

Titulació	Tipus	Curs
2500253 Biotecnologia	OB	3

Professor/a de contacte

Nom: Alicia Roque Cordova

Correu electrònic: alicia.roque@uab.cat

Equip docent

Marta Puig Font

Idiomes dels grups

Podeu consultar aquesta informació al [final](#) del document.

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".

Resultats d'aprenentatge

1. CM25 (Competència) Treballar en equip i de manera col·laborativa per a la resolució de problemes en l'àmbit de la biologia de sistemes.
2. KM25 (Coneixement) Descriure les bases físiques i químiques de la metodologia i instrumentació emprada en l'anàlisi genòmica, transcriptòmica, proteòmica, interactòmica i metabolòmica.
3. KM25 (Coneixement) Descriure les bases físiques i químiques de la metodologia i instrumentació emprada en l'anàlisi genòmica, transcriptòmica, proteòmica, interactòmica i metabolòmica.
4. SM23 (Habilitat) Utilitzar els fonaments de matemàtiques, física i química necessaris per a l'estudi dels mecanismes de regulació a escala molecular en els éssers vius.
5. SM23 (Habilitat) Utilitzar els fonaments de matemàtiques, física i química necessaris per a l'estudi dels mecanismes de regulació a escala molecular en els éssers vius.

Continguts

GENÒMICA

Introducció als genomes

Seqüenciació, assemblatge i anotació de genomes

Estudi de l'expressió gènica: Transcriptòmica

Evolució del genoma: Genòmica comparada

Variació genòmica

PROTEÒMICA I INTERACTÒMICA

Introducció i conceptes bàsics

Diversitat del proteoma

Tècniques bàsiques de proteòmica

Proteòmica quantitativa

Proteòmica estructural i funcional

Interactòmica

Activitats formatives i Metodologia

Títol	Hores	ECTS	Resultats d'aprenentatge
Tipus: Dirigides			
Clases Teòriques	32	1,28	KM25, KM25, SM23
Seminaris i Problemes	12	0,48	CM25, KM25, SM23, CM25
Tipus: Supervisades			
Tutories individuals	3	0,12	KM25, KM25, SM23
Tipus: Autònomes			
Estudi	42	1,68	KM25, KM25, SM23
Lectures recomanades i Resolució problemes	40	1,6	KM25, KM25, SM23

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.

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.

Avaluació

Activitats d'avaluació continuada

Títol	Pes	Hores	ECTS	Resultats d'aprenentatge
Avaluació Parcial 1	35%	7,5	0,3	KM25, SM23
Avaluació Parcial 2	35%	7,5	0,3	KM25, SM23
Projecte conjunt	10%	2,5	0,1	CM25, KM25, SM23
Seminaris i Problemes	20%	3,5	0,14	CM25, KM25, SM23

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 35%
- Examen proteòmica 35%
- Problemes de 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 tercers 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.

Avaluació única

L'avaluació única consisteix en una única prova de síntesi en la qual s'avaluaran els continguts de tot el programa de teoria de l'assignatura i que es durà a terme el dia fixat al calendari pel segon parcial. La prova constarà de preguntes de tipus test, problemes, preguntes curtes i definicions. La nota obtinguda en aquesta prova de síntesi suposarà el 70 % de la nota final de l'assignatura.

L'alumnat que s'aculli a l'avaluació única podrà lliurar totes les evidències corresponents als problemes de Genòmica (d'un recull específics pels estudiants d'avaluació única) el mateix dia que el fixat per a la prova de síntesi. Aquest mateix dia es lliurarà el projecte conjunt fet individualment o en un grup on tots els estudiants estiguin acollits a l'avaluació única. La nota dels problemes i del projecte conjunt suposaran el 20 % de la nota final de l'assignatura.

L'avaluació dels seminaris de proteòmica seguiran el mateix procés de l'avaluació continuada. La nota obtinguda suposarà el 10 % de la nota final de l'assignatura.

L'examen de recuperació serà el mateix que el dels estudiants de l'avaluació continuada i només incorporarà els continguts de teoria. La resta d'avaluacions no són recuperables.

El pes de cada part de l'assignatura i els criteris per a aprovar-la són els mateixos que per als estudiants de l'avaluació continuada.

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 (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 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/
- 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/
- 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>

Llista d'idiomes

Nom	Grup	Idioma	Semestre	Torn
(PAUL) Pràctiques d'aula	431	Català/Espanyol	primer quadrimestre	matí-mixt
(PAUL) Pràctiques d'aula	432	Català/Espanyol	primer quadrimestre	matí-mixt
(TE) Teoria	43	Català/Espanyol	primer quadrimestre	matí-mixt