



Universidad Autónoma de Nuevo León
Facultad de Ciencias Biológicas
Programa Educativo de Biólogo



1. Datos de identificación

- Nombre de la institución y de la dependencia:
Universidad Autónoma de Nuevo León
Facultad de Ciencias Biológicas
Biólogo
- Nombre de la unidad de aprendizaje:
Optativa Formación Profesional IX – Técnicas Genómicas y Proteómicas
- Horas aula-teoría y/o práctica, totales:
72
- Horas extra aula, totales:
18
- Modalidad:
Escolarizada
- Tipo de periodo académico:
8° Semestre
- Tipo de Unidad de aprendizaje:
Optativa
- Área Curricular:
ACFP
- Créditos UANL:
3
- Fecha de elaboración:
12/06/12
- Fecha de última actualización:
16/02/13
- Responsable(s) del diseño:
Dr. Mario Abelardo Bermúdez de León

2. Propósito(s)

Esta Unidad de Aprendizaje está diseñada para conocer y comprender las técnicas genómicas y proteómicas de última generación lo que permitirá identificar la(s) técnica(s) más apropiadas para la evaluación de genomas y proteomas y su posible aplicación e interpretación. Esta Unidad de Aprendizaje requiere conocimientos previos de Biología Molecular, Genética y Estadística, donde se adquieren conocimientos generales de los mecanismos moleculares de la expresión genética y su significado en el contexto celular.

Las competencias de esta Unidad de Aprendizaje permitirá al estudiante desarrollar diagnósticos moleculares, empleando

conocimientos de la genómica y técnicas de manipulación de genes, para ser utilizados en los sectores salud, agrícola, pecuario y ambiental, además de desarrollar productos, procesos y servicios biotecnológicos de utilidad en los sectores salud, agrícola, pecuario, industrial y ambiental, a partir de los avances y descubrimientos de las ciencias genómicas, para el bienestar de la sociedad.

Esta unidad contribuye para el desarrollo de las competencias donde se aplican los métodos y técnicas tradicionales y de vanguardia en investigación para el desarrollo de su trabajo, interviene frente a los retos de la sociedad actual y será capaz de construir propuestas innovadoras para superar los retos del ambiente global. Con esta unidad de aprendizaje se sentarán las bases para que el estudiante pueda elaborar esquemas y/o procesos biológicos ambientales y sociales que permitan un desarrollo sustentable.

3. Competencias del perfil de egreso

- Competencias generales a las que contribuye esta unidad de aprendizaje

8. Utilizar los métodos y técnicas de investigación tradicionales y de vanguardia para el desarrollo de su trabajo académico, el ejercicio de su profesión y la generación de conocimientos.

10. Intervenir frente a los retos de la sociedad contemporánea en lo local y global con actitud crítica y compromiso humano, académico y profesional para contribuir a consolidar el bienestar general y el desarrollo sustentable.

12. Construir propuestas innovadoras basadas en la comprensión holística de la realidad para contribuir a superar los retos del ambiente global interdependiente.

- Competencias específicas del perfil de egreso a las que contribuye la unidad de aprendizaje

2. Elaborar esquemas y/o procesos biológicos ambientales y sociales a través de metodologías que conlleven a la preservación de los ecosistemas para el desarrollo sustentable de la sociedad.

4. Factores a considerar para la evaluación de la unidad de aprendizaje

Evidencias tales como reportes de prácticas, presentaciones orales, exámenes parciales, solución de casos, producto integrador.

5. Producto integrador de aprendizaje

Reporte de solución de un caso de un problema en salud, agricultura o ganadería donde se aplique alguna técnica genómica o

proteómica para la resolución.

6.Fuentes de apoyo y consulta (bibliografía, hemerografía, fuentes electrónicas)

- Allmer, J. 2011. Algorithms for the novo sequencing of peptides from tandem mass spectra. *Expert Rev Proteomic* 8(5): 645-657
- Danhorn, T., Young, C.R., Delong, E.F. 2012. Comparison of large-insert, small-insert and pyrosequencing libraries for metagenomic analysis. *ISME J* doi: 10.1038/ismej.2012.35.
- Lesk, A.M. 2007. Introduction to genomics, Oxford University Press, New York, ISBN 978 0199296958
- Merryman, C., Gibson, D.G. 2012. Methods and applications for assembling large DNA constructs. *Metab Eng* 14(3): 196-204
- Sambrook, J.; Fritsch, E.F; and Maniatis, T. 2002. Molecular Cloning. A Laboratory Manual. Frod, N.; Nolan, C. and Ferguson, M. (Edts). Second Edition. Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- Saunders, G. C., Juliet, D., Helen, C. P., y Johanne, H. C. 2001. Interlaboratory Study on Thermal Cycler Performance in Controlled PCR and Random. Amplified Polymorphic DNA Analyses. *Clinical Chemistry* 47 (1): 47-55.
- Savelkoul, P. H. M., Arrts, H. J. M., de Haas, J., Dijkshoorn, L., Duim, B., Otsen, M., Rademaker, J. L. W., Schouls, L., y Lenstra, J. A. 1999. Ampified-Fragment length polymorphism analysis: the state of an art. *J Clin Microbiol*, 37 (10): 3083-3091.
- Shokralla, S., Spall, J.L., Gibson, J.F., Hajibabaei, M. 2012. Next-generation sequencing technologies for environmental DNA research. *Mol Ecol*. 21(8): 1794-1805.
- Surzycki, S. 2000. Basic Techniques in Molecular Biology, Springer.
- Thomas, T., Gilbert, J., Meyer, F. 2012. Metagenomics – a guide from sampling to data analysis. *Microb Inform Exp* 2(1): 3.
- Warner, J. E. y Onderdonk, A. B. 2003. Method for Optimizing Pulsed-Field Gel Electrophoresis Banding Pattern Data. *Journal of Molecular Diagnostics*, Vol. 5, (1): 21-27.
- Zhu, Q.H., Helliwell, C.A. 2012. Generation of plant small RNA cDNA libraries for high-throughput sequencing. *Methods Mol Biol*. 894:123-137.
- Acceso a fuentes de información genómica y herramientas bioinformáticas básicas
http://bvs.isciii.es/bib-gen/Actividades/curso_virtual/Ftes_informacion/fteinformacion6_1.htm (accesado el 16 de febrero de 2013).
- Aplicaciones clínicas de las técnicas proteómicas
http://www.juntadeandalucia.es/salud/servicios/contenidos/nuevaaetsa/up/AETSA_2006_F8_PROTEOMICA.pdf (accesado el 16 de febrero de 2013).