



<b>DENOMINACIÓN ASIGNATURA:</b> Tecnologías Ómicas en Biomedicina		
<b>POSTGRADO:</b> MÁSTER UNIVERSITARIO EN GESTIÓN Y DESARROLLO DE TECNOLOGÍAS BIOMÉDICAS <b>Profesor/a:</b> CARLOS LEÓN CANSECO	<b>ECTS:</b> 5.0	<b>CUATRIMESTRE:</b> 1

<b>CRONOGRAMA DE LA ASIGNATURA (versión detallada)</b>								
SEMANA	SESIÓN	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 (16 sept)	Introducción a la asignatura y al proyecto de trabajo. Introducción a las tecnologías ómicas I. Definición, características generales, tipos. Aproximación ómica a los retos actuales de la biomedicina	X				1.5	1.5
2	2 (21 sept)	Introducción a las tecnologías ómicas II. Gene Ontology. Ejercicios	X		Práctica ordenadores		1.5	1.5
2	3 (23 sept)	Genómica I. Instrumentación. Secuenciación Sanger. NGS I, características comunes a las NGS	X				1.5	1.5
3	4 (28 sept)	Genómica II. Instrumentación. NGS II. Métodos de secuenciación masiva (distintas plataformas)	X				1.5	1.5
3	5 (30 sept)	Genómica III. Análisis de la calidad de secuenciación masiva. Longitud de lectura, cobertura, número de medidas, alineamiento (FastQC).	X		Práctica ordenadores		1.5	1.5
4	6 (05 oct)	Genómica Debate: dispositivos POC para secuenciación	X				1.5	1.5



4	7 (07 oct)	Genómica IV. Ejercicios bases de datos genómicas	X		Práctica ordenadores		3	1.5
5	8 (14 oct)	Seminario Metagenómica	X					1.5
5	9 (19 oct)	Genómica Funcional I. Instrumentación. Microarrays de expresión de uno/dos canales, de genotipado, CGH. Real time qPCR. Plataformas de análisis masivo de RNA (RNA-Seq).	X				1.5	1.5
6	10 (21 oct)	Genómica Funcional II. Análisis de la calidad de los datos de transcriptómica (arrayQualitymetrics)	X		Práctica ordenadores		1.5	1.5
6	11 (26 oct)	Genómica Funcional III. Análisis de datos RNA-Seq	X		Práctica ordenadores		1.5	1.5
7	12 (28 oct)	Seminario: Análisis masivo de datos transcriptómicos para determinar genes de cáncer	X				1.5	1.5
7	13 (04 nov)	Examen evaluación continua	X				1.5	1.5
8	14 (09 nov)	Proteómica I. Técnicas de separación en proteómica y metabolómica. Cromatografía. Electroforesis bidimensional, capilar, etc. Flow cytometry	X				1.5	1.5
8	15 (11 nov)	Proteómica y Metabolómica I. Instrumentación. Espectrometría de Masas (LC-MS, GC-MS y CE-MS). Espectrometría de Masas MALDI-TOF, FTICR.	X				1.5	1.5



9	16 (16 nov)	Metabolómica III. Instrumentación. Resonancia Magnética (NMR). Medidas cuantitativas	X				1.5	1.5
9	17 (18 nov)	Metabolómica IV. Análisis de datos de MS en Metabolómica	X		Práctica ordenadores		1.5	1.5
10	18 (23 nov)	Metabolómica IV. Análisis de la calidad de los datos de RMN.	X		Práctica ordenadores		1.5	1.5
10	19 (25 nov)	Integración de datos de distintas ómicas entre sí (multi-omics).	X				1.5	1.5
11	20 (30 nov)	Seminario Foodomics	X				1.5	1.5
11	21 (02 dic)	Seminario Microbioma	X				1.5	1.5
12	22 (09 dic)	Conclusiones. Para qué sirven todos estos datos generados, aplicaciones biomédicas.	X				1.5	1.5
12	23 (14 dic)	Presentaciones de proyectos/diseño experimental de soluciones ómicas a problemas biomédicos	X				1	3.5
13	24 (16 dic)	Presentaciones de proyectos/diseño experimental de soluciones ómicas a problemas biomédicos	X				1	3.5



13	25		X					
		Preparación de exámenes y trabajos, tutorías...	X					50
<b>TOTAL HORAS</b>							35	90