

1. Datos de identificación

- Nombre de la institución y de la dependencia: Universidad Autónoma de Nuevo León
Facultad de Ciencias Biológicas
Licenciado en Biotecnología Genómica
- Nombre de la unidad de aprendizaje: Genómica Estructural
- Horas aula-teoría y/o práctica, totales: 96
- Horas extra aula, totales: 24
- Modalidad: Escolarizada
- Tipo de periodo académico: Semestre 5^o
- Tipo de Unidad de aprendizaje: Obligatoria
- Área Curricular: ACFP
- Créditos UANL: 4
- Fecha de elaboración: 10/11/11
- Fecha de última actualización: 14/11/12
- Responsable(s) del diseño: Dra. Elva Teresa Aréchiga Carvajal

2. Propósito(s)

Esta unidad de aprendizaje del 5^o semestre tiene como propósito desarrollar habilidades en el uso de herramientas bioinformáticas y las aplique en la generación de estrategias y/o aproximaciones experimentales que le permitan inferir la organización de los genomas a través de la identificación y caracterización de sus elementos tanto de organismos procariontes como en eucariotes *in silico*.

Esta UA contribuye, al conocimiento de las reglas generales que gobiernan la estructura de los genomas mediante su análisis. Lo que servirá de base para que el alumno desarrolle la capacidad de aplicar aproximaciones experimentales globales para deducir patrones de expresión génica en la UA de Genómica Funcional, encontrar diferencias y similitudes entre genómicas en la UA de Genómica Comparativa y realizar diagnóstico molecular entre otras. Para un desarrollo completo de estas habilidades se requiere conocimiento previo en el uso de herramientas y bases de datos bioinformáticas para el análisis de secuencias nucleotídicas y aminoacídicas, que se adquiere en las UA de Bioinformática.

En esta UA se promueve el aumento del manejo de tecnologías vanguardistas de información de secuencias genómicas como herramienta para traducirlo en conocimiento de la estructura de los genomas, lo cual se espera establezca las bases para que el profesionista intervenga construyendo propuestas innovadoras para superar el reto de la sociedad en el desarrollo de la biotecnología en PRO del bienestar social.

3. Competencias del perfil de egreso

- Competencias generales a las que contribuye esta unidad de aprendizaje

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.

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.

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

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.

Diseñar estrategias de detección, modificación y selección de genomas, empleando conocimientos de la genómica y técnicas de manipulación de genes, para el desarrollo de productos, procesos y servicios biotecnológicos de los sectores salud, agrícola, pecuario, industrial y ambiental.

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

Reportes escritos de la solución a problemas prácticos de análisis de secuencias genómicas, identificación de elementos de genomas (Manual de laboratorio).

Ejercicios de co - evaluación entre pares

Diseño de estrategias para caracterizar genomas *in silico*.

Exposiciones en clase

Desarrollo de un reporte de características de un genoma en forma de poster científico.

Reseña histórica del proyecto “Genoma Humano”.

Exámenes

PIA

5. Producto integrador de aprendizaje

Entrega de reporte escrito y presentación verbal del desarrollo del análisis y caracterización *in silico* de secuencias no anotadas obtenidas a partir de un genoma procariote y un genoma eucariote. El reporte deberá contener los siguientes elementos:

Mapa de elementos *in silico* presentes en una secuencia de DNA de los genomas dados con todos sus elementos identificados y caracterizados.

Descripción de los elementos *in silico* presentes en la secuencia

Informe de metodología utilizada durante el análisis

Conclusiones

Descripción de programas bioinformáticos utilizados

Descripción de Bases de datos utilizados

Literatura citada

6. Fuentes de apoyo y consulta

Bibliografía

- Brawn, T. A. Genomas.2008. 3ª Edición. Editorial Medica Panamericana S.A.
- Koonin, V. and Michael Y. Galperin. 2003. Sequence-Evolution-Function: Computational approaches in comparative genomics. Kluwer academic publishers.
- Saccone C., Pesole G. 2003. Handbook of Comparative genomics: Principles and Methodology. Wiley-Liss, Inc. NY.
- Sankoff D., *et al.* 2000. Comparative Genomics: Empirical and Analytical aproaches to gene order Dynamics, Map Alignment and the evolution of gene families. Kluwer Academic Publishers.
- Srinivas, A., 2006. Handbook of computational and molecular biology. Ed. Chapman and Hall/CRC. Ames Iowa USA.
- Ussery, D.W., Wassenaar, T.M., Borini, S. 2009. Computing for comparative microbial genomics. Bioinformatics for Microbiologists. Springer-Verlag, London.

FUENTES ELECTRÓNICAS:

EMU WEB service. Evolutionary and Functional Genomics at IMB. Hosted by the Institute for Molecular Bioscience and ARC Centre in Bioinformatics at the University of Queensland, Brisbane, Australia. <http://emu.imb.uq.edu.au/bioinf10.php>. Fecha de última consulta: 25 Enero 2013.

NCBI: The National Center for Biotechnology Information advances science and health by providing access to biomedical and genomic information <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>. Fecha de última consulta: 25 Enero 2013.

Página del proyecto ENSEMBL para generar secuencias de Genomas de vertebrados y otras especies eucariotas y Permite que esta información se encuentre disponible de manera gratuita al público.

<http://www.ensembl.org/index.html>. Fecha de última consulta: 25 Enero 2013

Programa BioEdit (Biological Sequence Alignment for Win95/98/NT/2K/XP/7) Tom Hall, Ibis Biosciences, Carlsbad, CA. USA. <http://www.mbio.ncsu.edu/bioedit/bioedit.html>. Fecha de última consulta: 25 Enero 2013.

Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes <http://www.genome.jp/kegg/>. Fecha de última consulta: 25 Enero 2013