

**FICHA IDENTIFICATIVA****DATOS DE LA ASIGNATURA**

**Código:** 43458  
**Nombre:** Tecnologías ómicas  
**Ciclo:** Máster Universitario Oficial / Postgrado Doctorado  
**Créditos ECTS:** 3  
**Curso académico:** 2025-26

**TITULACIONES**

| Titulación   | Centro                           | Curso | Periodo             |
|--|----------------------------------|-------|---------------------|
| 2210 - Máster Universitario en Investig. en Biología Molecular, Celular y Genética | Facultat de Ciències Biològiques | 1     | Primer cuatrimestre |
| 3173 - Doct. en Biomedicina y Biotecnología  | Escola de Doctorat               |       | Primer cuatrimestre |

**MATERIAS**

| Titulación   | Materia            | Carácter    |
|--|--------------------|-------------|
| 2210 - Máster Universitario en Investig. en Biología Molecular, Celular y Genética | Tecnologías ómicas | OBLIGATORIA |
| 3173 - Doct. en Biomedicina y Biotecnología  |                    |             |

**COORDINACIÓN**

GIL GARCIA ROSARIO

**RESUMEN**

La materia "Técnicas Ómicas" se estudia en el primer cuatrimestre del Máster de Investigación en Biología Molecular, Celular y Genética en la Universitat de València. Se trata de una asignatura obligatoria, por lo que deberá ser cursada por todos los 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 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.

ecular, 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

## COMPETENCIAS / RESULTADOS DE APRENDIZAJE

### 2210 - Máster Universitario en Investig. en Biología Molecular, Celular y Genética

Diseñar experimentos para abordar análisis de poblaciones celulares, expresión génica, cuantificación de mRNAs o proteínas.

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 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 realizar una toma rápida y eficaz de decisiones en su labor profesional o investigadora.

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.

Ser capaz de interpretar los resultados derivados de la aplicación de las nuevas técnicas ómicas en biología molecular y celular.

## DESCRIPCIÓN DE CONTENIDOS



## 1. Introducción

La era de las ciencias ómicas. Genómica funcional y otras ómicas. Sujeto de estudio, enfoques globalizadores y análisis de los resultados.

Profesora Rosario Gil.

## 2. Métodos de secuenciación de DNA para genomas completos

Metodologías actuales de ultrasecuenciación (HTS). Tercera generación de HTS. Ensamblaje de genomas completos. Anotación y análisis funcional de genomas. Metagenómica y Metatranscriptómica.

Profesora Rosario Gil

## 3. Métodos de análisis de la expresión génica global

Comparación de los métodos de análisis individual y los de análisis global. El análisis en serie de la expresión génica (SAGE) y métodos derivados. Los chips o micromatrices de DNA: fundamentos y aplicaciones. Análisis de los resultados.

Estudios transcriptómicos con chips de DNA. La organización funcional de los genomas eucarióticos. Ultrasecuenciación para estudios transcriptómicos. CHIP-chip y CHIP-seq.

Profesor José García Martínez

## 4. Estudios fenotípicos globales

Fenómica. Colecciones de mutantes por delección o apagado con iRNA. Colecciones de fusiones génicas. Técnicas de análisis de los estudios fenotípicos.

Profesor José García Martínez

## 5. Preparación y separación de muestras en Proteómica

Preparación de muestras para su análisis por técnicas proteómicas. Técnicas de separación de péptidos y proteínas. Proteómica Bottom-up y Top-down.

Profesor Manuel Sánchez del Pino

## 6. Espectrometría de masas: instrumentación y procedimientos

Ionización de muestras biológicas y tipos de analizadores de masas. Fragmentación y secuenciación de novo de péptidos. Experimentos de LC-MS/MS y métodos de adquisición de datos en proteómica.

Profesor Manuel Sánchez del Pino



## 7. Identificación y cuantificación de proteínas

Métodos de identificación de proteínas. Utilización de motores de búsqueda. Análisis de complejos macromoleculares. Cuantificación de proteínas: métodos con y sin marcaje. Proteómica dirigida (SRM/MRM). Análisis de redes de interacción y rutas metabólicas.

Profesor Manuel Sánchez del Pino

### VOLUMEN DE TRABAJO (HORAS)

#### ACTIVIDADES PRESENCIALES

| Actividad          | Horas        |
|--------------------|--------------|
| Teoría             | 17,00        |
| Prácticas en aula  | 7,00         |
| Otras actividades  | 3,00         |
| Aula informática   | 3,00         |
| <b>Total horas</b> | <b>30,00</b> |

#### ACTIVIDADES NO PRESENCIALES

| Actividad                                       | Horas        |
|---|--------------|
| Asistencia a otras actividades                  | 0,00         |
| Elaboración de trabajos individuales o en grupo | 0,00         |
| Estudio y trabajo autónomo                      | 0,00         |
| Preparación de clases                           | 0,00         |
| Preparación de actividades de evaluación        | 45,00        |
| Resolución de casos prácticos                   | 0,00         |
| <b>Total horas</b>                              | <b>45,00</b> |

### 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. Visita a los Servicios de Genómica y Proteómica (SCSIE) en grupos reducidos, para conocer de primera mano el funcionamiento de los equipos de secuenciación, espectrometría de masas y electroforesis bidimensional.
3. Presentación de casos prácticos e interpretación de resultados.
4. Tutorías personales. Ayudar y guiar a los estudiantes en relación con los problemas que surjan durante el desarrollo de las actividades presenciales y no presenciales.

y no presenciales.

### EVALUACIÓN



1. Prueba escrita con tres partes, cada una de 45 minutos de duración. Una de las preguntas corresponderá a la resolución de algún caso práctico. La nota del examen será la media de las 3 partes. Será condición indispensable para superar la asignatura conseguir al menos una puntuación de 3 sobre 10 en cada parte. Esta prueba supone en 95% de la nota global de la asignatura.

En segunda convocatoria se guardarán las notas iguales o superiores a 5 en la prueba escrita de la primera convocatoria si el/la estudiante lo considera oportuno.

2. Participación en las visitas a los Servicios de Secuenciación y Proteómica del SCSIE: Cada visita supone el 2,5% de la nota de la asignatura.

## BIBLIOGRAFÍA

- Bamshad MJ et al. (2011). Exome sequencing as a tool for Mendelian disease gene discovery. *Nat Rev Genet* 12: 745-755.
- Bunnik EM, Le Roch KG (2013). An Introduction to Functional Genomics and Systems Biology. *Adv Wound Care* 2: 490498.
- Chee-Seng K et al. (2011). Next generation sequencing technologies and their applications. In: *Encyclopedia of Life Sciences (ELS)*. John Wiley & Sons.
- Corrales F, Calvete JJ (2014). *Manual de Proteómica*. Sociedad Española de Proteómica.
- Eidhammer I et al. (2008). *Computational Methods for Mass Spectrometry Proteomics* (Wiley-Interscience).
- Ekblom R, Wolf B W (2014). A field guide to whole-genome sequencing, assembly and annotation. *Evo. Appl* 7: 1026-1042.
- Gasperskaja E, Ku inskas V. (2017). The most common technologies and tools for functional genome analysis. *Acta Med Litu* 24: 111. doi:10.6001/actamedica.v24i1.3457
- Goodwin S et al. (2016). Coming of age: ten years of next-generation sequencing technologies. *Nat Rev Genet* 17: 333351.
- Götz S et al. (2008). High-throughput functional annotation and data mining with the Blast2GO suite. *Nucleic Acids Res* 36: 3420-3435.
- Gresham D et al. (2008). Comparing whole genomes using DNA microarrays. *Nat Rev Genet* 9:



291302.

- Haas B J, Zody M C (2010). Advancing RNA-Seq analysis. *Nat Biotechnol* 28: 421-423.
- Hrdlickova et al. (2017). RNA-Seq methods for transcriptome analysis. *Wiley interdisciplinary reviews. RNA* 8: 10.1002/wrna.1364. doi:10.1002/wrna.1364
- Kanehisa M et al. (2012). KEGG for integration and interpretation of large-scale molecular data sets. *Nucleic Acids Res* 40: D109D114.
- Keseler IM et al. (2012). EcoCyc: fusing model organism databases with systems biology. *Nucleic Acids Res* 41: D605-D612.
- Kulski JK (2015). Next-Generation Sequencing An overview of the history, tools and omic applications. In *Next Generation Sequencing - Advances, Applications and Challenges*, Kulski J (Ed.), InTech, DOI: 10.5772/61964.
- Kurdyukov S, Bullock M (2016). DNA methylation analysis: choosing the right method. *Biology* 5: 121.
- Metzker ML (2010). Sequencing technologies the next generation. *Nat Rev Genet* 11: 31-46.
- Morgan CX, Huttenhower C (2012). Human Microbiome Analysis. *PLoS Comp Biol* 8: e1002808.
- Myers CL et al., 2005. Discovery of biological networks from diverse functional genomic data. *Genome Biology* 6: R114.
- Nagarajan N, Pop M (2013). Sequence assembly demystified. *Nat Rev Genet* 14: 157-167.
- Pérez-Ortín JE et al (2007). Genomics and gene transcription kinetics in yeast. *Trends Genet* 23: 250-257.
- Richardson EJ, Watson M (2012). The automatic annotation of bacterial genomes. *Brief Bioinform.* doi: 10.1093/bib/bbs007.
- Teeling H, Glöckner FO (2012). Current opportunities and challenges in microbial metagenome analysis-a bioinformatic perspective. *Brief Bioinform* 13: 728-742.
- The ENCODE Project Consortium (2012). An integrated encyclopedia of DNA elements in the



human genome. Nature 489: 5774

- Internet: 1000 Genomes: A Deep Catalog of Human Genetic Variation. <http://www.1000genomes.org/> BioCyC: <http://biocyc.org/> Blast2GO: <http://www.blast2go.com/home> EMBL-EBI (European Bioinformatics Institute). <http://www.ebi.ac.uk/> ExPASy (Expert Protein Analysis System). <http://us.expasy.org/> Gene Ontology Consortium. <http://www.geneontology.org/> GenomeNet (Kyoto University Bioinformatics Center). <http://www.genome.jp/> GOLD (Genomes Online Database). <http://www.genomesonline.org/> Human Genome Project Information. [http://www.ornl.gov/sci/techresources/Human\\_Genome/home.shtml](http://www.ornl.gov/sci/techresources/Human_Genome/home.shtml) 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> National Human Genome Research Institute: <http://www.genome.gov/> NCBI (National Center for Biotechnology Information). <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/> Nextprot. <https://www.nextprot.org> NIH Human Microbiome Project. <https://hmpdacc.org/> Saccharomyces Genome Database. <http://www.yeastgenome.org/> STRING. <https://string-db.org> The ENCODE Project: ENCyclopedia Of DNA Elements. <http://www.genome.gov/10005107> The Human Protein atlas. <https://www.proteinatlas.org>