

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

Codi: 42709
Nom: Tècniques òmiques per a l'obtenció massiva de dades
Cicle: Màster Universitari Oficial
Crèdits ECTS: 6
Curs acadèmic: 2026-27

TITULACIONS

Titulació	Centre	Curs	Període
2116 - Màster Universitari en Bioinformàtica	Escola Tècnica Superior d'Enginyeria	1	Segon quadrimestre

MATÈRIES

Titulació	Matèria	Caràcter
2116 - Màster Universitari en Bioinformàtica	Tècniques òmiques per a l'obtenció massiva de dades	OBLIGATÒRIA

COORDINACIÓ

GIL GARCIA ROSARIO

SANCHEZ DEL PINO MANUEL MATEO

DZUNKOVA - MARIA

RESUM

La matèria "Tècniques òmiques per a l'obtenció massiva de dades" s'estudia en el segon quadrimestre del Màster en Bioinformàtica a la Universitat de València. Es tracta d'una assignatura obligatòria i, per tant, haurà de ser cursada per tots l'estudiantat.

Les tecnologies òmiques ocupen des de finals del segle passat un paper capdavanter en bona part dels descobriments científics en els diferents camps de la Biologia. El terme Genòmica va ser emprat per primera vegada en 1986 per fer referència a la subdisciplina de la Genètica dedicada a l'estudi de la cartografia, seqüenciació i anàlisi de les funcions de genomes complets. Amb posterioritat s'ha estès el sufix "òmica" a moltes altres disciplines que tenen en comú ser globalitzadores i utilitzades en tots els camps de la Biologia actual. Donat que una bona part del contingut d'aquestes ciències òmiques és metodològic i que la major part dels possibles estudiants/tes ja han de posseir nocions bàsiques sobre elles, la present assignatura s'enfoca principalment a l'estudi de les metodologies emprades i de les aplicacions que tenen en aquest moment en la investigació en Biologia Molecular i Cel·lular, Genètica i Microbiologia.



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

Els estudiants han de tenir un nivell suficient de coneixements de Biologia Molecular i Genètica.

COMPETÈNCIES / RESULTATS D' APRENENTATGE

2116 - Màster Universitari en Bioinformàtica

Comprendre les capacitats i les limitacions de les tècniques òmiques així com del tipus d'informació biomèdica rellevant que es pot obtenir d'elles i saber analitzar i adquirir una clara visió del futur.

Desenvolupar la iniciativa personal i ser capaces de realitzar una presa ràpida i eficaç de decisions en la seua labor professional i/o investigadora.

Posseir i comprendre coneixements que aportin una base o oportunitat de ser originals en el desenvolupament i / o aplicació d'idees, sovint en un context de recerca.

Que els estudiants posseïsquen les habilitats d'aprenentatge que els permeten continuar estudiant d'una forma que haurà de ser en gran manera autodirigida o autònoma.

Que els estudiants sàpiguen aplicar els coneixements adquirits i la seua capacitat de resolució de problemes en entorns nous o poc coneguts dins de contextos més amplis (o multidisciplinaris) relacionats amb la seua àrea d'estudi.

Que els estudiants sàpiguen comunicar les conclusions (i els coneixements i les raons últimes que les sustenten) a públics especialitzats i no especialitzats d'una manera clara i sense ambigüitats.

Que els estudiants siguen capaços d'integrar coneixements i afrontar la complexitat de formular judicis a partir d'una informació que, sent incompleta o limitada, incloga reflexions sobre les responsabilitats socials i ètiques vinculades a l'aplicació dels seus coneixements i judicis.

Ser capaços d'accedir a ferramentes d'informació en altres àrees del coneixement i utilitzar-les apropiadament.

Ser capaços d'accedir a la informació necessària (bases de dades, articles científics, etc.) i tenir prou criteri per a la seua interpretació i utilització.

Ser capaços de valorar la necessitat de completar la seua formació científica, històrica, en llengües, en



informàtica, en literatura, en ètica, social i humana en general, assistint a conferències o cursos i / o realitzant activitats complementàries, autoavaluant l'aportació que la realització d'aquestes activitats suposa per a la seva formació integral.

Treballar en equip amb eficiència en la seua labor professional y/o investigadora i amb persones de diferent procedència.

DESCRIPCIÓ DE CONTINGUTS

1. Conceptes generals sobre les tecnologies òmiques

L'era de les ciències òmiques. Genòmica funcional i altres òmiques (proteòmica, metabolòmica, fluxòmica...). Subjecte d'estudi, enfocaments globalitzadors i anàlisi dels resultats.

2. Genòmica estructural

Mètodes de seqüenciació de DNA per a genomes complets. Metodologies actuals d'ultraseqüenciació (NGS). Tercera generació de seqüenciació. Assemblatge de genomes complets. Anotació i anàlisi funcional de genomes. Genotipat i resseqüenciació. Metagenòmica.

3. Genòmica funcional

Expressió gènica global. Diferents tipus de RNA. Microarrays. Preparació de genoteques de RNA-seq i anàlisi de dades. Metatranscriptòmica. Transcriptòmica de cèl·lules individuals eucariotes i procariotes. Epigenòmica. Multi-òmiques.

4. Proteòmica

Preparació i separació de mostres. Modificacions posttraduccional, complexos macromoleculars i interacció entre proteïnes. Espectrometria de masses. Instrumentació, fragmentació i seqüenciació de pèptids. Mètodes d'adquisició de dades de LC-MS/MS. Identificació i quantificació de proteïnes a gran escala. Aplicacions.

VOLUM DE TREBALL (HORES)

ACTIVITATS PRESENCIALS

Activitat	Hores
Teoria	30,00
Total hores	30,00

ACTIVITATS NO PRESENCIALS



Activitat	Hores
Assistència a altres activitats	5,00
Elaboració de treballs individuals o en grup	5,00
Estudi i treball autònom	74,00
Preparació de classes	0,00
Preparació d'activitats d'avaluació	12,00
Resolució de casos pràctics	17,00
Total hores	113,00

METODOLOGIA DOCENT

Les següents metodologies docents seran utilitzades per a les activitats d'aquest mòdul:

- 1) Classes teòriques. Basades en el mètode expositiu/l·liçó magistral i en l'estudi de casos.
- 2) Laboratori. Al Servei de Genòmica (SCSIE) el alumnat veura una demostració del funcionament dels equips de seqüenciació i xips de DNA.
- 3) Presentació de casos pràctics i interpretació de resultat (en aula d'informàtica).
- 4) Tutories personals. Ajudar i guiar a l'estudiantat en relació amb els problemes que puguin sorgir durant el desenvolupament de les activitats presencials i no presencials.

AVALUACIÓ

Avaluació contínua de l'estudiant per la interacció a l'aula o el laboratori o en activitats on-line (15%).

Avaluació de les memòries o informes lliurats relatius a activitats formatives de problemes i casos d'estudi, d'activitats transversals o d'altres que es plantegen (45%).

Avaluació dels exàmens presencials (40%). L'examen final de cadascuna de les 3 parts de l'assignatura (Genòmica Estructural, Funcional i Proteòmica) es realitzarà de manera independent i amb valoració a parts iguals. El sistema d'avaluació de l'assignatura implica la superació d'un mínim global (50%) així com uns mínims (20%) en cadascuna de les tres parts.

Les activitats avaluable hauran de lliurar-se dins del termini establert. La visita de Genòmica Estructural només es podrà realitzar a la data proposada cada curs. A la part de Genòmica Funcional, les activitats no lliurades en termini no podran recuperar-se en la segona convocatòria.

BIBLIOGRAFIA



- 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/>