



Universitat de Lleida

GUÍA DOCENTE  
**MÉTODOS EN BIOLOGÍA DE  
SISTEMAS**

Coordinación: FERREZUELO MUÑOZ, FRANCISCO

Año académico 2023-24

## Información general de la asignatura

<b>Denominación</b>	MÉTODOS EN BIOLOGÍA DE SISTEMAS			
<b>Código</b>	14705			
<b>Semestre de impartición</b>	1R Q(SEMESTRE) EVALUACIÓN CONTINUADA			
<b>Carácter</b>	Grado/Máster	Curso	Carácter	Modalidad
	Máster Universitario en Investigación Biomédica	1	OPTATIVA	Presencial
<b>Número de créditos de la asignatura (ECTS)</b>	4			
<b>Tipo de actividad, créditos y grupos</b>	<b>Tipo de actividad</b>	PRALAB	PRAULA	TEORIA
	<b>Número de créditos</b>	0.2	1.7	2.1
	<b>Número de grupos</b>	1	1	1
<b>Coordinación</b>	FERREZUELO MUÑOZ, FRANCISCO			
<b>Departamento/s</b>	CIENCIAS MÉDICAS BÁSICAS			
<b>Información importante sobre tratamiento de datos</b>	Consulte <a href="#">este enlace</a> para obtener más información.			
<b>Idioma/es de impartición</b>	Inglés			

Profesor/a (es/as)	Dirección electrónica\nprofesor/a (es/as)	Créditos impartidos por el profesorado	Horario de tutoría/lugar
FERREZUELO MUÑOZ, FRANCISCO	francisco.ferrezuelo@udl.cat	,8	
FIBLA PALAZON, JUAN	joan.fibla@udl.cat	,8	
JOVE FONT, MARIONA	mariona.jove@udl.cat	,8	
TAMARIT SUMALLA, JORDI	jordi.tamarit@udl.cat	,8	
VAQUEIRO DE CASTRO ALVES, RUI CARLOS	rui.alves@udl.cat	,8	

## Objetivos académicos de la asignatura

### Aprendizaje:

Después del curso, los estudiantes deben conocer:

Qué es la Biología de Sistemas.

El cambio de paradigma subyacente al auge actual de la biología de sistemas.

Los métodos que están disponibles para los estudios de Biología de Sistemas y cómo funcionan.

Los diferentes tipos de problemas que se pueden resolver con esos métodos.

### Capacidades:

Después del curso, los estudiantes deberían poder:

Analizar críticamente la investigación en Biología de Sistemas.

Identificar los mejores métodos para resolver un problema determinado.

Planificar la investigación utilizando métodos de Biología de Sistemas.

## Competencias

CB1 Poseer y comprender conocimientos que aporten una base u oportunidad de ser originales en el desarrollo y/o aplicación de ideas, a menudo en un contexto de investigación (\*)

CB2 Saber aplicar los conocimientos adquiridos y tener capacidad de resolución de problemas en entornos nuevos o poco conocidos dentro de contextos más amplios (o multidisciplinares) relacionados con su área de estudio (\*)

CB3 Ser capaz de integrar conocimientos y enfrentarse a la complejidad de formular juicios a partir de una

información que, siendo incompleta o limitada, incluya reflexiones sobre las responsabilidades sociales y éticas vinculadas a la aplicación de sus conocimientos y juicios (\*)

CB5 Poseer las habilidades de aprendizaje que les permitan continuar estudiando de un modo que habrá de ser en gran medida autodirigido o autónomo (\*)

CG1 Saber elegir y aplicar las diferentes metodologías de análisis molecular, bioquímico, celular, genético y fenotípico para el diagnóstico y estudio de las enfermedades.

CG5 Capacidad de preparar, procesar e interpretar los resultados obtenidos con rigor y aplicando las tecnologías apropiadas

CG6 Saber orientar la investigación a líneas de interés médico y traslacional (diagnóstico y terapia)

CE4 Reconocer las técnicas de alto rendimiento (high throughput) y ser capaces de utilizar las herramientas bioinformáticas de análisis de datos.

CT2 Dominar una lengua extranjera

CT3 Dominar las TIC

## Contenidos fundamentales de la asignatura

### BIOLOGÍA DE SISTEMAS: UN PARADIGMA

Evolución de los paradigmas en biología. Reduccionismo versus holismo versus neo-reduccionismo. Modularidad en organismos vivos.

¿Qué se necesita para estudiar la biología de sistemas de un organismo? Eucariotas frente a procariontes.

#### GENÓMICA:

Microarrays de DNA.

Tecnologías de secuenciación de nueva generación.

Enfoque variómico en Biología de Sistemas.

Estudio de un caso: secuenciación del exoma y/o análisis RNAseq

#### PROTEÓMICA:

Fundamentos de la proteómica: ¿cuántas proteínas y proteoformas hay en el proteoma humano? ¿Cómo podemos identificar y / o cuantificar proteínas en muestras biológicas? Anticuerpos, espectrometría de masas y las diferentes formas de utilizarlos.

Bases de datos proteómicas: PRIDE y PaxDb.

Proteómica dirigida: uso de Skyline y Panoramaweb.

#### METABOLÓMICA:

Conceptos básicos de metabolómica.

Tratamiento diferencial de muestras biológicas.

Bases de datos de metabolitos.

BIOLOGÍA DE SISTEMAS:

Modelos matemáticos de sistemas biológicos.

## Plan de desarrollo de la asignatura

### 1. BIOLOGÍA DE SISTEMAS: UN PARADIGMA

1.1 Evolución de los paradigmas en biología. Reduccionismo versus holismo versus neo-reduccionismo. Modularidad en organismos vivos. (Seminario 1h)

1.2 ¿Qué se necesita para estudiar la biología de sistemas de un organismo? Eucariotas frente a procariotas. (Seminario 1h)

### 2. GENÓMICA:

2.1 Micromatrices (microarrays) de DNA. Conceptos en el análisis de datos de microarrays de DNA. (Seminario 3h)

2.2 Plataformas de secuenciación de última generación (NGS). (Seminario 3h)

2.3 Aplicaciones de las tecnologías de microarrays y NGS. (Seminario 2h)

2.4 Enfoque variómico en Biología de Sistemas: estudio de un caso (Práctica 4h)

### 3. PROTEÓMICA:

3.1 Identificación de proteínas por espectrometría de masas. (Seminario 2h)

3.2 Abordajes sin gel. (Seminario 2h)

3.3 Proteómica cuantitativa. (Seminario 2h)

3.4 Análisis de un problema seleccionado mediante enfoques proteómicos. (Práctica 2h)

### 4. METABOLÓMICA:

4.1 Conceptos básicos de metabolómica: aplicaciones. (Seminario 1h)

4.2 Equipos y software: cromatografía, QTOF, TripleQ. (Seminario 2h)

4.3 Las bases de datos HMDB, MADISON y MASSTRIX. (1h Seminario / 2h Práctica)

4.4 Análisis de un problema seleccionado. (Práctica 2h)

### 5. BIOLOGÍA DE SISTEMAS:

5.1 Representaciones de red. (1h de práctica)

5.2 Modelos matemáticos de sistemas biológicos. (1h Seminario / 1h Práctica)

5.3 Análisis de modelos matemáticos de sistemas biológicos. (1h Seminario / 2h Práctica)

## Sistema de evaluación

Cinco actividades de evaluación. Cada una correspondiente a las diferentes partes de la asignatura. Genómica (NGS / microarrays), genómica (variómica), proteómica, metabolómica y biología de sistemas. Para cada evaluación habrá una prueba escrita y / o presentación oral contando hasta el 16% de la calificación global más un 4% por asistencia y participación activa en clase.

Evaluación alternativa:

En caso de que el estudiante no pueda efectuar la evaluación continua por alguno de los supuestos incluidos en la normativa de evaluación de la UdL, debe comunicarlo al coordinador durante la primera semana de clases.

En este caso, el estudiante podrá efectuar una evaluación única al final de la asignatura, entregando las cinco actividades simultáneamente.

## Bibliografía y recursos de información

### Textbooks

An Introduction to Systems Biology: Design Principles of Biological Circuits (2006) U. Alon. Chapman & Hall.

Biochemical Systems Analysis (1976) M. A. Savageau, Addison & Wesley.

DNA microarrays: a molecular cloning manual (2003). Ed. by D. Bowtell and J. Sambrook. CSHL Press.

Analysis of microarray gene expression data (2004). Ed. By M.T. Lee. Kluwer Academic Publishers.

Principles of Proteomics (2004) R. M. Twyman. Garland Science/BIOS Scientific Publishing.

Mass spectrometry data Analysis in Proteomics (2007). Edited by R. Mathiesen. Humana Press Inc.

Metabolomics: Methods and Protocols (2007). Edited by Weckwerth W. Humana Press Inc.

Metabolomics: The Frontier of Systems Biology (2003). Edited by Tomita M and Nishioka T. Springer-Verlag Tokyo.

### Reviews

Integrative Computational Biology: Perspectives and Possibilities for *in silico* network reconstruction in Molecular Systems Biology.

Alves R, Vilaprinyo E, Sorribas A. *Current Bioinformatics*. 2008; 3: 98-129.

Next-generation DNA sequencing methods.

Mardis ER. *Annu Rev Genomics Hum Genet*. 2008;9:387-402.

Sequencing technologies - the next generation.

Metzker ML. *Nat Rev Genet*. 2010 Jan;11(1):31-46.

Fabrication of DNA microarray.

Dufva M. *Methods Mol Biol*. 2009;529:63-79.

Introduction to microarray technology.

Dufva M. *Methods Mol Biol*. 2009;529:1-22.

Getting started in gene expression microarray analysis.

Slonim DK, Yanai I. *PLoS Comput Biol*. 2009 Oct;5(10):e1000543.

Mass spectrometry and protein analysis.

Domon B, Aebersold R. *Science*. 2006 Apr 14;312(5771):212-7.

Is proteomics the new genomics?

Cox J, Mann M. *Cell*. 2007 Aug 10;130(3):395-8.

Introducción a la espectrometría de masas para la caracterización de péptidos y proteínas en proteómica.

Abian, Carrasca, Gay. *Proteómica*. 2008 Diciembre; 2.

Mass-spectrometry-based metabolomics: limitations and recommendations for future progress with particular focus on nutrition research.

Scalbert A, et al. *Metabolomics*. 2009 Dec;5(4):435-458.

Exploring disease through metabolomics.

Vinayavekhin N, Homan EA, Saghatelian A. *ACS Chem Biol*. 2010 Jan 15;5(1):91-103.

Computational approaches to metabolomics.

Wishart DS. *Methods Mol Biol.* 2010;593:283-313.

Metabolomics, a novel tool for studies of nutrition, metabolism and lipid dysfunction.

Oresic M. *Nutr Metab Cardiovasc Dis.* 2009 Dec;19(11):816-24.

Metabolomics for assessment of nutritional status.

Zivkovic AM, German JB. *Curr Opin Clin Nutr Metab Care.* 2009 Sep;12(5):501-7.

Mass spectrometry: from proteomics to metabolomics and lipidomics.

Griffiths WJ, Wang Y. *Chem Soc Rev.* 2009 Jul;38(7):1882-96.

What is metabolomics all about?

Roessner U, Bowne J. *Biotechniques.* 2009 Apr;46(5):363-5.

Systems biology approaches and pathway tools for investigating cardiovascular disease.

Wheelock CE, et al. *Mol Biosyst.* 2009 Jun;5(6):588-602.

Database resources in metabolomics: an overview.

Go EP. *J Neuroimmune Pharmacol.* 2010 Mar;5(1):18-30.

Metabolomics: moving to the clinic.

Nordström A, Lewensohn R. *J Neuroimmune Pharmacol.* 2010 Mar;5(1):4-17.

## **Internet Resources**

[http://web.udl.es/usuaris/pg193845/Courses/Bioinformatics\\_2009/index.htm](http://web.udl.es/usuaris/pg193845/Courses/Bioinformatics_2009/index.htm)

<http://gepas.bioinfo.cipf.es/>

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/>



<http://www.ebi.ac.uk/microarray-as/ae/>

[http://variomics.net/index.php/Main\\_Page](http://variomics.net/index.php/Main_Page)

<http://hapmap.ncbi.nlm.nih.gov/>

<http://variome.kobic.re.kr/FESD/>

<http://www.peptideatlas.org/>

<http://www.matrixscience.com/>

<http://www.uniprot.org/>

<http://www.hmdb.ca/>