

Asignatura: Ómicas de la Expresión y el Metabolismo (6 ECTS)

Profesorado:

Francisco J. Romero-Campero (Coordinador – Dpto Ciencias de la Computación e Inteligencia Artificial)

Francisco J. Balao Robles (Biología Vegetal y Ecología)

Ignacio Ortea (UNIA - Instituto de Investigación e Innovación Biomédica de Cádiz)

Sonia Osorio Algar (UNIA - Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea, Universidad de Málaga)

José Vallarino (UNIA - Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea, Universidad de Málaga)

Unidades:

Unidad 1. Introducción a la transcriptómica. Conceptos Básicos. Determinación y Visualización de Expresión Génica Diferencial. Anotación funcional basada en Gene Ontology y KEGG Pathways. Análisis de Microarrays. (Francisco J. Romero-Campero, 8 horas)

Unidad 2. Análisis Transcriptómicos basados en Secuenciación de Altas Prestaciones con Genoma de Referencia: RNA-seq. Construcción de Índices de Genomas de Referencia. Mapeo de lecturas cortas. Ensamblado y Cuantificación de Transcritos. (Francisco J. Romero-Campero, 8 horas)

Unidad 3. Análisis Epigenómicos basados en Secuenciación de Altas Prestaciones: ChIP-seq, ATAC-seq y Hi-C. Identificación de Regiones Genómicas Ocupadas por Factores de Transcripción y Modificaciones de Histonas. (Francisco J. Romero-Campero, 8 horas)

Unidad 4. Análisis Transcriptómicos basados en Secuenciación de Altas Prestaciones sin Genoma de Referencia. Evaluación de transcriptomas de novo. Anotación de transcriptomas ensamblados de novo (Francisco J. Balao Robles, 8 horas)

Unidad 5. Proteómica. Flujos de trabajo generales y Aplicaciones. Proteómica basada en Espectrometría de Masas. Instrumentación analítica. Modos de barrido: Data-Dependent Acquisition, Data-Independent Acquisition, dirigida (SRM, PRM). Flujos de trabajo de análisis de datos proteómicos desde datos brutos a procesos biológicos. Flujo de trabajo I: identificación y caracterización masiva de proteínas, Motores de búsqueda, bases de datos. Flujo de trabajo II: proteómica cuantitativa: Tendencias en proteómica cuantitativa: marcaje, label-free, DIA (con/sin librería de espectros); Visualización de datos: PCA, volcano plot, heat-map, clustering de perfiles de expresión. Interpretación biológica de datos: análisis de Gene Ontology, de rutas moleculares, de redes proteicas. (Ignacio Ortea, 8 horas)

Unidad 6. Metabolómica. Introducción, métodos de detección e identificación de metabolitos. Interpretación y procesamiento de datos, análisis estadístico y análisis multivariable. Aplicaciones de la Metabolómica. Aplicación de Biología de Sistemas para el estudio de Sistemas Biológicos. Introducción a la Fluxometría. Prácticas en el manejo de Xcalibur o Tagfinder para el análisis de metabolitos y/o análisis integrativos basados en GWAS (Genome Wide Associative Study) (Sonia Osorio, José Vallarino, 8 horas)

Evaluación:

80% Tareas a realizar durante el desarrollo de la asignatura.

20% Examen final (será requisito indispensable obtener la mitad de la calificación máxima del examen final para superar la asignatura)