

**FICHA IDENTIFICATIVA****DATOS DE LA ASIGNATURA****Código:** 42709**Nombre:** Técnicas ómicas para la obtención masiva de datos**Ciclo:** Máster Universitario Oficial**Créditos ECTS:** 6**Curso académico:** 2026-27**TITULACIONES**

| Titulación | Centro | Curso | Periodo |
|---|--------------------------------------|-------|----------------------|
| 2116 - Máster Universitario en Bioinformática | Escola Tècnica Superior d'Enginyeria | 1 | Segundo cuatrimestre |

MATERIAS

| Titulación | Materia | Carácter |
|---|---|-------------|
| 2116 - Máster Universitario en Bioinformática | Técnicas ómicas para la obtención masiva de datos | OBLIGATORIA |

COORDINACIÓN

GIL GARCIA ROSARIO

SANCHEZ DEL PINO MANUEL MATEO

DZUNKOVA - MARIA

RESUMEN

La materia "Técnicas Ómicas" se estudia en el segundo cuatrimestre del Máster en Bioinformática en la Universitat de València. Se trata de una asignatura obligatoria, por lo que deberá ser cursada por todos los/las estudiantes.

Las tecnologías ómicas ocupan desde finales del siglo pasado un papel puntero en buena parte de los descubrimientos científicos en los campos de la Biología que abarca este Máster. El término Genómica fue acuñado en 1986 para hacer referencia a la subdisciplina de la Genética dedicada al estudio de la cartografía, secuenciación y análisis de las funciones de genomas completos. Con posterioridad se ha extendido el sufijo "ómica" a muchas otras disciplinas que tienen en común ser globalizadoras y utilizadas en todos los campos de la Biología actual, dado que una buena parte del contenido de estas ciencias ómicas es metodológico y que la mayor parte de los/las posibles estudiantes ya deben poseer conceptos básicos sobre ellas la presente asignatura se enfoca principalmente al estudio de las metodologías empleadas y de las aplicaciones que tienen en este momento en la investigación en Biología Molecular, Celular, Genética y Microbiología.

**CONOCIMIENTOS PREVIOS****RELACIÓN CON OTRAS ASIGNATURAS DE LA MISMA TITULACIÓN**

No se han especificado restricciones de matrícula con otras asignaturas del plan de estudios.

OTROS TIPOS DE REQUISITOS

Los estudiantes deben tener un nivel suficiente de conocimientos de Biología Molecular y Genética.

COMPETENCIAS / RESULTADOS DE APRENDIZAJE**2116 - Máster Universitario en Bioinformática**

Comprender las capacidades y las limitaciones de las técnicas ómicas así como del tipo de información biomédica relevante que se puede obtener de ellas y saber analizar y adquirir una clara visión del futuro.

Desarrollar la iniciativa personal y ser capaces de realizar una toma rápida y eficaz de decisiones en su labor profesional y/o investigadora.

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/las 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/las 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/las 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/las 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.

Ser capaces de acceder a herramientas de información en otras áreas del conocimiento y utilizarlas apropiadamente.

Ser capaces de acceder a la información necesaria (bases de datos, artículos científicos, etc.) y tener suficiente criterio para su interpretación y empleo.

Ser capaces de valorar la necesidad de completar su formación científica, histórica, en lenguas, en informática, en literatura, en ética, social y humana en general, asistiendo a conferencias o cursos y/o realizando actividades complementarias, autoevaluando la aportación que la realización de estas actividades supone para su formación integral.

Trabajar en equipo con eficiencia en su labor profesional y/o investigadora y con personas de diferente procedencia.



DESCRIPCIÓN DE CONTENIDOS

1. Conceptos generales sobre las tecnologías ómicas

La era de las ciencias ómicas. Genómica funcional y otras ómicas (proteómica, metabolómica, fluxómica...). Sujeto de estudio, enfoques globalizadores y análisis de los resultados.

2. Genómica estructural

Métodos de secuenciación de DNA para genomas completos. Metodologías actuales de ultrasecuenciación (NGS). Tercera generación de secuenciación. Ensamblaje de genomas completos. Anotación y análisis funcional de genomas. Genotipado y resecuenciación. Metagenómica.

3. Genómica funcional

Expresión génica global. Diferentes tipos de RNA. Microarrays. Preparación de genotecas de RNA-seq y análisis de datos. Metatranscriptómica. Transcriptómica de células individuales eucariotas y procariotas. Epigenómica. Multi-ómicas.

4. Proteómica

Preparación y separación de muestras. Modificaciones post-traduccionales, complejos macromoleculares e interacción entre proteínas. Espectrometría de masas. Instrumentación, fragmentación y secuenciación de péptidos. Métodos de adquisición de datos de LC-MS/MS. Identificación y cuantificación de proteínas a gran escala. Aplicaciones.

VOLUMEN DE TRABAJO (HORAS)

ACTIVIDADES PRESENCIALES

| Actividad | Horas |
|--------------------|--------------|
| Teoría | 30,00 |
| Total horas | 30,00 |

ACTIVIDADES NO PRESENCIALES

| Actividad | Horas |
|---|-------|
| Asistencia a otras actividades | 5,00 |
| Elaboración de trabajos individuales o en grupo | 5,00 |
| Estudio y trabajo autónomo | 74,00 |
| Preparación de clases | 0,00 |
| Preparación de actividades de evaluación | 12,00 |



| | |
|-------------------------------|---------------|
| Resolución de casos prácticos | 17,00 |
| Total horas | 113,00 |

METODOLOGÍA DOCENTE

Las siguientes metodologías docentes serán utilizadas para las actividades de este módulo:

- 1) Clases teóricas. Basadas en el método expositivo /lección magistral y en el estudio de casos
- 2) Laboratorio. En el Servicio de Genómica (SCSIE) el alumnado verá una demostración del funcionamiento de los equipos de secuenciación.
- 3) Presentación de casos prácticos e interpretación de resultado (en aula de informática).
- 4) Tutorías personales. Ayudar y guiar a los/las estudiantes en relación con los problemas que surjan durante el desarrollo de las actividades presenciales y no presenciales.

EVALUACIÓN

Evaluación continua del estudiante por la interacción en el aula o laboratorio o en actividades on-line (15%).

Evaluación de las memorias o informes entregados relativos a actividades formativas de problemas y casos de estudio, de actividades transversales o de otras que se planteen (45%).

Evaluación de exámenes presenciales (40%). El examen final de cada una de las 3 partes de la asignatura (Genómica Estructural, Funcional y Proteómica) se realizará de forma independiente y con valoración a partes iguales. El sistema de evaluación de la asignatura implica la superación de un mínimo global (50%) así como unos mínimos (20%) en cada una de las tres partes.

Para la 2ª convocatoria se podrán recuperar todas las actividades evaluables excepto las visitas, y podrá guardarse (si se solicita) la nota de las partes de asignatura en las que se haya alcanzado al menos una nota de 5.

BIBLIOGRAFÍA

- Chee-Seng, K. et al. (2010). Next generation sequencing technologies and their applications. In: Encyclopedia of Life Sciences (ELS). John Wiley & Sons.



- Metzker, ML (2010). Sequencing technologies the next generation. *Nat. Rev. Genet.*, 11: 31-46.
- Brent, M. R. (2006). Genome annotation past, present, and future: How to define an ORF at each locus. *Genome Res.*, 15:1777-1786.
- Handelsman, J. (2004). Metagenomics: application of genomics to uncultured microorganisms. *Microbiol. Mol. Biol. Rev.*, 68: 669-685.
- Xu, Y., and Gogarten, J. P. (2008). *Computational Methods for Understanding Bacterial and Archaeal Genomes. Series on Advances in Bioinformatics and Computational Biology, vol. 7.* Imperial College Press, London.
- Pérez-Ortín, J.E.; Alepuz, P. y Moreno; J. (2007). Genomics and gene transcription kinetics in yeast. *Trends Genet.* 23, 250-257.
- Eidhammer, I., Flikka, K., Martens, L., and Mikalsen, S.-O. (2008). *Computational Methods for Mass Spectrometry Proteomics (Wiley-Interscience).*
- Bar-Even A. et al. (2006). Noise in protein expression scales with natural protein abundance. *Nat. Genet.* 38: 636-643.
- Myers, C. L., et al., 2005. Discovery of biological networks from diverse functional genomic data. *Genome Biology*, 6: R114
- Biological database compilation at NAR: <http://nar.oupjournals.org/content/vol29/issue1>
- EMBL (European Molecular Biology Laboratory), Bioinformatics. http://www-db.embl.de/jss/servlet/de.embl.bk.emblGroups.EmblGroupsOrg/serv_0?t=0
- EXPASy (Expert Protein Analysis System). <http://us.expasy.org/>
- GenomeNet (Kyoto University Bioinformatics Center). <http://www.genome.jp/>
- Gene Ontology Consortium. <http://www.geneontology.org/GO.consortiumlist.shtml>
- GOLD (Genomes Online Database). <http://www.genomesonline.org/>
- KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes). <http://www.genome.jp/kegg/kegg2.html>



- MINT: Molecular Interaction Database. <http://mint.bio.uniroma2.it/mint/Welcome.do>
- NCBI (National Center for Biotechnology Information). <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>
- Saccharomyces Genome Database. <http://www.yeastgenome.org/>