

Titulació	Tipus	Curs
2500502 Microbiologia	OT	4

Professor/a de contacte

Nom: Sonia Casillas Viladerrams

Correu electrònic: sonia.casillas@uab.cat

Equip docent

Javier Garcia Pardo

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 vida tal com la coneixem està especificada pels genomes dels milers d'organismes amb els quals compartim el planeta. Cadascun d'aquests genomes conté la informació biològica necessària per a construir i mantenir en vida un exemplar de l'organisme corresponent. El desenvolupament de tècniques que permeten llegir la seqüència d'aquests genomes ha obert la possibilitat de conèixer-nos millor i de començar a cercar la resposta a preguntes tals com: Què som? Com hem esdevingut el que som? Què compartim amb la resta d'humans i què ens fa diferents dels altres membres de la nostra espècie? Quines semblances i diferències tenim amb els nostres parents més propers, els ximpanzés? O amb altres espècies de primats? De mamífers? De vertebrats? D'eucariotes? Amb tots els altres éssers vius? O fins i tot què ens depararà el futur?

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. El desenvolupament 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.

La millora en les tècniques òmiques no només ha resultat en un creixement explosiu de la quantitat i qualitat de les dades genòmiques, sinó que ha obert a més la possibilitat d'estudiar altres aspectes de la biologia molecular com l'anàlisi de l'expressió de gens i genomes de forma massiva (Transcriptòmica i Genòmica funcional), la identificació i anàlisi estructural-funcional de les proteïnes (Proteòmica) i les seves interaccions (i amb d'altres biomolècules) i la formació de complexes (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: (i) explicar l'estructura, diversitat i complexitat dels genomes, transcriptomes i proteomes; (ii) reconèixer el caràcter funcional, històric i evolutiu de la informació genètica, així com la naturalesa, significat i conseqüències de la variabilitat intra-específica i inter-específica; i (iii) enumerar els mètodes experimentals i computacionals així com les potencials aplicacions de la genòmica, la transcriptòmica i la proteòmica.

Resultats d'aprenentatge

1. CM11 (Competència) Plantejar estratègies de clonació molecular, generació de mutants i millora genètica o d'anàlisis òmiques amb responsabilitat ètica i perspectiva de gènere per donar respostes innovadores a les necessitats i demandes de la societat.
2. CM12 (Competència) Integrar coneixements i habilitats de la biologia molecular i la genòmica per elaborar i presentar un treball acadèmic en l'àmbit de la microbiologia, en la llengua pròpia o en anglès o altres llengües i treballant individualment i en grup.
3. KM18 (Coneixement) Identificar els mètodes d'estudi dels àcids nucleics per a la seva seqüenciació i modificació i per a la interpretació dels seus productes d'expressió.
4. SM15 (Habilitat) Utilitzar bibliografia i bases de dades relacionades amb la biologia molecular i la genòmica, tant en llengua anglesa com en la llengua pròpia o en altres llengües.
5. SM17 (Habilitat) Aplicar les eines de les òmiques (genòmica, transcriptòmica, proteòmica, metagenòmica, etc.) per resoldre problemes relacionats amb la biologia molecular i l'estudi de poblacions i comunitats.

Continguts

PART I. GENÒMICA

Tema 1. Genomes: estructura i funció

Tema 2. Estratègies de seqüenciació de genomes

Tema 3. Seqüenciació, assemblatge i anotació de genomes

Tema 4. Estudi de l'expressió gènica: transcriptòmica

Tema 5. Evolució del genoma: genòmica comparada

Tema 6. Variació genòmica i paleogenòmica

PART II. PROTEÒMICA I INTERACTÒMICA

Tema 7. Proteòmica: introducció i conceptes bàsics

Tema 8. Diversitat del proteoma

Tema 9. Tècniques bàsiques d'anàlisi del proteoma

Tema 10. Proteòmica quantitativa

Tema 11. Proteòmica estructural i funcional

Tema 12. Interactòmica

Activitats formatives i Metodologia

Títol	Hores	ECTS	Resultats d'aprenentatge
Tipus: Dirigides			
Classes teòriques	30	1,2	CM11, CM12, KM18, SM15, SM17
Seminaris i problemes	15	0,6	CM11, CM12, KM18, SM15, SM17
Tipus: Supervisades			
Tutories	3	0,12	CM11, CM12, KM18, SM15, SM17
Tipus: Autònomes			
Estudi	39	1,56	CM11, CM12, KM18, SM15, SM17
Resolució de problemes, activitats i lectures recomanades	60	2,4	CM11, CM12, KM18, SM15, SM17

L'assignatura consta de classes teòriques, seminaris de resolució de casos pràctics i problemes i tutories. A continuació es descriu l'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 professorat en forma de classes magistrals amb suport audiovisual. Les presentacions utilitzades a classe pel professorat estaran prèviament disponibles a l'aula Moodle de l'assignatura. És recomanable que l'alumnat disposi d'aquest material a classe, per utilitzar-lo com a suport a l'hora de prendre apunts. S'aconsella que l'alumnat consulti de forma regular els llibres recomanats a l'apartat de bibliografia d'aquesta guia docent, així com les lectures proposades a l'aula Moodle, per tal de consolidar i clarificar, si és necessari, els continguts explicats a classe.

Seminaris i problemes:

La missió de les classes de seminaris i 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 són sessions amb un nombre reduït d'alumnes (màxim 30 alumnes) on aprofundir o completar els coneixements exposats en les classes magistrals mitjançant la resolució de problemes i la discussió de casos pràctics. L'alumnat rebrà periòdicament lectures recomanades, problemes y casos per resoldre, adreces web per consultar, etc.

Tutories:

Hi haurà fins a 3 sessions de tutoria amb el professorat. En aquestes sessions es resoldran els dubtes que l'alumnat plantegi 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
ADAPTA'T (problema integrador de tota l'assignatura)	10%	0	0	CM11, CM12, KM18, SM15, SM17
Avaluació parcial 1 (Genòmica)	25%	1,5	0,06	CM11, CM12, KM18, SM15, SM17
Avaluació parcial 2 (Proteòmica/Interactòmica)	35%	1,5	0,06	CM11, CM12, KM18, SM15, SM17
PHYLOGENOME (treball integrador de Genòmica)	10%	0	0	CM11, CM12, KM18, SM15, SM17
Problemes setmanals de Genòmica	10%	0	0	CM11, CM12, KM18, SM15, SM17
Seminaris de Proteòmica/Interactòmica	10%	0	0	CM11, CM12, KM18, SM15, SM17

El sistema d'avaluació s'organitza en sis activitats principals. Hi haurà a més un examen de recuperació i una activitat opcional de millora de la nota final. Els detalls de les activitats són:

Activitats d'avaluació principal

(A) Avaluacions parcials. Pes global 60%

- Avaluació parcial 1 (Genòmica). Pes 25%
- Avaluació parcial 2 (Proteòmica/Interactòmica). Pes 35%

Les avaluacions parcials són proves combinades que poden constar de preguntes de tipus test o de preguntes de resposta curta o problemes. Aquestes proves seran eliminatòries de matèria.

Es programarà una avaluació parcial corresponent a la part de Genòmica amb un pes del 25% sobre la nota final de l'assignatura, i una avaluació parcial corresponent a la part de Proteòmica/Interactòmica amb un pes del 35% sobre la nota final de l'assignatura.

Per superar aquestes dues avaluacions cal assolir una nota mínima de 4,0 en cadascuna d'elles.

(B) Avaluacions continuades. Pes global 40%

Al llarg de tot el curs el professorat plantejarà problemes o seminaris relatius a la matèria impartida que l'alumnat haurà de resoldre en forma d'avaluacions, lliuraments o participació activa en els seminaris. Hi haurà quatre tipologies diferents:

- Problemes setmanals de Genòmica. Pes 10%

El caràcter continuat d'aquesta avaluació fa que no es pugui avaluar l'assignatura a no ser que hi hagi una participació mínima en un 50% de les activitats proposades.

- PHYLOGENOME (treball integrador de Genòmica). Pes 10%

El treball contindrà qüestions relatives als diferents temes de la part de Genòmica (<https://phylogenome.omicsuab.org>). Es realitzarà en grups de 3-5 alumnes. El professorat tutoritzarà els treballs i n'avaluarà el progrés setmanalment i al final de l'assignatura.

L'alumnat lliurarà els treballs seguint les directrius de continguts, presentació i terminis fixats.

Aquesta activitat és de caràcter obligatori i la no participació comportarà la no avaluació de l'assignatura.

- Seminaris de Proteòmica/Interactòmica. Pes 10%

El caràcter continuat d'aquesta avaluació fa que no es pugui avaluar l'assignatura a no ser que hi hagi una participació mínima en un 50% de les activitats proposades.

- ADAPTA'T (problema integrador de tota l'assignatura). Pes 10%

Aquesta activitat està vinculada al projecte d'innovació docent ADAPTA'T i dóna l'opció a participar en una experiència d'aprenentatge i servei en el segon semestre, reconeguda amb 2 crèdits de lliure elecció (<https://adaptat.omicsuab.org>).

El problema contindrà qüestions relatives a totes dues parts de l'assignatura (Genòmica i Proteòmica/Interactòmica).

L'alumnat lliurarà el problema seguint les directrius de continguts, presentació i terminis fixats.

Aquesta activitat és de caràcter obligatori i la no participació comportarà la no avaluació de l'assignatura.

Examen de recuperació

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 dedues terceres parts de la qualificació total de l'assignatura.

Es podran recuperar les avaluacions 1 i/o 2 individualment i la nota, si és ≥ 4 , farà promig amb les aprovades en els parcials. En cas que en la/les proves recuperades no s'arribi a un mínim de 4,0, en no poder fer promig, no s'aprova l'assignatura.

Les avaluacions continuades (problemes setmanals de genòmica, treball integrador de genòmica, seminaris de proteòmica/interactòmica i problema integrador de proteòmica/interactòmica), pel seu caràcter continuat, no són recuperables.

Millora de la qualificació final

L'alumnat que, havent superat les avaluacions 1 i 2, vulgui millorar la seva qualificació final, podrà optar a una prova final. Aquesta prova inclourà la totalitat de la matèria. No és possible millorar la nota mitjançant treballs o altres tipus d'activitats.

El grau de dificultat d'aquesta prova es correspondrà amb l'objectiu de la mateixa i, per tant, podrà ser superior al de les avaluacions parcials.

L'alumnat que es presenta a aquesta prova renuncia a les qualificacions de les avaluacions parcials 1 i 2. Per tant, la nota d'aquesta prova de millora serà la que prevaldrà en la qualificació final encara que sigui inferior a l'obtinguda per parcials.

Fórmula de ponderació de la nota final

Nota final = [(Avaluació parcial 1 x 0,25) + (Avaluació parcial 2 x 0,35) + (Problemes setmanals de Genòmica x 0,1) + (Treball integrador de Genòmica x 0,1) + (Seminaris de Proteòmica/Interactòmica x 0,1) + (Problema integrador de l'assignatura x 0,1)]

Aprovat

L'assignatura es considera aprovada si la nota final és ≥ 5 .

No evaluable

L'alumnat obtindrà la qualificació de "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 que s'avaluaran els continguts de tot el programa de teoria de l'assignatura en forma de prova teòrico-pràctica. La prova constarà de preguntes de tipus test, de respostes escrites i de resolució de problemes. La nota obtinguda en aquesta prova de síntesi suposarà el 60% de la nota final de l'assignatura (25% la part de Genòmica, i 35% la part de Proteòmica/Interactòmica). Per superar aquesta prova cal assolir una nota mínima de 4,0 en cadascuna de les dues parts de la prova (Genòmica i Proteòmica/Interactòmica). La prova d'avaluació única es farà coincidint amb la mateixa data fixada en calendari per a la darrera prova d'avaluació parcial i s'aplicarà el mateix sistema de recuperació que per a l'avaluació convencional.

L'avaluació de les diferents activitats d'Avaluació continuada (Problemes setmanals de Genòmica, Projecte genoma (treball integrador de Genòmica), Seminaris de Proteòmica/Interactòmica, ADAPTA'T (problema integrador de tota l'assignatura)) seguirà el mateix procés de l'avaluació convencional. La nota obtinguda suposarà el 40% de la nota final de l'assignatura (10% cadascuna de les quatre activitats). L'alumnat que s'aculli a l'avaluació única podrà lliurar aquestes quatre evidències juntes el mateix dia que el fixat per a la prova de síntesi.

L'alumnat que s'aculli a l'avaluació única ha de fer els Seminaris de Proteòmica/Interactòmica en sessions presencials i en les mateixes condicions que en l'avaluació convencional.

Bibliografia

L'aula Moodle de l'assignatura (<https://omics-elearning.omicsuab.org>) és el recurs didàctic de referència del curs. Allà es proporciona tot el material docent als alumnes, incloses les presentacions PowerPoint, lectures recomanades, vídeos, qüestionaris dels problemes setmanals, informació dels projectes, etc. També s'utilitza per a gestionar els grups de treball, lliuraments i qualificacions, publicar notícies o avisos, recollir el resultat d'enquestes i facilitar la comunicació professorat-alumnat.

L'alumnat hauria de procurar consultar tantes fonts bibliogràfiques i llibres de text com sigui possible, el que els proporcionarà material suficient per a poder confrontar, ampliar i aprofundir en els diferents conceptes que es treballen al llarg de l'assignatura. A més, en el camp de les òmiques, les tècniques i el coneixement avancen a un ritme frenètic i tan sols les publicacions en revistes científiques aconsegueixen mantenir-se al dia. Així, si bé algunes unitats docents queden ben cobertes en els llibres de text, d'altres s'hauran de complementar amb les darreres publicacions en el camp. Per aquest motiu, el material que es facilitarà al llarg del curs proporcionarà les referències a les fonts d'on s'hagi extret.

Llibres de text recomanats:

Brown TA. 2023. Genomes 5. Garland Science, New York, USA. Cinquena edició. [topogràfic 575.113 Bro]
Llibre de text molt complet i fàcil de seguir, que segueix força l'estructura de l'assignatura de GPI: primer es presenten les tècniques, després les anatomies del genoma, seguides de la funció del genoma i finalment la seva evolució. Destaquen sobretot les figures i esquemes, pel que en nombrosos casos s'han utilitzat per a il·lustrar els materials de l'assignatura. També inclou un conjunt de preguntes de resposta curta i problemes de discussió al final de cada capítol.

Lesk AM. 2017. Introduction to genomics. Oxford University Press, Oxford, UK. Tercera edició. [topogràfic 577.113 Les]
Llibre de text molt complet i actualitzat, del qual en destaca un estil d'escriptura molt atractiu que aporta una visió fascinant sobre tot allò que es pot revelar de l'estudi de les òmiques. Acompanyat d'un bon nombre

d'exercicis i problemes de cada tema, destaca el centre de recursos en línia, el qual inclou problemes basats en la web, consells i respostes als problemes i exercicis del final de cada capítol, visita guiada a llocs web i grans bases de dades moleculars, enllaços a lectures complementàries, discussions i figures interactives.

Gibson G i Muse SV. 2009. A primer of genome science. Sinauer Associates, Inc., Sunderland, MA, USA. Tercera edició. [topogràfic 575.113 Gib]

Introducció breu i assequible a la genòmica, proteòmica, metabolòmica i interactòmica. Malgrat que ha quedat una mica desactualitzat, en destaquen les figures i esquemes, les caixes amb explicacions dels mètodes bioinformàtics i el centre de recursos en línia, el qual inclou exercicis de cada capítol amb enllaços i fitxers descarregables, així com enllaços a tots els llocs web referenciats al llarg del llibre.

Twyman RM. 2014. Principles of proteomics. Garland Science, New York, USA. Segona edició. [topogràfic 577.112 Twy]

Proporciona una introducció concisa i fàcil d'utilitzar a les diverses tecnologies que s'utilitzen per a l'anàlisi a gran escala de proteïnes, així com les seves aplicacions i el seu impacte en àmbits com el descobriment de medicaments i l'agricultura. El llibre inclou exemples, estudis de casos i lectures complementàries a cada capítol.

Lovric J. 2011. Introducing proteomics. John Wiley & Sons, Oxford, UK. [Ebook]

Proporciona una visió concisa i coherent de tots els aspectes de la tecnologia de proteòmica actual. Cobreix l'anàlisi de tecnologies de separació de pèptids i proteïnes mitjançant estratègies d'espectrometria de masses i inclou nombrosos exemples i explicacions de per què algunes estratègies són millors que d'altres per a determinades aplicacions.

Mirzaei H i Martin C. 2016. Modern proteomics: Sample preparation, analysis and practical applications. Springer, Berlin, Alemanya. [Ebook]

Manual de referència de proteòmica, que descriu el disseny i l'execució experimentals. També mostra una gran quantitat d'exemples sobre què es pot aconseguir mitjançant tècniques de proteòmica, amb un enfoc particular als detalls tècnics.

Programari

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>
- PopHumanScan, <https://pophumanscan.uab.cat>
- PopHumanVar, <https://pophumanvar.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/>
- 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/>
- Peptide Atlas, <http://www.peptideatlas.org/>
- SRMATlas, <http://www.srmatlas.org/>
- Gene Ontology, <http://geneontology.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>
- RevTrans, <http://www.cbs.dtu.dk/services/RevTrans-2.0/web/>
- 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	631	Català/Espanyol	primer quadrimestre	matí-mixt
(PAUL) Pràctiques d'aula	632	Català/Espanyol	primer quadrimestre	matí-mixt
(SEM) Seminaris	631	Català/Espanyol	primer quadrimestre	matí-mixt
(SEM) Seminaris	632	Català/Espanyol	primer quadrimestre	matí-mixt
(TE) Teoria	63	Català/Espanyol	primer quadrimestre	matí-mixt