

MÓDULO	MATERIA	CURSO	SEMESTRE	CRÉDITOS	TIPO
Biomedicina	Genómica	3	5	6	Optativa
PROFESORES			DIRECCIÓN COMPLETA DE CONTACTO PARA TUTORÍAS		
José L. Oliver Carmelo Ruiz Rejón Michael Hackenberg Guillermo Barturen			Correos electrónicos: oliver@ugr.es , carmelo@ugr.es , hackenberg@ugr.es , bartg01@gmail.com		
			Página web de la asignatura: http://bioinfo2.ugr.es/genomica		
			Mirror: http://bioinfo5.ugr.es/genomica		
			HORARIO DE TUTORÍAS		
GRADO EN EL QUE SE IMPARTE			OTROS GRADOS A LOS QUE SE PODRÍA OFERTAR		
Grado en Bioquímica			Biología		
PRERREQUISITOS Y/O RECOMENDACIONES					
Materias Básicas Genética, Bioquímica, Estadística					
BREVE DESCRIPCIÓN DE CONTENIDOS					
• Secuenciación de genomas completos • Predicción de función en secuencias genómicas • Uso de ontologías para anotación y descubrimiento de función • Genómica comparada y genes ortólogos • Alineamientos de genomas completos • El genoma regulador					



COMPETENCIAS GENERALES Y ESPECÍFICAS

Transversales/genéricas: CT1, CT2, CT4, CT5, CT7
Específicas: CE7, CE13

OBJETIVOS

El alumno sabrá/comprenderá:

Los conceptos y métodos básicos de la genómica..

El alumno será capaz de:

Seleccionar las técnicas más apropiadas en cada caso para estudiar la expresión de genes particulares.

Determinar qué técnicas de estudio masivo de expresión génica (microarrays, NGS) son más adecuadas en cada caso.

Entrar en contacto con las técnicas de secuenciación masiva (NGS) y las herramientas computacionales necesarias para su análisis

Acceder y manejar las secuencias de genomas completos

Predicción de función biológica en genomas completos

Análisis de datos de microarrays de expresión

Análisis epigenéticos: metilación, histonas, etc.

Comparar genomas completos a nivel funcional

Preparar una presentación sobre genómica

TEMARIO DETALLADO DE LA ASIGNATURA

TEMARIO TEÓRICO:

1. Introducción a la Genómica. Genes y genomas.
2. Evolución del tamaño y de la complejidad de los genomas. Duplicación parcial de los genes. Barajamiento de exones/dominios.
3. Evolución del número de genes. Duplicación génica. Retrotranscripción. Genes solapados. Splicing y edición del ARN. Genes compartidos.
4. Evolución genómica. Tamaño y contenido de los genomas. Duplicación genómica. Duplicación cromosómica. Duplicación génica. Transposición génica. Transferencia horizontal de genes. Otros mecanismos de amplificación. La evolución concertada.
5. Genómica computacional. Predicción computacional de genes. Conceptos básicos de la predicción de genes. Diferencias entre eucariotas y procariotas. Programas para la predicción computacional de genes. Evaluación de la calidad de la predicción. Tablas de genes (RefSeq, Ensembl), NCBI, UCSC table browser.
6. Predicción computacional de otros elementos funcionales. Predicción de TFBSs (perfiles de pesos por posición, señal filogenética). Islas CpG y el impacto de la metilación en la regulación de la expresión génica. Predicción de promotores.
7. Regulación génica por microRNAs. Regulación postranscripcional. Base de datos miRBase. Predicción de genes de microRNAs. Predicción de dianas de microRNAs.
8. Procesado de datos de microarrays y secuenciación masiva (NGS). Expresión diferencial de genes.
9. Análisis funcional en genomas completos. Términos funcionales. Análisis de ontologías y descubrimiento de función biológica.
10. Automatización de análisis genómicos: workflows. La plataforma Galaxy.
11. Análisis genómico a gran escala. The Genomic Hyperbrowser.
12. Detección de variación genética. RNA-seq: uniones de splicing y ensamblado de transcritos.
13. Epigenómica. Breve introducción a la epigenética: causas y consecuencias. Metilación en el ADN, modificaciones de histonas y microARNs.
14. Evolución del genoma a nivel molecular. Filogenias moleculares humanas. Datación de nuestro origen evolutivo. La importancia de los retrotransposones en la evolución humana. Analizando genomas antiguos. ¿Seguimos los humanos evolucionando?



BIBLIOGRAFÍA

BIBLIOGRAFÍA FUNDAMENTAL:

- Lewin, B. 2008. Genes IX. McGraw-Hill/Interamericana.
- Barnes, MR. (Ed.) 2007. Bioinformatics for Geneticists: A Bioinformatics Primer for the Analysis of Genetic Data, 2nd ed. John Wiley and Sons Ltd.
- Brown, T.A. 2008. Genomas. Editorial Médica Panamericana.
- Pevsner, J. 2003. Bioinformatics and Functional Genomics. John Wiley & Sons, Inc.
- Hartl, D.L. and Jones, E.W. (2009) Genetics. Analysis of genes and genomes. 7ª edición. Jones & Bartlett Pub., USA.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

- Nagy A, Gertsenstein M, Vintersten K, Behringer R (2003) Manipulating the mouse embryo. A Laboratory Manual (Third Edition). Cold Spring Harbour Laboratory Press. New York.
- Strachan, T. (1992). The Human Genome. Bios S.P.

ENLACES RECOMENDADOS

- Biblioteca de la Universidad de Granada (acceso a revistas electrónicas): <http://biblioteca.ugr.es/>
- Sociedad Española de Genética (SEG): <http://www.segenetica.es/>
- Herencia mendeliana en el hombre (OMIM): <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/entrez?db=omim>
- GeneCards: <http://www.genecards.org/>
- National Center for Biotechnology Information (NCBI): <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>
- Bases de datos del NCBI: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Entrez/index.html>
- PubMed: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query.fcgi?db=PubMed>
- Medline: <http://medlineplus.nlm.nih.gov/medlineplus/>
- Centro Nacional de Biotecnología (CNB): <http://www.cnb.uam.es>
- Instituto Europeo de Bioinformática (EBI): <http://www.ebi.ac.uk>
- The Institute for Genome Research: <http://www.jcvi.org/>
- Science On-Line: <http://www.sciencemag.org>
- Nature On-Line: <http://www.nature.com>

METODOLOGÍA DOCENTE

Se propone una metodología docente de enseñanza-aprendizaje basada en las siguientes actividades formativas:

Clases teóricas:

A. Lección magistral para cada unidad temática en la que se presentan los contenidos, se suscitan cuestiones para debate y se proponen diferentes actividades de aprendizaje.

B. Sesiones de discusión en las que se establecen debates para profundizar en la comprensión de los contenidos del tema y se discuten ejercicios y trabajos propuestos como actividad individual.



ugr

Universidad
de Granada

Clases prácticas:

- A. Resolución de casos prácticos
- B. Prácticas con ordenador
- D. Análisis de bibliografía sobre distintos contenidos de la materia
- E. Seminarios

Tutorías grupales e individuales:

Estudio y trabajo independiente del alumno:



ugr

Universidad
de Granada

PROGRAMA DE ACTIVIDADES

Semestre	Tema	Actividades presenciales						Actividades no presenciales		
		Teoría (horas)	Prácticas (horas)	Tutorías colectivas (horas)	Exposición de trabajos (horas)	Exámenes (horas)	Contenidos	Estudio de teoría y problemas (horas)	Preparación y estudio de las prácticas (horas)	Preparación de trabajos (horas)
SEMANA 1	Introducción a la Genómica	2					Genes y genomas	1		
SEMANA 2	Evolución del tamaño y de la complejidad de los genomas	2					Duplicación parcial de los genes. Barajamiento de exones/dominios.	3		2
SEMANA 3	Evolución del número de genes	2					Duplicación génica. Retrotranscripción. Genes solapados. Splicing y edición del ARN. Genes compartidos.	3	1	2
SEMANA 4	Evolución genómica	2					Tamaño y contenido de los genomas. Duplicación genómica. Duplicación cromosómica. Duplicación génica. Transposición genética. Transferencia horizontal de genes. Otros mecanismos de amplificación. La evolución concertada.	3	1	2
SEMANA 5	Genómica computacional	1	1				Predicción computacional de genes. Conceptos básicos de la predicción de genes. Diferencias entre eucariotas y procariotas. Programas para la predicción computacional de genes. Evaluación de la calidad de la predicción. Tablas de genes (RefSeq, Ensembl), NCBI, UCSC table browser.	4	1	2
SEMANA 6	Predicción computacional de otros elementos funcionales		4				Predicción de TFBSs (perfiles de pesos por posición, señal filogenética). Islas CpG y el impacto de la metilación en la regulación de la expresión génica. Predicción de promotores.	4	1	2
SEMANA 7	Regulación génica por microRNAs.		4				Regulación postranscripcional. Base de datos miRBase. Predicción de genes de microRNAs. Predicción de dianas de microRNAs.	3	1	2



SEMANA 8	Procesado de datos de microarrays y secuenciación masiva (NGS).		4				Expresión diferencial de genes.	3	1	2
SEMANA 9	Análisis funcional en genomas completos.		4				Términos funcionales. Análisis de ontologías y descubrimiento de función biológica.	4	1	2
SEMANA 10	Automatización de análisis genómicos		2				Workflows. La plataforma Galaxy.	4.5	1	2
SEMANA 11	Tutoría colectiva			4				3	1	2
SEMANA 12	Análisis genómico a gran escala. Detección de variación genética.	1	1				The Genomic Hyperbrowser. RNA-seq: uniones de splicing y ensamblado de transcritos.	3	1	2
SEMANA 13	Prueba evaluación continua					4		3	1	2
SEMANA 14	Epigenómica. Evolución del genoma a nivel molecular.	1	1				Metilación en el ADN, modificaciones de histonas y microARNs. Filogenias moleculares humanas. Datación de nuestro origen evolutivo. La importancia de los retrotransposones en la evolución humana. Analizando genomas antiguos.	3	0.5	3
SEMANA 15	Seminarios alumnos				4			3	1	3



EVALUACIÓN

Evaluación por curso:

SISTEMA DE EVALUACIÓN	% CALIFICACIÓN FINAL
Exámenes orales y/o escritos	60
Resolución de problemas y casos prácticos	10
Asistencia y aprovechamiento en clase	10
Asistencia y participación en seminarios y/o exposición de trabajos	20

Examen Extraordinario: Contenidos teóricos y prácticos

INFORMACIÓN ADICIONAL

Página web de la asignatura:

<http://bioinfo2.ugr.es/genomica>

Mirror:

<http://bioinfo5.ugr.es/genomica>

