



DENOMINACIÓN ASIGNATURA: Aplicación de las tecnologías “ómicas” al diagnóstico de enfermedades complejas y al desarrollo de nuevos medicamentos

POSTGRADO: MÁSTER UNIVERSITARIO EN GESTIÓN Y DESARROLLO DE TECNOLOGÍAS BIOMÉDICAS
Profesor/a: MIGUEL ANGEL MORENO PELAYO

ECTS: 5.0

CUATRIMESTRE: 2

CRONOGRAMA DE LA ASIGNATURA (versión detallada)

		DESCRIPCIÓN DEL CONTENIDO DE LA SESIÓN (En su caso, incluir las recuperaciones, tutorías, entrega de trabajos, etc)	GRUPO (marcar X)		Indicar espacio Necesario distinto aula (aula informática, audiovisual, etc..)	TRABAJO DEL ALUMNO DURANTE LA SEMANA		
			1	2		DESCRIPCIÓN	HORAS PRESENCIALES	HORAS TRABAJO Semana Máximo 7 H
1	1	<p>* Introducción: las técnicas ómicas en trastornos hereditarios. Aplicación de paneles NGS y arrays-CGH en el diagnóstico molecular de la pérdida auditiva hereditaria.</p> <p>* Uso de la plataforma Illumina Mi-seq en la práctica clínica. Diseño de panel personalizado. Exome clínico Trusight-Uno de Illumina. Prueba NIPT Clarigo.</p>	X		INF 1.1.G03 DUAL		3	6
2	2	<p>* Aplicación del NGS en el diagnóstico de cáncer de mama y cáncer de colon.</p> <p>* Análisis de conjuntos de datos con herramientas bioinformáticas en cáncer hereditario: Multiplicom BCRA y Síndrome de Lynch.</p>	X		INF 1.1.G03 DUAL		3	6
3	3	<p>* Análisis bioinformático de conjuntos de datos para el diagnóstico molecular de la fibrosis quística, la patología neurosensorial y la enfermedad cardíaca familiar.</p> <p>* Metagenómica: caracterización de la microbiota de pacientes.</p>	X		INF 1.1.G03 DUAL		3	6



4	4	<ul style="list-style-type: none">* Uso de NGS (secuenciación del exoma) para la detección de mutaciones somáticas.* Uso de la secuenciación masiva en el diagnóstico genético: enfoque WES.	X		INF 1.1.G03 DUAL		3	6
5	5	<ul style="list-style-type: none">* Desarrollo de pipelines bioinformáticos para el análisis de datos genómicos (I).* Desarrollo de pipelines bioinformáticos para el análisis de datos genómicos (II).	X		INF 1.1.G03 DUAL		3	6
6	6	<ul style="list-style-type: none">* RNA-seq: Aplicaciones* Aplicación de RNAseq: perfiles de expresión de mRNA y microRNAs	X		INF 1.1.G03 DUAL		3	6
7	7	<ul style="list-style-type: none">* Arrays SNP: aplicaciones* Aplicación de aCGH al diagnóstico genético	X		INF 1.1.G03 DUAL		3	6
8	8	<ul style="list-style-type: none">* CRISP-Cas9: introducción* CRISPR-Cas9: diseño y detección de mosaicismos alélicos por NGS	X		INF 1.1.G03 DUAL		3	6
9	9	<ul style="list-style-type: none">* Resolución de dudas, tutorías, planteamiento de los trabajos....	X		INF 1.1.G03 DUAL		2	6
10	10	<ul style="list-style-type: none">* Plataformas bioinformáticas: Spanex; Spanish exome server; EQUIPO; Babebloomics* Diseño experimental y aplicaciones de técnicas proteómicas basadas en gel: 2D-PAGE y DIGE	X		INF 1.1.G03 DUAL		3	6
11	11	<ul style="list-style-type: none">* Aplicaciones de técnicas proteómicas basadas en espectrometría de masas: Silac, Itraq, etc.* Bases de datos y herramientas bioinformáticas para	X		INF 1.1.G03 DUAL		3	6



		el análisis de resultados generados en proteómica.						
12	12	* Análisis exploratorio de datos en bioinformática * Aplicación de matrices de metilación en patología	X		INF 1.1.G03 DUAL		3	6
		Trabajo de la asignatura						28
TOTAL HORAS							35	100