



Universidad Autónoma de Querétaro
Facultad de Ciencias Naturales
Licenciatura en Microbiología
Ciclo escolar 2022-I



I. Datos de identificación de la asignatura

Facultad: Ciencias Naturales
Programa Educativo: Licenciatura en Microbiología
Semestre: 6
Materia: Genómica Funcional
Créditos: 7
Grupo :1
Horario: Miércoles 9-12 hrs, Jueves de 13-16 hrs.
Periodo: 2022-1

Docente

Dr. Roberto Carlos Álvarez Martínez
roberto.alvarez@uaq.edu.mx

II. Justificación de la asignatura

La genómica funcional usa datos genómicos, transcriptómicos, proteómicos y metabolómicos para estudiar la expresión de genes y su relación dinámica de regulación, proteínas, así como su función a escala global. Este enfoque se concentra en la transcripción de genes, la traducción y las interacciones proteína-proteína y frecuentemente involucran métodos que tratan de integrar estas informaciones complementarias. La genómica funcional tiene como meta entender las relaciones entre el genotipo y fenotipo mediante el estudio de los procesos necesariamente dinámicos que ocurren a nivel molecular. Es por ello que un enfoque de este estilo es una materia fundamental para la formación de un microbiólogo.

III. Objetivos

El curso inicia con la forma de dilucidar la expresión de genes diferencialmente expresados mediante dos técnicas de éxito reciente: microarreglos y RNA-Seq (con y sin referencia). Se evalúan métodos para determinar interacciones de proteínas y finalmente se analiza una técnica para dilucidar la presencia y relación entre organismos bacterianos en organismos hospederos.

Se pretende que este curso capacite y motive a los alumnos a resolver problemas sencillos asociadas distintas condiciones experimentales para realizar análisis de expresión diferencial. Se pretende que los alumnos tengan una visión integral de las nuevas técnicas de secuenciación (NGS) y su utilidad en la investigación básica y aplicada.

El curso enfatiza la relación entre los distintos niveles de complejidad para determinar fenotipos: va desde la relación entre genes , proteínas y metabolitos. Por ello, una buena parte del curso trata con métodos para integrar estos distintos niveles, en particular se revisa a profundidad el enfoque de redes complejas.

Los alumnos tendrán al finalizar el curso, una visión global de cómo las distintas interacciones pueden generar fenotipos observados mediante un red compleja de interacciones genéticas, de proteínas e interacciones metabólicas.

IV. Contenidos temáticos

1. Redes biológicas.

1. Conceptos básicos.
2. Creación de redes.
3. Análisis topológico de redes.
4. Medidas de centralidad.
5. Distribución de conectividades
6. Motivos en redes.
7. Métodos de clusterización.
8. Visualización de redes (Cytoscape, igraph)
9. Modelos de formación de redes.
10. Redes booleanas.
11. Ontología de genes.

2. Microarreglos de ADN.

1. Conceptos básicos.
2. Diseño experimental.
3. Preprocesamiento de datos.
4. Genes diferenciales.
5. Visualización de datos.

3. Nuevas tecnologías de secuenciación (NGS) RNA-Seq con referencia.

1. Conceptos básicos.
1. Formatos y plataformas.
2. Diseño experimental.
3. Pre procesamiento de datos.
4. Mapeo de fragmentos.
5. Genes diferenciales.
6. Visualización de datos.
7. RNA-seq sin referencia.
8. Diseño experimental.
9. Preprocesamiento de datos.
10. Ensamblaje y anotación (Bowtie, Kallisto).
11. Genes diferenciales.
12. Visualización de datos.

4. Secuenciación de una sola célula (single-cell)

1. Técnicas de aislamiento de una célula
2. Diseño de bibliotecas
3. Preprocesado de datos
4. Métodos de cuantificación de la expresión
5. Identificación de tipos celulares
6. Inferencia de redes de regulación
7. Aplicaciones potenciales

5. Regulación de la expresión.

1. Conceptos básicos.
2. Identificación de motivos en cis.
3. Modificaciones de la cromatina.
4. Redes de co-expresión
5. Factores de transcripción
6. Chip-seq

6. Metagenómica y análisis del microbioma

1. Conceptos básicos.
2. Amplicones.
3. Fragmentos genómicos.
4. Interacciones microbianas
5. Medidas de Biodiversidad.
 1. Índices de diversidad
 2. Diversidad alfa
 3. Diversidad beta
 4. Diversidad gama
6. Microbioma y su impacto en la salud
7. Metatranscriptómica.

8. R lenguaje de programación y paquetes especiales

1. Github
2. apply, lapply, sapply
3. Rmarkdown
4. ggplot2
5. shinny
6. kallisto
7. DADA2
8. sleuth, phyloseq, microbiome, igraph
9. Cytoscape

V. Método de trabajo

La materia se desarrollará a través de ejercicios individuales en clase, tareas individuales, y exámenes cortos cada 2 semanas. Tres exámenes escritos teórico-prácticos. Se leerán, al menos 15 papers de investigación que los alumnos, en equipo, expondrán ante el grupo lo que evaluará el trabajo colaborativo y la expresión oral. Los alumnos elaborarán un proyecto final y lo expondrán ante el grupo, en el que deben mostrar habilidades para integrar las distintas temáticas vistas en el curso y deberán demostrar que dominan alguna de las técnicas de clase.

VI. Sistema de evaluación

Concepto	Criterios a evaluar	Porcentaje
Exámenes parciales (3)	Integración de Conocimientos	40 %
Tareas y exámenes rápidos quincenales	Consolidación de conocimiento	40 %
Exposición oral de paper de investigación	Expresión oral, trabajo en equipo	5 %
Exposición oral y escrita del proyecto final	Expresión oral, trabajo en equipo e integración de conceptos	10 %
Participación en clase	Participación	5 %
Otros (Bingo, Jeopardy, exposiciones extra)		+5%

Criterios de exención

Los alumnos que obtenga una calificación aprobatoria (**7.0 o mayor**) después de evaluar los conceptos anteriores están exentos, excepto si el promedio de sus exámenes es no aprobatorio, en ese caso el alumno tendrá que presentar examen final. La aplicación del examen final será, sin excepción, la calificación que se asentará en las actas.

VII. Bibliografía

- Pevsner, J. (2015). Bioinformatics and Functional Genomics. John Wiley & Sons.
- Zhou, Jizhong. Microbial functional genomics. John Wiley & Sons, 2004.
- Newman, Mark. Networks: an introduction. Oxford University Press, 2010.
- Newman, Mark, Albert-Laszlo Barabasi, and Duncan J. Watts. The structure and dynamics of networks. Princeton University Press, 2006.
- Barabási, A. L. (2016). *Network science*. Cambridge university press.
- Junker, B. H., & Schreiber, F. (2011). *Analysis of biological networks* (Vol. 2). John Wiley & Sons.
- Matloff, N. (2011). *The art of R programming: A tour of statistical software design*. No Starch Press.

VIII. Notas Finales

1. Las tareas, a menos que se especifique lo contrario, se entregan, una semana después durante la clase, a más tardar 15 minutos del inicio de la misma.
2. No se admiten tareas o trabajos atrasados.
3. No admito trabajos, ni alguna actividad extra después del final para subir calificación.
4. El plagio de un trabajo o copiar en un examen o tarea equivale a 0 (CERO) en esa actividad, una segunda incidencia en plagio o copia equivale a final directo.

Calendarización de fechas de exámenes, exposiciones y trabajos finales.

Exámenes Parciales

Examen Parcial 1 **17** de Febrero

Examen Parcial 2 **31** de Marzo

Examen Parcial 3 **26** de Mayo

Exámenes quincenales (15 minutos)

2 y 16 de Febrero.

2, 16 y 30 de Marzo.

27 de Abril.

11 de Mayo.

Exposición de papers (20 minutos + 5 de preguntas)

3,10,17, 24, 31	de Marzo.
7, 28	de Abril.
5 y 12	de Mayo

Exposición de proyecto final

19 y 25	de Mayo
1 y 2	de Junio