

**Genòmica, proteòmica i interactòmica**

Codi: 100947

Crèdits: 6

Titulació	Tipus	Curs	Semestre
2500253 Biotecnologia	OB	3	1

La metodologia docent i l'avaluació proposades a la guia poden experimentar alguna modificació en funció de les restriccions a la presencialitat que imposin les autoritats sanitàries.

### Professor/a de contacte

Nom: Alicia Roque Córdova Roque Cordova

Correu electrònic: Alicia.Roque@uab.cat

### Utilització d'idiomes a l'assignatura

Llengua vehicular majoritària: català (cat)

Grup íntegre en anglès: No

Grup íntegre en català: No

Grup íntegre en espanyol: No

### Equip docent

Jaime Martínez Urtaza

### Prerequisits

Tot i que no hi ha prerequisits oficials es pressuposen coneixements de Bioquímica i Biologia molecular, Genètica, Microbiologia, Biologia cel·lular, Mètodes de DNA recombinant i Estadística.

Per a algunes activitats és necessari un nivell bàsic de comprensió lectora d'anglès.

### Objectius

La Genòmica és la ciència que estudia l'estructura, contingut i evolució dels genomes. Es tracta d'una ciència relativament nova (es pot dir que neix el 1995 amb la seqüenciació dels primers genomes bacterians) i s'ha desenvolupat de forma explosiva durant els últims anys. Els desenvolupaments dels mètodes de seqüenciació automàtica d'àcids nucleics ha estat clau. L'any 2001 es presenta el primer esborrany de la seqüència del genoma humà, la qual cosa representa una fita històrica que obre les portes als estudis de genòmica comparada i d'evolució de l'espècie humana, a les claus biològiques de la naturalesa humana, als estudis d'associació genotip-fenotip per trobar gens o regions del DNA relacionades amb malalties, etc.

Després de la seqüenciació de genomes apareix la denominada etapa "postgenòmica". Es tracta de realitzar l'anàlisi de l'expressió de gens i genomes de forma massiva (Transcriptòmica i Genòmica funcional), de la identificació i anàlisi estructural-funcional de les proteïnes (Proteòmica) i de les seves interaccions (i amb altres biomolècules) i la formació de complexos (Interactòmica). Conjuntament amb la identificació i quantificació de tots els metabòlits presents en una mostra d'un organisme (Metabolòmica) aquests coneixements donen lloc a les bases per a tractar d'integrar tot el conjunt i arribar a una descripció global de la biologia de la cèl·lula (Biologia de Sistemes).

Els principals objectius formatius de l'assignatura són: la comprensió de la diversitat i complexitat dels genomes i proteomes; l'estudi del caràcter històric i evolutiu de la informació genètica així com de la naturalesa, el significat i les conseqüències de la variabilitat intraespecífica i interespecífica; i finalment la potencialitat de les aplicacions provinents de la informació genòmica, transcriptòmica i proteòmica. Forma part

també dels objectius de l'assignatura conèixer els mètodes experimentals i computacionals que s'utilitzen en les denominades ciències "òmiques".

## Competències

- Adquirir nous coneixements i tècniques de forma autònoma.
- Buscar, obtenir i interpretar la informació de les principals bases de dades biològiques, bibliogràfiques i de patents i usar les eines bioinformàtiques bàsiques.
- Dissenyar experiments de continuació per resoldre un problema.
- Llegir textos especialitzats tant a llengua anglesa com a les llengües pròpies.
- Pensar d'una forma integrada i abordar els problemes des de diferents perspectives.
- Treballar de forma individual i en equip.
- Utilitzar els fonaments de matemàtiques, física i química necessaris per a comprendre, desenvolupar i avaluar un procés biotecnològic.

## Resultats d'aprenentatge

1. Adquirir nous coneixements i tècniques de forma autònoma.
2. Descriure les bases físiques i químiques de la metodologia i instrumentació utilitzades en l'anàlisi genòmic, transcriptòmic, proteòmic, interactòmic, metabolòmic i metabonòmic.
3. Dissenyar experiments de continuació per resoldre un problema.
4. Llegir textos especialitzats tant a llengua anglesa com a les llengües pròpies.
5. Modelitzar i representar de forma quantitativa un procés o sistema biològic.
6. Obtenir, interpretar i utilitzar la informació obtinguda a partir dels experiments de genòmica, transcriptòmica, proteòmica, interactòmica, metabolòmica, metabonòmica, etc
7. Pensar d'una forma integrada i abordar els problemes des de diferents perspectives.
8. Treballar de forma individual i en equip.

## Continguts

### GENÒMICA\*

Introducció als genomes

Mapes genètics i físics

Seqüenciació, assemblatge i anotació de genomes

Estudi de l'expressió gènica: Transcriptòmica

Evolució del genoma: Genòmica comparada

Variació genòmica i paelogenòmica

### PROTEÒMICA I INTERACTÒMICA\*

Introducció i conceptes bàsics

Diversitat del proteoma

Tècniques bàsiques de proteòmica

Proteòmica quantitativa

Proteòmica estructural i funcional

Interactòmica

\*Llevat que les restriccions imposades per les autoritats sanitàries obliguin a una prioritació o reducció d'aquests continguts.

## Metodologia

L'assignatura consta de classes teòriques, seminaris de resolució de casos pràctics, seminaris d'articles científics, problemes i tutories. A continuació es descriu la organització i la metodologia docent que es seguirà en aquests tres tipus d'activitats formatives.

Classes de teoria:

El contingut del programa de teoria serà impartit principalment pel professor en forma de classes magistrals amb suport audiovisual. Les presentacions utilitzades a classe pel professor estaran prèviament disponibles al Campus Virtual de l'assignatura. És recomanable que els alumnes imprimeixin aquest material i el portin a classe, per utilitzar-lo com a suport a l'hora de prendre apunts. S'aconsella que els alumnes consultin de forma regular els llibres recomanats a l'apartat de Bibliografia d'aquesta guia docent per tal de consolidar i clarificar, si és necessari, els continguts explicats a classe.

Seminaris i classes de problemes:

La missió dels seminaris i classes de problemes és fer de pont entre les classes magistrals i el treball pràctic, promovent un aprenentatge actiu que permeti desenvolupar la capacitat d'anàlisi i síntesi, el raonament crític, i la capacitat de resolució de problemes. Els seminaris i classes de problemes són sessions amb un nombre reduït d'alumnes (màxim 40 alumnes). La seva missió és aprofundir o completar els coneixements exposats a les classes magistrals mitjançant la resolució de problemes i la discussió de casos pràctics. Els alumnes rebran periòdicament lectures recomanades en anglès, problemes i casos per resoldre, adreces web per a consultar, eines bioinformàtiques, etc.

Tutories:

Hi haurà fins a 3 sessions de tutoria en petit grup amb el professor. En aquestes sessions es resoldran els dubtes que els alumnes plantegin sobre els temes del programa de teoria, i que facilitin la comprensió d'aspectes concrets de l'assignatura.

\*La metodologia docent proposada pot experimentar alguna modificació en funció de les restriccions a la presencialitat que imposin les autoritats sanitàries.

Nota: es reservaran 15 minuts d'una classe, dins del calendari establert pel centre/titulació, per a la complementació per part de l'alumnat de les enquestes d'avaluació de l'actuació del professorat i d'avaluació de l'assignatura/mòdul.

## Activitats formatives

Títol	Hores	ECTS	Resultats d'aprenentatge
Tipus: Dirigides			
Classes Teòriques	32	1,28	1, 3, 4, 6, 7
Seminaris i Problemes	12	0,48	1, 3, 4, 6, 7, 8
Tipus: Supervisades			
Tutories individuals	3	0,12	1, 3, 4, 6, 7
Tipus: Autònomes			
Estudi	42	1,68	1, 3, 4, 6, 7, 8

## Avaluació

L'avaluació de l'assignatura es durà a terme mitjançant una sèrie d'activitats d'avaluació continuada, un examen parcial i un examen de recuperació, corresponents a cadascuna de les dues parts de l'assignatura: Genòmica i Proteòmica/Interactòmica. El pes de cada part de l'assignatura és del 50% sobre la nota final. En començar les classes de cada part de l'assignatura, el professor corresponent detallarà com durà a terme l'avaluació continuada. A continuació es detalla el pes de les diferents proves i activitats:

- Examen genòmica 25%
- Examen proteòmica 35%
- Problemes semanals genòmica 10%
- Exercici integrador genòmica 10%
- Seminaris proteòmica 10%
- Projecte conjunt 10%

Els exàmens parcials consistiran en preguntes de tipus test i de resposta curta o problemes. Aquestes proves seran eliminatòries de matèria.

El projecte conjunt consisteix en un lliurament de conjunt on s'han d'aplicar coneixements i eines bioinformàtiques corresponents a les dues parts de la assignatura.

Només es farà mitjana amb aquelles qualificacions que siguin  $\geq 4,0$ .

### Examen de recuperació

Aquells alumnes que no superin la qualificació mínima d'una o les dues proves parcials hauran de presentar-se a la prova de recuperació, en cas de que compleixin el següent requisit: Per participar a la recuperació, l'alumnat ha d'haver estat prèviament avaluat en un conjunt d'activitats el pes de les quals equivalgui a un mínim de dues terceres parts de la qualificació total de l'assignatura o mòdul. Per tant, l'alumnat obtindrà la qualificació de "No Avaluable" quan les activitats d'avaluació realitzades tinguin una ponderació inferior al 67% en la qualificació final.

### Millora de nota

La prova de recuperació també estarà oberta a qualsevol estudiant que, havent superat les proves parcials, desitgi millorar la nota obtinguda a una o les dues proves parcials. En aquest cas, l'alumne haurà d'avisar als professors corresponents del seu interès de presentar-se a la prova final de millora de nota i haurà de renunciar a la nota obtinguda amb anterioritat. El grau de dificultat de la prova per millorar nota podrà ser superior al de les avaluacions parcials.

### Qualificació

L'assignatura es considera aprovada si la nota final global és  $\geq 5,0$ .

A efectes de qualificació, es considerarà com a no avaluable quan les activitats d'avaluació realitzades tinguin una ponderació inferior al 67% en la qualificació final.

\*L'avaluació proposada pot experimentar alguna modificació en funció de les restriccions a la presencialitat que imposin les autoritats sanitàries.

## Activitats d'avaluació

Títol	Pes	Hores	ECTS	Resultats d'aprenentatge
Avaluació Parcial 1	25%	6	0,24	2, 3, 6, 7, 8
Avaluació Parcial 2	35%	7	0,28	1, 2, 3, 4, 6, 7, 8
Exercici integrador	10%	2,5	0,1	1, 4, 5, 6, 7, 8
Projecte conjunt	10%	2,5	0,1	1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8
Seminaris i Problemes	20%	3	0,12	1, 3, 4, 5, 6, 7, 8

## Bibliografia

Llibres de text:

- Gibson, G. & S. V. Muse, 2009 (3rd edition). A Primer of Genome Science. Sinauer, Massachusetts. USA.
- Brown, T. A. 2017. Genomes 4 (4<sup>th</sup> edition). Garland Science, New York, USA.
- Lesk, A.M. 2017. Introduction to genomics (3<sup>rd</sup> edition). Oxford University Press, Oxford, UK.
- Twyman R. M., 2014 (2n edition). Principles of Proteomics. Garland Science, New York & London.
- Lovric J., 2011. Introducing Proteomics. Ed. John Wiley & Sons, Oxford, UK.
- Mirzaei, Hamid, Carrasco, Martin (Eds.) Modern Proteomics - Sample Preparation, Analysis and Practical Applications. Springer. 2016. Disponible en format digital.

Enllaços útils:

- Campus Virtual de la UAB: <https://cv2008.uab.cat/>
- Entrez Genome Database: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/genome>
- ExPASy Proteomics Server: <http://expasy.org/sprot>

## Programari

A continuació es llisten les bases de dades i eines d'anàlisi utilitzades en aquesta assignatura:

Bases de dades:

- Animal Genome Size Database, <http://www.genomesize.com/>
- Ensembl Genome Browser, <http://www.ensembl.org>
- Flybase JBrowse, <http://flybase.org/jbrowse/?data=data/json/dmel>
- GOLD Genomes Online Database, <https://gold.jgi.doe.gov/>
- NCBI Genome, <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome>
- PopHuman Genome Browser, <https://pophuman.uab.cat>
- UCSC Genome Browser, <http://genome.ucsc.edu/cgi-bin/hgGateway>
- Genome Reference Consortium, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/grc/human>
- RepeatMasker, <http://www.repeatmasker.org/genomicDatasets/RMGenomicDatasets.html>
- BioGPS, <http://biogps.org/>
- ENCODE, <http://genome.ucsc.edu/ENCODE/>

- Expression Atlas, <https://www.ebi.ac.uk/gxa/home>
- GENCODE Human, <https://www.gencodegenes.org/human/>
- InterMine, <http://intermine.org/>
- RevTrans, <http://www.cbs.dtu.dk/services/RevTrans-2.0/web/>
- Synteny Portal, [http://bioinfo.konkuk.ac.kr/synteny\\_portal/](http://bioinfo.konkuk.ac.kr/synteny_portal/)
- VISTA Genome Browser, <http://genome.lbl.gov/vista/index.shtml>
- International Cancer Genome Consortium, <https://icgc.org/>
- Open Targets, <https://www.targetvalidation.org/>
- The Cancer Genome Atlas, <https://www.cancer.gov/about-nci/organization/ccg/research/structural-genomics/tcga>
- Human protein Atlas, <https://www.proteinatlas.org/>
- Human proteome map, <http://www.humanproteomemap.org/>
- Uniprot, <https://www.uniprot.org/>
- SWISS-2D, <https://world-2dpage.expasy.org/swiss-2dpage/>
- Phosphosite, <http://www.phosphosite.org/>
- String, <https://string-db.org/>

Eines d'anàlisi:

- ScanProsite, <http://prosite.expasy.org/scanprosite/>
- Transeq, [http://www.ebi.ac.uk/Tools/st/emboss\\_transeq/](http://www.ebi.ac.uk/Tools/st/emboss_transeq/)
- GeneID, <http://genome.crg.es/geneid.html>
- MASCOT <http://www.matrixscience.com/>
- ProtParam <https://web.expasy.org/protparam/>
- Swissmodel <https://swissmodel.expasy.org/>
- Provean <http://provean.jcvi.org/index.php>
- INPS-server <https://inpsmd.biocomp.unibo.it/inpsSuite>