



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 / Resultados do título

Código	Competencias / Resultados do título
--------	-------------------------------------

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	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 / Resultados	Horas lectivas (presenciais e virtuais)	Horas 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 / 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	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

- 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 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