

Guía docente

2703129 - OT - Técnicas Ómicas

Última modificación: 30/01/2026

Unidad responsable: Facultad de Informática de Barcelona

Unidad que imparte: 1022 - UAB - (CAS) pendent.

Titulación: GRADO EN BIOINFORMÁTICA (Plan 2024). (Asignatura obligatoria).

Curso: 2025

Créditos ECTS: 6.0

Idiomas: Inglés

PROFESORADO

Profesorado responsable: JAIME MARTÍNEZ URTAZA

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

CAPACIDADES PREVIAS

NA

RESULTADOS DE APRENDIZAJE

Conocimientos:

K1. Reconocer los principios básicos de la biología, desde la escala celular a la de organismo, y cómo estos se relacionan con los conocimientos actuales en los campos de la bioinformática, del análisis de datos y del aprendizaje automático; alcanzando así una visión interdisciplinar con especial énfasis en aplicaciones biomédicas.

K2. Identificar los métodos estadísticos y computacionales y los modelos matemáticos que permiten resolver problemas en los campos de la biología molecular, la genómica, la investigación médica y la genética de poblaciones.

K3. Identificar los fundamentos matemáticos, las teorías informáticas, los esquemas algorítmicos y los principios de organización de la información aplicables al modelado de sistemas biológicos y a la resolución eficiente de problemas bioinformáticos mediante el diseño de herramientas computacionales.

K7. Analizar las fuentes de informaciones científicas, válidas y fiables, para fundamentar el estado de la cuestión de un problema bioinformático y poder abordar su resolución.

Habilidades:

S1. Integrar datos ómicos y clínicos para obtener una mayor comprensión y un mejor análisis de los fenómenos biológicos.

S2. Analizar computacionalmente secuencias de ADN, ARN y proteínas, incluyendo análisis comparativos de genomas, usando la computación, las matemáticas y la estadística como herramientas básicas de la bioinformática.

S3. Resolver problemas en los campos de la biología molecular, la genómica, la investigación médica y la genética de poblaciones mediante la aplicación de métodos estadísticos y computacionales y modelos matemáticos.

S5. Divulgar información, ideas, problemas y soluciones provenientes de la bioinformática y la biología computacional a un público general.

S7. Implementar métodos de programación y análisis de datos orientados a partir de la elaboración de hipótesis de trabajo, dentro del área de estudio.

S8. Enfrentarse a la toma de decisiones, y defenderlas con argumentos, en la resolución de problemas de las áreas de biología, así como, dentro de los ámbitos adecuados, las ciencias de la salud, las ciencias de la computación y las ciencias experimentales.

Competencias:

C2. Identificar la complejidad de los fenómenos económicos y sociales típicos de la sociedad del bienestar y relacionar el bienestar con la globalización, la sostenibilidad y el cambio climático para utilizar de forma equilibrada y compatible la técnica, la tecnología, la economía y la sostenibilidad.

C3. Comunicarse de forma oral y escrita con otras personas, en lengua inglesa, sobre los resultados del aprendizaje, de la elaboración del pensamiento y de la toma de decisiones.

C4. Trabajar como miembro de un equipo interdisciplinar, ya sea como un miembro más o realizando tareas de dirección, con el fin de contribuir a desarrollar proyectos (incluso empresariales o de investigación) con pragmatismo y sentido de la responsabilidad y principios éticos, asumiendo compromisos teniendo en cuenta los recursos disponibles.

METODOLOGÍAS DOCENTES

- Clases teóricas. Las clases magistrales abordarán los conceptos principales de los diferentes temas. Consistirán en clases magistrales basadas en preguntas que promueven la participación activa de todos los estudiantes en el debate de los diferentes temas, situaciones, problemas y casos que se presentarán.

- Prácticas. Tutorías prácticas basadas en problemas. Se promoverán estrategias de aprendizaje tanto de autoaprendizaje como de trabajo en equipo. Se ruega traer computadoras portátiles a clase.

OBJETIVOS DE APRENDIZAJE DE LA ASIGNATURA

1. Adquisición de conocimientos específicos para aplicar las diferentes tecnologías y estrategias de generación de datos de secuenciación (ADN y ARN)

2. Aplicación de datos genómicos, transcriptómicos y proteómicos en diferentes contextos para resolver problemas biológicos

3. Conocer los métodos experimentales y computacionales de la genómica, la transcriptómica y la proteómica

HORAS TOTALES DE DEDICACIÓN DEL ESTUDIANTADO

Tipo	Horas	Porcentaje
Horas grupo pequeño	30,0	20.00
Horas aprendizaje autónomo	90,0	60.00
Horas grupo grande	30,0	20.00

Dedicación total: 150 h

CONTENIDOS

Técnicas de secuenciación

Descripción:

Generación de datos de secuenciación. Secuenciación de Sanger. Técnicas de secuenciación de 2ª y 3ª generación (Illumina, Oxford-Nanopore, PacBio).

Aplicaciones del DNA-seq

Descripción:

Secuenciación y procesamiento de datos de secuenciación de ADN: secuenciación del genoma, resecuenciación y llamada de variantes.

Metagenómica y microbioma

Descripción:

Aplicaciones del análisis metagenómico y del microbioma; "pipelines" y análisis de datos para estudiar entornos naturales y la salud.

Secuenciación de ARN y análisis de datos de ARN-seq.

Descripción:

Análisis de datos de RNA-seq para comprender la expresión génica y sus variaciones en diferentes condiciones: control de calidad, alineación de lecturas, cuantificación y análisis de expresión diferencial.

Aplicaciones de RNA-seq

Descripción:

Expresión génica y anotación de variantes de "splicing", metatranscriptómica. Aplicaciones en diferentes campos: diagnóstico de enfermedades, descubrimiento de fármacos y genómica funcional.

Epigenómica y epigenética

Descripción:

Epigenómica y modificaciones epigenéticas del material genético: procesamiento y análisis de datos para la metilación diferencial del ADN.

Hi-C para la organización del genoma en 3D.

Descripción:

Estudia la estructura tridimensional de los genomas para comprender cómo la organización espacial del ADN influye en la expresión génica y otros procesos celulares. Protocolos Hi-C y procesamiento general de datos Hi-C.

Genómica de células individuales.

Descripción:

Estudio del material genético (genoma, transcriptoma) de células individuales: aplicaciones y análisis.

Proteómica.

Descripción:

Fundamentos metodológicos de las técnicas para el estudio de la composición proteica (proteoma) en una célula u organismo. Se hará especial hincapié en las tecnologías desarrolladas para la identificación de proteínas, incluyendo la espectrometría de masas y la tecnología DIGE, y sus aplicaciones en biomedicina.

ACTIVIDADES

Clases teóricas

Objetivos específicos:

1, 2, 3

Dedicación: 60h

Grupo grande/Teoría: 30h

Aprendizaje autónomo: 30h

Prácticas

Objetivos específicos:

1, 2, 3

Dedicación: 90h

Grupo mediano/Prácticas: 30h

Aprendizaje autónomo: 60h

SISTEMA DE CALIFICACIÓN

El cumplimiento de los objetivos de aprendizaje del curso se evaluará de la siguiente manera:

- Evaluación continua (40%): puede incluir pruebas con preguntas combinadas de opción múltiple y/o respuesta corta para recapitular los contenidos trabajados en cada unidad, tareas, ejercicios de programación, actividades grupales propuestas en clase, etc.
- Examen (60%): consta de dos exámenes parciales teórico-prácticos, uno parcial (30%) y otro final (30%).

En general, para aprobar este curso, el estudiante debe obtener una calificación final mínima de 5 puntos (sobre 10).

Examen de recuperación: solo los estudiantes que no hayan aprobado el curso tras la evaluación regular pueden presentarse a un examen de recuperación. La calificación obtenida en el examen de recuperación sustituirá la calificación regular suspensa obtenida durante el trimestre.

BIBLIOGRAFÍA

Básica:

- 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

Enlace web:

- <http://genome.ucsc.edu/ENCODE/>- <http://genome.ucsc.edu/cgi-bin/hgGateway>- <http://www.genomesize.com/>- <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome>