

1. Datos de identificación:

Nombre de la unidad de aprendizaje:	Herramientas modernas de genómica
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:	7° semestre
Tipo de unidad de aprendizaje:	Optativa
Ciclo:	Segundo
Área curricular:	Formación Profesional Integradora (ACFP-I)
Créditos UANL:	3
Fecha de elaboración:	16/03/2021
Responsable(s) de elaboración:	Dra. Elva Teresa Aréchiga Carvajal
Fecha de última actualización:	No aplica
Responsable(s) de actualización:	No aplica

2. Propósito:

La unidad de aprendizaje de Herramientas modernas de genómica tiene como finalidad que el estudiante discrimine los principios, estrategias, herramientas y puntos críticos de control en la transformación de organismos eucariotas. Se busca en un principio que el estudiante conozca el panorama global, desde las técnicas clásicas, como la transformación de levaduras *Saccharomyces cerevisiae* y *Picchia pastoris* por métodos químico-mecánicos, pasando por las estrategias contemporáneas como la biobalística en células vegetales, *Agrobacterium*, silenciamiento mediante RNAi, CRISPR-CAS9, hasta los métodos de reciente surgimiento, manteniendo siempre actualizada esta unidad.

Es importante para el estudiante salir al mercado laboral con el conocimiento del uso y aplicaciones actuales en su área de conocimiento en genómica ya que, uso de protocolos desactualizados genera costos no benéficos en la investigación y

desarrollo biotecnológico; desde inversión monetaria alta, hasta arriesgar la fiabilidad de un resultado. Por esos motivos, la pertinencia de esta unidad de aprendizaje es mantener actualizadas las técnicas de análisis genómicos más recientes, promoviendo la implementación de las mismas para futuras investigaciones y proyectos que, a su vez, también favorecen el desarrollo de nuevas propuestas en estudios y tecnologías de análisis genómico.

En esta unidad de aprendizaje se aplican los conocimientos 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, de este modo se facilitará el desarrollo de estrategias para la edición de genomas que verá en la UA de Taller de estrategias genómicas.

Todo esto con el enfoque de brindar al estudiante las bases para que este sea capaz de proponer y diseñar protocolos experimentales vigentes y de novedad viables para ser llevados a práctica, mediante el uso de herramientas bioinformáticas y bases de datos (3.3.2). Además, también se busca fomentar que el estudiante integre los conocimientos para involucrarse y aportar soluciones a conflictos promoviendo el ambiente de convivencia (9.3.1) usando la biología molecular de eucariotes para producir organismos genéticamente modificados y/o seleccionar organismos nativos útiles en el desarrollo y/o producción de insumos en la industria (13.3.3).

Como objetivo general de la Unidad de Aprendizaje, el estudiante analizará la influencia, beneficio y utilidad de las técnicas actuales, comprendiendo la evolución de dichas técnicas y los fundamentos de cada una de ellas a lo largo del tiempo, además de que; contribuirán de forma activa en propuestas de aplicación en el área biotecnológica. Como objetivos específicos, se plantea la implementación de las competencias específicas que son el generar estudiantes críticos en el área de la genómica, capaces de identificar organismos nativos con potencial metabólico u organismos con genomas editados (Esp. 2), diseñar y desarrollar estrategias para la resolución de problemas de diferentes ámbitos (Esp. 3), practicando los valores: éticos-profesionales garantizando el bienestar y el respeto a la vida (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:

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

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:

- Exámenes teóricos.
- Exámenes prácticos.
- Informe que implemente el desarrollo de estrategias de modificación y/o selección de organismos nativos con actividades metabólicas secundarias para fines comerciales.
- Producto Integrador de Aprendizaje

5. Producto integrador de aprendizaje:

Reporte sobre el análisis genómico *in silico* de genes, secuencias, funciones y el protocolo general.

6. Fuentes de consulta:

- Becker, D. M., & Guarente, L. (1991). [12] High-efficiency transformation of yeast by electroporation. In *Methods in enzymology* (Vol. 194, pp. 182-187). Academic Press.
- Fuller, K. K., Chen, S., Loros, J. J., & Dunlap, J. C. (2015). Development of the CRISPR/Cas9 system for targeted gene disruption in *Aspergillus fumigatus*. *Eukaryotic Cell*, 14(11), 1073-1080.
- Gietz, D., St Jean, A., Woods, R. A., & Schiestl, R. H. (1992). Improved method for high efficiency transformation of intact yeast cells. *Nucleic acids research*, 20(6), 1425.
- Gietz, R. D., & Schiestl, R. H. (2007). High-efficiency yeast transformation using the LiAc/SS carrier DNA/PEG method. *Nature protocols*, 2(1), 31.
- 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.

- Jakočiūnas, T., Bonde, I., Herrgård, M., Harrison, S. J., Kristensen, M., Pedersen, L. E., ... & Keasling, J. D. (2015). Multiplex metabolic pathway engineering using CRISPR/Cas9 in *Saccharomyces cerevisiae*. *Metabolic engineering*, 28, 213-222.
- Jakočiūnas, T., Rajkumar, A. S., Zhang, J., Arsovska, D., Rodriguez, A., Jendresen, C. B., ... & Keasling, J. D. (2015). CasEMBLR: Cas9-facilitated multiloci genomic integration of in vivo assembled DNA parts in *Saccharomyces cerevisiae*. *ACS synthetic biology*, 4(11), 1226-1234.
- Kamiyama, D., Sekine, S., Barsi-Rhyne, B., Hu, J., Chen, B., Gilbert, L. A., ... & Huang, B. (2016). Versatile protein tagging in cells with split fluorescent protein. *Nature communications*, 7, 11046.
- Kang, Z., Huang, H., Zhang, Y., Du, G., & Chen, J. (2017). Recent advances of molecular toolbox construction expand *Pichia pastoris* in synthetic biology applications. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 33(1), 19.
- 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.
- Orr-Weaver, T. L., Szostak, J. W., & Rothstein, R. J. (1981). Yeast transformation: a model system for the study of recombination. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 78(10), 6354-6358.
- Sreenivas, S., Krishnaiah, S. M., Mohan, A. H. S., Mallikarjun, N., Govindappa, N., Chatterjee, A., & Sastry, K. N. (2016). Disruption of KEX1 gene reduces the proteolytic degradation of secreted two-chain Insulin glargine in *Pichia pastoris*. *Protein expression and purification*, 118, 1-9.
- Stewart G.G. (2017) Yeast Genetic Manipulation. In: *Brewing and Distilling Yeasts. The Yeast Handbook*. Springer, Cham.