

### 1. Datos de identificación

- Nombre de la institución y de la dependencia: Universidad Autónoma de Nuevo León Facultad de Ciencias Biológicas
- Nombre de la unidad de aprendizaje: Secuenciación y Anotación de Genomas
- Horas aula-teoría y/o práctica, totales: 72
- Horas extra aula, totales: 18
- Modalidad: Escolarizada
- Tipo de periodo académico: 6° Semestre
- Tipo de Unidad de aprendizaje: Optativa I
- Área Curricular: ACFP
- Créditos UANL: 3
- Fecha de elaboración: 30/1/12
- Fecha de última actualización: 13/02/13
- Responsable(s) del diseño: Dra. Elva Teresa Aréchiga Carvajal, Dr. José María Viader Salvadó

### 2. Propósito(s)

Esta Unidad de aprendizaje tiene como propósito conocer al detalle las técnicas de secuenciación de nueva generación y de alto rendimiento, su disponibilidad, implicaciones, aplicaciones y equipos de tal manera que pueda participar activamente en proyectos de secuenciación masiva de genomas. Las nuevas técnicas de secuenciación y anotación de genomas ofrecen formas rápidas de obtener la secuencia del genomas completos, permitiendo su caracterización así como la obtención de perfiles de estructuras de cromatina, perfiles de metilación de DNA, sitios de regulación de la expresión (regiones de factores de transcripción), RNAs mensajeros, RNAs pequeños, regiones de factores de transcripción, y metagenómica.

Asimismo los procesos de anotación de genomas, definido como la asignación de significado a una secuencia genómica

deben de ser más eficientes día con día debido a la gran acumulación de secuencias que sin el proceso de anotación carecen de utilidad. Actualmente se considera que los procesos de anotación de mejor calidad son aquellos que involucran a un profesional experto que apoyado en plataformas bioinformáticas sea capaz de asignar funciones a los fragmentos de DNA derivados de los grandes proyectos de secuenciación.

Esta UA contribuye al fortalecimiento de las habilidades del estudiante en el área de la genómica, que puede aplicar en el desarrollo de estrategias globales de anotación, análisis y comparación de genomas. Para cursarla, se requieren de los conocimientos básicos de la estructura del DNA y de los genomas de los organismos, adquiridos en las UA de Genética y Genómica Estructural ya que en la presente unidad se manejan una alta cantidad de secuencias genómicas así como el manejo de herramientas y bases de datos bioinformáticas adquiridas en la UA de Bioinformática.

En esta UA se promueve el aumento del manejo de tecnologías vanguardistas de la información como herramienta contribuir en el aumento del conocimiento de la estructura y variabilidad de los genomas, lo cual se espera establezca las bases para que el profesionista intervenga construyendo propuestas innovadoras para superar el reto de la sociedad en el desarrollo de la biotecnología en PRO del bienestar social.

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

- ❖ Competencias generales a las que contribuye esta unidad de aprendizaje
  - Utilizar métodos y técnicas de investigación tradicionales y de vanguardia para el desarrollo de su trabajo académico, el ejercicio de su profesión y la generación de conocimientos. (8)
  - 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.(10).
  - Construir propuestas innovadoras basadas en la comprensión holística de la realidad para contribuir a superar los retos del ambiente global interdependiente.(12)
  
- ❖ Competencias específicas del perfil de egreso a las que contribuye la unidad de aprendizaje

- Desarrollar diagnósticos moleculares, empleando conocimientos de la genómica y técnicas de manipulación de genes, para ser utilizados en los sectores salud, agrícola, pecuario y ambiental. (1)
- Diseñar estrategias de 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. (2)

#### **4. Factores a considerar para la evaluación de la unidad de aprendizaje**

- Reportes escritos de resultados de análisis de secuencias genómicas, identificación de elementos de genomas, Diseño de herramientas para caracterizar genomas *in silico*.
- Exposiciones en clase
- Reseña histórica del proyecto “Genoma Humano”
- Exámenes
- PIA

#### **5. Producto integrador de aprendizaje**

Elaboración de un proyecto donde exponga un catálogo donde se describan: a) Las nuevas estrategias de secuenciación masiva, b) Los equipos que se utilizan y sus aplicaciones, c) Los lugares en el país donde se están desarrollando estas técnicas o están disponibles y d) Algunos ejemplos de costos de proyectos con diferentes aplicaciones de las tecnologías. Para cada aplicación deberá sugerir un método de anotación según los entregables de cada estrategia.

#### **6. Fuentes de apoyo y consulta**

##### **Bibliografía**

- Srinivas, A., 2006. Handbook of computational and molecular biology. Ed. Chapman and Hall/CRC. Ames Iowa USA.

- Ussery D.W., Wassenaar T.M., Borini S. 2009. Computing for comparative microbial genomics. Bioinformatics for Microbiologists. Springer-Verlag, London

## Hemerografía

- Bryson K., Loux V., Bossy R., Nicolas P., Chaillou S., Van de Guchte M., Penaud S., Maguin E., Hoebeke M., Bessières P., Gibrat J-F 2006. AGMIAL: implementing an annotation strategy for prokaryote genomes as a distributed system. Nucleic Acids Res. 34(12): 3533–3545.
- Meyer F., Goesmann A., McHardy A.C., Bartels D., Bekel T., Clausen J., Kalinowski J., Linke B., Rupp O., Giegerich R., Pühler A .2003. GenDB—an open source genome annotation system for prokaryote genomes. Nucleic Acids Res.8: 2187–2195
- Morozova O., Marra M. A..2008. Applications of next-generation sequencing technologies in functional genomics. Genomics 92:255-264
- Weckwerth W. 2011. Green systems biology - From single genomes, proteomes and metabolomes to ecosystems research and biotechnology. J Proteomics. 75:284-305.

## Fuentes electrónicas

- Programa BioEdit (Biological Sequence Alignment for Win95/98/NT/2K/XP/7) Tom Hall, Ibis Biosciences, Carlsbad, CA. USA. <http://www.mbio.ncsu.edu/bioedit/bioedit.html>. Fecha de última consulta: 25 Enero 2013.
- Base de Datos NCBI: The National Center for Biotechnology Information advances science and health by providing access to biomedical and genomic information <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>
- The EMU WEB service. Evolutionary and Functional Genomics at IMB. Hosted by the Institute for Molecular Bioscience and ARC Centre in Bioinformatics at the University of Queensland, Brisbane, Australia. <http://emu.imb.uq.edu.au/>
- Página del proyecto ENSEMBL <http://www.ensembl.org/index.html>
- Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes <http://www.genome.jp/kegg/>
- ERGO: <http://rctbank.ucsf.edu/home/ergo>
- Pendant-Pro: <http://www.biomax.com/products/pedantpro.php>
- Artemis: <http://www.sanger.ac.uk/resources/software/artemis/>

- Proyecto R: <http://www.r-project.org/>, el programa bioScout se baja mediante el programa R
- WIT: <http://wit.mcs.anl.gov/WIT2/>
- Phylosopher: <http://www.genedata.com/products/phylosopher/modules.html>