

Guía docente

Identificación de la asignatura

| | |
|-------------------------------|--|
| Asignatura / Grupo | 21517 - Biología Molecular de Sistemas / 1 |
| Titulación | Grado en Bioquímica - Tercer curso |
| Créditos | 6 |
| Período de impartición | Segundo semestre |
| Idioma de impartición | Catalán |

Profesores

Horario de atención a los alumnos

| Profesor/a | Hora de inicio | Hora de fin | Día | Fecha inicial | Fecha final | Despacho / Edificio |
|--|----------------|-------------|-----|---------------|-------------|---|
| Juana Sánchez Roig <i>Responsable</i> joana.sanchez@uib.es | | | | | | Hay que concertar cita previa con el/la profesor/a para hacer una tutoría |
| Mariona Palou March mariona.palou@uib.cat | | | | | | Hay que concertar cita previa con el/la profesor/a para hacer una tutoría |

Contextualización

Asignatura obligatoria del segundo semestre del tercer curso del grado de bioquímica que pertenece al módulo de métodos instrumentales cuantitativos y biología molecular de sistemas. La asignatura consta 6 créditos ECTS. Los contenidos de esta asignatura según la memoria de grado de Bioquímica de la Universitat de les Illes Balears son los siguientes:

- * Conceptos básicos en Biología Molecular de Sistemas. Fundamento e introducción a las técnicas de alto rendimiento: genómica, transcriptómica, proteómica, interactómica, reactiva, etc. Otras fuentes de las que se nutre la Biología Molecular de Sistemas.
- * La Bioquímica y Biología Molecular en la WWW. Entrez PubMed del NCBI.
- * Visualización e interpretación del resultado de una consulta simple en un sistema integrado de información de Bioquímica y Biología Molecular: "Entrez, The Life Sciences Search Engine": secuencias de ácidos nucleicos y proteínas (EST, GSS, etc.), SNP, proyectos de secuenciación de genomas, estructuras de proteínas, dominios, etc. Blast NCBI como ejemplo de herramienta para el alineamiento de secuencias.
- * Bases de datos repositorio de datos de ómicas como ejemplo de análisis e interpretación de los resultados obtenidos en este tipo de técnicas. GEO db del NCBI, Swiss-2DPAGE ExPASy, HPRD de la JHMI y IOB, Reactome del EBI, etc.).

Requisitos

Guía docente

Competencias

Específicas

- * CE-11. Poseer las habilidades numéricas y de cálculo que permitan aplicar procedimientos matemáticos para el análisis de datos.
- * CE-18. Saber buscar, obtener e interpretar la información de las principales bases de datos biológicos y bibliográficos.
- * CE-19. Conocer los fundamentos y aplicaciones de las tecnologías ómicas: genómica, transcriptómica, proteómica, metabolómica, etc.; y saber acceder a las bases de datos relacionadas con estas tecnologías.

Transversales

- * CT-1. Poseer y comprender conocimientos en el área de la Bioquímica y la Biología Molecular a un nivel que, apoyándose en libros de texto avanzados, incluya asimismo aspectos de vanguardia de relevancia en la disciplina.
- * CT-2. Saber aplicar los conocimientos de Bioquímica y Biología Molecular en la práctica profesional y poseer las habilidades intelectuales necesarias para dicha práctica, incluyendo capacidad de: gestión de la información, análisis y síntesis, resolución de problemas, organización y planificación, y generación de nuevas ideas.
- * CT-5. Haber desarrollado aquellas habilidades de aprendizaje necesarias para emprender estudios posteriores en el área de Bioquímica y Biología Molecular y otras áreas afines con un alto grado de autonomía.
- * CT-6. Poseer la capacidad para, en un nivel medio, comprender, hablar y escribir en lengua inglesa.
- * CT-7. Adquirir las habilidades básicas para manejar programas informáticos de uso habitual, incluyendo accesos a bases de datos bibliográficos y de otros tipos que puedan ser interesantes en Bioquímica y Biología Molecular.
- * CT-8. Desarrollar las habilidades interpersonales necesarias para ser capaz de trabajar en un equipo dentro del ámbito de Bioquímica y Biología Molecular de manera efectiva; pudiendo así mismo incorporarse a equipos interdisciplinarios, tanto de proyección nacional como internacional.
- * CT-10. Saber apreciar la importancia, en todos los aspectos de la vida incluyendo el profesional, del respeto a los Derechos Humanos, los principios democráticos, la diversidad y multiculturalidad y el medio ambiente.

Básicas

- * Se pueden consultar las competencias básicas que el estudiante tiene que haber adquirido al finalizar el grado en la siguiente dirección: http://estudis.uib.cat/es/grau/comp_basiques/

Contenidos

Contenidos temáticos

BLOQUE 1. INTRODUCCIÓN A LA BIOLOGÍA MOLECULAR DE SISTEMAS.

Tema 1. La biología molecular de sistemas.

Conceptos básicos. Bioinformática en biología de sistemas y sus aplicaciones. Aplicaciones de la biología de sistemas en la ciencia actual.

Guía docente

Tema 2. Fuentes de información de la que se nutre la biología molecular de sistemas.
Entrez PubMed del NCBI. Web of Science. Otras bases de datos de búsquedas bibliográficas.
Gestores de bibliografía.

Tema 3. Herramientas básicas en biología de sistemas.
Introducción a las Bases de datos biológicas. Bases de datos repositorio de datos de ómicas: GEO datasets, Swiss-Prot. UniProtKB, HPRD, Reactome, u otras. Alineamiento de secuencia: BLAST. microARNs bases de datos de microARNs.

BLOQUE 2. INTRODUCCIÓN A LAS TÉCNICAS ÓMICAS.

Tema 4. Transcriptómica.
Conceptos generales. Aplicaciones de la transcriptómica. Los microarrays y el análisis de la expresión génica. RNA-Seq. Introducción a los métodos de análisis de expresión diferencial. Repositorios de datos transcriptómicos.

Tema 5. Genómica
Conceptos generales. Fundamento e introducción a los métodos de análisis. Técnicas de secuenciación de alto rendimiento. Secuenciación de nueva generación. Genome-wide association studies (GWAS). Epigenoma y epigenómica. Metagenómica, introducción y concepto.

Tema 6. Proteómica.
Conceptos generales: proteoma y proteómica. Fundamento y técnicas para el análisis masivo de proteínas. Predicción de la estructura de proteínas y modificaciones postraduccionales. Bases de datos.

Tema 7. Metabolómica.
Conceptos generales. HMDB. Metabolómica dirigida y metabolómica no dirigida. Lipidómica. Aplicaciones.

Tema 8. Introducción al análisis de redes en biología molecular de sistemas.
Redes: concepto e importancia en biología de sistemas. El interactoma. Interacciones proteína-proteína (PPI). Interacciones proteína-DNA (PDI). Interacciones ARN-ARN (RRIs)

BLOQUE 3. SESIONES PRÁCTICAS

Práctica 1. Fuentes de información y gestores de bibliografía. (2 sesiones)
Búsquedas en Pubmed. WoS. programa de gestor bibliográfico.

Práctica 2. Introducción a la interpretación y análisis de datos transcriptómicos. (8 sesiones)
GEO db del NCBI. Concepto de normalización. Análisis de expresión diferencial. Fold Change. Corrección de “múltiple testing” y “false discovery rate” (FDR). Análisis de componentes principales. Heatmap. Análisis de clúster. Análisis funcional de los genes con expresión diferencial (GO Enrichment Analysis, KEGG, Reactome). Búsqueda de la información sobre la función de los ARNm.

Práctica 3. Alineamiento de secuencias. (3 sesiones)
Alineamiento de secuencias. BLAST. Diseño de cebadores. microRNAs y bases de datos de microRNAs.

Práctica 4. Introducción a la interpretación y análisis de datos en proteómica. Caracterización de la estructura, interacciones y función de una proteína. (5 sesiones)
Identificación de dominios conservados. Predicción de proteínas a partir de secuencias con INTERPROSCAN SEQUENCE SEARCH. Introducción al estudio de dominios, motivos, modificaciones post-traduccionales, vías metabólicas, interacciones. Identificación de una proteína mediante su huella peptídica (MS-fingerprint) en MASCOT.

Guía docente

Práctica 5. Introducción al análisis de datos metabolómicos (2 sesiones)

Introducción a ChEMBL, PubChem, Drugbank, Swiss Similarity, Swiss TargetPrediction, IUPHAR, Mol View. Introducción a la base de datos *Human metabolome database* (HMDB)

Metodología docente

La idea es que los alumnos completen la formación adquirida en la asignatura biología molecular de sistemas mediante clases presenciales, en las que el profesor realizará clases teóricas y/o seminarios de interés relacionados con los contenidos de la asignatura, para que el alumno pueda ver ejemplos reales de la aplicación de las técnicas ómicas en el contexto de la biología molecular y en la integración global del metabolismo. Además habrá sesiones teórico-prácticas en el aula con ordenadores en las que el profesor guiará y explicará a los alumnos el manejo de bases de datos, herramientas bioinformáticas para el análisis de datos obtenidos en diferentes técnicas ómicas.

Actividades de trabajo presencial (2,4 créditos, 60 horas)

| Modalidad | Nombre | Tip. agr. | Descripción | Horas |
|------------------|---|-------------------|--|-------|
| Clases teóricas | | Grupo grande (G) | Clases expositivas participativas en las que se presentarán los contenidos teóricos de la asignatura necesarios para asentar los conocimientos teóricos y para la contextualización de las prácticas y/o ejercicios propuestos por la profesora. | 17 |
| Clases prácticas | Sesiones prácticas: "Alineamiento de secuencias" | Grupo mediano (M) | Se propondrán actividades relacionadas el alineamiento de secuencias. La profesora realizará un seminario sobre herramientas básicas en biología de sistemas. Se introducirá al alumno al programa BLAST, para alinear secuencias de ARN y también proteínas, buscar regiones de homología entre diferentes especies y diseño de cebadores. Además se introducirá la nomenclatura y bases de datos de microRNAs. Los alumnos realizarán esta actividad de forma individual guiados por la profesora. Dispondrán de material de ayuda complementario para seguir las sesiones prácticas. | 6 |
| Clases prácticas | Sesiones prácticas: "Fuentes de información y gestores de bibliografía" | Grupo mediano (M) | Se propondrán actividades relacionadas con la búsqueda de información en bases de dato indexadas como PubMed. Además realizará una sesión informativa sobre el uso de programas de gestión de bibliografía. Se propondrán actividades para que el alumno realice en clase. Los alumnos realizarán esta actividad de forma individual guiados por la profesora. Dispondrán de material de ayuda complementario para seguir las sesiones prácticas. | 4 |
| Clases prácticas | Sesiones prácticas: "Introducción a la interpretación y análisis de datos transcriptómicos" | Grupo mediano (M) | Actividades destinadas a la introducción en el manejo de datos de expresión masiva, en concreto en los datos obtenidos en técnicas transcriptómicas. Los alumnos seleccionarán de la base de datos GEO DataSets resultados de experimento de transcriptómica, en función del tema que sea de su interés, para poder realizar los diferentes análisis bioinformáticos y estadísticos propuestos por la profesora y adquirir las competencias que se establecen en la guía docente de la | 16 |

Guía docente

| Modalidad | Nombre | Tip. agr. | Descripción | Horas |
|------------------|--|-------------------|---|-------|
| | | | <p>asignatura. La profesora realizará una breve introducción y/o seminario de cada actividad. Los alumnos realizarán esta actividad de forma individual o en grupo (máximo 3 personas por grupo) guiados por la profesora.</p> <p>Dispondrán de material de ayuda complementario para seguir las sesiones prácticas.</p> | |
| Clases prácticas | Sesiones prácticas: "Introducción a la interpretación y análisis de datos en proteómica. Caracterización de la estructura, interacciones y función de una proteína." | Grupo mediano (M) | <p>Actividades que permitirá a los estudiantes introducirse en el manejo de bases de datos para la identificación de dominios conservados de proteínas, predicción de proteínas a partir de secuencias, la introducción al estudio de dominios, motivos, modificaciones postraduccionales, vías metabólicas, interacciones. Además se realizarán sesiones prácticas en las que el alumno realizará una identificación de una proteína mediante su huella peptídica (MS-fingerprint) en MASCOT.</p> <p>Para realizar la práctica, los alumnos trabajarán en aulas de informática con la supervisión y orientación de la profesora en parejas o individualmente. Dispondrán de material de ayuda complementario para seguir las sesiones prácticas.</p> | 10 |
| Clases prácticas | Sesiones prácticas "Introducción al análisis de datos metabolómicos" | Grupo mediano (M) | <p>Sesiones prácticas en las que se propondrán actividades de introducción al manejo de bases de datos de utilidad en el campo de la metabolómica. En concreto, esta práctica que se subdivide en 2 actividades permitirá a los estudiantes introducirse en el manejo de bases de datos como ChEMBL, PubChem, Drugbank, Swiss Similarity, Swiss TargetPrediction, IUPHAR, Mol View y Human metabolome database.</p> <p>Para realizar la práctica, los alumnos trabajarán en aulas de informática con la supervisión y orientación de la profesora en parejas o individualmente. Dispondrán de material de ayuda complementario para seguir las sesiones prácticas.</p> | 4 |
| Evaluación | Examen | Grupo grande (G) | <p>En las fechas programadas en el cronograma de la asignatura, se realizará un examen final en el que se evaluarán los conocimientos teóricos de la asignatura. El objetivo es evaluar la asimilación de los conceptos explicados en clase. Para ellos se realizará una prueba objetiva, examen, de respuesta breve (V/F o respuesta múltiple) y preguntas de desarrollo.</p> | 3 |

Al inicio del semestre estará a disposición de los estudiantes el cronograma de la asignatura a través de la plataforma UIBdigital. Este cronograma incluirá al menos las fechas en las que se realizarán las pruebas de evaluación continua y las fechas de entrega de los trabajos. Asimismo, el profesor o la profesora informará a los estudiantes si el plan de trabajo de la asignatura se realizará a través del cronograma o mediante otra vía, incluida la plataforma Aula Digital.

Actividades de trabajo no presencial (3,6 créditos, 90 horas)

| Modalidad | Nombre | Descripción | Horas |
|---------------------------------------|----------------------------|---|-------|
| Estudio y trabajo autónomo individual | Estudio y trabajo autónomo | Estudio, asimilación y comprensión de los conocimientos teóricos explicados en las sesiones teóricas. Se incluye también el estudio para la preparación del examen. | 30 |

Guía docente

| Modalidad | Nombre | Descripción | Horas |
|--|----------------------------------|---|-------|
| Estudio y trabajo autónomo individual o en grupo | Trabajo en individual o en grupo | Trabajo autónomo necesario para el estudio, asimilación, y comprensión de los conocimientos de las actividades propuestas por la profesora en las sesiones prácticas. Se incluye además trabajo autónomo individual o en grupo para completar las actividades propuestas en las clases prácticas. | 60 |

Riesgos específicos y medidas de protección

Las actividades de aprendizaje de esta asignatura no conllevan riesgos específicos para la seguridad y salud de los alumnos y, por tanto, no es necesario adoptar medidas de protección especiales.

Evaluación del aprendizaje del estudiante

El alumno obtendrá una calificación numérica de 0 a 10 para cada actividad de evaluación. La nota global de la asignatura será la nota promedio de todas ellas ponderadas por el peso que suponga cada una de ellas. Para superar la asignatura es imprescindible obtener una nota global igual o superior a 5.

Fraude en elementos de evaluación

De acuerdo con el artículo 33 del Reglamento Académico, "con independencia del procedimiento disciplinario que se pueda seguir contra el estudiante infractor, la realización demostrablemente fraudulenta de alguno de los elementos de evaluación incluidos en guías docentes de las asignaturas comportará, a criterio del profesor, una minusvaloración en su calificación que puede suponer la calificación de «suspense 0» en la evaluación anual de la asignatura".

Sesiones prácticas: "Alineamiento de secuencias"

| | |
|-------------------------|---|
| Modalidad | Clases prácticas |
| Técnica | Trabajos y proyectos (no recuperable) |
| Descripción | Se propondrán actividades relacionadas el alineamiento de secuencias. La profesora realizará un seminario sobre herramientas básicas en biología de sistemas. Se introducirá al alumno al programa BLAST, para alinear secuencias de ARN y también proteínas, buscar regiones de homología entre diferentes especies y diseño de cebadores. Además se introducirá la nomenclatura y bases de datos de microRNAs. Los alumnos realizarán esta actividad de forma individual guiados por la profesora. Dispondrán de material de ayuda complementario para seguir las sesiones prácticas. |
| Criterios de evaluación | Ejercicios y actividades propuestas por la profesora a desarrollar durante las sesiones prácticas. El alumno realizar de forma individual estas tareas. El alumno entregará estas tareas en el espacio habilitado para ello en aula digital en la fecha establecida por la profesora. Se valorará la calidad de las respuestas a las preguntas/actividades planteadas. |

Porcentaje de la calificación final: 7%

Guía docente

Sesiones prácticas: “Fuentes de información y gestores de bibliografía”

| | |
|-------------------------|---|
| Modalidad | Clases prácticas |
| Técnica | Trabajos y proyectos (no recuperable) |
| Descripción | Se propondrán actividades relacionadas con la búsqueda de información en bases de dato indexadas como PubMed. Además realizará una sesión informativa sobre el uso de programas de gestión de bibliografía. Se propondrán actividades para que el alumno realice en clase. Los alumnos realizarán esta actividad de forma individual guiados por la profesora. Dispondrán de material de ayuda complementario para seguir las sesiones prácticas. |
| Criterios de evaluación | Ejercicios y actividades propuestas por la profesora a desarrollar durante las sesiones prácticas. El alumno realizar de forma individual estas tareas. El alumno entregará estas tareas en el espacio habilitado para ello en aula digital en la fecha establecida por la profesora. Se valorará la calidad de las respuestas a las preguntas/actividades planteadas. |

Porcentaje de la calificación final: 5%

Sesiones prácticas: “Introducción a la interpretación y análisis de datos transcriptómicos”.

| | |
|-------------------------|---|
| Modalidad | Clases prácticas |
| Técnica | Trabajos y proyectos (no recuperable) |
| Descripción | Actividades destinadas a la introducción en el manejo de datos de expresión masiva, en concreto en los datos obtenidos en técnicas transcriptómicas. Los alumnos seleccionarán de la base de datos GEO DataSets resultados de experimento de transcriptómica, en función del tema que sea de su interés, para poder realizar los diferentes análisis bioinformáticos y estadísticos propuestos por la profesora y adquirir las competencias que se establecen en la guía docente de la asignatura. La profesora realizará una breve introducción y/o seminario de cada actividad. Los alumnos realizarán esta actividad de forma individual o en grupo (máximo 3 personas por grupo) guiados por la profesora. Dispondrán de material de ayuda complementario para seguir las sesiones prácticas. |
| Criterios de evaluación | Informe final de los ejercicios y actividades realizadas durante estas sesiones de prácticas. Los alumnos dispondrán de un guión para realizar el trabajo que entregarán en el espacio habilitado en aula digital. El alumno realizará de forma individual o en grupo (máximo 3 personas) esta tarea. Se valorará la estructura, capacidad de síntesis, y calidad de las respuestas. Además se valorará la interpretación y el análisis crítico de los resultados obtenidos. |

Porcentaje de la calificación final: 30%

Sesiones prácticas: “Introducción a la interpretación y análisis de datos en proteómica. Caracterización de la estructura, interacciones y función de una proteína.”

| | |
|-------------|--|
| Modalidad | Clases prácticas |
| Técnica | Trabajos y proyectos (no recuperable) |
| Descripción | Actividades que permitirá a los estudiantes introducirse en el manejo de bases de datos para la identificación de dominios conservados de proteínas, predicción de proteínas a partir de secuencias, la introducción al estudio de dominios, motivos, modificaciones postraduccionales, vías metabólicas, interacciones. Además se realizarán sesiones prácticas en las que el alumno realizará una identificación de una proteína mediante su huella peptídica (MS-fingerprint) en MASCOT. Para realizar la práctica, los alumnos trabajarán en aulas |

Guía docente

| | |
|--------------------------------------|---|
| | de informática con la supervisión y orientación de la profesora en parejas o individualmente. Dispondrán de material de ayuda complementario para seguir las sesiones prácticas. |
| Criterios de evaluación | Ejercicios y actividades propuestas por la profesora a desarrollar durante las sesiones prácticas. El alumno realizará de forma individual o en pareja estas tareas propuestas. El alumno entregará estas tareas en el espacio habilitado para ello en aula digital en la fecha establecida por la profesora. Se valorará la calidad de las respuestas a las preguntas/actividades planteadas. |
| Porcentaje de la calificación final: | 18% |

Sesiones prácticas “Introducción al análisis de datos metabolómicos”

| | |
|--------------------------------------|--|
| Modalidad | Clases prácticas |
| Técnica | Trabajos y proyectos (no recuperable) |
| Descripción | Sesiones prácticas en las que se propondrán actividades de introducción al manejo de bases de datos de utilidad en el campo de la metabolómica. En concreto, esta práctica que se subdivide en 2 actividades permitirá a los estudiantes introducirse en el manejo de bases de datos como ChEMBL, PubChem, Drugbank, Swiss Similarity, Swiss TargetPrediction, IUPHAR, Mol View y Human metabolome database. Para realizar la práctica, los alumnos trabajarán en aulas de informática con la supervisión y orientación de la profesora en parejas o individualmente. Dispondrán de material de ayuda complementario para seguir las sesiones prácticas. |
| Criterios de evaluación | Ejercicios y actividades propuestas por la profesora a desarrollar durante las sesiones prácticas. El alumno realizará de forma individual o en pareja estas tareas propuestas. El alumno entregará estas tareas en el espacio habilitado para ello en aula digital en la fecha propuesta por la profesora. Se valorará la calidad de las respuestas a las preguntas/actividades planteadas. |
| Porcentaje de la calificación final: | 10% |

Examen

| | |
|-------------------------|---|
| Modalidad | Evaluación |
| Técnica | Pruebas objetivas (recuperable) |
| Descripción | En las fechas programadas en el cronograma de la asignatura, se realizará un examen final en el que se evaluarán los conocimientos teóricos de la asignatura. El objetivo es evaluar la asimilación de los conceptos explicados en clase. Para ellos se realizará una prueba objetiva, examen, de respuesta breve (V/F o respuesta múltiple) y preguntas de desarrollo. |
| Criterios de evaluación | En la fecha programada en el cronograma de la asignatura, se realizará un examen en el que se evaluarán los contenidos teóricos de la asignatura. Examen de respuestas breves (tipo V/F y/o respuesta múltiple) y preguntas de desarrollo. La valoración/puntuación de cada una de las preguntas se detallará en el examen. |

Guía docente

Este examen es recuperable mediante una prueba equivalente en el periodo extraordinario de evaluación.

Porcentaje de la calificación final: 30% con calificación mínima 4.5

Recursos, bibliografía y documentación complementaria

En cada tema se propondrá bibliografía adecuada básica y de interés para el alumno así como bibliografía más especializada para aquellos alumnos que deseen completar más sus conocimientos. Además dadas las características particulares de los contenidos de esta asignatura, los alumnos dispondrán de acceso a bases de datos online, y herramientas bioinformática así como acceso a los manuales y/o tutoriales.

Bibliografía básica

Libros

- * Bioinformatics for biomedical science and clinical application. Kung-Hao Liang. Woodhead Publishing, 2013. ISBN: 978-1-908818-23-2
- * Bioinformatics for Beginners. Genes, Genomes, Molecular Evolution, Databases and Analytical Tools Edited by: Supratim Choudhuri ISBN: 9780124105102

Bibliografía complementaria

Libros

- * OMICS: Biomedical Perspectives and Applications. Debmalya Barh, Kenneth Blum, Margaret A. Madigan. CRC Press, 2011. ISBN 9781439850084
- * Approaches in Integrative Bioinformatics Towards the Virtual Cell. Chen, Ming, Hofestädt, Ralf (Eds.). Springer, 2014. ISBN 978-3-642-41280-6
- * A Systems Theoretic Approach to Systems and Synthetic Biology I: Models and System Characterizations I. Vishwesh V. Kulkarni, Guy-Bart Stan, Karthik Raman Editors. Springer, 2014. ISBN: 978-94-017-9040-6

Revisiones

- * Ghurye JS, Cepeda-Espinoza V, Pop M. Metagenomics Assembly: Overview, Challenges and Applications. Yale J Biol Med. 2016 Sep 30;89(3):353-362. eCollection 2016 Sep. Review.
- * Hillmer RA. Systems Biology for Biologists. PLoS Pathog. 2015 May 14;11(5):e1004786. doi:10.1371/journal.ppat.1004786.
- * Keshava Prasad TS, et al. Human Protein Reference Database - 2009 Update. Nucleic Acids Res. 2009 Jan; 37(Database issue):D767-72. doi: 10.1093/nar/gkn892.
- * Saffery R & Novakovic. Epigenetics as the mediator of fetal programming of adult onset disease: what is the evidence? Acta Obstet Gynecol Scand. 2014 Nov;93(11):1090-8. doi: 10.1111/aogs.12431.
- * Stirzaker C, Taberlay PC, Statham AL, Clark SJ. Mining cancer methylomes: prospects and challenges. Trends Genet. 2014 Feb;30(2):75-84. doi: 10.1016/j.tig.2013.11.004.
- * Wang Z, Gerstein M, Snyder M. RNA-Seq: a revolutionary tool for transcriptomics. Nat Rev Genet. 2009 Jan;10(1):57-63. doi: 10.1038/nrg2484

Otros recursos

En cada tema se propodrán recursos adicionales y actualizados