

Guia docent

2703129 - OT - Tècniques Òmiques

Última modificació: 30/01/2026

Unitat responsable: Facultat d'Informàtica de Barcelona
Unitat que imparteix: 1022 - UAB - Universitat Autònoma de Barcelona.
Titulació: GRAU EN BIOINFORMÀTICA (Pla 2024). (Assignatura obligatòria).
Curs: 2025 **Crèdits ECTS:** 6.0 **Idiomes:** Anglès

PROFESSORAT

Professorat responsable: JAIME MARTÍNEZ URTAZA
Altres: Segon quadrimestre:
OLGA DOLGOVA KONJUSHENKO - 11, 12
LAURA JIMÉNEZ GRACIA - 11, 12
JAIME MARTÍNEZ URTAZA - 11, 12
SEBASTIAN MARTIN TANCO - 11, 12

CAPACITATS PRÈVIES

NA

RESULTATS D'APRENTATGE

Coneixements:

K1. Reconèixer els principis bàsics de la biologia, des de l'escala cel·lular fins a la d'organisme, i la manera com es relacionen amb els coneixements actuals en els camps de la bioinformàtica, de l'anàlisi de dades i de l'aprenentatge automàtic, i així assolir una visió interdisciplinària amb èmfasi especial en aplicacions biomèdiques.
K2. Identificar els mètodes estadístics i computacionals i els models matemàtics que permeten resoldre problemes en els camps de la biologia molecular, la genòmica, la recerca mèdica i la genètica de poblacions.
K3. Identificar els fonaments matemàtics, les teories informàtiques, els esquemes algorísmics i els principis d'organització de la informació aplicables a la modelització de sistemes biològics i a la resolució eficient de problemes bioinformàtics mitjançant el disseny d'eines computacionals.
K7. Analitzar les fonts d'informacions científiques, vàlides i fiables, per fonamentar l'estat de la qüestió d'un problema bioinformàtic i poder-ne abordar la resolució.

Habilitats:

S1. Integrar dades òmiques i clíniques per comprendre i analitzar millor els fenòmens biològics.
S2. Analitzar computacionalment seqüències d'ADN, ARN i proteïnes, incloent-hi anàlisis comparatives de genomes, usant la computació, les matemàtiques i l'estadística com a eines bàsiques de la bioinformàtica.
S3. Resoldre problemes en els camps de la biologia molecular, la genòmica, la recerca mèdica i la genètica de poblacions mitjançant l'aplicació de mètodes estadístics i computacionals i models matemàtics.
S5. Divulgar informació, idees, problemes i solucions provinents de la bioinformàtica i la biologia computacional a un públic general.
S7. Implementar mètodes de programació i anàlisi de dades orientats a partir de l'elaboració d'hipòtesis de treball dins l'àrea d'estudi.
S8. Enfrontar-se a la presa de decisions, i defensar-les amb arguments, en la resolució de problemes de les àrees de biologia, així com, dins dels àmbits adequats, les ciències de la salut, les ciències de la computació i les ciències experimentals.

Competències:

C2. Identificar la complexitat dels fenòmens econòmics i socials típics de la societat del benestar i relacionar el benestar amb la globalització, la sostenibilitat i el canvi climàtic per utilitzar de manera equilibrada i compatible la tècnica, la tecnologia, l'economia i la sostenibilitat.

C3. Comunicar-se oralment i per escrit amb altres persones, en llengua anglesa, sobre els resultats de l'aprenentatge, de l'elaboració del pensament i de la presa de decisions.

C4. Treballar com a membre d'un equip interdisciplinari, sigui com un membre més o exercint tasques de direcció, amb la finalitat de contribuir a desenvolupar projectes (fins i tot empresarials o de recerca) amb pragmatisme, sentit de la responsabilitat i principis ètics, assumint compromisos tenint en compte els recursos disponibles.

METODOLOGIES DOCENTS

- Classes teòriques. Les classes magistrals abordaran els conceptes principals que hi ha darrere dels diferents temes. Consistiran en classes magistrals basades en preguntes que promouran una participació activa de tots els estudiants en la discussió dels diferents temes/situacions/problemes/casos que es presentaran.

- Pràctiques. Tutories pràctiques basades en problemes. Promouran tant l'autoestudi com les estratègies d'aprenentatge en equip. Si us plau, porteu els vostres ordinadors portàtils a classe.

OBJECTIUS D'APRENTATGE DE L'ASSIGNATURA

1. Adquisició de coneixements específics per aplicar les diferents tecnologies i estratègies per generar dades de seqüenciació (ADN i ARN)

2. Aplicació de dades genòmiques, transcriptòmics i proteòmiques en diferents contextos per resoldre problemes biològics

3. Conèixer els mètodes experimentals i computacionals de la genòmica, la transcriptòmica i la proteòmica

HORES TOTALES DE DEDICACIÓ DE L'ESTUDIANTAT

Tipus	Hores	Percentatge
Hores grup gran	30,0	20.00
Hores grup petit	30,0	20.00
Hores aprenentatge autònom	90,0	60.00

Dedicació total: 150 h

CONTINGUTS**Tècniques de seqüenciació****Descripció:**

Generació de dades de seqüenciació. Seqüenciació Sanger. Tècniques de seqüenciació de 2a i 3a generació (Illumina, Oxford-Nanopore, PacBio).

Aplicacions del DNA-seq**Descripció:**

Seqüenciació i processament de dades de seqüenciació d'ADN: seqüenciació del genoma, reseqüenciació i crida de variants.

Metagenòmica i microbioma**Descripció:**

Aplicacions de l'anàlisi metagenòmica i del microbioma; "pipelines" i anàlisi de dades per estudiar entorns naturals i salut.

Seqüenciació d'ARN i anàlisi de dades de ARN-seq.

Descripció:

Anàlisi de dades de RNA-seq per comprendre l'expressió gènica i les seves variacions en diferents condicions: control de qualitat, alineació de lectures, quantificació i anàlisi d'expressió diferencial.

Aplicacions de RNA-seq

Descripció:

Expressió gènica i anotació de variants d'splicing, metatranscriptòmica. Aplicacions en diferents camps: diagnòstic de malalties, descobriment de fàrmacs i genòmica funcional.

Epigenòmica i epigenètica

Descripció:

Epigenòmica i modificacions epigenètiques del material genètic: processament de dades i anàlisis per a la metilació diferencial de l'ADN.

Hi-C per a l'organització del genoma en 3D.

Descripció:

L'estudi de l'estructura tridimensional dels genomes per entendre com l'organització espacial de l'ADN influeix en l'expressió gènica i altres processos cel·lulars. Protocols Hi-C i processament general de dades Hi-C.

Genòmica de cèl·lules individuals.

Descripció:

Estudi del material genètic (genoma, transcriptoma) de cèl·lules individuals: aplicacions i anàlisi.

Proteòmica.

Descripció:

Fonaments metodològics de les tècniques per estudiar la composició de proteïnes (proteoma) dins d'una cèl·lula o organisme. Es posarà especial èmfasi en les tecnologies desenvolupades per a la identificació de proteïnes, incloent-hi l'espectrometria de masses i la tecnologia DIGE, i les seves aplicacions en biomedicina.

ACTIVITATS

Classes teòriques

Objectius específics:

1, 2, 3

Dedicació: 60h

Grup gran/Teoria: 30h

Aprenentatge autònom: 30h

Pràctiques

Objectius específics:

1, 2, 3

Dedicació: 90h

Grup mitjà/Pràctiques: 30h

Aprenentatge autònom: 60h

SISTEMA DE QUALIFICACIÓ

L'assoliment dels objectius d'aprenentatge del curs s'avaluarà de la següent manera:

- Avaluació contínua (40%): pot incloure proves de preguntes combinades de tipus test i/o de resposta curta per recapitular els continguts treballats a cada unitat, deures, exercicis de programació, activitats en grup proposades a classe, etc.
- L'examen (60%) consisteix en 2 exàmens parcials teòricopràctics que es fan a mig trimestre (30%) i al final del trimestre (30%).

En general, per completar aquest curs amb èxit, l'estudiant ha d'obtenir una nota final mínima de 5 punts (sobre 10).

Examen de recuperació: només els estudiants que després de l'avaluació regular no hagin aprovat el curs poden fer un examen de reavaluació. La nota obtinguda a l'examen de recuperació substituirà la nota regular suspesa obtinguda durant el trimestre.

BIBLIOGRAFIA

Bàsica:

- Gibson, Greg; Muse, Spencer V. A primer of genome science. 3rd ed. Sinauer Associates, cop. 2009. ISBN 9780878932368.
- Brown. Terry A. Genomes 5. CRC Press, 2023. ISBN 9780367674076.
- Lesk, Arthur. Introduction to Genomics. Fourth Edition. Oxford University Press, 2025. ISBN 9780198866893.
- Suravajhala, Prashanth N; Bizzaro, Jeff W. Next-Generation Sequencing. 1st Edition. CRC Press, 2025. ISBN 9781003354062.
- Twyman, Richard. Principles of Proteomics. Garland Science, 2013. ISBN 9780815344728.

RECURSOS

Enllaç web:

- <http://genome.ucsc.edu/ENCODE/>. ENCODE
- <http://genome.ucsc.edu/cgi-bin/hgGateway>. UCSC Genome Browser
- <http://www.genomesize.com/>. Animal Genome Size Database
- <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome>. NCBI Genome