

## 1. Datos de identificación:

Nombre de la unidad de aprendizaje:	<b>Técnicas de secuenciación y ensamblaje de genomas</b>
Total de tiempo guiado (teórico y práctico):	<b>80 horas</b>
Tiempo guiado por semana:	<b>4 horas</b>
Total de tiempo autónomo:	<b>10 horas</b>
Tipo de modalidad:	<b>Escolarizada</b>
Número y tipo de periodo académico:	<b>6º semestre</b>
Tipo de unidad de aprendizaje:	<b>Optativa</b>
Ciclo:	<b>Segundo</b>
Área curricular:	<b>Formación profesional fundamental (ACFP-F)</b>
Créditos UANL:	<b>3</b>
Fecha de elaboración:	<b>11/08/2022</b>
Responsable(s) de elaboración:	<b>Dr. Patricio Adrián Zapata Morín</b>
Fecha de última actualización:	<b>No aplica</b>
Responsable(s) de actualización:	<b>No aplica</b>

## 2. Presentación

Esta unidad de aprendizaje estará compuesta por 3 fases, las cuales le permitirá al estudiante desarrollar competencias al abordar técnicas de secuenciación de nueva generación de alto rendimiento con aplicación directa a áreas de ciencias biológicas y de la salud. En la primera fase, los estudiantes se familiarizarán con los principales métodos de secuenciación de DNA, también aprenderán a interpretar de manera elemental los resultados de cada tecnología utilizando algunas herramientas bioinformáticas. En la segunda fase, los estudiantes aprenderán el fundamento general de los métodos de ensamblaje y anotación de secuencias de DNA, aprenderán a utilizar de manera básica algunas herramientas bioinformáticas para llevar a cabo dichas tareas. Finalmente, en la tercera fase, los estudiantes estudiarán las áreas de aplicación de la secuenciación de DNA y llevarán a cabo algunas actividades bioinformáticas demostrativas que a su vez, le permitirán desarrollar el producto integrador del aprendizaje, el cual consiste en una propuesta para seleccionar una tecnología de secuenciación, ensamblaje y anotación para resolver un proyecto asignado.

### **3. Propósito**

Esta Unidad de Aprendizaje tiene como finalidad familiarizar a los egresados con los principales métodos de secuenciación de DNA, para que con ello los estudiantes logren demostrar de manera elemental los resultados de cada tecnología utilizando algunas herramientas bioinformáticas. La pertinencia de esto implica que les permitirá asimilar el fundamento general de los métodos de ensamblaje y anotación de secuencias de DNA, y entenderán la utilidad de manera básica de algunas herramientas bioinformáticas para llevar a cabo dichas tareas. Para cursar esta UA, se requieren de los conocimientos básicos de la estructura del DNA y de los genomas de los organismos, adquiridos en las UA antecedentes de Genética y Genómica estructural y comparativa, así como el manejo de herramientas y bases de datos bioinformáticas adquiridas en la UA paralela de Bioinformática y simulaciones ya que muchos de los conceptos que se emplearán en esta UA originan de manera directa del desglose de las mencionadas unidades de aprendizaje al igual que el manejo de múltiples herramientas de índole bioinformático para el cumplimiento de las competencias establecidas (3.2.3),

Contribuye al fortalecimiento de las habilidades del estudiante en el área de la genómica, que podrá aplicar en el desarrollo de estrategias básicas de secuenciación, ensamblaje y anotación de genomas y metagenomas al poder laborar en diversos laboratorios a nivel mundial gracias al nivel que esta unidad de aprendizaje brindará (9.3.1), además de presidir de manera pertinente y clara lo relacionado a los proyectos de secuenciación para dar una solución pertinente y clara (12.3.2). Estas habilidades serán una ventaja competitiva para el futuro profesionista, quien deberá desenvolverse a un contexto laboral en el que la demanda de procedimientos de secuenciación y anotación de genomas aumenta conforme el costo de secuenciación disminuye y los datos genómicos encuentran nuevos mercados y aplicaciones en áreas como la medicina personalizada, la biología sintética y de sistemas, el estudio de la biodiversidad y la epidemiología (Esp 2). Al mismo tiempo esto mediante el pensamiento lógico, crítico, creativo podrán abordar áreas multi y transdisciplinarias en el manejo de conceptos genómicos mediante los cuales podrán desarrollar productos, procesos y servicios biotecnológicos para el bienestar de la sociedad (Esp. 3) (Esp. 4).

### **4. Competencias del perfil de egreso**

Competencias generales a las que contribuye esta unidad de aprendizaje:

Competencias instrumentales:

3. Manejar las tecnologías de la información y la comunicación como herramienta para el acceso a la información y su transformación en conocimiento, así como para el aprendizaje y trabajo colaborativo con técnicas de vanguardia que le permitan su participación constructiva en la sociedad.

Competencias personales y de interacción social:

9. Mantener una actitud de compromiso y respeto hacia la diversidad de prácticas sociales y culturales que reafirman el principio de integración en el contexto local, nacional e internacional con la finalidad de promover ambientes de convivencia pacífica.

Competencias integradoras:

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. Desarrollar diagnósticos moleculares a través de la identificación de organismos patógenos, aplicando técnicas tradicionales y de vanguardia de manera eficaz, así como el uso de herramientas innovadoras en su detección, que le permitan el estudio y tratamiento de enfermedades genéticas en los ámbitos sanitario, económico y social.

3. Diseñar estrategias de detección, modificación y selección de genomas, mediante la identificación de genes, proteínas o componentes metabólicos celulares, siguiendo la normatividad vigente en materia de bioseguridad de Organismos Genéticamente Modificados (OGMs) y evaluando su ventaja competitiva al ser comparadas con lo utilizado tradicionalmente, con el fin de desarrollar productos, procesos y servicios biotecnológicos en los sectores salud, agrícola, pecuario, industrial y ambiental.

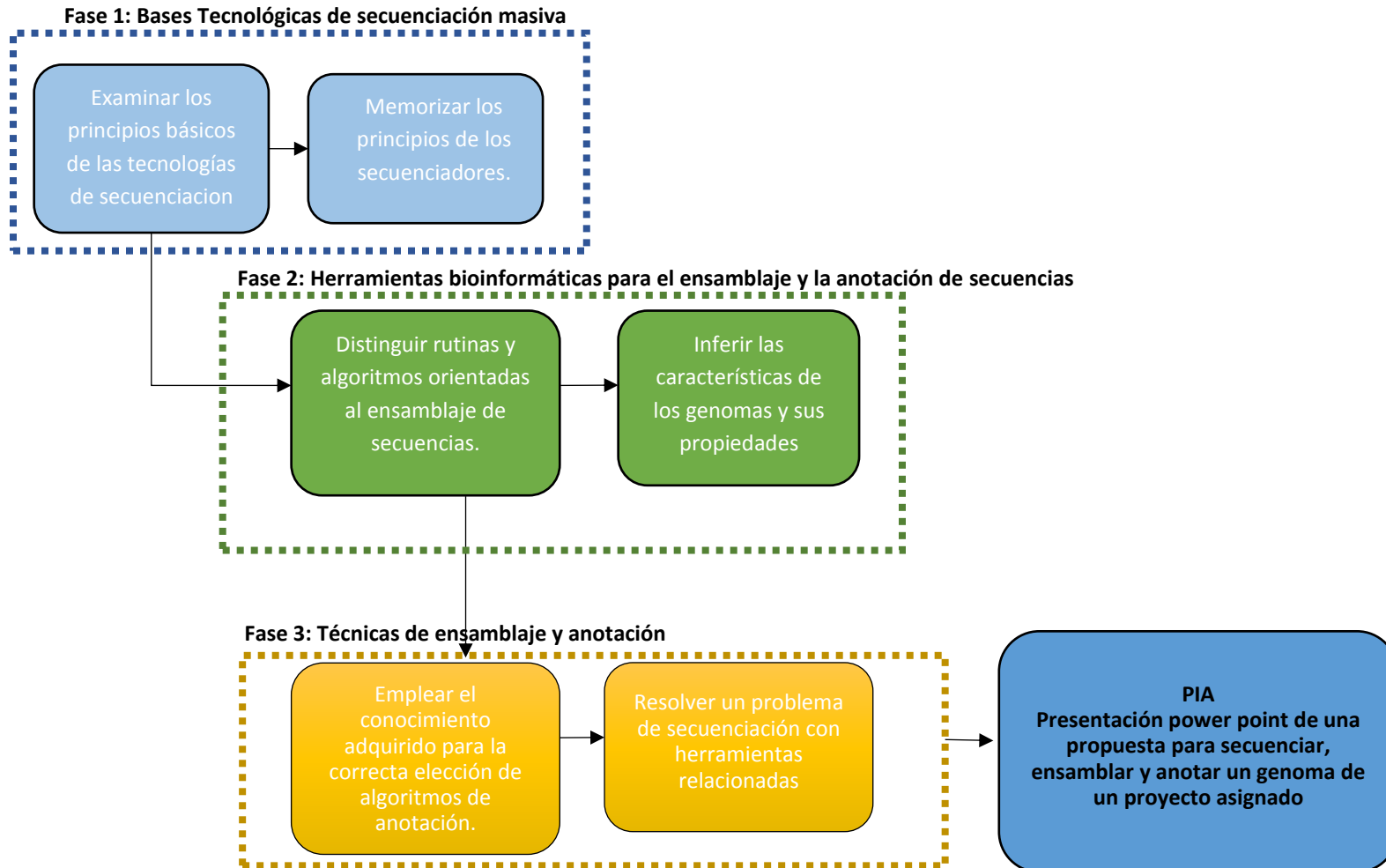
4. Diseñar medicamentos y tratamientos clínicos, mediante la selección de microorganismos con rutas metabólicas productivas en el mercado de prebióticos, probióticos y aditivos, así como genomas virales de aplicación biotecnológica en los sectores agrícola, pecuario, industrial y ambiental que le permitan desarrollar productos y procesos en la prevención de enfermedades.



**Universidad Autónoma de Nuevo León**  
**Facultad de Ciencias Biológicas**  
**Licenciatura en Biotecnología Genómica**  
**Programa analítico**



## 5. Representación gráfica



## 6. Estructuración en fases

### Fase 1. Bases Tecnológicas de secuenciación masiva

**Elemento de competencia:** Diferenciar las tecnologías de secuenciación masiva y sus características técnicas para discernir cuál utilizar en proyectos de secuenciación o re-secuenciación, tanto a pequeña como a gran escala.

Evidencias de aprendizaje	Criterios de desempeño	Actividades de aprendizaje	Contenidos	Recursos
Presentación acerca de la selección de una tecnología para un proyecto de secuenciación	<p>Se desarrolla en equipo, y cuenta con lo siguiente:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Introducción (descripción del tipo de proyecto a abordar)</li> <li>- Comparación de tecnologías (cuadro comparativo)</li> <li>- Elección de la tecnología adecuada, considerando costo y objetivos técnicos</li> </ul>	<p>El estudiante, de manera individual, revisa el material bibliográfico y audiovisual proporcionado acerca de las particularidades de cada sistema de secuenciación.</p> <p>El profesor divide el grupo en equipos, para realizar la actividad “Presentación acerca de la selección de una tecnología para un proyecto de secuenciación”</p> <p>El estudiante describe</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Introducción al curso y a la secuenciación de ácidos nucleicos</li> <li>- Método Sanger de secuenciación: recapitulación breve</li> <li>- Métodos de secuenciación por amplificación de templado</li> <li>- Métodos de secuenciación de molécula individual</li> </ul>	<p>Guías de Actividades y Evidencia de Aprendizaje.</p> <p>Computadora</p> <p>Susan Holmes, (2020) Modern Statistics for Modern Biology Mathé 2016, capítulo 1 al 5.</p> <p>Rúbricas/listas de cotejo</p> <p>Diapositivas y material del curso.</p>

	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Literatura Consultada</li> </ul>	<p>el proyecto asignado (Avance 1 PIA).</p> <p>Evidencia 1: El estudiante entrega la evidencia "Presentación acerca de la selección de una tecnología para un proyecto de secuenciación"</p> <p>Examen parcial del contenido de la fase 1. El estudiante contesta diversos planteamientos hipotéticos y cuestiones emitidas por el Profesor. (Actividad ponderable 1.1)</p>		
--	---	---	--	--

**Fase 2.** Herramientas bioinformáticas para el ensamblaje y la anotación de secuencias

**Elemento de competencia:** Manipular secuencias crudas para obtener contigs de mayor tamaño e Identificar los elementos de una secuencia nucleotídica con las herramientas bioinformáticas para el ensamblaje y la anotación.

Evidencias de aprendizaje	Criterios de desempeño	Actividades de aprendizaje	Contenidos	Recursos
---------------------------	------------------------	----------------------------	------------	----------

<p>Presentación acerca de la práctica de anotación de ensamblajes con plataformas bioinformáticas de acceso libre</p>	<p>Se desarrolla en equipo, y cuenta con lo siguiente:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Introducción (descripción del tipo de proyecto a abordar)</li> <li>- Material y métodos (tecnología de secuenciación y método de ensamblaje a utilizar)</li> <li>- Resultados (contig ensamblado y lista de elementos anotados)</li> <li>- Discusión (comparación de los resultados con la literatura existente)</li> <li>- Conclusión (sumario y perspectivas de los resultados y</li> </ul>	<p>El estudiante, de manera individual, revisa el material bibliográfico y audiovisual proporcionado acerca de las particularidades de los métodos de ensamblaje y anotación.</p> <p>El profesor divide el grupo en equipos, para realizar la actividad “Presentación acerca de la selección de una tecnología para un proyecto de secuenciación”</p> <p>El estudiante describe el proyecto asignado (Avance 2 PIA).</p> <p>Evidencia 2 El estudiante entrega la evidencia “Presentación acerca de la práctica de anotación de ensamblajes con plataformas bioinformáticas de acceso libre”</p> <p>Examen parcial del contenido de la fase 2. El estudiante contesta diversos planteamientos hipotéticos y</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Introducción al ensamblaje y anotación de secuencias</li> <li>- Ensamblaje</li> <li>- Consideraciones pre-ensamblaje</li> <li>- Métodos de ensamblaje guiados</li> <li>- Métodos de ensamblaje de novo</li> <li>- Anotación</li> <li>- Introducción a los pipelines de anotación</li> <li>- Anotación ab initio</li> <li>- Anotación basada en evidencia</li> <li>- Resultados, visualización y curación</li> </ul>	<p>Guías de Actividades y Evidencia de Aprendizaje.</p> <p>Sala de cómputo</p> <p>Acceso a Internet</p> <p>Computadora</p> <p>Susan Holmes, (2020) Modern Statistics for Modern Biology Mathé 2016, capítulo 6 al 10.</p> <p>Rúbricas/listas de cotejo</p> <p>Diapositivas y material del curso.</p>
---	---	--	--	--



	<p>las ideas centrales de la discusión)</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Literatura Consultada</li> </ul>	<p>cuestiones emitidas por el Profesor.(Actividad ponderable 2.1)</p>		
--	---	---	--	--

### Fase 3. Técnicas de ensamblaje y anotación

**Elemento de competencia:** Integrar las técnicas de ensamblaje y anotación de secuencias nucleotídicas para análisis de genómica funcional y de biodiversidad.

<b>Evidencias de aprendizaje</b>	<b>Criterios de desempeño</b>	<b>Actividades de aprendizaje</b>	<b>Contenidos</b>	<b>Recursos</b>
<p>Reporte escrito de la selección, cotización y descripción de una estrategia experimental para un proyecto de secuenciación</p>	<p>Se desarrolla en equipo, y cuenta con lo siguiente:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Introducción (descripción del tipo de proyecto a abordar)</li> <li>- Comparación de tecnologías (cuadro comparativo)</li> <li>- Elección de la tecnología adecuada, considerando</li> </ul>	<p>El estudiante, de manera individual, revisa el material bibliográfico y audiovisual proporcionado sobre los conceptos clave para poder alcanzar el nivel de publicación de una investigación que involucre la secuenciación y anotación de genomas.</p> <p>El profesor divide el grupo en equipos, para realizar la actividad "Presentación acerca de la selección de una tecnología para un</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Relevancia de la estadística en la secuenciación.</li> <li>- SNP y GWAS.</li> <li>- Aplicación de la secuenciación en la genómica funcional.</li> <li>- Aplicación de la secuenciación en la biodiversidad.</li> </ul>	<p>Guías de Actividades y Evidencia de Aprendizaje.</p> <p>Computadora</p> <p>Susan Holmes, (2020) Modern Statistics for Modern Biology Mathé 2016, capítulo 10 al 16.</p> <p>Rúbricas/listas de cotejo</p>

	<p>costo y objetivos técnicos</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Literatura Consultada</li> </ul>	<p>proyecto de secuenciación”</p> <p>El estudiante describe el proyecto asignado (Avance 3 PIA).</p> <p>Evidencia 3: El estudiante entrega la evidencia “Reporte escrito de la selección, cotización y descripción de una estrategia experimental para un proyecto de secuenciación”</p> <p>Examen parcial del contenido de la fase 3. El estudiante contesta diversos planteamientos hipotéticos y cuestiones emitidas por el Profesor. (Actividad ponderable 3.1)</p>		<p>Diapositivas y material del curso.</p>
--	---	---	--	---

**7. Evaluación integral de procesos y productos.**

	Campo	Ponderación (%)
1	<b>Evidencia 1.</b> Presentación acerca de la selección de una tecnología para un proyecto de secuenciación	5
	<b>Actividad ponderable 1.1.</b> Primer examen parcial	15
2	<b>Evidencia 2.</b> Presentación acerca de la práctica de anotación de ensamblajes con plataformas bioinformáticas de acceso libre	5

	<b>Actividad ponderable 2.1.</b> Segundo examen parcial	15
3	<b>Evidencia 3.</b> Reporte escrito de la selección, cotización y descripción de una estrategia experimental para un proyecto de secuenciación	10
	<b>Actividad ponderable 3.1.</b> Tercer examen parcial.	20
<b>Total:</b>	<b>PIA</b>	30
	100 puntos	100

### 8. Producto Integrador del Aprendizaje de la unidad de aprendizaje:

Reporte sobre la selección, cotización y descripción de una estrategia experimental para un proyecto de secuenciación.

Instrucciones:	<p>Las tecnologías de secuenciación son la infraestructura en la que se apoyan múltiples áreas de las ciencias biológicas y de la salud. El profesional de la biotecnología genómica debe conocer dichas tecnologías y ser competente en la interpretación de los datos que producen, pues es precisamente el análisis de secuencias de biomoléculas (DNA, RNA y proteínas) su principal ventaja competitiva frente a otros profesionales de las ciencias biológicas.</p> <p>La presentación se desarrollará y presentará en equipo, y deberá contar con lo siguiente:</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. Introducción (descripción del tipo de proyecto a abordar)</li> <li>2. Desarrollo de principio a fin de la metodología a seguir para abordar el proyecto de secuenciación asignado inicialmente</li> <li>3. Literatura Consultada</li> </ol>
Criterios de evaluación:	<p><b><u>Criterios de fondo</u></b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Contenido de la introducción:</b> Sintetiza de manera concisa los aspectos más importantes acerca de todos los siguientes puntos:             <ul style="list-style-type: none"> <li>- El problema en cuestión</li> </ul> </li> </ul>

- La relevancia del problema a tratar
- **Contenido de los resultados: Presenta visualización de la tecnología que mejor cumpla los criterios para el reto indicado.**
- Debe incluir el esquema de la tecnología seleccionada
- Debe incluir la explicación explícita de la implementación del algoritmo de ensamblaje
- De ser posible agregar imágenes de los resultados obtenidos del algoritmo
- **Contenido de las conclusiones:** Sumariza todos los puntos relevantes mencionados en el trabajo.
- **Contenido de las referencias:** Todas las afirmaciones que requieren de fuentes tienen una fuente en esta sección.

**Criterios de forma**

- Puntualidad: Entrega en la fecha estipulada
- Formato general: Portada institucional
- Redacción general: Ortografía, sintaxis y estilo.

Modalidad:

Equipo

**9. Fuentes de consulta:**

- Aluru, S. (2006). *Handbook of computational molecular biology*. Boca Raton: Chapman & Hall/CRC. doi: 10.1201/9781420036275
- Baez-Ortega, A., Lorenzo-Díaz, F., Hernández, M., González-Vila, C. I., Roda-García, J. L., Colebrook, M., & Flores, C. (2015). IonGAP: integrative bacterial genome analysis for Ion Torrent sequence data. *Bioinformatics*, 31(17), 2870–2873. doi: 10.1093/bioinformatics/btv283
- Blankenberg, D., Kuster, G. V., Coraor, N., Ananda, G., Lazarus, R., Mangan, M., Taylor, J. (2010). Galaxy: A Web-Based Genome Analysis Tool for Experimentalists. *Current Protocols in Molecular Biology*. doi: 10.1002/0471142727.mb1910s89
- Domselaar, G. H. V., Stothard, P., Shrivastava, S., Cruz, J. A., Guo, A., Dong, X., Wishart, D. S. (2005). BASys: a web server for automated bacterial genome annotation. *Nucleic Acids Research*, 33(Web Server). doi:

10.1093/nar/gki593

- Giardine, B. (2005). Galaxy: A platform for interactive large-scale genome analysis. *Genome Research*, 15(10), 1451–1455. doi: 10.1101/gr.4086505
- Goecks, J., Nekrutenko, A., Taylor, J., & Team, T. G. (2010). Galaxy: a comprehensive approach for supporting accessible, reproducible, and transparent computational research in the life sciences. *Genome Biology*, 11(8). doi: 10.1186/gb-2010-11-8-r86
- Morozova, O., & Marra, M. A. (2008). Applications of next-generation sequencing technologies in functional genomics. *Genomics*, 92(5), 255–264. doi: 10.1016/j.ygeno.2008.07.001
- Seemann, T. (2014). Prokka: rapid prokaryotic genome annotation. *Bioinformatics*, 30(14), 2068–2069. doi: 10.1093/bioinformatics/btu153
- Ussery, D. W., Wassenaar, T. M., & Borini, S. (2009). *Computing for comparative microbial genomics: bioinformatics for microbiologists*. London: Springer. doi: 10.1007/978-1-84800-255-5
- Weckwerth, W. (2011). Green systems biology — From single genomes, proteomes and metabolomes to ecosystems research and biotechnology. *Journal of Proteomics*, 75(1), 284–305. doi: 10.1016/j.jprot.2011.07.010
- Mathé, Ewy, Davis, Sean (Eds.). *Statistical Genomics: Methods and Protocols*. Springer Roderick D.M. Page, Edward C. Holmes. *Molecular Evolution: A Phylogenetic Approach*.
- Robert Weaver. *Molecular Biology* (5th Edition, 2012). McGraw-Hill. Susan Holmes, Wolfgang Huber, *Modern Statistics for Modern Biology*. BY-NC-SA
- Yang, Ziheng. (2014). *Molecular evolution. A statistical approach*. 10.1093/acprof:oso/9780199602605.001.0001