

1. Datos de identificación:

Nombre de la unidad de aprendizaje:	Técnicas de secuenciación y ensamblaje de genomas
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:	Dr. Patricio Adrián Zapata Morín
Fecha de última actualización:	No aplica
Responsable (s) del diseño y actualización:	No aplica

2. Propósito(s):

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).

3. 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.

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

- Exámenes
- Producto integrador de aprendizaje
- Resumen
- Cuadro Comparativo

5. Producto integrador de aprendizaje:

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

6. Fuentes de apoyo y consulta:

- Aluru, S. (2006). *Handbook of computational molecular biology*. Boca Raton: Chapman & Hall/CRC. doi: 10.1201/9781420036275
- Baez-Ortega, A., Lorenzo-Diaz, F., Hernandez, M., Gonzalez-Vila, C. I., Roda-Garcia, 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