

1. Datos de identificación:

Nombre de la unidad de aprendizaje:	Genómica funcional
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:	7º semestre
Tipo de unidad de aprendizaje:	Obligatoria
Ciclo:	Segundo
Área curricular:	Formación profesional fundamental (ACFP-F)
Créditos UANL:	4
Fecha de elaboración:	25/04/2021
Responsable(s) de elaboración:	Dr. Patricio Adrián Zapata Morín
Fecha de última actualización:	No aplica
Responsable(s) de actualización:	No aplica

2. Propósito(s):

La finalidad de esta unidad de aprendizaje es que el estudiante aplique los conocimientos sobre la funcionalidad del genoma, genes o elementos no codificantes, ácidos nucleídos (RNA) y proteínas codificadas, los sistemas que permiten la activación o represión de los genes. La pertinencia de lo anterior proporciona el conocimiento de metodologías experimentales a gran escala con estudios computacionales de los resultados, aplicando aproximaciones experimentales globales, haciendo uso de la información y elementos de la genómica estructural, estos conocimientos aran al estudiante competente a nivel internacional. Para cursar esta UA es necesario tener conocimientos previos adquiridos de la UA de Genómica estructural y comparativa sobre reglas que gobiernan la estructura de los genomas y la aplicación de metodologías para su análisis. La relación base que esta UA tiene con la genómica estructural es significativa ya que ahonda en los conceptos aprendidos en dicha materia y adiciona sobre los mismos.

Genómica Funcional aporta al desarrollo de las competencias generales de UANL al manejar las tecnologías de la información como herramienta para aportar al conocimiento proveniente de fuentes confiables en línea (3-3.2). Esta UA se verá enriquecida por el materia de Proteómica, ya que esta proporciona el conocimiento básico sobre terminología que muchos de los conceptos que en esta UA se maneja, esto permitirá facilitar la adquisición de nuevos conocimientos sobre el funcionamiento del genoma. Todo lo anterior permitirá propiciar la generación de propuestas innovadoras (13-2.1) basadas en la comprensión holística de la realidad para contribuir a superar los retos del ambiente global interdependiente al propiciar las soluciones en base al conocimiento en sectores como salud pública o inclusive a nivel alimenticio (10-3.2) Así mismo, contribuye al desarrollo de las competencias específicas de la carrera al permitir entender las consecuencias de la función del genoma, la relación entre genotipo y el fenotipo, lo cual le permitirá el desarrollo de diagnósticos moleculares para el tratamiento de enfermedades genéticas (Esp. 2). Al mismo tiempo esta le proporciona al egresado las herramientas para desarrollar estrategias de detección, modificación y selección de genomas, para ser utilizados en los sectores salud, agrícola, pecuaria y ambiental, proporcionando servicios biotecnológicos y detección de organismos con fenotipos de interés (Esp. 3), y esto le permitirá desarrollar productos y procesos en la prevención de enfermedades para la sociedad en general (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:

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:

13- Asumir el liderazgo comprometido con las necesidades sociales y profesionales para promover el cambio social pertinente.

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:

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

5. Producto integrador de aprendizaje:

Reporte de la demostración del enriquecimiento (GSEA) a partir de los resultados diferenciales del RNA-seq.

6. Fuentes de consulta:

Brown, T. A. Genomes. (2018). 3rd Edition. Garland Science.

Pevsner J. 2015. Bioinformatics and Functional Genomics 3rd Edition. Wiley-Blackwell.

Yunshun C. 2016 From reads to genes to pathways: differential expression analysis of RNA-Seq experiments using Rsubread and the edgeR quasi-likelihood pipeline. F1000Res. Vol. 5. Pp.1438

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

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

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/>

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.