

FICHA DE ASIGNATURA

GENOMICA Y PROTEÓMICA

Titulación	Máster en Microbiología y Parasitología: Investigación y Desarrollo (0696)
Curso Académico	2017-18
Módulo	Fundamental
Materia	Genómica funcional y Biología de Sistemas
Asignatura Código	603662
Carácter	Obligatorio
Idioma/s	Español e inglés para uso bibliográfico
Créditos ECTS	6
Presenciales	45 horas
No presenciales	105 horas
Duración	

Profesor/es:

Coordinador:

- Dr. Javier Arroyo Nombela. Dpto. Microbiología II. Facultad de Farmacia. UCM. jarroyo@farm.ucm.es

Profesor/es:

- Dr. Joaquín Abián. Laboratorio de Proteómica. CSIC/UAB. Joaquim.Abian.csic@uab.cat
- Dr. Javier Arroyo Nombela. Dpto. Microbiología II. Facultad de Farmacia. UCM. jarroyo@farm.ucm.es
- Dr. Concepción Gil García. Dpto. Microbiología II. Facultad de Farmacia. UCM: conchagil@farm.ucm.es
- Dra. María Molina Martín. Dpto. Microbiología II. Facultad de Farmacia. UCM. molmifa@farm.ucm.es
- Dra. Lucía Monteoliva. Dpto. Microbiología II. Facultad de Farmacia. UCM. luciamon@farm.ucm.es
- Dr. José Manuel Rodríguez-Peña. Dpto. Microbiología II. Facultad de Farmacia. UCM. josemanu@farm.ucm.es

Breve descriptor:

Se pretende profundizar en la utilización de nuevas metodologías para el análisis de genomas microbianos. En una primera parte se hará especial énfasis en conceptos básicos, estrategias y nuevos abordajes en secuenciación de DNA, así como el abordaje de proyectos de secuenciación sistemática de genomas microbianos. En una segunda parte del programa, se estudiarán a fondo diferentes estrategias para de análisis funcional de estos genomas mediante estrategias genómicas y proteómicas: análisis del transcriptoma, genómica comparativa, análisis fenotípico de mutantes, caracterización de interacciones DNA-proteína, proteína-proteína, proteómica de expresión, proteómica del mapa celular y proteómica funcional.

Objetivos:

1. Proporcionar a los alumnos una formación integrada y actualizada sobre las bases metodológicas

de las tecnologías genómicas y proteómicas

2. Describir las aplicaciones de las tecnologías genómicas y proteómicas en el campo de la Microbiología y Parasitología

Competencias:

Generales:

- CG1. Comprensión avanzada y sistemática de la Microbiología y Parasitología y dominio de las habilidades y métodos de investigación relacionados con dicho campo.
- CG2. Capacidad para aplicar los conocimientos adquiridos en la realización de actividades de investigación, desarrollo e innovación (I+D+i) para resolver problemas en entornos nuevos o poco conocidos dentro de contextos multidisciplinares relacionados con la Microbiología y Parasitología.
- CG3. Capacidad de análisis crítico, evaluación y síntesis de ideas nuevas y complejas en Microbiología y Parasitología.
- CG4.- Capacidad de comunicar los avances científicos en Microbiología y Parasitología, así como las conclusiones, y los conocimientos y razones que las sustentan, a públicos especializados y no especializados, colegas del área, comunidad académica, científica, o sociedad en general, de un modo claro y sin ambigüedades.
- CG5. Interés por fomentar el avance científico y tecnológico en el campo de la Microbiología y Parasitología dentro de las áreas de la salud, del medio ambiente, industrial, de servicios o de gestión.

Específicas:

- CE5. Conocer el fundamento y las posibilidades de utilización de las metodologías para el análisis funcional de sistemas microbianos, mediante estrategias genómicas, proteómicas o de biología de sistemas.

Contenidos temáticos:

Programa teórico.

1. Secuenciación de DNA: Método del nucleótido terminador. Automatización de la secuenciación: Secuenciadores automáticos. Nuevas metodologías de secuenciación masiva.
2. Estrategias de secuenciación. Proyectos de secuenciación de genomas microbianos. Ensamblaje de secuencias. Anotación. Bases de datos de genomas microbianos.
3. Genómica comparativa: aplicaciones al conocimiento de mecanismos de patogenicidad, biotecnología etc. Sistemas microbianos modelo.
4. PCR cuantitativa en tiempo real: metodología y aplicaciones para la detección de microorganismos, análisis de mutaciones y de expresión génica en microorganismos. Microarrays de DNA: metodología, tipos de plataformas, diseño experimental, análisis de datos.
5. Aplicaciones a la caracterización de genomas microbianos mediante microarrays de DNA: Estudios de expresión génica.
6. Análisis funcional de genomas microbianos: estrategias de interrupción génica y caracterización fenotípica. Interacciones genéticas: sintéticos letales y sistema de dos híbridos. Interacciones proteína-proteína.
7. Proteómica: Tecnología proteómica. Separación de proteínas: electroforesis bidimensional (2D-PAGE) y cromatografía multidimensional.
8. Identificación y caracterización de proteínas mediante espectrometría de masas (Huella peptídica y fragmentación).
9. Proteómica de expresión, proteómica del mapa celular y proteómica funcional.
10. Aplicaciones de la proteómica en biomedicina.

Programa práctico y de actividades académicas dirigidas

1. Diseño experimental de un proyecto de secuenciación de un genoma microbiano.
2. Análisis bioinformático de datos de expresión génica obtenidos mediante *microarrays* de DNA.
3. Demostración práctica de las diferentes tecnologías genómicas en la Unidad de Genómica UCM/PCM.
4. Demostración práctica de las diferentes tecnologías proteómicas en la Unidad de Proteómica UCM/PCM.
5. Identificación de proteínas con datos de espectrometría de masas. Utilización de motores de búsqueda.
6. Diseño experimental de un proyecto de proteómica cuantitativa.
7. Seminarios impartidos por los alumnos sobre trabajos de investigación relacionados con diversos contenidos del Programa y discusión sobre los mismos.

Actividades docentes:

- A1. Clases Teóricas: 2 ECTS (15 h)
A2 y A3. Clases Prácticas y Actividades académicas dirigidas: 3,5 ECTS (26 h)
A4. Presentación de trabajos y exámenes: 0,5 ECTS (4 h)

Evaluación:

El rendimiento académico del alumno y la calificación final de la asignatura se computarán de forma ponderada atendiendo a los siguientes porcentajes, que se mantendrán en todas las convocatorias:

- E1. Examen escrito sobre los contenidos expuestos: 70 %
E2. Participación y elaboración de las Actividades académicas dirigidas: 30 % (Lectura de artículos científicos y evaluación de los mismos mediante cuestionarios en clase y/o exposición en el aula).

Para poder acceder a la evaluación final será necesario que el alumno haya participado al menos en el 80% de las actividades presenciales (asistencia a clases teóricas / prácticas / actividades académicas dirigidas).

El examen se realizará el 15 de Noviembre.

Bibliografía básica:

- Bernot, A. Genome, transcriptome and proteome analysis. (2004). John Wiley & Sons.
- Brown, T.A. (2008) Genomas. 3ª Edición. Panamericana,
- Campbell, A.M., Heyer, L.J. (2002) Discovering Genomics, Proteomics & bioinformatics. Benjamin Cummings.
- Humphery-Smith, I., Hecker, M. (2006) Microbial Proteomics. Functional Biology of whole organisms. John Wiley & Sons.
- Simpson, R. J. (2003) Proteins and Proteomics. A laboratory Manual. Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- Sussman, H.E., Smit, M.A. (2006) Genomes. Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- Zhou, J., Thompson, D.K., Xu, Y., Tiedje, J.M. (2004) Microbial Functional Genomics. John Wiley & Sons.

Bibliografía complementaria:

- Abián, J., Carrascal, M., Gay, M. (2008) Introducción a la Espectrometría de Masas para la caracterización de péptidos y proteínas en Proteómica. *Proteómica*. 2: 16-64.
- Ansorge, W.J. (2009) Next-generation DNA sequencing techniques. *New Biotechnology*. 25 (4): 195-203.
- Baba, T., Ara, T., Hasegawa, M., Takai, Y., Okumura, Y., Baba, M., Datsenko, K.A., Tomita, M., Wanner, B.L., Mori, H. (2006). Construction of *Escherichia coli* K-12 in-frame single-gene knockout mutants: the Keio collection. *Mol. Syst. Biol.* 2:1-11.
- Blalock, E. M. (2003) A Beginner's Guide to Microarrays. Springer.
- Carpenter, A.E., Sabatini, D.M. (2004) Systematic genome-wide screens of gene function. *Nat. Rev. Genet.* 5:11-22.
- Coelho, P.S., Kumar, A., Snyder, M. (2000) Genome-wide mutant collections: toolboxes for functional genomics. *Curr. Opin. Microbiol.* 3:309-315.
- Gerda, K., Shah, S. (2010) DNA Array Image Analysis: Nuts and Bolts. DNA Press.
- Gora, A., Drews, O., Luck, C., Weiland, L., Weiss, W. (2009) 2-DE with IPGs. *Electrophoresis*. 30: S122-S132.
- Kubista, M. *et al.* (2006) The real-time polymerase chain reaction. *Molecular Aspects of Medicine*. 27: 95-125.
- Mardis, E.R. (2008) Next-Generation DNA Sequencing Methods. *Annu. Rev. Genomics Hum. Genet.* 9: 387-402.
- Metzker, M.L. (2010) Sequencing technologies, the next generation. *Nat. Rev. Gen.* 11: 31-46.
- Moffat, J., Sabatini, D.M. (2006) Building mammalian signalling pathways with RNAi screens. *Nat. Rev. Mol. Cell. Biol.* 7:177-187.
- Monteoliva, L., Albar, J.P. (2004) Briefings in functional Genomics and Proteomics. 3(3): 220-239.
- Sáenz, H.L., Dehio, C. (2005) Signature-tagged mutagenesis: technical advances in a negative selection method for virulence gene identification. *Curr. Opin. Microbiol.* 8:612-619.
- Schena, M. (1999). DNA Microarrays: A Practical Approach. Oxford University Press.
- Schena, M. (2004) Protein Microarrays. Jones and Bartlett.

- Stoughton, R.B. (2005) Applications of DNA microarrays in Biology. *Annu. Rev. Biochem.* 74: 53–82.
- Tucker, C.L, Fields, S. (2003) Lethal combinations. *Nat. Genet.* 35:204-205.
- Uetz, P. (2002) Two-hybrid arrays. *Curr. Opin. Chem. Biol.* 6:57-62.

Otra información relevante:

Conocimientos previos

- Se requieren conocimientos previos de bioquímica, microbiología, biología molecular e informática básica

Recomendaciones