

1. Datos de identificación:

Nombre de la unidad de aprendizaje:	Ciencias ómicas
Total de tiempo guiado (teórico y práctico):	80 horas
Tiempo guiado por semana:	4 horas
Total de tiempo autónomo:	10 horas
Tipo de modalidad:	Escolarizada
Número y tipo de periodo académico:	6º semestre
Tipo de unidad de aprendizaje:	Optativa
Ciclo:	Segundo
Área curricular:	Formación profesional fundamental (ACFP-F)
Créditos UANL:	3
Fecha de elaboración:	16/03/2021
Responsable(s) de elaboración:	Dra. Elva Teresa Aréchiga Carvajal M.C. Juan Pablo Cabral Miramontes
Fecha de última actualización:	No aplica
Responsable(s) de actualización:	No aplica

2. Propósito:

La finalidad de esta unidad de aprendizaje (UA) es que el estudiante sea capaz de seleccionar información a partir de las bases de datos Bioinformáticas y utilice las estrategias de análisis ómico globales disponibles de los distintos niveles de estudios fisiológico (Metagenómica, Metabolómica, Ionómica y Transcriptómica, etc.). Con el fin de obtener evidencia funcional in silico y que sus datos sean utilizados ya sea para o probar la variación genética de los organismos o su respuesta a diferentes factores ambientales entre otros. Por lo que la pertinencia de esta unidad de aprendizaje consta en que, en base a el análisis de la expresión e interacción de genes por medio de metadatos bioinformáticos, el estudiante establezca rangos al asociar los procesos moleculares y celulares por las vías del metabolismo, además de

que emplee su razonamiento para detectar la variación genética en los genomas y su rol fundamental en la generación de diversidad y la evolución de los seres vivos.

La UA de genómica funcional aporta y enriquece de forma paralela los conocimientos adquiridos en la UA de genómica estructural al detectar un gran número de moléculas implicadas en el funcionamiento de un organismo. Así mismo, el término de esta unidad de aprendizaje aportará al egresado recomendar un análisis de datos generados por secuenciación masiva, que le permita entender funcionamiento de organismos en ambientes hostiles y superar los retos globales.

Esta UA ayuda al desarrollo de las competencias generales de la UANL al lograr que el estudiante replique técnicas de generación de metadatos, con argumentos verificados y pueda compartir información en páginas web especializadas acorde a su formación. (3.3.2). Se involucra siendo líder en la ejecución de proyectos, consiente en dar soluciones a conflictos ambientales y de salud de los seres vivos. (10.3.2). Administra adecuadamente los recursos humanos y materiales en el desarrollo de diversas tareas complejas, estableciendo avances controlados y adaptando las herramientas bioinformáticas de las ciencias omicas en nuevos aprendizajes novedosos para cualquier situación de riesgo local y global. (15.3.1). Dentro de las competencias específicas a las que abona esta unidad de aprendizaje, se plantea proporcionar al estudiante conocimientos de genómica y técnicas de generación de metadatos de genes de interés para desarrollar diagnósticos moleculares y ser utilizados en los sectores salud, agrícola, pecuario y ambiental. (Esp 2). Desarrollar capacidad de análisis y aplicación de técnicas para 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. (Esp 3). Proporcionar elementos y herramientas de 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. (Esp. 4).

3. Competencias del perfil de egreso:

Competencias generales a las que contribuye esta unidad de aprendizaje:

Competencias instrumentales:

3. Maneja 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:

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.

Competencias integradoras:

15. Lograr la adaptabilidad que requieren los ambientes sociales y profesionales de incertidumbre de nuestra época para crear mejores condiciones de vida.

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 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.

4. Factores a considerar para la evaluación:

- Examen teórico
- Anteproyecto de investigación
- Artículo de opinión
- Protocolo
- Sitio web (diseño o mejora de herramientas)
- Producto Integrador de Aprendizaje

5. Producto integrador de aprendizaje:

Protocolo de solución de problemas de interés en el sector salud, agrícola, ambiental y bienestar de la sociedad tratado en clase.

6. Fuentes de consulta:

Arpita Ghosh and Aditya Mehta. (2017). Plant Bioinformatics. Concept, Development, and Application of computational Methods for the análisis and integration of Omics data

Baxter, I. (2009). Ionomics: studying the social network of mineral nutrients. *Current opinion in plant biology*, 12(3), 381-386. clásica sin edición actual

Brawn, T. A. Genomas.(2008). 3ª Edición. Editorial Medica Panamericana S.A. clásica sin edición actual

Christoph Bock, et al., (2016). Trends in Biotechnology. Multi – Omics of single cells: Strategies and applications

- DeBord, D. G., Carreón, T., Lentz, T. J., Middendorf, P. J., Hoover, M. D., & Schulte, P. A. (2016). Use of the “exposome” in the practice of epidemiology: a primer on-omic technologies. *American journal of epidemiology*, 184(4), 302-314.
- 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.
- Husi, H. (2019). Computational Biology
- Kanehisa, M., Sato, Y., Furumichi, M., Morishima, K., and Tanabe, M.; New approach for understanding genome variations in KEGG. *Nucleic Acids Res.* 47, D590-D595 (2019). Cited 19 septiembre 2019. Aviable from: <https://www.genome.jp/kegg/>
- Konz, T., Migliavacca, E., Dayon, L., Bowman, G., Oikonomidi, A., Popp, J., & Rezzi, S. (2017). ICP-MS/MS-based ionomics: a validated methodology to investigate the biological variability of the human ionome. *Journal of proteome research*, 16(5), 2080-2090.
- Koonin, V. and Michael Y. Galperin. (2003). Sequence-Evolution-Function: Computational approaches in comparative genomics. Kluwer academic publishers. clásica sin edición actual
- Malinouski, M., Hasan, N. M., Zhang, Y., Seravalli, J., Lin, J., Avanesov, A., ... & Gladyshev, V. N. (2014). Genome-wide RNAi ionomics screen reveals new genes and regulation of human trace element metabolism. *Nature communications*, 5, 3301.
- Miroslav Blumenberg. (2019). Introductory chapter: transcriptome Analysis
- Misra, B. B., Langefeld, C., Olivier, M., & Cox, L. A. (2019). Integrated omics: tools, advances and future approaches. *Journal of molecular endocrinology*, 62(1), R21-R45
- 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.
- Perakakis, N., Yazdani, A., Karniadakis, GE y Mantzoros, C. (2018). La ómica, el big data y el aprendizaje automático como herramientas para impulsar la comprensión de los mecanismos biológicos y descubrir nuevos diagnósticos y terapias. *Metabolismo clínico y experimental*, 87, A1-A9.
- Sepiashvili, L., Bruce, J. P., Huang, S. H., O'Sullivan, B., Liu, F. F., & Kislinger, T. (2015). Novel insights into head and neck cancer using next-generation “omic” technologies. *Cancer research*, 75(3), 480-486.

- Singh, S., Parihar, P., Singh, R., Singh, V. P., & Prasad, S. M. (2016). Heavy metal tolerance in plants: role of transcriptomics, proteomics, metabolomics, and ionomics. *Frontiers in plant science*, 6, 1143.
- Srinivas, A., 2006. Hand book of computational and molecular biology. Ed. Chapman and Hall/CRC. Ames Iowa USA. clásica sin edición actual
- 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. clásica sin edición actual
- Tortosa Viqueira, M., Cartea González, M. E., Rodríguez Graña, V. M., & Velasco Pazos, P. (2017). " Omic" profiling of Brassica oleracea challenged with Xanthomonas campestris pv. campestris.
- 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. Aviable from: <http://www.ensembl.org/index.html>