

Genómica Comparativa

Código: 42945
Créditos ECTS: 6

Titulación	Tipo	Curso	Semestre
4313782 Citogenética y Biología de la Reproducción	OT	0	1

La metodología docente y la evaluación propuestas en la guía pueden experimentar alguna modificación en función de las restricciones a la presencialidad que impongan las autoridades sanitarias.

Contacto

Nombre: Aurora Ruíz Herrera Moreno
Correo electrónico: Aurora.RuizHerrera@uab.cat

Uso de idiomas

Lengua vehicular mayoritaria: español (spa)

Equipo docente

Sònia Casillas Viladerrams

Equipo docente externo a la UAB

Elena Bosch
Josefa González
Laura Botigué
Marta Farré
Walter Sanseverino

Prerequisitos

- Estar en posesión del título de licenciado, graduado o equivalente en Biología, Ciencias Biomédicas, Genética o Biotecnología o en sus equivalentes en los planes de estudios de las diferentes universidades. También podrán acceder licenciados o graduados de titulaciones del ámbito de las Biociencias.
- Acreditar un conocimiento básico de catalán (nivel B1) o castellano (nivel B1) (solo para alumnos que no tengan el catalán o el castellano como lengua materna).

Objetivos y contextualización

La Genómica Comparativa proporciona una amplia perspectiva tanto en la evolución de las especies como en el origen de enfermedades humanas mediante el estudio de secuencias genómicas. El contenido del módulo tratará aspectos amplios del área como son la citogenética evolutiva, metodologías de estudio de los genomas, así como los últimos avances en genómica comparativa animal y vegetal. Es un campo muy dinámico y en constante evolución, por lo que la metodología docente incluirá clases magistrales de especialistas que presentarán los últimos avances en el tema así como seminarios por parte de los alumnos donde se presentan y discuten artículos científicos.

Competencias

- Aplicar el método científico y el razonamiento crítico en la resolución de problemas.
- Demostrar capacidad de trabajo en equipo y de interacción con profesionales de otras especialidades.
- Diseñar experimentos, analizar datos e interpretar los resultados.
- Interpretar los cambios cromosómicos relacionados con procesos evolutivos que han originado el cariotipo humano (Especialidad Citogenética).
- Interpretar, resolver y presentar casos clínicos o resultados científicos en el ámbito del Máster.
- Poseer y comprender conocimientos que aporten una base u oportunidad de ser originales en el desarrollo y/o aplicación de ideas, a menudo en un contexto de investigación.
- Que los estudiantes posean las habilidades de aprendizaje que les permitan continuar estudiando de un modo que habrá de ser en gran medida autodirigido o autónomo.
- Que los estudiantes sean capaces de integrar conocimientos y enfrentarse a la complejidad de formular juicios a partir de una información que, siendo incompleta o limitada, incluya reflexiones sobre las responsabilidades sociales y éticas vinculadas a la aplicación de sus conocimientos y juicios.
- Que los estudiantes sepan aplicar los conocimientos adquiridos y su capacidad de resolución de problemas en entornos nuevos o poco conocidos dentro de contextos más amplios (o multidisciplinares) relacionados con su área de estudio.
- Que los estudiantes sepan comunicar sus conclusiones y los conocimientos y razones últimas que las sustentan a públicos especializados y no especializados de un modo claro y sin ambigüedades.
- Utilizar y gestionar información bibliográfica o recursos informáticos en el ámbito del máster, en las lenguas propias y en inglés.

Resultados de aprendizaje

1. Aplicar el método científico y el razonamiento crítico en la resolución de problemas.
2. Demostrar capacidad de trabajo en equipo y de interacción con profesionales de otras especialidades.
3. Diseñar experimentos, analizar datos e interpretar los resultados.
4. Poseer y comprender conocimientos que aporten una base u oportunidad de ser originales en el desarrollo y/o aplicación de ideas, a menudo en un contexto de investigación.
5. Presentar artículos y resultados científicos en el área de la biología evolutiva.
6. Que los estudiantes posean las habilidades de aprendizaje que les permitan continuar estudiando de un modo que habrá de ser en gran medida autodirigido o autónomo.
7. Que los estudiantes sean capaces de integrar conocimientos y enfrentarse a la complejidad de formular juicios a partir de una información que, siendo incompleta o limitada, incluya reflexiones sobre las responsabilidades sociales y éticas vinculadas a la aplicación de sus conocimientos y juicios.
8. Que los estudiantes sepan aplicar los conocimientos adquiridos y su capacidad de resolución de problemas en entornos nuevos o poco conocidos dentro de contextos más amplios (o multidisciplinares) relacionados con su área de estudio.
9. Que los estudiantes sepan comunicar sus conclusiones y los conocimientos y razones últimas que las sustentan a públicos especializados y no especializados de un modo claro y sin ambigüedades.
10. Reconocer la diversidad cariotípica de las especies animales y vegetales y como la arquitectura genómica humana está relacionada con su historia evolutiva.
11. Utilizar las fuentes de datos de genomas de cualquier especie e interpretar los fundamentos del análisis bioinformático.
12. Utilizar y gestionar información bibliográfica o recursos informáticos en el ámbito del máster, en las lenguas propias y en inglés.

Contenido

Los contenidos de esta asignatura incluyen conceptos básicos y específicos sobre citogenética evolutiva, avances en el área de la genómica comparativa, modelos de reconstrucción de genomas así como la aplicación de herramientas bioinformáticas en el conocimiento de especies animales y vegetales.

Citogenética evolutiva. Variabilidad cromosómica. Criterios de ordenación cariotípica. Sexo cromosómico. Cariotipo/especie. Modelos de especiación cromosómica.

Metodologías de estudio de genomas. Técnicas de secuenciación masiva. Estudio de las variaciones estructurales del genoma. Bases de datos. Estudio de la conformación de la cromatina (3C, 5C y Hi-C).

Genómica comparativa animal. Estudio "in silico" de genomas completos. Puntos de rotura evolutivos. Grupos sinténicos. Filogenómica. Ratios de evolución cromosómica. Elementos repetitivos y recombinación. Genómica de los primates y otros mamíferos.

Genómica comparativa vegetal. Diversidad cariotípica, estructura del genoma, grupos sinténicos, evolución genómica de las especies vegetales.

A menos que las restricciones impuestas por las autoridades sanitarias obliguen a una priorización o reducción de estos contenidos.

Metodología

La asignatura se impartirá siguiendo las directrices del Espacio Europeo de Educación Superior (EEES). Esto implica una participación activa de los alumnos en su propio proceso de aprendizaje y se traducirá en una mayor participación de los alumnos en clase y una mayor interacción entre ellos y el profesorado.

La genómica comparativa es un campo muy dinámico y en constante evolución, por lo que la metodología docente incluirá clases magistrales de especialistas que presentarán los últimos avances en el tema así como seminarios por parte de los alumnos donde se presentan y discuten artículos científicos. A continuación se describe la organización y la metodología docente que se seguirá.

- Clases magistrales: El contenido del programa de teoría se impartirá en clases magistrales. Se realizarán con material audiovisual preparado por el profesor.
- Lectura y comentario de artículos y/o textos de interés: Las clases magistrales se complementarán con lecturas de artículos científicos de los temas tratados.
- Práctica de aula: Sesión práctica sobre navegadores del genoma humano
- Elaboración de trabajos
- Estudio autónomo

La metodología docente propuesta puede experimentar alguna modificación en función de las restricciones a la presencialidad que impongan las autoridades sanitarias.

Nota: se reservarán 15 minutos de una clase dentro del calendario establecido por el centro o por la titulación para que el alumnado rellene las encuestas de evaluación de la actuación del profesorado y de evaluación de la asignatura o módulo.

Actividades

Título	Horas	ECTS	Resultados de aprendizaje
Tipo: Dirigidas			
Cases magistrales	30	1,2	3, 7, 6, 10, 4, 12, 11
Tipo: Supervisadas			
Preparación material	15	0,6	2, 12, 11
Tipo: Autónomas			
Búsqueda bibliográfica	11	0,44	12, 11
Estudio	68	2,72	2, 7, 8, 6, 4, 12

Lectura de artículos y material científico	11	0,44	7, 6, 12, 11
Preparación presentación pública	10	0,4	2, 5, 12

Evaluación

Entrega de trabajos: 35%

Defensa oral de trabajos: 20%

Pruebas: 35%

Asistencia y participación activa: 10%

La evaluación propuesta puede experimentar alguna modificación en función de las restricciones a la presencialidad que impongan las autoridades sanitarias.

Actividades de evaluación

Título	Peso	Horas	ECTS	Resultados de aprendizaje
Asistencia y participación activa	10%	0,5	0,02	7, 8, 9
Entrega de trabajos	35%	1,75	0,07	1, 2, 3, 5, 7, 8, 9, 6, 10, 4, 12, 11
Presentación oral de trabajos	20%	1	0,04	1, 2, 5, 8, 4, 12, 11
Pruebas	35%	1,75	0,07	1, 3, 7, 6, 10, 11

Bibliografía

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

<http://www.discoverlife.org/mp/20m?tree=Life&flags=all>

<http://www.ensembl.org/index.html>

<http://genome.ucsc.edu/>

<http://www.broadinstitute.org/scientific-community/science/projects/mammals-models/mammalian-genome-project>

<http://timetree.org/index.php>

<http://genome10k.soe.ucsc.edu/>

<http://www.mouseencode.org/>

<https://www.earthbiogenome.org/>

Software

Ensembl (https://www.ensembl.org/Homo_sapiens/Info/Index)

PopHuman (<https://pophuman.uab.cat/>)

UCSC (<http://genome.ucsc.edu/>)