

Genómica, proteómica e interactómica

Código: 100947
Créditos ECTS: 6

Titulación	Tipo	Curso	Semestre
2500253 Biotecnología	OB	3	1

Contacto

Nombre: Alicia Roque Cordova

Correo electrónico: alicia.roque@uab.cat

Uso de idiomas

Lengua vehicular mayoritaria: español (spa)

Algún grupo íntegramente en inglés: No

Algún grupo íntegramente en catalán: No

Algún grupo íntegramente en español: No

Equipo docente

Marta Puig Font

Prerequisitos

Aunque no se han establecido prerequisites oficiales, se presupone la disposición de conocimientos previos de Bioquímica y Biología Molecular, Genética, Microbiología, Biología celular, Métodos de DNA recombinante y Estadística.

Para algunas actividades es necesario un nivel básico de comprensión lectora del inglés.

Objetivos y contextualización

La Genómica es la ciencia que estudia la estructura, contenido y evolución de los genomas. Se trata de una ciencia relativamente nueva (se puede decir que nace en 1995 con la secuenciación de los primeros genomas bacterianos) y se ha desarrollado de forma explosiva en los últimos años. El desarrollo de métodos de secuenciación automática de los ácidos nucleicos ha sido la llave. En el año 2001 se presentó el primer borrador de la secuencia del genoma humano, lo cual representa un hito histórico que abre las puertas a los estudios de genómica comparada y de evolución de la especie humana, a las claves biológicas de la naturaleza humana, a los estudios de asociación genotipo-fenotipo para encontrar genes o regiones del DNA relacionadas con enfermedades, etc.

Después de la secuenciación de genomas aparece la denominada etapa "postgenómica". Se trata de realizar el análisis de la expresión de genes y genomas de forma masiva (Transcriptómica y Genómica funcional), de la identificación y análisis estructural-funcional de las proteínas (Proteómica) y de sus interacciones (y con otras biomoléculas) y la formación de complejos (Interactómica). Conjuntamente con la identificación y cuantificación de todos los metabolitos presentes en una muestra de un organismo (Metabolómica) estos conocimientos dan lugar a las bases para tratar de integrar todo el conjunto y llegar a una descripción global de la biología de la célula (Biología de sistemas).

Los principales objetivos formativos de la asignatura son: la comprensión de la diversidad y complejidad de los genomas y proteomas; el estudio del carácter histórico y evolutivo de la información genética así como de la naturaleza, el significado y las consecuencias de la variabilidad intraespecífica e interespecífica; y finalmente la potencialidad de las aplicaciones provenientes de la información genómica, transcriptómica y proteómica.

Forma parte también de los objetivos de la asignatura conocer los métodos experimentales y computacionales que se utilizan en las denominadas ciencias "ómicas".

Competencias

- Aprender nuevos conocimientos y técnicas de forma autónoma.
- Buscar, obtener e interpretar la información de las principales bases de datos biológicos, bibliográficos y de patentes y usar las herramientas bioinformáticas básicas.
- Diseñar experimentos de continuación para resolver un problema.
- Leer textos especializados tanto en lengua inglesa como en las lenguas propias.
- Pensar de una forma integrada y abordar los problemas desde diferentes perspectivas.
- Trabajar de forma individual y en equipo.
- Utilizar los fundamentos de matemáticas, física y química necesarios para comprender, desarrollar y evaluar un proceso biotecnológico.

Resultados de aprendizaje

1. Aprender nuevos conocimientos y técnicas de forma autónoma.
2. Describir las bases físicas y químicas de la metodología e instrumentación utilizada en el análisis genómico, transcriptómico, proteómico, interactómico, metabolómico y metabonómico.
3. Diseñar experimentos de continuación para resolver un problema.
4. Leer textos especializados tanto en lengua inglesa como en las lenguas propias.
5. Modelizar y representar en forma cuantitativa un proceso o sistema biológico.
6. Obtener, interpretar y utilizar la información obtenida a partir de los experimentos de genómica, transcriptómica, proteómica, interactómica, metabolómica y metabonómica, etc.
7. Pensar de una forma integrada y abordar los problemas desde diferentes perspectivas.
8. Trabajar de forma individual y en equipo.

Contenido

GENÓMICA

Introducción a los genomas

Secuenciación, ensamblado y anotación de genomas

Estudio de la expresión génica: Transcriptómica

Evolución del genoma: Genómica comparada

Variación genómica

PROTEÓMICA E INTERACTÓMICA

Introducción y conceptos básicos

Diversidad del proteoma

Técnicas básicas de proteómica

Proteómica cuantitativa

Proteómica estructural y funcional

Interactómica

Metodología

La asignatura consta de clases teóricas, seminarios de resolución de casos prácticos y de artículos científicos, problemas y tutorías. A continuación se describe la organización y la metodología docente que se seguirá en estos tres tipos de actividades formativas.

Clases de teoría:

El contenido del programa de teoría será impartido principalmente por el profesor en forma de clases magistrales con soporte audiovisual. Las presentaciones utilizadas en clase por el profesor estarán previamente disponibles en el Campus Virtual de la asignatura. Es recomendable que los alumnos impriman este material y lo lleven a clase, para utilizarlo como apoyo a la hora de tomar apuntes. Se aconseja que los alumnos consulten de forma regular los libros recomendados en el apartado de Bibliografía de esta guía docente para consolidar y clarificar, si es necesario, los contenidos explicados en clase.

Seminarios y clases de problemas:

El objetivo de los seminarios y clases de problemas es hacer de puente entre las clases magistrales y el trabajo práctico, promoviendo un aprendizaje activo que permita desarrollar la capacidad de análisis y síntesis, el razonamiento crítico, y la capacidad de resolución de problemas. Los seminarios y clases de problemas son sesiones con un número reducido de alumnos (máximo 40 alumnos). Su misión es profundizar o completar los conocimientos expuestos en las clases magistrales mediante la resolución de problemas y la discusión de casos prácticos. Los alumnos recibirán periódicamente lecturas recomendadas en inglés, problemas y casos por resolver, direcciones web para consultar, herramientas bioinformáticas, etc.

Tutorías:

Habrà hasta 3 sesiones de tutoría en grupo con el profesor. En estas sesiones se resolverán las dudas que los alumnos planteen sobre los temas del programa de teoría, y que faciliten la comprensión de aspectos concretos de la asignatura.

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			
Clases de teoría	32	1,28	1, 3, 4, 6, 7
Seminarios y Problemas	12	0,48	1, 3, 4, 6, 7, 8
Tipo: Supervisadas			
Tutorías	3	0,12	1, 3, 4, 6, 7
Tipo: Autónomas			
Estudio	42	1,68	1, 3, 4, 6, 7, 8
Lecturas recomendadas y problemas	40	1,6	1, 3, 4, 6, 7, 8

Evaluación

La evaluación de la asignatura se llevará a cabo mediante una serie de actividades de evaluación continua, un examen parcial y un examen de recuperación, correspondientes a cada una de las dos partes de la asignatura: Genómica y Proteómica / Interactómica. El peso de cada parte de la asignatura es del 50% sobre la nota final. Al comenzar las clases de cada parte de la asignatura, el profesor correspondiente detallará cómo llevará a cabo la evaluación continuada. A continuación se detalla el peso de las diferentes pruebas y actividades:

- Examen genómica 35%
- Examen proteómica 35%
- Problemas de genómica 10%
- Seminarios proteómica 10%
- Proyecto conjunto 10%

Los exámenes parciales consistirán en preguntas de tipo test y de respuesta corta o problemas. Estas pruebas serán eliminatorias de materia.

El proyecto conjunto consiste en una entrega de conjunto donde se aplicarán conocimientos adquiridos y herramientas bioinformáticas de las dos partes de la asignatura.

Sólo se hará media con aquellas calificaciones que sean igual o mayores que 4,0.

Examen de recuperación

Aquellos alumnos que no superen la calificación mínima de una o las dos pruebas parciales deberán presentarse a la prueba de recuperación, en caso de que cumplan el siguiente requisito: Para participar en la recuperación, el alumnado debe haber sido previamente evaluado en un conjunto de actividades el peso de las que equivalga a un mínimo de dos terceras partes de la calificación total de la asignatura o módulo. Por lo tanto, el alumnado obtendrá la calificación de "No Evaluable" cuando las actividades de evaluación realizadas tengan una ponderación inferior al 67% en la calificación final.

Mejora de nota

La prueba de recuperación también estará abierta a cualquier estudiante que, habiendo superado las pruebas parciales, desee mejorar la nota obtenida en una o las dos pruebas parciales. En este caso, el alumno deberá avisar a los profesores correspondientes de su interés de presentarse a la prueba de mejora de nota y deberá renunciar a la nota obtenida con anterioridad. El grado de dificultad de la prueba para mejorar nota podrá ser superior al de las evaluaciones parciales.

Calificación

La asignatura se considera aprobada si la nota final global es igual o mayor que 5,0.

A efectos de calificación, se considerará como no evaluable cuando las actividades de evaluación realizadas tengan una ponderación inferior al 67% en la calificación final.

Actividades de evaluación

Título	Peso	Horas	ECTS	Resultados de aprendizaje
Parcial 1	35%	7,5	0,3	2, 3, 6, 7, 8
Parcial 2	35%	7,5	0,3	1, 2, 3, 4, 6, 7, 8

Proyecto conjunto	10%	2,5	0,1	1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8
Seminarios y Problemas	20%	3,5	0,14	1, 3, 4, 5, 6, 7, 8

Bibliografía

Libros de texto:

- Gibson, G. & S. V. Muse, 2009 (3rd edition). A Primer of Genome Science. Sinauer, Massachusetts. USA.
- Brown, T. A. 2017. Genomes 4 (4th edition). Garland Science, New York, USA.
- Lesk, A.M. 2017. Introduction to genomics (3rd 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 formato digital.

Enlaces:

- 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>

Software

A continuación, se listan las bases de datos y herramientas de análisis utilizadas en este asignatura:

Bases de datos:

- 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/
- 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/>

Herramientas de análisis:

- ScanProsite, <http://prosite.expasy.org/scanprosite/>
- 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>