



| Guía Docente | | | | |
|-----------------------|--|--------------------|--|----------|
| Datos Identificativos | | | | 2022/23 |
| Asignatura (*) | Xenómica | Código | 610441015s | |
| Titulación | Máster Universitario en Bioloxía Molecular, Celular e Xenética (semipresencial) | | | |
| Descriptorios | | | | |
| 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 |
| 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 | 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 |
| 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: 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 | 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 |
|---|
| <p>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). Gardaranse as cualificacións aprobadas entre primeira e segunda oportunidade.</p> <p>Poderá optar a Matrícula de Honra o alumnado avaliado na primeira oportunidade.</p> <p>A cualificación de NON PRESENTADO só figurará para aquel alumnado que non realizase NINGUNHA das actividades avaliadas.</p> <p>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.</p> <p>Implicacións do PLAXIO na cualificación: Aplicarase a normativa vixente na UDC,</p> |

| 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. Wymondham: 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 | <p>- Dale Jeremy (2008). From genes to genomes: concept and applications of DNA technology. John Wiley & Sons</p> <p>- Zhanjiang, Liu (2007). Aquaculture genome technologies. Blackwell</p> <p>- Sensen, Christoph W. (2005). Handbook of genome research genomics, proteomics, metabolism, bioinformatics, ethical & legal issues . Wiley-VCH</p> <p>- () . .</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/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 CienciasPara 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