



UNIVERSIDAD DE SONORA

DIVISIÓN DE CIENCIAS BIOLÓGICAS Y DE LA SALUD DEPARTAMENTO DE INVESTIGACIONES CIENTÍFICAS Y TECNOLÓGICAS MAESTRÍA EN BIOCIENCIAS



10024 GENÓMICA

UNIDAD REGIONAL: Centro

DIVISION ACADÉMICA: Ciencias Biológicas y de la Salud

DEPARTAMENTO QUE LA IMPARTE: Departamento de Investigaciones Científicas y Tecnológicas

TIPO/EJE FORMATIVO: Optativa/Especializante

CREDITOS: 8

INTRODUCCIÓN:

Este curso está diseñado para que los estudiantes dominen los temas fundamentales de la genómica y sus aplicaciones.

El curso contempla los fundamentos de la genómica, introducción a la aplicación y el uso de tecnologías de nueva generación en secuenciación masiva para su conocimiento. Además, profundiza en el conocimiento y utilización de técnicas para el diagnóstico y tratamiento de enfermedades en el ámbito médico y, a nivel vegetal y microbiana. El curso exige la implementación de seminarios por parte del maestro e investigadores invitados, además de exposiciones por parte de los estudiantes sobre temas selectos; así como análisis y discusión de artículos científicos.

OBJETIVO GENERAL:

Proporcionar al estudiante los conocimientos amplios de los fundamentos de la genómica, introducción a la aplicación y uso de las tecnologías de nueva generación en secuenciación masiva. Técnicas utilizadas para el diagnóstico y tratamiento de enfermedades en la parte médica, vegetal y microbiana.

OBJETIVOS ESPECÍFICOS:

- Conocer e identificar las tecnologías de nueva generación y su rol para entender el funcionamiento de los genes en diferentes organismos.
- Reconocer las aplicaciones y potenciales de las nuevas tecnologías en el mejoramiento de organismos vegetales y animales; así como su aplicación médica.
- Aprender a comunicarse eficientemente de forma oral y escrita tanto a la comunidad científica como al público en general.

CONTENIDO:

1. INTRODUCCION

- a) Concepto de genómica. Porqué estudiar los genomas
- b) Aplicaciones

2. GENOMAS

- a) Generalidades y métodos
- b) Identificación de genes candidatos usando información genética (clonación posicional)

3. TECNOLOGÍAS DE SECUENCIACIÓN DE GENOMAS Y APLICACIONES

- a) Plataforma 454
- b) Plataforma SOLiD
- c) Plataforma Illumina
- d) Ion Proton

4. LA GENÓMICA EN LA MEDICINA: CASOS DE ESTUDIO DE ENFERMEDADES GENÉTICAS COMPLEJAS
5. METAGENÓMICA: APLICACIONES Y LIMITACIONES
6. ANÁLISIS DE EXPRESIÓN Y APLICACIONES

ESTRATEGIAS DIDÁCTICAS:

El curso constará de seminarios por parte del maestro e investigadores invitados y exposiciones de los estudiantes sobre temas selectos; así como análisis y discusión de artículos científicos.

ESTRATEGIAS DE EVALUACIÓN:

- Examen parcial 1: 20%
- Examen parcial 2: 20%
- Examen final: 30%
- Exposiciones: 15%
- Discusión de artículos científicos y tareas: 10%
- Participación en clase: 5%

BIBLIOGRAFÍA:

- Behjati S & Tarpey PS. 2013. What is next generation sequencing? Archives of Disease in Childhood. Education and Practice Edition, 98(6), 236–238. <http://doi.org/10.1136/archdischild-2013-304340>.
- Dale JW, von Shantz M y Plant N. 2012. From Genes to Genomes: Concepts and Applications of DNA Technology. 3era. Edición. 400 pp. WILEY. ISBN: 978-1-118-29968-5.
- Gibson G. y Muse SV. 2009. A Primer of Genome Science. 3era. Edición. Sinauer Associates Inc. 370 pp. SBN- 13: 978-0878932368. ISBN-10: 0878932364.
- Keegan KP, Glass EM y Meyer F. 2016. MG-RAST, a Metagenomics Service for Analysis of Microbial Community Structure and Function. Methods Mol Biol. 2016; 1399:207-33. doi: 10.1007/978-1-4939-3369-3_13.
- Kulski JK (Edit). 2016. Next Generation Sequencing - Advances, Applications and Challenges. 462 pp. ISBN 978- 953-51-2240-1, InTech. DOI: 10.5772/60489
- Neelakanta G y Sultana H. 2013. The use of metagenomic approaches to analyze changes in microbial communities. Microbiol Insights. 2013 Apr 16; 6:37-48. doi: 10.4137/MBI.S10819
- Oulas A, Pavloudi C, Polymenakou P, Pavlopoulos GA, Papanikolaou N, Kotoulas G, Arvanitidis C y Iliopoulos I. 2015. Metagenomics: tools and insights for analyzing next-generation sequencing data derived from biodiversity studies. Bioinform Biol Insights. 2015 May 5; 9:75-88. doi: 10.4137/MBI.S12462.
- Pareek CS, Smoczynski R y Tretyn A. 2011. Sequencing technologies and genome sequencing. J Appl Genet. 2011 Nov; 52(4):413-35. doi: 10.1007/s13353-011-0057.
- Payne CJ (Edit). 2014. Epigenetics and Epigenomics. InTech. 218 pp. ISBN 978-953-51-1363-8. DOI: 10.5772/57037
- Sharpton TJ. 2014. An introduction to the analysis of shotgun metagenomic data. Front. Plant Sci. <http://dx.doi.org/10.3389/fpls.2014.00209>
- Thomas T, Gilbert J, & Meyer F. 2012. Metagenomics - a guide from sampling to data analysis. Microbial Informatics and Experimentation, 2, 3. <http://doi.org/10.1186/2042-5783-2-3>
- Thudi M, Li Y, Jackson SA, May GD y Varshney RK. 2012. Current state-of-art of sequencing technologies for plant genomics research. Brief Funct Genomics. 2012 Jan; 1(1):3-11. doi: 10.1093/bfgp/elr045
- van Dijk EL, Auger H, Jaszczyszyn Y y Thermes C. 2014. Ten years of next-generation sequencing technology. Trends Genet. 2014 Sep; 30(9):418-26. doi: 10.1016/j.tig.2014.07.001.
- Yorukoglu D., Yu WY, Peng L y Berger B. 2016. Compressive mapping for next-generation sequencing. Nature Biotechnology 34, 374–376 (2016) doi:10.1038/nbt.3511.

PERFIL DOCENTE:

Doctorado en biología molecular, biotecnología.