



UNIVERSIDAD DE CÓRDOBA

FACULTAD DE CIENCIAS
GRADO DE BIOQUÍMICA
CURSO 2024/25

BIOLOGÍA MOLECULAR DE SISTEMAS

Datos de la asignatura

Denominación: BIOLOGÍA MOLECULAR DE SISTEMAS**Código:** 101842**Plan de estudios:** GRADO DE BIOQUÍMICA**Curso:** 4**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:** <https://moodle.uco.es/>

Profesor coordinador

Nombre: RODRIGUEZ FRANCO, ANTONIO**Departamento:** BIOQUÍMICA Y BIOLOGÍA MOLECULAR**Ubicación del despacho:** Edificio Severo Ochoa. Planta baja**E-Mail:** bb1rofra@uco.es**Teléfono:** 638000485

Breve descripción de los contenidos

Durante la asignatura se describen las principales técnicas ómicas como la proteómica, metabolómica, genómica, transcriptómica, metagenómica y terminamos con una introducción a las metodologías y principales programas para la integración de restos datos. Se describen las principales técnicas proteómicas y los dispositivos y los diferentes métodos de secuenciación masiva disponibles hoy en día

Conocimientos previos necesarios

Requisitos previos establecidos en el plan de estudios

No hay requerimientos.

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.

- Conocimiento de las conexiones remotas con los ordenadores

- Conocer los detalles de la estructura y propiedades físico químicas de los aminoácidos y las proteínas

- Conocer los detalles de la secuenciación tipo Sanger

- Conocer los detalles bioinformáticos a nivel de unos pocos genes, como el uso de los diferentes tipos de BLAST, de la identificación de secuencias codificantes, y el manejo de las secuencias de ADN y ARN

Programa de la asignatura

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 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.

Bibliografía

- Bibliography included in the official Moodle webpage.
- That included in the webpage <https://www.uco.es/users/bb1rofra/BiologiaSistemas/>

Metodología

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

- Nos adaptaremos a las recomendaciones que realicen los responsables de la UCO

Actividades presenciales

| Actividad | Grupo completo | Grupo mediano | Total |
|---|----------------|---------------|-----------|
| <i>Actividades de acción tutorial</i> | 5 | 4 | 9 |
| <i>Actividades de experimentación práctica</i> | 5 | 10 | 15 |
| <i>Actividades de expresión escrita</i> | 8 | 3 | 11 |
| <i>Actividades de procesamiento de la información</i> | 15 | 10 | 25 |
| Total horas: | 33 | 27 | 60 |

Actividades no presenciales

| Actividad | Total |
|--|-----------|
| <i>Actividades de búsqueda de información</i> | 40 |
| <i>Actividades de procesamiento de la información</i> | 30 |
| <i>Actividades de resolución de ejercicios y problemas</i> | 20 |
| Total horas: | 90 |

Resultados del proceso de aprendizaje

Conocimientos, competencias y habilidades

- 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.

Métodos e instrumentos de evaluación

| Competencias | Examen | Medios de ejecución práctica | Producciones elaboradas por el estudiantado |
|------------------------|------------|------------------------------|---|
| CB1 | | X | |
| CB2 | | X | |
| CB4 | | X | |
| CB6 | | X | |
| CB7 | X | | |
| CE24 | X | | |
| CE25 | | | X |
| CE26 | | | X |
| CE27 | | | X |
| CE29 | | | X |
| Total (100%) | 60% | 20% | 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.

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 una producción elaborada (trabajo) en la parte de proteómica con el que se evaluará el apartado "Medios de ejecución práctica".
- Habrá una producción elaborada (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 las producciones elaboradas por el estudiantado 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 las producciones elaboradas por el estudiantado 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

Objetivos de desarrollo sostenible

Salud y bienestar

Otro profesorado

Nombre: RODRÍGUEZ ORTEGA, MANUEL JOSÉ

Departamento: BIOQUÍMICA Y BIOLOGÍA MOLECULAR

Ubicación del despacho: Edificio Severo Ochoa. Planta baja

E-Mail: mjrodriguez@uco.es

Teléfono: 957218519

*Las estrategias metodológicas y el sistema de evaluación contempladas en esta Guía Docente responderán a los principios de igualdad y no discriminación y deberán ser adaptadas de acuerdo a las necesidades presentadas por estudiantes con discapacidad y necesidades educativas especiales en los casos que se requieran.
El estudiantado deberá ser informado de los riesgos y las medidas que les afectan, en especial las que puedan tener consecuencias graves o muy graves (artículo 6 de la Política de Seguridad, Salud y Bienestar; BOUCO 23-02-23).*
