



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE NAYARIT

Área de Ciencias Biológico Agropecuarias y Pesqueras

Coordinación de Posgrado en Ciencias Biológico Agropecuarias

PROGRAMA ACADÉMICO DEL DOCTORADO EN CIENCIAS BIOLÓGICO AGROPECUARIAS

1. DATOS DE IDENTIFICACIÓN DE LA UNIDAD DE APRENDIZAJE

NOMBRE Y CLAVE DE LA UNIDAD DE APRENDIZAJE

Bionformática aplicada a la microbiología molecular II

FECHA DE ELABORACIÓN

Dr. Carlos Alfredo Carmona Gasca
Enero 2016

FECHA DE ACTUALIZACIÓN

Dr. Carlos Alfredo Carmona Gasca
Diciembre 2016

2. PRESENTACIÓN

Este curso, por su contenido y objetivo, está dirigido a estudiantes del Programa de maestría y doctorado de la línea terminal de Ciencias Zootécnicas, con conocimientos básicos de biología molecular que requieran aplicar las técnicas biomoleculares y la informática en la investigación en las ciencias microbiológicas, se está considerado como un curso de profundización disciplinaria con aplicación en las ciencias veterinarias. Se consideran 6 créditos; cuatro horas en una sesión semanal (dos de teoría y dos de práctica). El curso se impartirá en la UAMVZ de la UAN

3. OBJETIVOS

El objetivo principal del curso será discutir los fundamentos de la diversidad genética y las técnicas para estudiarla. Con lo anterior, realizar selección de estructuras sujetas a manipulación y clonación en sistemas heterólogos pasando por la construcción, caracterización de diferentes tipo de librerías y comprender las diferentes aplicaciones de la técnica en el estudio de las interacciones moleculares para que los estudiantes sean capaces de implementar estas metodologías en un proyecto de investigación.

4. RELACIÓN CON EL PERFIL DE EGRESO

Los estudiantes serán capaces de predecir suceso biológicos relacionados con el dogma central de la biología molecular (de la replicación a la traducción) utilizando herramientas y programas computacionales

5. CONTENIDOS

UNIDAD I. Fundamentos de Biología Molecular

Organización y evolución del genoma.
Tasas evolutivas y reloj molecular.
Tipos de marcadores moleculares para medir la variación genética
Origen de la variación genética y como expresar la variación

UNIDAD 2. Variación genética en las poblaciones.

Análisis de la variación genética en las poblaciones.
Técnicas de muestreo repetido.
Asociaciones multilocus, variabilidad y recursos genéticos

UNIDAD 3. Mapeo comparativo.

Mapeo comparativo de acuerdo al tipo de marcador empleado.
Macrocolinealidad y microcolinealidad.
Identificación de variedades y de genotipos de interés: tipos de marcadores.
Características deseables en los marcadores moleculares en actividades económicas pecuarias.
Detección de organismos genéticamente modificados

UNIDAD 4. Clonación

Purificación de ADN plasmídico de bacterias y ADN genómico, ARN total y proteínas.
Digestión con enzimas de restricción de ADN plasmídico y ADN genómico.
Electroforesis en gel de ADN plasmídico de bacterias y ADN genómico, ARN total y proteínas.
Construcción de moléculas de ADN recombinante.
Transformación de bacterias y selección de transformantes.
Evaluación de individuos transformados.

UNIDAD 5. Despliegue de fagos

Estructura y biología de los bacteriófagos
Vectores y métodos de despliegue
Construcción de librerías
Bibliotecas inmunes
Bibliotecas no inmunes y sintéticas Empleado bibliotecas de péptidos -
Empleando bibliotecas de anticuerpos
Ejemplos de selección y construcción de bibliotecas
Aplicaciones del despliegue en fagos en plegamiento y estabilidad de proteínas
Bibliotecas de anticuerpos para el desarrollo de vacunas y diagnóstico

6. ESTRATEGIAS DIDACTICAS Y DE APRENDIZAJE

Exposición y discusión de los marcos teóricos.
Utilización de herramientas computacionales disponibles en la red.
Utilización de diversos programas de los llamados open source
Pizarrón, computadora y proyector

7. PROCEDIMIENTOS PARA LA EVALUACIÓN DEL APRENDIZAJE

- Integración del portafolio con acciones, tareas y lecturas complementarias que favorezcan el autoaprendizaje.
- Será considerado un trabajo final, al estudiante se le asignará un tema y, con base en los conocimientos adquiridos en el curso, deberá utilizar las aplicaciones bioinformáticas para identificar secuencias de ácidos nucleicos con posible aplicación biotecnológica en bancos de genes/genomas. Posteriormente, el estudiante deberá ser capaz de diseñar sondas específicas que utilizará para amplificar la secuencia deseada de una muestra real de ácidos nucleicos purificados (depende de disposición de espacio)
- Presentación de seminario sobre la revisión de artículos y textos investigación en Técnicas moleculares.
- Utilización de habilidades de investigación, incluyendo la capacidad de diseñar experimentos, el conocimiento de técnicas moleculares, análisis de datos, y la revisión de la literatura crítica

Usar las habilidades transferibles en las presentaciones orales, redacción de informes, y el uso de la información tecnológica

8. CRITERIOS DE ACREDITACIÓN

Deberá cubrirse el 80 % de asistencia y la calificación mínima aprobatoria será de 80 (ochenta).

9. CRITERIOS DE CALIFICACIÓN

| | |
|----------------------------|------|
| Total de marcos teóricos | 40%. |
| Total de Participación | 30%. |
| Seminario | 10%. |
| Presentación de portafolio | 20%. |

10. BIBLIOGRAFÍA

Borodovsky M and Ekisheva S. 2006. Problems and Solutions in Biological Sequence Analysis. Cambridge University Press. Cambridge UK.

Brown: Genomas 3, Ed. Panamericana (2008).

Glick, Pasternak y Patten: Principles and Applications of Recombinant DNA, 4ª edición. ASM Press (2010).

Gopal S, Tymann P, Haake A, Jones R, P. 2008. Bioinformatics. A Computing Perspective. McGraw-Hill Education. US. ISBN: 9780073133645

Kolchanov K, Hofstaedt R, Milanesi L. 2005. Bioinformatics of Genome Regulation and Structure. Springer US.

Lewin. Genes VII B. 2001. Editorial Marbán

Luque J, Herráez A, Hartcourt, 2001. Texto ilustrado de biología molecular e ingeniería genética. Conceptos, técnicas y aplicaciones en ciencias de la salud, Madrid

Manniatis, T., Fritsch, E., and Sambrook, J. 2002. Molecular cloning: a laboratory manual. (ed.) Cold Spring Harbor Press, Cold Spring Harbor

Qi, H., Lu, H., Qiu, H. J., Petrenko, V. And Liu, A. (2012) Phagemid vectors for phage display: properties, characteristics and construction. J. Mol. Biol. 417:129-43.

Ramsden J. 2015. Bioinformatics. An Introduction. Cold Spring Harbor Press, Cold Spring Harbor

Raychaudhuri S. 2007. Computational Text Analysis For Functional Genomics and Bioinformatics. Oxford University Press.

Sidhu, S. S., Feld, B. K. and Weiss, G.A. (2007) M13 bacteriophage coat proteins engineered for improved phage display. Methods Mol. Biol. 352:205-19.

Watson, Myers, Caudy y Witkowski: Recombinant DNA: genes and genomes, a short course, 3ª edición. Freeman and Company (2007). Strachan y Read, Human Molecular Genetics, 4ª edición Garland Science (2011).

Xuhua X. 2007. Bioinformatics and the Cell: Modern Computational Approaches in Genomics, Proteomics and Transcriptomics.

Zvelebil M and Baum J. 2007. Understanding Bioinformatics Taylor & Francis Inc. ISBN: 9780815340249.

11. PERFIL PROFESIOGRÁFICO

Profesores con grado de Doctor en el área de zootecnia y veterinarias con experiencia en bioinformática