



**PROGRAMA ACADÉMICO DE MAESTRÍA EN CIENCIAS BIOLÓGICO  
AGROPECUARIAS**

**1. DATOS DE IDENTIFICACIÓN DE LA UNIDAD DE APRENDIZAJE**

**NOMBRE Y CLAVE DE LA UNIDAD DE APRENDIZAJE**

Bioinformática 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. OBJETIVO(S)**

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 1.** 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 -

Empleado 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. BIBLIOGRAFIA

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, Hofestaedt R, Milanese 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 PROFESIONAL**

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