



**UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
PROGRAMA DE POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS**

Denominación de la actividad académica (completa): *CURSO DE BIOINFORMÁTICA Y BIOLOGÍA MOLECULAR DE LA EXPRESIÓN GENÉTICA EN EUKARIONTES*

Clave: (no llenar)	Semestre: <i>Primero o segundo</i>	Campo de conocimiento: <i>Expresión Genética, Regulación Metabólica y aspectos evolutivos</i>	Número de Créditos: <i>8 Créditos</i>	
Carácter <i>Optativa de elección</i>	Horas		Horas por semana	Horas por semestre
	Teóricas <i>4</i>	Prácticas <i>0</i>	<i>4 hrs</i>	<i>64 hrs</i>
Modalidad <i>Curso</i>			Duración del curso <i>Semestral</i>	

Objetivo general:

El estudiante ampliará los conocimientos de Biología Molecular aplicados a la regulación de la expresión genética y conocerá los fundamentos de la Bioinformática para diseñar y aplicar estrategias de evaluación y análisis de la expresión genética.

Temario	Horas	
	Teóricas	Prácticas
Unidad 1 Generalidades de Biología Molecular y de Informática	28	
1.1 Bases moleculares en el estudio de la expresión genética (10 hrs) <i>Profesora: Dra. Alina Uribe García.</i> Objetivo: Los estudiantes reforzarán y revisarán los principios básicos de la Biología Molecular.		
1.1.1 El estudio de la expresión genética -Introducción y conceptos.		
1.1.2 Procesos del ADN -Estructura y características del ADN. -Cromatina y polimerasas de síntesis del ADN. -Replicación, Transcripción y transcripción inversa.		
1.1.3 La molécula del ARN -Tipos de ARN. -Maduración, exportación y traducción del ARNmensajero. -Síntesis de proteínas y degradación del ARNmensajero.		



<p>1.2 Técnicas de biología molecular para el análisis de la expresión genética (12 hrs)</p> <p><i>Profesores: Dra. Laura Ongay Larrios y Dra. C. Marissa Calderón Torres.</i></p> <p>Objetivo: Los estudiantes conocerán las principales técnicas empleadas para evaluar la expresión genética.</p> <p>1.2.1 Descripción y aplicación de las técnicas moleculares</p> <p>1.2.2 PCR en tiempo real, su uso, ventajas y desventajas</p> <p>1.2.3 Secuenciación del ADN, características</p> <p>1.2.4 Aplicaciones de la secuenciación de ácidos nucleicos: RNA-seq</p> <p>1.3 Fundamentos de Informática (6 hrs)</p> <p><i>Profesor: Dr. Miguel Murguía Romero.</i></p> <p>Objetivo: Los estudiantes aprenderán los métodos de bases de datos para el análisis de las secuencias de ADN y ARN.</p> <p>1.3.1 Fundamentos de Bases de datos</p> <p>-¿Qué son y para qué sirven las bases de datos?</p> <p>1.3.2 Modelo relacional de base de datos</p> <p>1.3.3 Diseño de Bases de datos</p> <p>-Construcción bases de datos.</p> <p>-El lenguaje SQL</p> <p>-Restricciones de integridad en bases de datos</p>		
<p>Unidad 2 Transcripción y Bioinformática</p> <p>2.1 Regulación de la transcripción (6 hrs)</p> <p><i>Profesora: Dra. Claudia Marissa Calderón Torres.</i></p> <p>Objetivo: Se explicarán las características de la remodelación de la cromatina y de los factores de transcripción en el proceso de transcripción. El estudiante hará una búsqueda de elementos de respuesta al estrés extra e intra celular en las bases de datos disponibles en internet.</p> <p>2.1.1 Remodelación de la cromatina</p> <p>- El modelo de la Cromatina, desalojo e incorporación de nucleosomas, modificación de histonas.</p> <p>- Técnicas de análisis de la cromatina.</p> <p>2.1.2 Los factores de transcripción</p> <p>-¿Qué son los factores de transcripción? Estructura y dominios.</p>	<p>20</p>	



<p>- El pre-inicio de la transcripción y los factores de transcripción. -Los factores de transcripción en la respuesta celular al estrés por cambios de parámetros ambientales.</p> <p>2.2 La tecnología CRISPR aplicada a la transcripción (6 hrs) <i>Profesor: Dr. Juan Carlos Vizuet de Rueda</i> Objetivo: El estudiante conocerá la aplicación de la edición genética y discutirá sus ventajas y desventajas.</p> <p>2.2.1 Fundamento de la técnica de Repeticiones Palindrómicas Cortas Agrupadas y Regularmente Espaciadas (CRISPR por sus siglas en inglés). -Modificación de la expresión genética en plantas.</p> <p>2.3 Bioinformática para la búsqueda de sitios de unión (8 hr) <i>Profesor: Dr. Miguel Murguía Romero.</i> Objetivo: El estudiante conocerá algunas técnicas de bases de datos para la búsqueda de secuencias de unión al ADN.</p> <p>2.3.1 Representación de sitios de unión en bases de datos -Los factores de transcripción y los sitios de unión al ADN. -Modelo de base de datos de factores de transcripción -El lenguaje SQL para la consulta de Base de datos de factores de transcripción</p> <p>2.3.2 Construcción de base de datos de sitios de unión al ADN -Diseño de bases de datos de factores de transcripción. -Expresiones regulares, IUPAC y secuencias de unión al ADN. -Ontología GO.</p>		
<p>Unidad 3 Diseño, evaluación y análisis de la expresión genética</p> <p>3.1 Análisis de la expresión genética (16 hrs) <i>Profesores: Dra. Laura Ongay Larios, Dra. C. Marissa Calderón Torres y Dr. Miguel Murguía Romero.</i> Objetivo: El estudiante integrará el conocimiento de bases de datos y regulación de la transcripción para el análisis básico de resultados del RNA seq.</p> <p>3.1.1 Análisis básico de RNA-seq -Análisis de la calidad de la secuenciación.</p> <p>3.1.2 Estimación del error, fiabilidad y sensibilidad del RNA-seq -Unidades relativas, FPKM y RPKM. -Limpieza de datos.</p>	<p>16</p>	



<p>3.1.2 Técnicas estadísticas para el análisis de RNA-seq -Identificación de genes con expresión diferencial. -Comparación del análisis básico de los resultados de la técnica molecular en desuso de los microarreglos vs RNA-seq.</p> <p>3.1.3 Estudio de caso Búsqueda de genes de respuesta mediante los factores de transcripción que se activan durante estrés oxidante y por falta de nitrógeno en una levadura extremófila al sodio.</p>		
Total de horas teóricas	64	
Total de horas prácticas		
Suma total de horas	64	
<p>Bibliografía básica</p> <p>-Castro DE, Murguía-Romero M, Thomé PE, Peña A, & Calderón-Torres M. Putative 3-nitrotyrosine detoxifying genes identified in the yeast <i>Debaryomyces hansenii</i>: <i>In silico</i> search of regulatory sequences responsive to salt and nitrogen stress. 2017; 29:1-6. Electronic Journal of Biotechnology.</p> <p>-Draghici S, Khatri P, Eklund AC, and Szallasi Z. Reliability and reproducibility issues in DNA microarray measurements. Trends Genet, 2006; 22(2):101-109.</p> <p>- Ferreira, S. S., & Reis, R. S. (2023). Using CRISPR/Cas to enhance gene expression for crop trait improvement by editing miRNA targets. Journal of experimental botany, 74(7), 2208–2212.</p> <p>-Fritsch, C., Gout, J. F., Haroon, S., Towheed, A., Chung, C., LaGosh, J., McGann, E., Zhang, X., Song, Y., Simpson, S., Danthi, P. S., Benayoun, B. A., Wallace, D., Thomas, K., Lynch, M., & Vermulst, M. (2021). Genome-wide surveillance of transcription errors in response to genotoxic stress. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 118(1), e2004077118.</p> <p>- García-Murillo, L., Valencia-Lozano, E., Priego-Ranero, N. A., Cabrera-Ponce, J. L., Duarte-Aké, F. P., Vizuet-de-Rueda, J. C., Rivera-Toro, D. M., Herrera-Ubaldo, H., de Folter, S., & Alvarez-Venegas, R. (2023). CRISPRa-mediated transcriptional activation of the SIPR-1 gene in edited tomato plants. Plant science: an international journal of experimental plant biology, 329, 111617.</p> <p>-Griffith M, Walker JR, Spies NC, Ainscough BJ, Griffith OL. Informatics for RNA Sequencing: A Web Resource for Analysis on the Cloud. Ouellette F, ed. PLoS Computational Biology. 2015;11(8): e1004393.</p> <p>-Guzzi PH, Di Martino MT, Tagliaferri P, Tassone P, Cannataro M. Analysis of miRNA, mRNA, and TF interactions through network-based methods. EURASIP Journal on Bioinformatics and Systems Biology. 2015; 2015:4.</p> <p>-Lai WKM, Pugh BF. Understanding nucleosome dynamics and their links to gene expression and DNA replication. Nature reviews Molecular cell biology. 2017;18(9):548-562.</p> <p>-Nagalakshmi U, Wang Z, Waern K, et al. The Transcriptional Landscape of the Yeast Genome Defined by RNA Sequencing. Science (New York, NY). 2008; 320(5881):1344-1349.</p> <p>-Schurch NJ, Schofield P, Gierliński M, et al. How many biological replicates are needed in an RNA-seq experiment and which differential expression tool should you use? RNA. 2016; 22(6):839-851.</p>		



TEMARIO

POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

-Smith, M. E., Wahl, D., Cavalier, A. N., McWilliams, G. T., Rossman, M. J., Giordano, G. R., Bryan, A. D., Seals, D. R., & LaRocca, T. J. (2024). Repetitive element transcript accumulation is associated with inflammaging in humans. *GeroScience*, 10.1007/s11357-024-01126-y. Advance online publication.

-Taymaz-Nikerel H, Cankorur-Cetinkaya A, Kirdar B. Genome-Wide Transcriptional Response of *Saccharomyces cerevisiae* to Stress-Induced Perturbations. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*. 2016; 4:17.

-Wang, K., Liu, H., Hu, Q. et al. Epigenetic regulation of aging: implications for interventions of aging and diseases. *Sig Transduct Target Ther* 7, 374

- Sugerencias didácticas:**
(marcar con una X la sugerencia didáctica que se utilizará para abordar los temas. Es importante tomar en cuenta que si la actividad tiene horas prácticas en las sugerencias deberá haber herramientas prácticas para el aprendizaje de los temas)
- * Exposición oral
 - Exposición audiovisual
 - * Ejercicios dentro de clase
 - * Ejercicios fuera del aula
 - Seminarios
 - Lecturas obligatorias
 - Trabajos de investigación
 - Prácticas de taller o laboratorio
 - Prácticas de campo
 - Otros (indicar cuáles)

- Mecanismos de evaluación del aprendizaje de los alumnos:**
(marcar con una X el mecanismo que se utilizará para evaluar el aprendizaje. Se recomienda que para la evaluación sean tomadas en cuenta las sugerencias didácticas señaladas)
- * Exámenes parciales
 - Examen final escrito
 - * Tareas y trabajos fuera del aula
 - * Exposición de seminarios por los alumnos
 - * Participación en clase
 - Asistencia
 - Seminario
 - Otros (indicar cuáles)

Línea de investigación:
Regulación de la expresión genética durante estrés salino y oxidante en eucariontes

Perfil profesiográfico
Biología Molecular: Doctorado con especialidad en los mecanismos de transcripción, deseable tener experiencia docente y de investigación en la evaluación de la expresión genética; especialidad en técnicas moleculares masivas.
Bioinformática: Doctorado con especialidad en bioinformática, programación en lenguajes orientados a objetos, y bases de datos relacionales.