

### 1. Datos de identificación:

Nombre de la unidad de aprendizaje:	<b>Anotación de genomas virales</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>7° semestre</b>
Tipo de unidad de aprendizaje:	<b>Optativa</b>
Ciclo:	<b>Segundo</b>
Área curricular:	<b>Formación profesional integradora (ACFP-I)</b>
Créditos UANL:	<b>3</b>
Fecha de elaboración:	<b>16/03/2021</b>
Responsable(s) de elaboración:	<b>Dra. Elva Teresa Aréchiga Carvajal</b>
Fecha de última actualización:	<b>No aplica</b>
Responsable(s) de actualización:	<b>No aplica</b>

### 2. Propósito:

La finalidad de esta unidad de aprendizaje es que el estudiante sea capaz de anotar el genoma de un virus y predecir en base a homologías y defender su anotación estructural con argumentos científicos. Sobre todo se estudiará (sin descartar otros) la estructura de los genomas de virus Bacteriófagos (Virus que atacan bacterias). La pertinencia de la unidad de aprendizaje se enfoca en el desarrollo de estudiantes críticos, capaces de reconocer las áreas de oportunidad las aplicaciones de sus conocimientos adquiridos de la estructura de virus como los bacteriofagos en diversos campos biotecnológicos.

En esta unidad de aprendizaje se aplican los conocimientos paralelos adquiridos de las reglas generales que gobiernan la estructura de los genomas en la UA Genómica estructural y comparativa, lo que le permite al estudiante aplicar estos conocimientos para predecir la estructura de los elementos del genoma de estos entes biológicos.

Esta unidad de aprendizaje contribuye con las competencias generales del perfil de egreso, ya que utilizando softwares bioinformáticos permitirán al estudiante aprender a detallar el mapa de los componentes de los genomas virales de interés en salud humana y animal, vegetal a través de la práctica, estructurando la información relevante y oportuna (4.2.1). El estudiante podrá determinar la identificación del genoma viral y, al compararlo con los reportados en las bases de datos, identificará si existen riesgos potenciales y/o capacidades de producción de tratamientos. Con la anotación de genomas virales, el estudiante podrá proponer metodologías para el análisis de genomas, así como la identificación específica de elementos para el análisis en situaciones hipotéticas. De igual manera se involucra como líder en la ejecución de proyectos para la solución de conflictos ambientales y de salud humana (10.3.3), permitiendo también, el desarrollo de capacidades de gestión de recursos adaptando las herramientas bioinformáticas para situaciones de riesgo locales y globales (15.3.1). Además, por último, contribuirá a las competencias específicas ya que el estudiante puede desarrollar herramientas de detección y diagnóstico, basado en el análisis de los componentes del genoma (Esp. 2), así como la participación en la planeación de control de enfermedades en los sectores de salud y agropecuario (Esp. 4).

### **3. Competencias del perfil de egreso:**

Competencias generales a las que contribuye esta unidad de aprendizaje:

#### *Competencias instrumentales:*

4. Dominar su lengua materna en forma oral y escrita con corrección, relevancia, oportunidad y ética adaptando su mensaje a la situación o contexto, para la transmisión de ideas y hallazgos científicos.

#### *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.

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:**

- Ensayo
- Mapa descriptivo
- Presentación
- Producto Integrador de Aprendizaje.

**5. Producto integrador de aprendizaje:**

Mapa detallado, en el área de genomas conocido como la anotación de la más alta calidad de una estructura de tres tipos de virus: Un Bacteriófago, un virus de interés en salud humana y un virus fitopatógeno.

## 6. Fuentes de consulta:

Brown, T.A., GENOMES 4. (2017). Garland Science.

Clokie, M.R.J. and Kropinski A.M. (2009). Springer protocols, Bacteriophages: Methods In Molecular Biology. Volumen 1: Isolation, Characterization and Interactions Human Press. Ontario Canada. DOI 10.1007/978-1-60327-164-6

García M.L. and Romanowski V., (2012). Viral Genomes- Molecular Structure, Diversity, Gene Expression Mechanisms and Host- Virus Interactions.

Hull R., (2014). Virus Genome. Science Direct (FifthEdition)

KAISER, G. Overview of microbial pathogenesis. [Accesat: 08.07. 2018]. Disponibil: [https://dynamic.libretexts.org/print/url=https://bio.libretexts.org/TextMaps/Microbiology/Book%3A\\_Microbiology\\_\(Kaiser\)/Unit\\_3%3A\\_Bacterial\\_Pathogenesis/1%3A\\_Overview\\_of\\_Microbial\\_Pathogenesis.pdf](https://dynamic.libretexts.org/print/url=https://bio.libretexts.org/TextMaps/Microbiology/Book%3A_Microbiology_(Kaiser)/Unit_3%3A_Bacterial_Pathogenesis/1%3A_Overview_of_Microbial_Pathogenesis.pdf).

Masson, P., Hulo, C., De Castro, E., Bitter, H., Gruenbaum, L., Essioux, L., & Le Mercier, P. (2012). ViralZone: recent updates to the virus knowledge resource. *Nucleic acids research*, 41(D1), D579-D583.

SEA-PHAGES (ScienceEducation Alliance-Phage Hunters AdvancingGenomics and EvolutionaryScience). (2020). Es un curso de investigación progresa a través de una variedad de técnicas de microbiología y eventualmente a complejas anotaciones genómicas y análisis bioinformáticos. <https://seaphages.org/>: