Rinaldis, A. Lahm. (2007). DNA microarrays: current applications. Wyomndham: Horizon Bioscience - Bowtell, D., Sambrook, J. (2003). DNA Microarrays. Cold Spring Harbor Laboratory Press. - Allison, David B., et al (2006). DNA microarrays and related genomics techniques design, analysis, and interpretation of experiments. Chapman & Hall/CRC - Kulkarni, S., Pfeifer, J. (2015). Clinical Genomics. A guide to Clinical NGS. Academic Press, Elsevier - Pevsner, J. (2015). Bioinformatics and Functional Genomics. Wiley Blackwell - Robison, P.N., Piro, R.M., Jäger, M. (2018). Computational Exome and Genome Analysis. CRC Press, Taylor & Francis Group
Bibliografía complementaria	<ul style="list-style-type: none"> - Dale Jeremy (2008). From genes to genomes: concept and applications of DNA technology. John Wiley & Sons - Zhanjiang, Liu (2007). Aquaculture genome technologies. Blackwell - Sensen, Christoph W. (2005). Handbook of genome research genomics, proteomics, metabolism, bioinformatics, ethical & legal issues . Wiley-VCH - () . <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.shtmlañez 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/TheSangerInstitute.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/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