

	PROCESO PARA EL DESARROLLO DE LAS ENSEÑANZAS DE LA FACULTAD DE CIENCIAS DE LA UEx		 FACULTAD DE CIENCIAS <small>[UEx]</small>
	Curso académico: 2024-25	Código: P/CL009_FC_D002	

PLAN DOCENTE DE LA ASIGNATURA

Identificación y características de la asignatura			
Código	401361	Créditos ECTS	6
Denominación (español)	Genómica, Proteómica y Bioinformática		
Denominación (inglés)	Genomics, Proteomics, and Bioinformatics		
Titulaciones	Máster en Biotecnología Avanzada		
Centro	Facultad de Ciencias		
Semestre	1º	Carácter	Obligatoria
Módulo	Fundamental		
Materia	Genómica, Proteómica y Bioinformática		
Profesorado			
Nombre	Despacho	Correo-e	Página web
Francisco Javier Martín Romero	1L5. Edificio Institutos Universitarios de Investigación	fjmartin@unex.es	
Felipe Roberto Molina Rodríguez	DG2. Edificio Margarita Salas		
Área de conocimiento	Bioquímica y Biología Molecular / Genética		
Departamento	Bioquímica y Biología Molecular y Genética		
Profesor coordinador	Francisco Javier Martín Romero		
Competencias			
<p>1. <u>Competencias básicas</u></p> <p>CB6 - Poseer y comprender conocimientos que aporten una base u oportunidad de ser originales en el desarrollo y/o aplicación de ideas en un contexto de investigación.</p> <p>CB7 - Que los 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.</p> <p>CB8 - Que los 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.</p> <p>CB9 - Que los 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</p> <p>CB10 - Que los estudiantes posean las habilidades de aprendizaje que les permitan continuar estudiando de un modo que habrá de ser en gran medida autodirigido o autónomo.</p>			
<p>2. <u>Competencias generales</u></p> <p>CG1 - Capacidad para concebir, redactar, organizar, planificar, dirigir y desarrollar proyectos que tengan por objeto, de acuerdo con los conocimientos adquiridos, la concepción, el desarrollo o la explotación de técnicas e instalaciones en el ámbito de la Biotecnología.</p> <p>CG2 - Capacidad para aplicar conocimientos de ciencias y tecnologías básicas a sistemas biológicos y sanitarios, trasladando el aprendizaje teórico a un contexto práctico</p> <p>CG3 - Capacidad para analizar y valorar el impacto social y medioambiental de las soluciones técnicas, comprendiendo la responsabilidad ética y profesional en el ámbito de la</p>			

	PROCESO PARA EL DESARROLLO DE LAS ENSEÑANZAS DE LA FACULTAD DE CIENCIAS DE LA UEX		 FACULTAD DE CIENCIAS <small>[UEX]</small>
	Curso académico: 2024-25	Código: P/CL009_FC_D002	

Biotecnología.

CG4 - Conocimiento y aplicación de elementos básicos de organización, de gestión de recursos humanos y planificación en el ámbito de la empresa y otras instituciones

CG5 - Capacidad para comunicar y transmitir los conocimientos y conclusiones en el ámbito de la Biotecnología, a público especializado y no especializado, de un modo claro y preciso.

CG6 - Adquisición en la actividad profesional de un punto de vista crítico, creativo, con escepticismo constructivo y orientado a la investigación.

3. Competencias transversales

CT1 - Destreza en el manejo de las herramientas informáticas básicas para emplear y aplicar tecnología de información y comunicación (TIC) en el ámbito formativo y profesional.

CT2 - Capacidad para buscar, analizar y gestionar la información de libros de texto avanzados y acceder a conocimientos procedentes de la vanguardia del campo de estudio del título, incluyendo la capacidad de interpretación y evaluación.

CT3 - Capacidad de auto-evaluación y aprendizaje para mantener actualizados los conocimientos, habilidades y actitudes mediante un proceso de formación continua desarrollado con un alto grado de autonomía.

CT4 - Capacidad de análisis, síntesis e interpretación de datos e información relevante que permitan al alumno desarrollar ideas, resolver problemas y emitir un razonamiento crítico y autocrítico sobre temas científicos o éticos, comprendiendo el valor y los límites del método científico.

CT5 - Capacidad de expresión y dominio suficiente del inglés especializado en el ámbito de la Biotecnología.

CT6 - Habilidad para trabajar en equipos multidisciplinares adaptándose positivamente a diferentes contextos y situaciones.

CT7 - Capacidad de resolver problemas complejos.

CT8 - Respeto a los derechos fundamentales y de igualdad entre hombres y mujeres, así como adquisición de un compromiso ético de respeto a la vida y al medio ambiente.

CT9 - Capacidad de generar nuevas ideas (creatividad) y de tener iniciativa y espíritu emprendedor.

4. Competencias específicas

CE4 - Capacidad para desarrollar competencias técnicas y científicas en el contexto de un laboratorio de investigación o de una empresa biotecnológica.

CE5 - Capacidad para planificar, concebir, desplegar y dirigir proyectos, servicios y sistemas en el ámbito de la Biotecnología, liderando su puesta en marcha y su mejora continua y valorando su impacto económico y científico.

CE6 - Adquirir el dominio de la terminología avanzada usada habitualmente en Bioquímica y Biología Molecular.

CE7 - Conocimiento de las técnicas avanzadas analíticas, experimentales e informáticas habituales en Bioquímica y Biología Molecular.

CE9 - Entender los niveles de complejidad de la información biológica: mecanismo básico de la herencia; epigenética y herencia extranuclear; interacciones con el ambiente y plasticidad fenotípica.

CE10 - Conocimiento avanzado y capacidad de empleo de técnicas de ingeniería genética y análisis de proteínas.

CE12 - Analizar, modelar y calcular sistemas biológicos utilizando balances de materia y energía y mecanismos moleculares, tanto en régimen estacionario como no estacionario, e identificar

	PROCESO PARA EL DESARROLLO DE LAS ENSEÑANZAS DE LA FACULTAD DE CIENCIAS DE LA UEX		 FACULTAD DE CIENCIAS <small>[UEX]</small>
	Curso académico: 2024-25	Código: P/CL009_FC_D002	

sus aplicaciones.

CE18 - Conocer el contenido y estructura de las principales bases de datos biológicas, así como de las aplicaciones de búsqueda y análisis.

CE19 - Comprender los algoritmos y criterios de optimización usados en la resolución de problemas bioinformáticos.

CE20 - Comprender la relevancia del estudio de los distintos niveles de información en los sistemas vivos: trascendencia de las "ómicas" y su aplicación en diagnóstico y biotecnología.

Contenidos

Breve descripción del contenido

La asignatura comprende un conjunto de temas a desarrollar en aula (grupo grande) y de clases prácticas en una sala de ordenadores con conexión a internet en las que se desarrollarán diferentes actividades para estudiar y comprender los objetivos y aplicaciones de la Bioinformática, los algoritmos y bases de datos, los modelos de evolución de secuencias de ácidos nucleicos y proteínas, la estructura de los genomas, la comparación de secuencias: alineamientos y su análisis, las filogenias moleculares: métodos de reconstrucción y aplicaciones, el modelado estructural de proteínas y la genómica funcional.

Temario de la asignatura

Denominación del tema 1: **Introducción.**

Contenidos del tema 1: Genomas y procesamiento somático. Genomas vs otros 'omas. Fenotipos complejos e interacciones. Genoma mitocondrial: migración de genes entre genomas y lastre genético en machos. Diversidad vs. divergencia.

Descripción de las actividades prácticas del tema 1: No hay prácticas en el tema 1.

Denominación del tema 2: **Evolución de los genomas.**

Contenidos del tema 2: Niveles de evolución. Diversidad alélica vs. nucleotídica. Equilibrios estables e inestables. Tipos de selección y paisajes adaptativos. Evolución experimental del genoma. Límites a la adaptación. Deriva genética. N vs N_e . Tasa de sustitución. Desequilibrio de ligamiento. Arrastre genético, barrido selectivo y su detección en el genoma: longitud y abundancia de haplotipos.

Descripción de las actividades prácticas del tema 2: No hay prácticas en el tema 2.

Denominación del tema 3: **Tamaño del genoma: paradojas y complejidad.**

Contenidos del tema 3: Aumento del tamaño del genoma. Límite de Darwin-Eigen. El cromosoma eucariota. Paradojas y tamaño del genoma, valor C y G . Estructura de los genomas. El proyecto ENCODE y el "DNA basura". Estructura y dinámica del genoma bacteriano. Profagos y factores de virulencia. Sesgo en el uso de codones. Proporción de pares GC.

Descripción de las actividades prácticas del tema 3: No hay prácticas en el tema 3.

Denominación del tema 4: **Mutación y patrones de sustitución.**

Contenidos del tema 4: Naturaleza de la mutación. Evolución de las tasas de mutación. Robustez mutacional. Test de selección McDonald-Kreitman. Relojes moleculares. Substitución y saturación. Modelos de evolución de secuencias.

Descripción de las actividades prácticas del tema 4: No hay prácticas en el tema 4.

Denominación del tema 5: **Similitudes y principios de alineación de secuencias.**

Contenidos del tema 5: Identidad, conservación, similitud y homología. Zonas de seguridad y penumbra. Tipos de homología. Tipos de alineamientos de secuencias. Matrices de puntos. Cribado de datos e identificación de dominios. Matrices y sistemas de penalización de "gaps". Programación dinámica y algoritmo de Needleman-Wunsch. Alineamientos múltiples y de

	PROCESO PARA EL DESARROLLO DE LAS ENSEÑANZAS DE LA FACULTAD DE CIENCIAS DE LA UEx		 FACULTAD DE CIENCIAS <small>[UEx]</small>
	Curso académico: 2024-25	Código: P/CL009_FC_D002	

<p>genomas completos</p> <p>Descripción de las actividades prácticas del tema 5: No hay prácticas en el tema 5.</p>
<p>Denominación del tema 6: Redes y árboles.</p> <p>Contenidos del tema 6: Tipos de redes biológicas. Interactoma. Árboles y topología de redes. Robustez e histéresis. Circuitos de control anticipativo. Modularidad, coherencia e incoherencia. Métodos de reconstrucción de filogenias. Plataformas para el análisis de grafos. Cytoscape Apps.</p> <p>Descripción de las actividades prácticas del tema 6: Cytoscape. Creación y manipulación de una red biológica. Algoritmos de visualización. Análisis de la estructura de los grafos.</p>
<p>Denominación del tema 7: Predicción de genes y anotación de genomas</p> <p>Aproximaciones. Predicción "ab initio". Eucariotas vs Procariotas. Señales y contenido. Herramientas de anotación. Predicción basada en homología.</p> <p>Descripción de las actividades prácticas del tema 7: No hay prácticas en el tema 7</p>
<p>Denominación del tema 8: Bases de datos de utilidad en Biotecnología.</p> <p>Contenidos del tema 8: Plataforma NCBI: Búsqueda de secuencias de nucleótidos: Bases Nucleotide (GenBank) y Gene: características y limitaciones. Anotación de secuencias y números de acceso. Bases de datos de genomas (Entrez Genome). Navegadores para genomas: ENSEMBL. Base de datos de proteínas: Entrez Protein y UniprotKB/Swiss-Prot. Bases de datos para rutas metabólicas. Bases de datos de modificaciones postraduccionales (PTMs).</p> <p>Descripción de las actividades prácticas del tema 8: Ejercicios prácticos con NCBI Gene, Nucleotide, Genomes. Búsqueda de secuencias. Ejercicios prácticos con NCBI Protein, Uniprot, Phosphosite y KEGG.</p>
<p>Denominación del tema 9: Herramientas para el trabajo con secuencias simples y para la comparación de secuencias.</p> <p>Contenidos del tema 9: Generación de mapas de restricción y diseño de primers. Localización de ORFs. Similitudes entre secuencias. Homología, similitud e identidad. BLAST. Ejecución de búsquedas, parámetros avanzados, e interpretación de resultados. Otras posibilidades: blastx, tblastn, tblastx. PSI-BLAST. Valor E: interpretación.</p> <p>Descripción de las actividades prácticas del tema 9: Análisis de secuencias. SnapGene y diseño de primers para PCR. Trabajo con BLASTn, BLASTp, y herramientas afines.</p>
<p>Denominación del tema 10: Alineamientos de múltiples secuencias</p> <p>Contenidos del tema 10: Alineamiento de múltiples secuencias (MSA): BLAST, Clustal, Muscle, T-Coffee, M-Coffee, Expresso. Edición y preparación de MSA para publicación.</p> <p>Descripción de las actividades prácticas del tema 10: Ejercicios prácticos para la generación de alineamientos a partir de secuencias simples. Identificación de residuos importantes en proteínas.</p>
<p>Denominación del tema 11: Filogenia molecular.</p> <p>Contenidos del tema 11: Introducción a la filogenia molecular. Alineamientos de múltiples secuencias. Construcción de árboles filogenéticos. Evaluación de la calidad de los árboles filogenéticos.</p> <p>Descripción de las actividades prácticas del tema 11: Elaboración de árboles filogenéticos con ejemplos prácticos.</p>
<p>Denominación del tema 12: Análisis de secuencias de proteínas.</p> <p>Contenidos del tema 12: Bioquímica in silico (ExpASY). Dominios funcionales y predicción de dominios. Colecciones de dominios (Pfam, Prosite, Conserve Domain Database). Análisis de archivos PDB. Jmol. AlphaFold. Modelado molecular con Swiss Model.</p>

	PROCESO PARA EL DESARROLLO DE LAS ENSEÑANZAS DE LA FACULTAD DE CIENCIAS DE LA UEx		 FACULTAD DE CIENCIAS <small>[UEx]</small>
	Curso académico: 2024-25	Código: P/CL009_FC_D002	

Descripción de las actividades prácticas del tema 12: Trabajo con Expasy, Uniprot, BLASTp. Identificación de dominios en casos prácticos. Identificación de cambios estructurales a partir de secuencias de proteínas.

Denominación del tema 13: **Bases de datos y análisis de la expresión génica.**
 Contenidos del tema 13: Bibliotecas de cDNAs. Bases de datos de ESTs. Microarrays. Hibridación genómica comparada. Gene expression Omnibus y ArrayExpress.
 Descripción de las actividades prácticas del tema 13: GEO. Captura de datos y análisis de resultados de expresión génica

Denominación del tema 14: **Bases de datos y análisis del genoma humano.**
 Contenidos del tema 14: Proyecto Genoma Humano. Variaciones: secuenciación de genomas individuales, SNPs y dbSNP: enfermedades derivadas. Bases de datos de fenotipos: OMIM.
 Descripción de las actividades prácticas del tema 14: OMIM. Localización y naturaleza de mutaciones relacionadas con enfermedades monogénicas y enfermedades genómicas complejas.

Actividades formativas								
Horas de trabajo del alumno/a por tema		Horas Gran grupo	Actividades prácticas				Actividad de seguimiento	No presencial
Tema	Total		CH	L	O	S		
1	8	2						6
2	10	3						7
3	10	3						7
4	10	3						7
5	10	3						7
6	12.5	2		1.5		2		7
7	9	3						6
8	11	3		1				7
9	11	3		2				6
10	11	3		2				6
11	10	3		1				6
12	12.5	3		2		1.5		6
13	10	3		1				6
14	13	3		2		2		6
Evaluación	2	2						
TOTAL	150	42		12.5		5.5		90

GG: Grupo Grande (85 estudiantes).
 CH: prácticas clínicas hospitalarias (7 estudiantes)
 L: prácticas laboratorio o campo (15 estudiantes)
 O: prácticas sala ordenador o laboratorio de idiomas (20 estudiantes)
 S: clases problemas o seminarios o casos prácticos (40 estudiantes).
 TP: Tutorías Programadas (seguimiento docente, tipo tutorías ECTS).
 EP: Estudio personal, trabajos individuales o en grupo, y lectura de bibliografía.

	PROCESO PARA EL DESARROLLO DE LAS ENSEÑANZAS DE LA FACULTAD DE CIENCIAS DE LA UEx		 FACULTAD DE CIENCIAS <small>[UEX]</small>
	Curso académico: 2024-25	Código: P/CL009_FC_D002	

Metodologías docentes

1. Clases expositivas de teoría y problemas. Descripción: método expositivo que consiste en la presentación por parte del profesor de los contenidos sobre la materia objeto de estudio. También incluye la resolución de problemas ejemplo por parte del profesor
2. Resolución, análisis y discusión de problemas prácticos propuestos. Descripción: método basado en el planteamiento de problemas por parte del profesor y la resolución de los mismos en el aula. Los estudiantes desarrollan e interpretan soluciones adecuadas a partir de la aplicación de procedimientos de resolución de problemas.
3. Aprendizaje basado en problemas (ABP). Descripción: método de enseñanza/aprendizaje que tiene como punto de partida un problema que ha diseñado el profesor y que el estudiante resuelve de manera autónoma o guiada para desarrollar determinadas competencias previamente definidas.
4. Aprendizaje basado en proyectos. Descripción: método de enseñanza-aprendizaje en el que el estudiante lleva a cabo la realización de un proyecto en un tiempo determinado para resolver un problema o abordar una tarea mediante la planificación, diseño y realización de una serie de actividades a partir del desarrollo y aplicación de aprendizajes adquiridos y del uso efectivo de recursos.
5. Aprendizaje a partir de la experimentación. Descripción: método de enseñanza-aprendizaje basado en el método científico en el que el estudiante plantea hipótesis, experimenta, recopila datos, busca información, aplica modelos, contrasta las hipótesis y extrae conclusiones.
6. Aprendizaje cooperativo. Descripción: método de enseñanza-aprendizaje basado en un enfoque interactivo de organización del trabajo. Se trata de lograr un intercambio efectivo de información entre los estudiantes, los cuales deben estar motivados tanto para lograr su propio aprendizaje como el de los demás.
7. Aprendizaje a través del aula virtual. Descripción: situación de enseñanza/aprendizaje en la que se usa un ordenador con conexión a la red como sistema de comunicación entre profesor y estudiante e incluso entre los estudiantes entre si y se desarrolla un plan de actividades formativas.

Resultados de aprendizaje

1. Conocer la importancia de la Bioinformática, sus fundamentos y aplicaciones.
2. Saber cómo localizar recursos bioinformáticos sobre genes, genomas y proteínas.
3. Comprender los métodos de análisis y síntesis de la información biológica.
4. Manejar la información depositada en las bases de datos biológicas.
5. Discriminar los distintos niveles de complejidad algorítmica y efectiva en distintas entidades biológicas: genes, genomas, proteínas y cromosomas.
6. Entender y manejar los algoritmos usados en el alineamiento de secuencias de ADN y proteínas.
7. Entender y manejar los algoritmos usados en la reconstrucción de filogenias moleculares.
8. Conocer los métodos usados en la determinación estructural de biomoléculas, predicción ab initio y por homología de estructuras de proteínas.

Sistemas de evaluación

Para aquellos alumnos que opten por la **evaluación continua**:

1. Examen (prueba individual). En esta prueba se valorará la comprensión y adquisición

	PROCESO PARA EL DESARROLLO DE LAS ENSEÑANZAS DE LA FACULTAD DE CIENCIAS DE LA UEX		 FACULTAD DE CIENCIAS <small>[UEX]</small>
	Curso académico: 2024-25	Código: P/CL009_FC_D002	

de los conocimientos explicados mediante pruebas escritas o bien a través de la plataforma Moodle. En cualquier caso el examen será una combinación de preguntas de tipo test (verdadero/falso o multiopcionales) y ejercicios prácticos. La nota de este examen supondrá el 70% de la calificación final máxima.

2. Participación activa en el aula y tutorización individual o en pequeños grupos: método de evaluación continua basado en la participación activa del estudiante en las actividades que se desarrollan en el aula y en las tutorías de orientación y seguimiento, cuya calificación representará un 10% de la calificación final máxima.

3. Las actividades, tareas y realización de cuestionarios y trabajos a lo largo del curso se valorará hasta 2 puntos totales, que suponen un 20% de calificación final máxima.

Para aquellos alumnos que opten por una **prueba única de carácter global**:

1. Examen (prueba individual). En esta prueba se valorará la comprensión y adquisición de los conocimientos explicados mediante un examen escrito o bien a través de la plataforma Moodle. En cualquier caso el examen será una combinación de preguntas de tipo test (verdadero/falso o multiopcionales) y ejercicios prácticos. La nota de este examen supondrá el 100% de la calificación final máxima.

Bibliografía (básica y complementaria)

- Momand, J, A McCurdy, Alison McCurdy, S Heubach, y N Warter-Perez. Concepts in Bioinformatics and Genomics. Oxford University Press, USA, 2016.
- Eberhard O. Voit ; "A First Course in Systems Biology". Garland Science, 2020.
- "Genomics: Essential Methods". M. Starkey and R. Elasarapu. Ed. Wiley-Blackwell. ISBN: 978-0-470-71157-6.
- "Genomics, Proteomics and Bioinformatics". 2nd Edition. A. Malcolm Campbell and L.J. Heyer. CSHL Press and Pearson Education. ISBN: 0-8053-8219-4.
- "Bioinformatics and Functional Genomics". 2nd Edition. J. Pevsner. Ed. Wiley-Blackwell. ISBN: 978-0-470-08585-1.

Otros recursos y materiales docentes complementarios

- Espacio virtual (Moodle) de la asignatura en campusvirtual.unex.es.