



PROGRAMA DE POSTGRADO: **BIOPROSPECCIÓN Y SUSTENTABILIDAD AGRÍCOLA EN EL TRÓPICO**
CURSO: **APLICACIÓN DE LAS CIENCIAS GENÓMICAS EN EL TRÓPICO**
PROFESOR TITULAR: ----
COLABORADOR (ES): DRA. ITZEL LÓPEZ ROSAS
CORREO ELECTRÓNICO: Itzel.rosas@colpos.mx
TELÉFONO: _____
CLAVE DEL CURSO: BSA-639
PRE-REQUISITOS: _____

TIPO DE CURSO:		PERIODO:	
<input type="checkbox"/>	Teórico	<input type="checkbox"/>	Primavera
<input type="checkbox"/>	Práctico	<input type="checkbox"/>	Verano
<input checked="" type="checkbox"/>	Teórico-Práctico	<input type="checkbox"/>	Otoño
		<input type="checkbox"/>	No aplica

SE IMPARTE A :		MODALIDAD:	
<input checked="" type="checkbox"/>	Maestría en Ciencias	<input type="checkbox"/>	Presencial
<input type="checkbox"/>	Doctorado en Ciencias	<input type="checkbox"/>	No presencial
<input type="checkbox"/>	Maestría Tecnológica	<input type="checkbox"/>	Mixto

HORAS CLASE: CREDITOS: 3
Presenciales 48 horas
Extra clase 144 horas
Virtuales _____
Total 192 horas

Nota: Un crédito equivale a 64 horas totales (presenciales y extra clases)



PROBLEMA DEL CONTEXTO:

APLICACIÓN DE LAS CIENCIAS GENÓMICAS EN EL TRÓPICO BSA639: se encuentra embebido en la malla curricular del BioSAT dentro de los cursos disciplinares/transversales, dentro de este grupo de cursos están aquellos que aportan las competencias, conocimientos, habilidades y actitudes para lograr un mayor dominio de temas complejos y específicos enfocados a desarrollar su proyecto de tesis. Dada la diversidad de temáticas del postgrado el encuadre curricular disciplinar/transversal incluye los siguientes cursos; Producción de animal limpia, verde y ética en el trópico, Protección de cultivos e inocuidad de alimentos, Tecnologías para una agricultura sustentable, Producción alternativa, no tradicional y de traspatio, Genotecnia moderna, Herramientas básicas de la biotecnología moderna, Innovaciones moleculares para la bioprospección y la agricultura tropical, Prospección de la biodiversidad y biomoléculas. Asimismo, este curso aplica fundamentos abordados en el curso de Biología Molecular y Genomas (curso Fundamental), por lo que se recomienda conocer estos temas previamente.

Este curso nace en un contexto del creciente desarrollo de las llamadas herramientas “ómicas” en distintas áreas de las ciencias biológicas por lo cual esta dirigido al entendimiento y adquisición de las bases para la comprensión de las aplicaciones de la genómica, así como analizar su impacto presente y futuro en múltiples áreas de investigación científica, tanto básica como aplicada con un énfasis en el abordaje y resolución de problemas de las ciencias agropecuarias.

El curso tiene como finalidad introducir los conceptos básicos de la genómica, desde los métodos de secuenciación de genomas y transcriptomas, al manejo bioinformático de datos de genomas, proteomas y metabolomas, visualizando los alcances de estas metodologías en la resolución de problemas agrícolas y de estudio de la biodiversidad. Estos conocimientos fundamentales se complementan con la adquisición teórica-práctica del uso de bases de datos genómicos, así como de paquetes y software libre para el análisis de dichos datos. El curso, revisando estudios de casos. Al finalizar el curso, el estudiante aplicará algunas de las estrategias básicas de la genómica y será capaz de proponer soluciones a problemáticas actuales, a través del uso de la genómica, con un especial énfasis en los retos que enfrenta el trópico.

COMPETENCIA A FORMAR



Cognitivas:

Conoce los fundamentos y las diferencias de los nuevos métodos de secuenciación masiva de genomas para abordar proyectos de distintas áreas de las ciencias biológicas y agropecuarias.

Identifica las aplicaciones de las tecnologías “ómicas” para el estudio integral de fenómenos biológicos relacionados con la bioprospección de recursos genéticos y la sustentabilidad agrícola.

Conoce los conceptos utilizados en estudios masivos de genómica, proteómica, transcriptómica, metagenómica y metabolómica para su posterior análisis e interpretación de resultados.

Identifica los conceptos y aplicaciones de la bioinformática como herramienta para resolver problemas biológicos.

Interpreta los enfoques y alcances de las tecnologías empleadas en estudios proteómicos, transcriptómicos, metagenómicos y metabolómicos para describir procesos biológicos y hacer bioprospección de los mismos.

Procedimentales:

Utiliza las bases de datos publicas de datos genómicos (proteómicos, transcritómicos, metagenómicos y metabolómicos) para obtener y comparar la información contenida en los genomas de organismos de importancia agropecuaria enfocados a la bioprospección de los mismos.

Emplea las herramientas (software) de uso libre que existen en la web para el análisis de datos genómicos de organismos la información contenida en sus genomas, proteomas, transcriptomas, metagenomas, metabolomas y aplicarla a la resolución de problemas agrícolas.

Comprende artículos científicos de frontera en los cuales se utilizan acercamientos genómicos por separado o integrados para resolver una pregunta biológica o una aplicación agrobiotecnológica.

Visualiza el impacto y tendencias de las ciencias genómicas en el descubrimiento y uso de recursos genéticos, así como en innovaciones agropecuarias.

Usa herramientas

Actitud:

Reflexiona acerca de las grandes cantidades de información generadas en proyectos genómicos y sus avances científicos derivados.

Valora el cómo retribuir a las sociedades y comunidades originalmente poseedoras de los



recursos genéticos y/conocimiento etonobotánico a travez de la bioprospección de dichos recursos usando herramientas “omicas”.

COMPETENCIAS A LAS CUALES SE APORTA

Aplica conocimientos, habilidades, herramientas y técnicas para desarrollar un proyecto de investigación, ajustandose a un presupuesto y a un lapso de timepo previamente definidos.

Desarrolla de manera permanente su capacidad de generar conocimiento medaitne realización de investigación cuantitativa y cialitativa, conocedor de los conceptos paradigmas, enfoques y tendencias teóricas y epistemológicas de la investigación en su área del conocimiento.

Asume un compomiso personal, social y profesional para emprender proyectos de investigación innovadores vinculados a las tranformaciones sociales.

Porpone soluciones y alternativas novedosas viables, en su ámbito profesional.

COMPETENCIAS REQUERIDAS

Comprende los conceptos básicos de biología molecular (genes, genoma, DNA, RNA, codigo genético, proteínas, metabolitos, etc)

Conoce conceptos básicos de microbiología y biología celular

Comprende los procesos celulares fundamentales

Comprende los artículos científicos del área biológica

SABERES NECESARIOS PARA EL DESARROLLO DE LA COMPETENCIA ESPECÍFICA

SABERES TEÓRICOS

Fundamentos (químicos y nanotecnológicos) de las tecnologías de secuenciación masiva (NGS).

Definiciones y alcances de las diferentes ramas de la genómica: genómica, funcional, comparativa, evolutiva, proteómica, transcriptómica, metagenómica y metabolómica.

Conceptos básicos de bioinformática



Enfoques y alcances de las tecnologías empleadas en estudios proteómicos, transcriptómicos, metagenómicos y metabolómicos

SABERES PROCEDIMENTALES

Uso y obtención de información de las principales bases de datos genómicas

Uso del software libre que existe disponible en la red para análisis masivo de datos genómicos

Interpreta los datos obtenidos del análisis masivo de datos genómicos y los enfoca a la búsqueda de nuevos genes, proteínas y metabolitos para ser analizados a un nivel experimental.

Análisis de artículos científicos

SABERES CONDUCTUALES

Valora la información que se genera en proyectos genómicos para realizar bioprospección de recursos genéticos de la región

CONTENIDO	ORDEN	PROFUNDIDAD	TIEMPO
1. Qué es la genómica	1.1 Conceptos generales 1.2 Genómica estructural y evolutiva 1.3 Genómica funcional	Conocer conceptos básicos, definiciones y campo de estudio.	4 hrs
2. Secuenciación. De Sanger a la genómica	2.1 Extracción de DNA para análisis genómico. 2.2 Fundamentos de la secuenciación de ácidos nucleicos. 2.3 Métodos actuales de secuenciación masiva 2.4 Bases públicas de datos genómicos (NCBI, TAIR, Oryza, etc.)	Comprende los métodos químicos y nanotecnológicos aplicados en la secuenciación.	8 hrs T – 8 hrs P



<p>3. Genómica estructural, comparativa y evolutiva y funcional.</p>	<p>3.1 Contenido, estructura, y elementos de plasticidad genómica. 3.2 Análisis bioinformático de datos masivos de secuencias genómicas. 3.2.1 Definiciones. Lenguajes, sistemas operativos y aplicaciones computacionales. 3.2.2 Ensamble y anotación de genomas. Detección de variantes (SNPs, Indels). 3.3 Aplicaciones genómicas en la selección y producción agropecuaria y forestal. Selección Asistida por marcadores moleculares (MAS) y QTLs.</p>	<p>Conocerá las bases y herramientas bioinformáticas para el estudio de genomas. Sintetizará la información existente de la aplicación de la genómica en la producción agropecuaria y forestal</p>	<p>8 hr T</p>
<p>4. Metagenómica</p>	<p>4.1 Conceptos generales, estrategias experimentales, consideraciones técnicas. 4.2 Extracción de DNA ambiental y otros microbiomas. 4.3 Metagenómica aplicada al trópico. Estudios de caso en poblaciones microbianas de suelo y mar.</p>	<p>Conocer conceptos básicos y consideraciones técnico-experimentales. Aplicará técnicas de obtención de DNA de microbiomas. Sintetizará información existente de la aplicación de la metagenómica en casos relacionados con la bioprospección y evaluación de la diversidad genética microbiana.</p>	<p>6 hr T 6 hr P</p>
<p>5. Transcriptómica</p>	<p>5.1 Bancos transcriptómicos. 5.2 Análisis bioinformático de datos masivos de expresión diferencial: Microarreglos y RNASeq. 5.2.1 Bases de datos para anotación funcional (REfseq, BAR, AGRIS, PMN, MAPMAN, Reactome, Gene Ontology). 5.2.1 RNASeq. Análisis con genoma</p>	<p>Comprenderá los fundamentos, ventajas y diferencias de las técnicas de expresión diferencial Conocerá las bases</p>	<p>8 hr T 6 hr P</p>



	<p>de referencia. Análisis sin genoma de referencia.</p> <p>5.2.1 Bases de datos transcriptómicos a partir de microarreglos. Diseño experimental. Tipos de chips. Paquetes bioinformáticos. Normalización. Identificación de genes diferencialmente expresados y FDR. Repositorios.</p> <p>5.3 Herramientas biológicas para análisis de la función génica. Mutagénesis masiva.</p> <p>5.4 Aplicaciones de la transcriptómica para la valoración de procesos in situ de cultivos, relaciones organismo-ambiente-patógeno y descubrimiento de genes.</p>	<p>bioinformáticas para el estudio de transcriptomas</p> <p>Identificará los métodos para el análisis funcional de genes</p>	
6. Proteómica	<p>6.1 Conceptos generales.</p> <p>6.2 Separación bidimensional, HPLC/UPLC, Cromatografía de Gases, Espectrometría de masas (MS).</p> <p>6.3 Bases de datos para análisis de proteínas (UniProtKB, KEGG, Prosite, etc.) y de vías metabólicas.</p> <p>6.4 Aplicación de la proteómica en bioprospección y sustentabilidad agrícola en el trópico: búsqueda e identificación de toxinas, fármacos y enzimas.</p>	<p>Conocerá conceptos básicos y consideraciones técnico-experimentales.</p> <p>Conocerá y comprenderá la metodología para la generación y estudio de proteomas</p> <p>Empleará bases de datos para análisis bioinformáticos</p> <p>Analizará el impacto de la proteómica en la obtención de nuevas biomoléculas</p>	8 T 8 P
7. Metabolómica	<p>7.1 Qué es la metabolómica?</p> <p>7.2 Técnicas especializadas para análisis e identificación de metabolitos.</p> <p>7.2.1 Resonancia Magnética Nuclear (NMR).</p> <p>7.3 Metabolómica aplicada en bioprospección de microorganismos</p>	<p>Conocer conceptos básicos y consideraciones técnico-experimentales.</p> <p>Comprenderá la metodología para</p>	6 hr T



	y plantas, estimaciones de la diversidad ecológica y de alteraciones ambientales, y la producción de alimentos nutritivos.	la generación y estudio de metabolomas. Reconocerá la utilidad de la metabolómica en el descubrimiento de nuevas biomoléculas	
--	--	---	--

3.Etapas y actividades del Proyecto Formativo				
Temas	Principales actividades de aprendizaje con el docente (AD)	Tiempo aproximado	Principales actividades de aprendizaje autónomo de los estudiantes (AA)	Tiempo aproximado
1. Qué es la genómica	Clase invertida, se enviará el material a revisar previamente	4 hrs T	Búsqueda y entrega de conceptos Exposición	8 excl
2. Secuenciación: De Sanger a la genómica	Clase tradicional, prácticas de laboratorio (extracción de DNA) para autoaprendizaje	8 hrs T – 8 hrs P	Participación en clase Reporte de práctica de laboratorio	20 excl
3. Genómica estructural, comparativa y evolutiva y funcional.	Clase tradicional Clase invertida Discusión de artículos	8 hr T	Participación en clase Exposición	16 excl
4. Metagenómica	Método de caso. Lectura comentada. Práctica de laboratorio (extracción de DNA	4 hr T 6 hr P	Participación en clase Entrega presentación y evidencias de fuentes bibliográficas (archivos	16 excl



	metagenómico). Discusión de artículos.		.pdf) Reporte de práctica. Calidad de la presentación, nivel de compresión del tema y capacidad de síntesis.	
5. Transcriptómica	Clase tradicional, clase invertida, lectura comentada y método del caso, prácticas de cómputo, discusión de artículos.	8 hr T 6 hr P	Participación en clase. Entrega presentación y evidencias de fuentes bibliográficas (archivos .pdf) Calidad de la presentación, nivel de compresión del tema y capacidad de síntesis. Reporte de práctica.	21 excl
6. Proteómica	Clase tradicional, clase invertida, lectura comentada, práctica de laboratorio y cómputo y método del caso.	8 hr T 8 hr P	Participación en clase. Entrega presentación y evidencias de fuentes bibliográficas (archivos .pdf) Reporte de práctica. Calidad de la presentación, nivel de compresión del tema y capacidad de síntesis.	17 excl
6. Metabólica	Clase tradicional, autoaprendizaje, lectura comentada y método del caso	6 hr T	Participación en clase. Entrega presentación y evidencias de fuentes bibliográficas (archivos .pdf) Calidad de la presentación, nivel de compresión del tema y capacidad de síntesis.	16 excl

Metodología de enseñanza-aprendizaje



La metodología utilizada para el desarrollo de este curso es la del aprendizaje activo mayoritariamente pero también estrategias de aprendizaje basadas en la enseñanza. Esto significa que se promoverá que el estudiante busque la construcción del saber de manera autónoma, y que sitúe al docente como un guía y facilitador que acompaña al estudiante, a través de la implementación de una serie de estrategias de enseñanza- aprendizaje, que promueven el involucramiento de la persona que aprende en su proceso formativo.

Cabe señalar que el desarrollo de competencias a través de una metodología activa, no implica la ausencia de espacios en las que el docente esté al centro del proceso pedagógico, utilizando estrategias de enseñanza-aprendizaje comúnmente denominadas “tradicionales”; el cambio radicaré en que éstas no primarán en el quehacer aúlico sino serán accesorias.

Técnicas de enseñanza-aprendizaje a ser utilizadas

Las técnicas que se van a utilizar son:

Exposición docente (Exposición de Expertos/Invitados)

Método de caso

Discusión guiada

Reportes de prácticas

Seminario de Estudiantes

Mesas redondas

Lecturas guiadas

Prácticas conducidas en laboratorio

Practicas de computo

NORMAS Y PROCEDIMIENTOS DE EVALUACIÓN



Criterios de evaluación de las prácticas

1. De conformidad con lo establecido en el reglamento de actividades académicas.
Calificación mínima para aprobar de 8.0
2. **El curso se evaluará mediante:**

Actividad de aprendizaje	Instrumento de Evaluación	Ponderación
Método de caso Discusión guiada Seminario de Estudiantes Mesas redondas Lecturas guiadas	Participación (Calidad y nivel de participación en clase. Comprensión, discusión y presentación de artículos y tópicos específicos.)	40%
Prácticas conducidas en laboratorio Prácticas de computo	Reportes de prácticas	30%
Exposición docente (Exposición de Expertos/Invitados) Método de caso	Examen de conocimientos	30%

BIBLIOGRAFÍA

Ashburner, M., Ball, C.A., Blake, J.A., Botstein, D., Butler, H., Cherry, J.M., Davis, A.P., Dolinski, K., Dwight, S.S., Eppig, J.T., Harris, M.A., Hill, D.P., Issel-Tarver, L., Kasarskis, A., Lewis, S., Matese, J.C., Richardson, J.E., Ringwald, M., Rubin, G.M., and Sherlock, G. 2000. Gene Ontology: tool for the unification of biology. *Nat Genet.* 25, 25 – 29.

- Borem A. y Fritsche-Neto R. 2014. Omics in Plant Breeding. Wiley-Blackwell.
- Brown T.A. Genomes 3. Garland Science 2006.
- Cordero, F., Botta, M., and Calogero, R.A. 2007. Microarray data analysis and mining approaches. *Brief Funct Genomic Proteomic* 6, 265-281.
- Grant, G.R., Manduchi, E., and Stoeckert, C.J., Jr. 2007. Analysis and management of microarray gene expression data. *Curr Protoc Mol Biol* Chapter 19, Unit 19 16
- He, Z. (Ed.) 2014. *Microarrays: Current Technology, Innovations and Applications*. Caister Academic Press. 246 pp.
- Irizarry, R.A., Bolstad, B.M., Collin, F., Cope, L.M., Hobbs, B., and Speed, T.P. 2003. Summaries of Affymetrix GeneChip probe level data. *Nucleic Acids Res* 31, e15.
- Lesk A. 2014. *Introduction to Bioinformatics Paperback*. Oxford University Press. 400 pp
- Nigel W. Hardy, Robert D. Hall. (editores). *Plant metabolomics. Methods and protocols 2012*. Springer/Humana Press. pp. 340.
- Pesvner J. *Bioinformatics and Functional Genomics*. Wiley-Blackwell 2009. 2^{nda} ed.
- Sammuelson T. *Genomics and Bioinformatics: An Introduction to Programming Tools for Life Scientists* Cambridge University Press 2012
- Timothy D. Veenstra y John R. Yates. *Proteomics for Biological Discovery*. John Wiley and Sons 2003.
- Tsesmetzis, N., Couchman, M., Higgins, J., Smith, A., Doonan, J.H., Seifert, G.J., Schmidt, E.E., Vastrik, I., Birney, E., Wu, G., D'Eustachio, P., Stein, L.D., Morris, R.J., Bevan, M.W., and Walsh, S.V. 2008. Arabidopsis reactome: a foundation knowledgebase for plant systems biology. *Plant Cell* 20, 1426-1436.
- Xu, J. (Ed.) 2014. *Next-generation Sequencing: Current Technologies and*

Applications. Caister Academic Press. 160 pp

antiSMASH software libre para la identificación, anotación, y análisis rápido en todo el genoma en búsqueda de clústers de genes biosintéticos de productos naturales <https://antismash.secondarymetabolites.org/#!/start>

RAST Rapid annotation using subsystem technology <http://rast.nmpdr.org>

PATRIC Herramienta de uso libre para el análisis de múltiples datos de secuenciación masiva. <https://www.patricbrc.org>

Microbial Genomics Atlas <http://enve-omics.ce.gatech.edu/miga/>

Affymetrix Transcriptome Analysis Console (TAC) Software User Manual. <http://www.affymetrix.com/estore/> Plant metabolomics. Methods and protocols

Artículos de investigación de frontera y de revisión para temas específicos.