



## Guía Docente

Datos Identificativos					
Asignatura (*)			Xenómica	Código	610441015
Titulación					
Descritores					
Ciclo	Período	Curso	Tipo	Créditos	
Mestrado Oficial	2º cuatrimestre	Primeiro	Optativa	3	
Idioma	CastelánGalegoInglés				
Modalidade docente	Presencial				
Prerrequisitos					
Departamento	BioloxíaDepartamento profesorado máster				
Coordinación	Becerra Fernandez, Manuel	Correo electrónico	manuel.becerra@udc.es		
Profesorado	Becerra Fernandez, Manuel	Correo electrónico	manuel.becerra@udc.es		
	Rodríguez García-Rendueles, María Elena		m.rgarcia-rendueles@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
Whole Genome Sequencing	Anotación Xenómica comparada
Next Generation Sequencing (NGS)	Plataformas Librerías 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: 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	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 / 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	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 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.

Todos os aspectos relacionados con ?dispensa académica? , ?dedicación ao estudo? , ?permanencia? e ?fraude académica? rexeranse de acordo coa normativa académica vixente da UDC.

## Fontes de información

### Bibliografía básica

- Allison, David B., et al (2006). DNA microarrays and related genomics techniques design, analysis, and interpretation of experiments. Chapman & Hall/CRC
- Bowtell, D., Sambrook, J. (2003). DNA Microarrays. Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- E. Rinaldis, A. Lahm. (2007). DNA microarrays: current applications. Wymondham: Horizon Bioscience
- 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
- Pevsner, J. (2015). Bioinformatics and Functional Genomics. Wiley Blackwell
- Kulkarni, S., Pfeifer, J. (2015). Clinical Genomics. A guide to Clinical NGS. Academic Press, Elsevier
- Robison, P.N., Piro, R.M., Jäger, M. (2018). Computational Exome and Genome Analysis. CRC Press, Taylor & Francis Group

### Bibliografía complementaria

- Sensen, Christoph W. (2005). Handbook of genome research genomics, proteomics, metabolism, bioinformatics, ethical & legal issues . Wiley-VCH
- Zhanjiang, Liu (2007). Aquaculture genome technologies. Blackwell
- Dale Jeremy (2008). From genes to genomes: concept and applications of DNA technology. John Wiley & Sons
- ( ) . .
- RECURSOS EN INTERNET: Biological database compilation at NAR:  
<http://nar.oupjournals.org/content/vol29/issue1>DOE Joint Genome Institut. Why sequence them?  
<http://www.jgi.doe.gov/sequencing/why/index.html>EMBL (European Molecular Biology Laboratory), Bioinformatics.  
[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) (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.html](http://www.mad-cow.org/00/annotation_tutorial.html)Human Genome Project Information.[http://www.ornl.gov/sci/techresources/Human\\_Genome/home.shtml](http://www.ornl.gov/sci/techresources/Human_Genome/home.shtml)lañez Pareja, E. (1997). Introducción a los Proyectos Genoma. <http://www.ugr.es/~eianez/Biotecnologia/genoma-2.html>KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes). <http://www.genome.jp/kegg/kegg2.html>Nacional 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/TheWWWVirtualLibrary>: Model Organisms: <http://www.ceolas.org/VL/mo/>

## 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