GUÍA DOCENTE

DENOMINACIÓN DE LA ASIGNATURA

Denominación: **BIOLOGÍA MOLECULAR DE SISTEMAS**
Código: 101842
Plan de estudios: **GRADO DE BIOQUÍMICA** Curso: 4
Denominación del módulo al que pertenece: MÉTODOS INSTRUMENTALES CUANTITATIVOS Y BIOLOGÍA MOLECULAR DE
Materia: BIOLOGÍA MOLECULAR DE SISTEMAS
Carácter: OBLIGATORIA Duración: PRIMER CUATRIMESTRE
Créditos ECTS: 6.0 Horas de trabajo presencial: 60
Porcentaje de presencialidad: 40.0% Horas de trabajo no presencial: 90
Plataforma virtual: http://www.uco.es/amoodle

DATOS DEL PROFESORADO

Nombre: RODRIGUEZ FRANCO, ANTONIO (Coordinador)
Departamento: BIOQUÍMICA Y BIOLOGÍA MOLECULAR
Área: BIOQUÍMICA Y BIOLOGÍA MOLECULAR
Ubicación del despacho: Edificio Severo Ochoa. Planta baja
E-Mail: bb1rofra@uco.es Teléfono: 638000485
URL web: http://www.uco.es/users/bb1rofra/BiologiaSistemas/

Nombre: RODRÍGUEZ ORTEGA, MANUEL JOSÉ
Departamento: BIOQUÍMICA Y BIOLOGÍA MOLECULAR
Área: BIOQUÍMICA Y BIOLOGÍA MOLECULAR
Ubicación del despacho: Edificio Severo Ochoa. Planta baja
E-Mail: mjrodriguez@uco.es Teléfono: 957218519

REQUISITOS Y RECOMENDACIONES

Requisitos previos establecidos en el plan de estudios

Ninguno

Recomendaciones

- Recomendable poseer conocimientos del inglés técnico para el manejo de la bibliografía científica, así como para el uso de las herramientas bioinformáticas.
- Recomendable tener conocimiento del sistema operativo Linux (Ubuntu o similar) a nivel de usuario, siendo capaz de descargar programas, instalarlos, compilar los diferentes binarios, y manipular archivos.
- Aconsejable tener conceptos básicos del programa estadístico R.
- Se requiere conocimientos de informática general del sistema operativo Windows y acceso a los exploradores tipo Internet Explorer, Firefox, Chrome, etc.
- Disponer de conexión a Internet

GUÍA DOCENTE

COMPETENCIAS

CB1	Capacidad de razonamiento crítico y autocrítico.
CB2	Saber trabajar en equipo de forma colaborativa y con responsabilidad compartida.
CB4	Tener capacidad de aprendizaje y trabajo autónomo.
CB6	Saber reconocer y analizar un problema, identificando sus componentes esenciales, y planear una estrategia científica para resolverlo.
CB7	Saber utilizar las herramientas informáticas básicas para la comunicación, la búsqueda de información, y el tratamiento de datos en su actividad profesional.
CE24	Poseer las habilidades matemáticas, estadísticas e informáticas para obtener, analizar e interpretar datos, y para entender modelos sencillos de los sistemas y procesos biológicos a nivel celular y molecular.
CE25	Saber buscar, obtener e interpretar la información de las principales bases de datos biológicos (genómicos, transcriptómicos, proteómicos, metabolómicos y similares derivados de otros análisis masivos) y de datos bibliográficos, y usar las herramientas bioinformáticas básicas.
CE26	Tener capacidad para plantear y resolver cuestiones y problemas en el ámbito de la Bioquímica y Biología Molecular a través de hipótesis científicas que puedan examinarse empíricamente.
CE27	Comprender los aspectos básicos del diseño de experimentos en el área de la Bioquímica y Biología Molecular, entendiendo las limitaciones de las aproximaciones experimentales.
CE29	Adquirir la formación básica para el desarrollo de proyectos, incluyendo la capacidad de realizar un estudio en el área de la Bioquímica y Biología Molecular, de interpretar críticamente los resultados obtenidos y de evaluar las conclusiones alcanzadas.

OBJETIVOS

- Conocer el concepto y la importancia de la Biología Molecular de Sistemas en el entorno de la Ciencias de la Vida.
- Conocer las principales técnicas de obtención masiva de datos biológicos ("ómicas") empleadas en la Biología Molecular de Sistemas.
- Conocer la importancia de la Bioinformática en la Biología actual.
- Comprender cómo se integran e interpretan los resultados de las técnicas experimentales y computacionales para explicar y predecir el funcionamiento de los sistemas biológicos.
- Conocer la situación actual y perspectivas de futuro de la Biología Molecular de Sistemas.
- Conocer las aplicaciones de la BMS en la investigación, biotecnología, diagnóstico, medicina personalizada, etc.
- Introducción al análisis de la secuenciación genómica masiva: análisis de calidad de las secuencias y de los genomas ensamblados, análisis de la expresión génica, etc.

CONTENIDOS

1. Contenidos teóricos

1.- Introducción a la Biología Molecular de Sistemas. De la Biología tradicional al estudio integrador de sistemas biológicos. Biología de Sistemas: definición, justificación, objetivos, procedimientos. Redes: concepto e importancia en Biología de Sistemas. Importancia de la Biología de Sistemas en la ciencia actual.

2.- Introducción a las técnicas experimentales y computacionales. Antecedentes de las técnicas experimentales: de la Biología tradicional a las "ómicas". Técnicas experimentales de análisis masivo ("ómicas"): genómica, transcriptómica, proteómica, metabolómica, metagenómica. Técnicas computacionales (Bioinformática). Principales plataformas bioinformáticas en Biología de Sistemas y sus aplicaciones.

3.- Proteómica I: preparación de muestras y técnicas de separación. Técnicas de análisis. Nacimiento y desarrollo de la Proteómica. Estudio del proteoma. Preparación de muestras para proteómica. Aplicación de la

GUÍA DOCENTE

electroforesis, cromatografía y espectrometría de masas a la proteómica. Principales algoritmos bioinformáticos para la interpretación de espectros de masas.

4.- Proteómica II: Principales aplicaciones de la Proteómica en Biociencias. Cuantificación de proteínas en experimentos proteómicos. Las proteínas como biomarcadores y diagnóstico de enfermedad. Herramientas proteómicas para el descubrimiento de biomarcadores y su validación. Aplicación en el campo de las vacunas frente a enfermedades infecciosas.

5.- Metabolómica. Introducción a los conceptos de metaboloma y metabolómica. Niveles de análisis de los metabolitos. Preparación de muestras para metabolómica. Aplicaciones de la metabolómica a la Biología Molecular de Sistemas.

6.- Genómica. Estrategias de secuenciación genómica. Descripción de los principales sistemas de secuenciación masiva (NGS). Tipos de secuencias o lecturas. Análisis y filtrado de calidad de las secuencias. Cobertura de la secuenciación. Ensamblado *de novo*. Conceptos de contigs y scaffolds. Evaluación de la calidad de los genomas ensamblados. Anotación genómica y transcriptómica. Secuenciación del exoma y secuenciación dirigida. Otras aplicaciones.

7.- Transcriptómica. Aproximaciones al análisis de la expresión génica a nivel de transcrito. Transcriptoma. Tipos de librerías de cDNA. Mapeos con genoma de referencia o con transcriptoma. Ensamblado del transcriptoma. Mapeo de secuencias: mapeadores y pseudo-mapeadores. Análisis de la expresión diferencial mediante RNA-Seq. Enriquecimientos funcionales y de rutas metabólicas. Análisis de isoformas. Introducción a la secuenciación genómica y transcriptómica de una única célula y métodos de transcriptómica espacial.

8. Metagenómica, metatranscriptómica y otras técnicas de relevancia. Métodos de estudio de la diversidad microbiana. Flujos de trabajo. Definición de OTUs. Programas recomendados. Aplicaciones.

9. Introducción a la integración de datos ómicos. Introducción a programas para la integración de diferentes datos ómicos. Cytoscape, paintomics, Mapman y similares.

2. Contenidos prácticos

Estudio de casos y lecturas de artículos seleccionados. Se seleccionarán revisiones de actualidad sobre aplicaciones de Biología Molecular de Sistemas que resuelvan asuntos de investigación básica y aplicada que serán presentadas como seminarios por parte de los alumnos en las clases de grupo mediano.

Formularios diseñados para fomentar la discusión y establecimiento de conceptos e ideas.

Prácticas en el Aula de Bioinformática (clases de grupo mediano):
- Uso de bases de datos en repositorios públicos sobre recursos de Proteómica.
- Análisis proteómico cuantitativo de un experimento sobre proteínas de superficie en Streptococcus pneumoniae.
- Análisis de la calidad de lecturas provenientes de sistemas de secuenciación masiva.
- Filtrado de secuencias provenientes de secuenciadores masivos de nueva generación.
- Ensamblaje de novo del genoma completo de la bacteria E. coli a partir de secuencias obtenidas mediante equipos Illumina. Ordenación y scaffolding de los contigs obtenidos.
- Introducción al RNA-Seq. Mapeo de lecturas con mapeadores reales y pseudo-mapeadores. Análisis y manipulación de archivos SAM/BAM. Obtención de archivos de expresión cuantitativa.
- Uso y aplicaciones de programas para visionar el alineamiento de secuencias con genomas o transcriptomas de referencia (tipo IGV, IGB o similar).
- Realización de un estudio de expresión diferencial mediante RNA-Seq mediante la plataforma R.

OBJETIVOS DE DESARROLLO SOSTENIBLE RELACIONADOS CON LOS CONTENIDOS

Sin relación

GUÍA DOCENTE

METODOLOGÍA

Adaptaciones metodológicas para alumnado a tiempo parcial y estudiantes con discapacidad y necesidades educativas especiales

Las adaptaciones se comentarán y negociarán con los interesados

Actividades presenciales

Actividad	Grupo completo	Grupo mediano	Total
Actividades de evaluación	-	4	4
Análisis de documentos	-	6	6
Debates	-	9	9
Estudio de casos	-	7	7
Lección magistral	27	-	27
Tutorías	6	1	7
Total horas:	***33***	***27***	***60***

Actividades no presenciales

Actividad	Total
Análisis	4
Búsqueda de información	4
Consultas bibliográficas	5
Ejercicios	30
Estudio	40
Trabajo de grupo	7
Total horas:	***90***

MATERIAL DE TRABAJO PARA EL ALUMNO

Ejercicios y problemas - *http://www.uco.es/users/bb1rofra/BiologiaSistemas/*
Presentaciones PowerPoint
Referencias Bibliográficas
Resumenes de los temas

Aclaraciones

Todo el material de trabajo estará disponible en el Aula Virtual (Moodle) cuando se vaya a impartir el curso, y se irá activando a medida que se vayan impartiendo las lecciones y prácticas.
En la página WEB http://www.uco.es/users/bb1rofra/BiologiaSistemas/ se dispondrá de información bibliográfica adicional y de problemas y ejercicios que el alumno tendrá que resolver.
El alumno elaborará una página WEB en el que incluirá los resultados de las tareas y ejercicios que se le

GUÍA DOCENTE

presenten de la parte de genómica y transcriptómica.
Al mismo tiempo y a lo largo del curso se irán publicando formularios de Google con información y preguntas de interés que el alumno tendrá que contestar

EVALUACIÓN

Competencias	Estudio de casos	Exámenes	Supuesto práctico/discusión caso clínico/discusión trabajo científico
CB1	X		
CB2	X		
CB4	X		
CB6	X		
CB7		X	
CE24		X	
CE25			X
CE26			X
CE27			X
CE29			X
Total (100%)	***20%***	***60%***	***20%***
Nota mínima (*)	***4***	***4***	***4***

(*)Nota mínima (sobre 10) necesaria para que el método de evaluación sea considerado en la calificación final de la asignatura. En todo caso, la calificación final para aprobar la asignatura debe ser igual o superior a 5,0.

GUÍA DOCENTE

Valora la asistencia en la calificación final:

No

Aclaraciones generales sobre los instrumentos de evaluación:

- Habrá un **examen** con cuestiones largas (no de tipo test). En el examen estará permitido el uso de los apuntes de clase.
- Si el alumno se presenta al examen y decide en ese momento no entregar el examen, se le considerará suspenso y no como no presentado
- Habrá un trabajo en la parte de **proteómica** con el que se evaluará el apartado "Estudios de casos"
- Habrá un trabajo de la parte de **genómica, transcriptómica y metagenómica,** cuya temática será pactada con suficiente antelación con el profesor.
- Los trabajos se han de realizar o individualmente o en grupos de hasta 3 personas como máximo, debiéndose pactar con anterioridad esta decisión con el profesor responsable de cada trabajo.
- El alumno ha de tener presentado y valorado los trabajos de la asignatura con antelación a la realización del examen de cuestiones largas.
- Se respetarán las notas de los ejercicios prácticos en el caso de que el alumno tenga que presentarse a una nueva convocatoria por haber suspendido o no haberse presentado en convocatorias anteriores.
- También se respetarán las notas de los ejercicios prácticos de cursos anteriores si el alumno ha de ser evaluado en cursos posteriores. No obstante, el alumno puede volver a realizar los trabajos si así lo considera oportuno para sus intereses.

Aclaraciones sobre la evaluación para el alumnado a tiempo parcial y necesidades educativas especiales:

Los casos se discutirán personalmente con el alumno implicado para tener en cuenta todos los considerandos.

Aclaraciones sobre la evaluación de la convocatoria extraordinaria y convocatoria extraordinaria de finalización de estudios:

- En la evaluación de la convocatoria extraordinaria y en la convocatoria extraordinaria de finalización de estudios se guardarán las calificaciones de todos los instrumentos de cursos anteriores que se hayan cursado y del presente. Además, se evaluará de la misma manera que en las convocatorias ordinarias.

Criterios de calificación para la obtención de Matrícula de Honor:

Para obtener matrícula de honor se ha de igualar o superar una puntuación de 9,5 puntos

BIBLIOGRAFIA

1. Bibliografía básica

- The one included in the official Moodle page.
- The one included in the web page http://www.uco.es/users/bb1rofra/BiologiaSistemas/

2. Bibliografía complementaria

Ninguna

CRITERIOS DE COORDINACIÓN

Criterios de evaluación comunes

Fecha de entrega de trabajos

GUÍA DOCENTE

Realización de actividades

CRONOGRAMA

Periodo	Actividades de evaluación	Análisis de documentos	Debates	Estudio de casos	Lección magistral	Tutorías
1ª Quincena	0,0	0,0	0,0	0,0	3,0	1,0
2ª Quincena	0,0	0,0	0,0	0,0	4,0	1,0
3ª Quincena	1,0	0,0	0,0	0,0	4,0	1,0
4ª Quincena	1,0	0,0	0,0	0,0	4,0	1,0
5ª Quincena	1,0	2,0	3,0	2,0	4,0	1,0
6ª Quincena	1,0	2,0	3,0	2,0	4,0	1,0
7ª Quincena	0,0	2,0	3,0	3,0	4,0	1,0
Total horas:	***4,0***	***6,0***	***9,0***	***7,0***	***27,0***	***7,0***

Las estrategias metodológicas y el sistema de evaluación contempladas en esta Guía Docente serán adaptadas de acuerdo a las necesidades presentadas por estudiantes con discapacidad y necesidades educativas especiales en los casos que se requieran.