

1. Datos de identificación:

Nombre de la unidad de aprendizaje:	Genómica estructural y comparativa
Total de tiempo guiado (teórico y práctico):	100 horas
Tiempo guiado por semana:	5 horas
Total de tiempo autónomo:	20 horas
Tipo de modalidad:	Escolarizada
Número y tipo de periodo académico:	6° semestre
Tipo de unidad de aprendizaje:	Obligatoria
Ciclo:	Segundo
Área curricular:	Formación profesional fundamental (ACFP-F)
Créditos UANL:	4
Fecha de elaboración:	16/03/2021
Responsable(s) de elaboración:	Dra. Elva Teresa Aréchiga Carvajal M.C. Felipe de Jesús Mares Rodríguez M.C. Katia Jamileth González Lozano
Fecha de última actualización:	No aplica
Responsable(s) de actualización:	No aplica

2. Propósito(s):

La unidad de aprendizaje de genómica estructural y comparativa tiene como finalidad que el estudiante proponga diseños de aproximaciones experimentales, inferencias funcionales, nuevas estrategias de análisis de secuencias, técnicas de detección y extrapolaciones globales en las áreas de biología y evolución molecular, con base a las reglas (estructurales) que gobiernan los cinco reinos biológicos y sus excepciones. Dada la complejidad que requiere la determinación y análisis de estructuras genómicas, la pertinencia de esta unidad de aprendizaje se basa en la comprensión de los componentes del genoma de los organismos vivos y el impacto que propicia su organización estructural en su medio

ambiente; encontrar los puntos críticos en dichas organizaciones estructurales y generar una propuesta activa que aproveche la morfología génica y solucione alguno de los problemas en las diferentes áreas biotecnológicas.

Esta Unidad de Aprendizaje se relaciona de forma antecedente con la UA Bioinformática I, en la cual el estudiante adquiere habilidades y desarrolla el dominio del análisis y manipulación de secuencias *in silico*. Así mismo, se relaciona de manera subsecuente con la UA Genómica funcional, para la comprensión del funcionamiento del genoma, mismo que le permite reforzar el desarrollo de estrategias aplicables en genomas.

Esta UA contribuye al desarrollo de las competencias generales al permitir que el estudiante sea capaz de identificar y describir los elementos presentes en una secuencia de DNA genómico derivado de cualquier tipo de ser vivo haciendo uso de las herramientas bioinformáticas y bases de datos señaladas y descritas en sus cursos previos de Bioinformática (6.3.3). Así mismo, podrá aplicar sus conocimientos en la identificación del genoma y/o sus partes para innovar sistemas de diagnóstico molecular, desarrollar productos biotecnológicos o continuar desarrollándose en el área de descubrimiento de genes (ciencia básica) manteniendo una actitud de compromiso y respeto (9.3.3). También podrá plantear y desarrollar propuestas de problemáticas específicas, integrando áreas de conocimiento afines a la interpretación del análisis de genomas (12.3.2). Esto logrará generar estrategias más eficientes de anotación de genomas recientemente secuenciados y tendrá la capacidad de transmitir su conocimiento y sus habilidades.

Genómica estructural y comparativa contribuye a que el estudiante desarrolle competencias específicas desempeñadas en sus capacidades de pensamiento crítico para la aplicación del conocimiento y la generación de nuevas estrategias de análisis genómicos, desarrollando diagnósticos moleculares teniendo como blanco secuencias o moléculas, que puedan ser aplicables las problemáticas actuales (Esp.2). Y el desarrollo de estrategias de detección, modificación de genomas y manipulación de genes, teniendo secuencias de ADN como blanco, que pueden ser utilizadas para la resolución de problemáticas del sector salud, agrícola, pecuario, industrial y ambiental (Esp.3).

3. Competencias del perfil de egreso:

Competencias generales a las que contribuye esta unidad de aprendizaje:

Competencias instrumentales:

6. Utiliza un segundo idioma, preferentemente el inglés, con claridad y corrección para comunicarse en contextos cotidianos, académicos, profesionales y científicos.

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

Competencias específicas 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 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. Factores a considerar para la evaluación:

- Presentación oral
- Examen parcial
- Examen practico
- Manual de laboratorio
- PIA

5. Producto integrador de aprendizaje:

Mapa descriptivo (y la claves del mismo) sobre el desarrollo del análisis y caracterización *in silico* de secuencias genómicas no anotadas obtenidas a partir de un genoma procarionte y un genoma eucariote.

6. Fuentes de apoyo y consulta:

- Baker, A. M., Cross, W., Curtius, K., Al Bakir, I., Choi, C. H. R., Davis, H. L., & Lindsay, J. O. (2019). Evolutionary history of human colitis-associated colorectal cancer. *Gut*, 68(6), 985-995.
- Bawono, P., Dijkstra, M., Pirovano, W., Feenstra, A., Abeln, S., & Heringa, J. (2017). Multiple sequence alignment. In *Bioinformatics* (pp. 167-189). Humana Press, New York, NY.
- Burmeister, A. R. (2015). *Horizontal gene transfer. Evolution, medicine, and public health*, 2015(1), 193.
- Brown, T. A. Genomas.2008. 3ª Edición. Editorial Medica Panamericana S.A. Fuente clásica sin edición actual.
- Chaney, L., Sharp, A. R., Evans, C. R., & Udall, J. A. (2016). Genome mapping in plant comparative genomics. *Trends in plant science*, 21(9), 770-780.
- Goel, N., Singh, S., & Aseri, T. C. (2016, March). Neural network based splice site prediction methods. In *2016 International Conference on Electrical, Electronics, and Optimization Techniques (ICEEOT)* (pp. 4282-4287). IEEE.
- Hall, T. (2004). BioEdit version 7.0.0. *Distributed by the author, website: www.mbio.ncsu.edu/BioEdit/bioedit.html*. Cited septiembre 2019. Aviable from: <https://bioedit.software.informer.com/7.2/> Fuente clásica sin edición actual.

- Husnik, F., & McCutcheon, J. P. (2018). *Functional horizontal gene transfer from bacteria to eukaryotes*. *Nature Reviews Microbiology*, 16(2), 67.
- Juhas, M. (2015). *Horizontal gene transfer in human pathogens*. *Critical reviews in microbiology*, 41(1), 101-108.
- Kanehisa, M., Sato, Y., Furumichi, M., Morishima, K., & Tanabe, M. (2019). New approach for understanding genome variations in KEGG. *Nucleic acids research*, 47(D1), D590–D595. <https://doi.org/10.1093/nar/gky962>
- Koichiro Tamura, Glen Stecher, Daniel Peterson, Alan Filipski, and Sudhir Kumar (2013) MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0. *Molecular Biology and Evolution*:30 2725-2729.
- Kovalenko, T. F., & Patrushev, L. I. (2018). Pseudogenes as functionally significant elements of the genome. *Biochemistry (Moscow)*, 83(11), 1332-1349.
- Krupovic, M., Cvirkaite-Krupovic, V., Iranzo, J., Prangishvili, D., & Koonin, E. V. (2018). Viruses of archaea: structural, functional, environmental and evolutionary genomics. *Virus research*, 244, 181-193.
- Madeira, F., Park, Y. M., Lee, J., Buso, N., Gur, T., Madhusoodanan, N., & Lopez, R. (2019). The EMBL-EBI search and sequence analysis tools APIs in 2019. *Nucleic acids research*, 47(W1), W636-W641.
- Makarova, K. S., Wolf, Y. I., & Koonin, E. V. (2015). *Archaeal clusters of orthologous genes (arCOGs): an update and application for analysis of shared features between Thermococcales, Methanococcales, and Methanobacteriales*. *Life*, 5(1), 818-840.
- National Center for Biotechnology Information (NCBI)[Internet]. Bethesda (MD): National Library of Medicine (US), National Center for Biotechnology Information; [1988] – [cited 201 Sep 19]. Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/> Fuente clásica sin edición actual.
- O'Leary, N. A., Wright, M. W., Brister, J. R., Ciufu, S., Haddad, D., McVeigh, R., & Astashyn, A. (2015). Reference sequence (RefSeq) database at NCBI: current status, taxonomic expansion, and functional annotation. *Nucleic acids research*, 44(D1), D733-D745.
- Ruprecht, C., Lohaus, R., Vanneste, K., Mutwil, M., Nikoloski, Z., Van de Peer, Y., & Persson, S. (2017). Revisiting ancestral polyploidy in plants. *Science Advances*, 3(7), e1603195.
- Scardino, R., Milioto, V., Proskuryakova, A. A., Serdyukova, N. A., Perelman, P. L., & Dumas, F. (2020). Evolution of the Human Chromosome 13 Synteny: Evolutionary Rearrangements, Plasticity, Human Disease Genes and Cancer Breakpoints. *Genes*, 11(4), 383.

- Stancik, I. A., Šestak, M. S., Ji, B., Axelson-Fisk, M., Franjevic, D., Jers, C., & Mijakovic, I. (2018). *Serine/Threonine protein kinases from bacteria, archaea and eukarya share a common evolutionary origin deeply rooted in the tree of life. Journal of molecular biology, 430(1), 27-32.*
- Stielow, J. B., Levesque, C. A., Seifert, K. A., Meyer, W., Iriny, L., Smits, D., & Lomascolo, A. (2015). *One fungus, which genes? Development and assessment of universal primers for potential secondary fungal DNA barcodes. Persoonia: Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi, 35, 242.*
- Tatusova, T., DiCuccio, M., Badretdin, A., Chetvernin, V., Nawrocki, E. P., Zaslavsky, L., & Ostell, J. (2016). NCBI prokaryotic genome annotation pipeline. *Nucleic acids research, 44(14), 6614-6624.*
- Thompson, J. D., Higgins, D. G., & Gibson, T. J. (1994). CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic acids research, 22(22), 4673-4680.*
- UniProt Consortium. (2019). UniProt: a worldwide hub of protein knowledge. *Nucleic acids research, 47(D1), D506-D515.*
- Vernikos, G., Medini, D., Riley, D. R., & Tettelin, H. (2015). Ten years of pan-genome analyses. *Current opinion in microbiology, 23, 148-154.*
- Voica, D. M., Bartha, L., Banciu, H. L., & Oren, A. (2016). *Heavy metal resistance in halophilic Bacteria and Archaea. FEMS microbiology letters, 363(14).*
- Yates, A. D., Achuthan, P., Akanni, W., Allen, J., Allen, J., Alvarez-Jarreta, J., & Bhai, J. (2020). Ensembl 2020. *Nucleic acids research, 48(D1), D682-D688.* Cited 19 septiembre 2019. Available from: <http://www.ensembl.org/index.html>
- Yu, J., Blom, J., Glaeser, S. P., Jaenicke, S., Juhre, T., Rupp, O., & Goesmann, A. (2017). A review of bioinformatics platforms for comparative genomics. Recent developments of the EDGAR 2.0 platform and its utility for taxonomic and phylogenetic studies. *Journal of biotechnology, 261, 2-9.*