



Guía docente				
Datos Identificativos				2023/24
Asignatura (*)	Genómica	Código	610441015s	
Titulación	Máster Universitario en Bioloxía Molecular, Celular e Xenética (semipresencial)			
Descriptores				
Ciclo	Periodo	Curso	Tipo	Créditos
Máster Oficial	2º cuatrimestre	Primero	Optativa	3
Idioma	CastellanoGallegoInglés			
Modalidad docente	Híbrida			
Prerrequisitos				
Departamento	BioloxíaDepartamento profesorado máster			
Coordinador/a	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				
Descripción general	<p>Se denomina genómica al conjunto de ciencias y técnicas dedicadas al estudio integral del funcionamiento, la evolución y el origen de los genomas. La genómica usa conocimientos derivados de distintas ciencias como son: genética, biología molecular, bioquímica, informática, estadística, matemáticas, física, etc.</p> <p>A diferencia de la genética clásica que a partir de un fenotipo, generalmente mutante, busca el o los genes responsables de dicho fenotipo, la genómica tiene como objetivo predecir la función de los genes a partir de su secuencia o de sus interacciones con otros genes.</p> <p>Las ciencias ómicas han tenido un importante auge en los últimos años, sobre todo gracias a las tecnologías avanzadas de secuenciación de ADN, a los avances en bioinformática y a las técnicas cada vez más sofisticadas para realizar análisis de genomas completos.</p>			

Competencias / Resultados del título	
Código	Competencias / Resultados del título
A3	Capacidad de utilizar herramientas Bioinformáticas a nivel de usuario.
A11	Capacidad de comprender la estructura, función y evolución de los genomas y aplicar las herramientas necesarias para su estudio.
B1	Capacidad de análisis y síntesis de problemas biológicos en relación con la Biología Molecular, Celular y Genética.
B5	Capacidad para la redacción, representación, análisis, interpretación y exposición de documentación técnica y de datos relevantes en el ámbito de la rama de conocimiento del máster en la lengua nativa y al menos en otra lengua de difusión Internacional.
B9	Capacidad de preparación, exposición y defensa de un trabajo.
C2	Capacidad de conocer y usar apropiadamente la terminología técnica del ámbito del conocimiento del máster, en la lengua nativa y en inglés, como idioma de difusión internacional en este campo
C3	Utilizar las herramientas básicas de las tecnologías de la información y las comunicaciones (TIC) necesarias para el ejercicio de su profesión y para el aprendizaje a lo largo de su vida.
C8	Valorar la importancia que tiene la investigación, la innovación y el desarrollo tecnológico en el avance socioeconómico y cultural de la sociedad.

Resultados de aprendizaje			
Resultados de aprendizaje		Competencias / Resultados del título	
Utilizar herramientas moleculares para el conocimiento del genoma de diversos organismos		AI3 AI11	CM3
Comprender el estado actual del conocimiento en el campo de la genómica estructural, funcional y evolutiva		AI3 AI11	B11 BI5 BI9 CM2 CM8



Comprender los mecanismos de evolución de los genomas y de las herramientas moleculares y bioinformáticas para su estudio	AI3 AI11	B11 B15 B19	CM2 CM8
Diseñar, interpretar y analizar experimentos y datos de microarrays de ADN	AI3 AI11		

Contenidos	
Tema	Subtema
Whole Genome Sequencing	Anotación Genómica comparada
Next Generation Sequencing (NGS)	Plataformas Librerías paired-end Generalidades sobre el tratamiento de datos
Metagenómica	Metabarcoding
Genómica clínica	Amplicon-seq Panel-seq Exome-seq Farmacogenómica
Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs)	Genome wide association studies (GWAS) Digital genetic testing
Genómica funcional	Estudio del transcriptoma: microarrays y NGS (RNA-seq)
Prácticas de bioinformática	1. Tratamiento de datos NGS utilizando la plataforma GALAXY 2. Análisis de expresión génica utilizando la plataforma GALAXY. 3. Análisis farmacogenómico utilizando la base de datos PHARMGKB. 4. Introducción al visor genómico IGV.

Planificación				
Metodologías / pruebas	Competencias / Resultados	Horas lectivas (presenciales y virtuales)	Horas trabajo autónomo	Horas totales
Prácticas a través de TIC	A3 A11 B1 B5 B9 C2 C3	3	24	27
Sesión magistral	A3 A11 B1 C8	2	40	42
Prueba objetiva	A3 A11 B1 C8	2	0	2
Atención personalizada		4	0	4

(\*) Los datos que aparecen en la tabla de planificación són de carácter orientativo, considerando la heterogeneidad de los alumnos

Metodologías	
Metodologías	Descripción
Prácticas a través de TIC	Las TIC constituyen un excelente soporte y canal para el tratamiento de la información y la aplicación práctica de conocimientos, facilitando así la comunicación y aprendizaje.
Sesión magistral	El profesorado explica el contenido principal de cada tema buscando la máxima interacción con el alumnado. El estudiante podrá asistir de manera síncrona a través de TEAMS a las sesiones presenciales. Las sesiones quedarán grabadas para su visualización de manera asíncrona.
Prueba objetiva	Prueba a través de Moodle utilizada para la evaluación del aprendizaje y que puede combinar distintos tipos de preguntas.

Atención personalizada	
Metodologías	Descripción



Prácticas a través de TIC	La atención personalizada se concibe como tiempo de interacción directa del/a estudiante con el/la profesor/a, bien presencialmente, bien vía telemática.
---------------------------	---

Evaluación			
Metodologías	Competencias / Resultados	Descripción	Calificación
Prueba objetiva	A3 A11 B1 C8	El examen (tipo test con posibles preguntas de respuesta corta) evaluará la comprensión e interrelación de los contenidos trabajados en la materia.	70
Prácticas a través de TIC	A3 A11 B1 B5 B9 C2 C3	Se evaluarán dos documentos/informes que la/el alumna/o presentará conforme a las indicaciones de cada profesor/a. En esos documentos, deberá resolver determinadas cuestiones/ejercicios utilizando su ordenador personal y los programas informáticos utilizados en las clases.	30

Observaciones evaluación
Aquellas/os alumnas/os con suma de puntuaciones igual o superior a 50 (de 100) puntos, pero que no alcanzasen los mínimos exigidos en cada una de las partes (prácticas: 15 de 30 puntos; teoría: 28 de 70 puntos) recibirán en acta una calificación final de 4,5 (sobre 10). Se guardarán las calificaciones aprobadas entre primera y segunda oportunidad. Podrá optar a Matrícula de Honor el alumnado evaluado en la primera oportunidad. La calificación de NO PRESENTADO solo se aplicará al alumnado que NO realizase NINGUNA de las actividades evaluables. En el caso de situaciones excepcionales debidamente justificadas podrán adoptarse medidas adicionales para que el estudiante pueda superar la materia, tales como flexibilidad en la fecha de presentación de trabajos o realización de una prueba global de evaluación de los resultados del aprendizaje. Implicaciones de PLAGIO en la calificación: se aplicará la normativa vigente en la UDC.

Fuentes de información	
<b>Básica</b>	<ul style="list-style-type: none"> <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>- E. Rinaldis, A. Lahm. (2007). DNA microarrays: current applications. Wymondham: Horizon Bioscience</li> <li>- Bowtell, D., Sambrook, J. (2003). DNA Microarrays. Cold Spring Harbor Laboratory Press.</li> <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>- Kulkarni, S., Pfeifer, J. (2015). Clinical Genomics. A guide to Clinical NGS. Academic Press, Elsevier</li> <li>- Pevsner, J. (2015). Bioinformatics and Functional Genomics. Wiley Blackwell</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>Complementaría</b>	<p>- Dale Jeremy (2008). From genes to genomes: concept and applications of DNA technology. John Wiley &amp; 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 &amp; legal issues . Wiley-VCH</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/">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>
-----------------------	---

## Recomendaciones

### Asignaturas que se recomienda haber cursado previamente

Técnicas Celulares/610441001  
 Técnicas Moleculares/610441002  
 Mecanismos de generación de la variación genética/610441005  
 Regulación de la expresión génica/610441006  
 Bioinformática y Modelado de Biomoléculas/610441021

### Asignaturas que se recomienda cursar simultáneamente

Proteómica/610441014  
 Cromosomas: Estructura. Función y Evolución/610441016  
 Genética Humana/610441017  
 Toxicología Genética/610441018

### Asignaturas que continúan el temario

Trabajo de Máster/610441023

### Otros comentarios

Se asume que el alumnado que curse esta materia cuenta con un nivel de inglés equivalente a un B1. Programa Green Campus Facultade de Ciencias: para ayudar a conseguir un entorno inmediato sostenible y cumplir con el punto 6 de la "Declaración Ambiental de la Facultad de Ciencias (2020)", los trabajos documentales que se realicen en esta materia se solicitarán en formato virtual y soporte informático.

(\* ) La Guía Docente es el documento donde se visualiza la propuesta académica de la UDC. Este documento es público y no se puede modificar, salvo cosas excepcionales bajo la revisión del órgano competente de acuerdo a la normativa vigente que establece el proceso de elaboración de guías