

**FITXA IDENTIFICATIVA****DADES DE L'ASSIGNATURA**

Codi: 33183
Nom: Tecnologies d'anàlisi molecular integrada
Cicle: Grau
Crèdits ECTS: 4,5
Curs acadèmic: 2025-26

TITULACIONS

Titulació	Centre	Curs	Període
1111 - Grau en Biotecnologia	Facultat de Ciències Biològiques	3	Segon quadrimestre

MATÈRIES

Titulació	Matèria	Caràcter
1111 - Grau en Biotecnologia	Tecnologies d'Anàlisi Molecular Integrada	OBLIGATÒRIA

COORDINACIÓ

GARCIA MURRIA MARIA JESUS

GARCIA MARTINEZ JOSE

FORTE DELTELL ANABEL

RESUM

Dins del programa del Grau en Biotecnologia de la Universitat de València, Tecnologies d'Anàlisi Molecular Integrat és una assignatura obligatòria que s'imparteix en el tercer curs del Grau. L'assignatura consta de 4,5 crèdits ECTS amb caràcter teòric-pràctic.

Una de les característiques essencials del Programa de Grau en Biotecnologia és la multidisciplinarietat, ja que la realització de molts desenvolupaments biotecnològics precisa de la interacció de diverses tecnologies. En aquest sentit aquest programa ha implementat les tecnologies de la Genòmica i la Proteòmica, que permeten obtenir grans quantitats d'informació, i de la Bioinformàtica, que permet analitzar aquesta informació

CONEIXEMENTS PREVIS**RELACIÓ AMB ALTRES ASSIGNATURES DE LA MATEIXA TITULACIÓ**

No s'ha especificat restriccions de matrícula amb altres assignatures del pla d'estudis.



ALTRES TIPUS DE REQUISITS

Coneiximents previs de metabolisme, genètica i estructura de proteïnes

COMPETÈNCIES / RESULTATS D' APRENENTATGE

-

Actuar con autonomía en el aprendizaje, tomando decisiones fundamentadas en diferentes contextos, emitiendo juicios en base a la experimentación y el análisis y transfiriendo el conocimiento a nuevas situaciones

Capacitat d'anàlisi, síntesi i raonament crític en l'aplicació del mètode científic.

Capacitat per a formar part d'equips multidisciplinaris, per al treball en equip i la cooperació.

Capacitat per a treballar en el laboratori incloent seguretat, manipulació, eliminació de residus i registre anotat d'activitats.

Colaborar eficazmente en equipos de trabajo, asumiendo responsabilidades y funciones de liderazgo y contribuyendo a la mejora y desarrollo colectivo

Conocer las características estructurales y funcionales de las macromoléculas

Conocer las potencialidades de las diferentes técnicas ómicas

Contribuir en el diseño, desarrollo y ejecución de soluciones que den respuesta a demandas sociales, teniendo en cuenta como referente los Objetivos de Desarrollo Sostenible

Demostrar razonamiento crítico y autocrítico en el ámbito de la titulación, considerando aspectos tales como la ética profesional, los valores morales y las implicaciones sociales de las diferentes actividades realizadas

Diseñar protocolos de separación, purificación y caracterización de moléculas biológicas

Dissenyar protocols de separació, purificació i caracterització de molècules biològiques.

Entender las bases de las tecnologías que se utilizan para analizar los resultados de los análisis ómicos

Proposar solucions creatives i innovadores a situacions o problemes complexos, propis de l'àmbit de coneixement, per a donar resposta a les diverses necessitats professionals i socials

Que el estudiantado demuestre su capacidad para calcular correctamente los parámetros relevantes de un proceso o un experimento mediante la representación de los datos experimentales

Que el estudiantado demuestre su capacidad para utilizar herramientas matemáticas y estadísticas para la resolución de problemas biológicos

Que el estudiantado demuestre su capacidad para utilizar las diferentes fuentes bibliográficas y bases de datos biológicos y usar las herramientas bioinformáticas



Saber comunicar-se de manera efectiva, tanto de forma oral como escrita, adaptándose a las características de la situación y de la audiencia

Saber usar la llengua anglesa en la redacció d'informes i per a interpretar la informació a partir de protocols, manuals i bases de dades.

Ser capaç d'identificar les molècules que constitueixen un ésser viu.

Ser capaç de realitzar una anàlisi integrada d'expressió gènica a nivell de transcriptoma, proteoma i metaboloma.

Ser capaz de realizar un análisis integrado de expresión génica a nivel de transcriptoma, proteoma y metaboloma

DESCRIPCIÓ DE CONTINGUTS

1. Introducció

Concepte de ciències òmiques. Història: seqüenciació de genomes i genòmica funcional. Estratègies per a l'estudi global dels diferents sistemes biològics.

2. Preparació i anàlisi de mostres en proteòmica

Proteoma i proteòmica. Preparació i separació de mostres. Espectrometria de masses.

3. Identificació i quantificació de proteïnes

Procediments d'identificació de proteïnes. Quantificació de proteïnes amb i sense marcatge. Proteòmica dirigida.

4. Caracterització del proteoma

Estudi de les modificacions posttraduccionals. Estudi de les interaccions proteïna - proteïna: interactoma i anàlisi de complexos macromoleculars.

5. Metabolòmica

Tècniques per a l'anàlisi del metaboloma. Identificació i quantificació de metabòlits.



6. Mètodes d'anàlisi de l'expressió gènica global

Comparació dels mètodes d'anàlisi individual i els d'anàlisi global. L'anàlisi en sèrie de l'expressió gènica (SAGE) i mètodes derivats. Els xips o micromatrius de DNA: fonaments i aplicacions. Anàlisi dels resultats. Estudis transcriptòmics amb xips de DNA. L'organització funcional dels genomes eucariòtics. Ultraseqüenciació per a estudis transcriptòmics.

7. Estudis fenotípics globals: Fenòmica

Col·leccions de mutants per deleció o apagat amb IRNA. Col·leccions de fusions gèniques. Tècniques d'anàlisi dels estudis fenotípics.

8. Interactòmica i altres òmiques

Interacció entre proteïnes: mètodes d'estudi i escalat genòmic. Interaccions entre proteïnes i DNA: ChIP. Epigenòmica.

9. Eines per a la Bioinformàtica estadística.

Introducció a R, R-Studio and Bioconductor. Tractament i gestió de edades òmiques, incloent-hi accésits a bases de edades on-line, creació d'estructures de dades en R, pre-processat de dades, anotació de gens, etc.

10. Minería de dades

Estudiantes de tècniques que permeten realitzar una primera aproximació a les dades. Components principals i anàlisi cluster.

11. Disseny d'experiments

Introducció al disseny d'experiments i la seua aplicació a la Bioinformàtica

12. Expressió diferencial

Expressió diferencial marginal. Comparaciones múltiples. Tècniques de control de l'error.



13. Anàlisi de grups de gens

Test de Fisher o Multinomial. Estudi de la funcionalidad dels gens amb expressió diferencial.

VOLUM DE TREBALL (HORES)

ACTIVITATS PRESENCIALS

Activitat	Hores
Teoria	31,00
Laboratori	2,00
Aula informàtica	12,00
Total hores	45,00

ACTIVITATS NO PRESENCIALS

Activitat	Hores
Assistència a altres activitats	0,00
Elaboració de treballs individuals o en grup	0,00
Estudi i treball autònom	20,00
Preparació de classes	20,00
Preparació d'activitats d'avaluació	0,00
Resolució de casos pràctics	27,00
Total hores	67,00

METODOLOGIA DOCENT

Classes de teoria: S'impartiran 2 sessions setmanals d'una hora de durada. Fonamentalment, s'utilitzarà el model de lliçó magistral, ja que ofereix la possibilitat que el professor incideixi en els conceptes més rellevants per a la comprensió del tema i s'indicaran els recursos més recomanables per a la preparació posterior del tema en profunditat. S'utilitzaran els mitjans audiovisuals necessaris per al desenvolupament àgil i coherent de les classes. El professor deixarà accessible quan es requereixi, a la plataforma de suport a la docència Aula Virtual, el material necessari per al correcte seguiment de les classes de teoria. En alguns temes, s'utilitzarà el model participatiu, primant la comunicació entre els estudiants i entre aquests i el professor.

Classe pràctica de la part de Proteòmica. Es realitzarà una sessió de 2 hores de durada en l'aula d'informàtica per analitzar espectres de masses i realitzar una búsqueda d'empremta peptídica utilitzant MASCOT.

Classes pràctiques en aula d'informàtica. Són d'assistència obligatòria. Es realitzaran sis sessions de 2 hores de durada cadascuna de la part d'anàlisi estadística. Per a l'anàlisi de dades utilitzarem en l'assignatura el programari R així com diferents paquets, en particular, els relacionats amb Bioconductor.



AVALUACIÓ

L'assignatura s'estructura en 2 parts principals: BIOLOGIA (Genòmica i Proteòmica) i BIOINFORMÀTICA. La part de BIOLOGIA suposa un 50% de la nota final de l'assignatura (20% Genòmica i 30% Proteòmica) mentre que la part de BIOINFORMÀTICA suposa un 50%.

Es realitzarà una avaluació dels continguts de les classes teòriques mitjançant un examen escrit dels 8 primers temes (BIOLOGIA). Serà necessari obtenir un mínim de 3 sobre 10 en cada part (Genòmica i Proteòmica) per poder fer mitjana entre elles.

L'avaluació de la part de Bioinformàtica es realitzarà mitjançant: (1) La resolució i lliurament de pràctiques en R (30%) (2) La redacció d'un disseny experimental (20%). (3) Un treball que contemplarà la comprensió de la part estadística d'un article ja publicat (20%). (4) Un examen que constarà de 3 preguntes sobre la temàtica tractada tant en pràctiques com en teoria (30%). Serà necessari obtenir un mínim de 4 sobre 10 en l'examen per poder sumar la resta de les parts.

Serà necessari obtenir un 40% de la nota màxima en cadascuna de les parts (BIOLOGIA i BIOINFORMÀTICA) per aconseguir l'aprovat. Si s'aprova qualsevol de les dues parts en la primera convocatòria (obtenint un 50% o més de la nota) es podrà optar a presentar-se sols a l'altra part (suspesa) en la segona convocatòria.

BIBLIOGRAFIA



Bàsiques

- Referència b1: -C. David O'Connell & B. David Hames. Proteomics. Scion, 2008.
- Referència b2: - Wim P. Krijnen. Applied Statistics for Bioinformatics using R. GNU Free Document.
- Referència b3: - Jae K. Lee, editor. Statistical Bioinformatics A Guide for Life and Biomedical Science Researchers. Wiley-Blackwell, 2010.
- Referència b4: - E. Wit and J.D. McClure. Statistics for microarrays: design, analysis, and inference. Wiley, 2004.
- Referència b5: -R Development Core Team. R: A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2008. ISBN 3-900051-07-0.
- Referència b6: W.N. Venables and B. D. Ripley. Modern Applied Statistics with S. Springer, New York, fourth edition, 2002. ISBN 0-387-95457-0.
- Referència b7: -J. Verzani. Using R for Introductory Statistics. Chapman & Hall / CRC, 2005.
- Referència b8: -S.B. Primrose y R.M. Twyman. Principles of Gene Manipulation and Genomics. Blackwell. 2007. ISBN 978-1-4051-3544-3
- Referència b9: -Fernando Corrales y Juan J. Calvete (2014) Manual de proteómica. Sociedad Española de Proteómica

Complementàries

- Artículos de revisión publicados en revistas especializadas en el tema.