



UAEM | Universidad Autónoma
del Estado de México

SD
Secretaría de Docencia



Universidad Autónoma del Estado de México • Secretaría de Docencia • Dirección de Estudios Profesionales

Universidad Autónoma del Estado de México

Licenciatura en Biología 2003

Programa de Estudios:

Biología Molecular



I. Datos de identificación

Licenciatura **Biología 2003**

Unidad de aprendizaje **Biología Molecular** Clave

Carga académica
Horas teóricas Horas prácticas Total de horas Créditos

Período escolar en que se ubica

Seriación
UA Antecedente UA Consecuente

Tipo de Unidad de Aprendizaje

Curso Curso taller
Seminario Taller
Laboratorio Práctica profesional
Otro tipo (especificar)

Modalidad educativa

Escolarizada. Sistema rígido No escolarizada. Sistema virtual
Escolarizada. Sistema flexible No escolarizada. Sistema a distancia
No escolarizada. Sistema abierto Mixta (especificar)

Formación común

Biotecnología 2010 Física 2003
Matemáticas 2003

Formación equivalente

Unidad de Aprendizaje
Biotecnología 2010
Física 2003
Matemáticas 2003



II. Presentación

Tanto la genética y la biología molecular han adquirido gran importancia en los últimos años, por sus potenciales aplicaciones en medicina. Los constantes avances en ésta disciplina cobran una trascendencia tal que a menudo excede el campo científico, constituyendo noticias de divulgación general en los medios de comunicación.

Últimamente con la finalización del descifrado del genoma humano se habla mucho de secuenciación de genes. Pero en realidad:

¿Qué es la secuenciación de ácidos nucleicos?

¿En qué consiste?

¿Qué utilidad práctica puede tener en el laboratorio clínico?

¿Cómo nos puede beneficiar ó nos está beneficiando ésta tecnología?

La secuenciación del DNA constituye el fundamento para el análisis detallado de la estructura y función de un gran número de genes. Parece ser que el mayor interés de conocer la secuenciación del genoma humano es aprovechar dicha secuenciación para descifrar dicha secuencia de todos y cada uno de nuestros 46 cromosomas. Pero ahora tenemos un trabajo duro por delante, de momento sabemos la secuencia de bases de nuestro genoma, ahora debemos interpretarlo. El mayor interés de conocer la secuenciación del genoma humano es aprovechar éste conocimiento para la lucha contra los procesos patológicos, concretamente: oncología, genética humana, envejecimiento, nefrología, oncohematología, tanto en la terapia (terapia génica), cómo en el campo diagnóstico, enfermedades infecciosas (Inmunodeficiencia humana), secuenciación de virus, campo de trasplante. También nos creará un montón de problemas éticos, que ya han aparecido en las técnicas de clonación.

Esta unidad de aprendizaje será evaluada mediante tres exámenes parciales, los reportes de las prácticas de laboratorio, además de que se desarrollará un programa de evaluación continua, en donde el alumno presentará esquemas, mapas mentales, mapas conceptuales, resúmenes, ensayos y exámenes sorpresa. También será considerada la participación asertiva del alumno en las sesiones, tanto teóricas como prácticas.

III. Ubicación de la unidad de aprendizaje en el mapa curricular

Núcleo de formación: Sustantivo

Área Curricular: Organización Biológica

Carácter de la UA: Obligatoria



IV. Objetivos de la formación profesional.

Objetivos del programa educativo:

Formar biólogos generales con capacidad de abordar la problemática de carencia de conocimientos, de manejo y conservación de la biodiversidad en los ámbitos científico, académico, tecnológico, socioeconómico y político.

Objetivos del núcleo de formación:

Adquirir conocimientos disciplinarios de la biodiversidad, organización biológica y morfofisiología.

Objetivos del área curricular o disciplinaria:

Conocer los diferentes niveles de organización biológica tanto en estructura, función y cambios evolutivos

V. Objetivos de la unidad de aprendizaje.

El objetivo general es obtener el conocimiento de las bases generales y técnicas de identificación y cuantificación de ADN y ARN.

VI. Contenidos de la unidad de aprendizaje y su organización

Unidad 1. Estructura molecular del material genético

1.1 Estructura primaria de los ácidos nucleicos

Aspectos generales

Estructura primaria

Formas de representación lineal

Dos tipos de ácidos nucleicos según su composición

Propiedades fisicoquímicas de los ácidos nucleicos

1.2 Estructura secundaria del DNA

Proporción de bases nitrogenadas: Reglas de Chargaff

Modelo de Watson y Crick: forma B del DNA

1.5 Variaciones en la estructura del DNA

Variantes en doble hebra: formas A y Z



Variantes locales de la estructura secundaria del B-DNA

Motivos estructurales responsables de la unión del DNA con proteínas

1.4 Estructuras de orden superior de DNA y RNA

Superenrollamiento del DNA

Estructura de los RNAs

Los ribosomas

Condensación del DNA en eucariotas

1.5 Preparación y análisis del DNA genómico

Extracción de ácidos nucleicos por solubilidad en fases inmiscibles

Purificación por precipitación salina diferencial

Fraccionamiento de ácidos nucleicos: ultracentrifugación y electroforesis

Unidad 2. Transmisión de la información genética y tecnologías relacionadas

2.1 Replicación del DNA

Características generales de la replicación

Enzimología de la replicación

Etapas en el proceso de replicación

2.2 Hibridación de ácidos nucleicos

Introducción: Desnaturalización y renaturalización del DNA

Análisis molecular de la hibridación

Métodos de ensayos de hibridación: en fase líquida, en soporte sólido e in situ

2.3 Clonación

Introducción general. Amplificación in vitro del DNA: reacción en cadena de la polimerasa o PCR

Clonación celular: Tecnología del DNA recombinante

Enzimas de restricción

Clonación celular de moléculas de DNA

Genotecas



Unidad 3. Expresión génica

3.1 Transcripción

Introducción: conceptos generales

Enzimología de la transcripción: mecanismo de la reacción

Transcripción en eucariotas: diferencias con procariontes

Etapas en el proceso de transcripción

Inhibidores de la transcripción

3.2 Control de la expresión génica

Introducción general a la regulación de la expresión génica

Control pretranscripcional

Regulación genética de la transcripción

Regulación epigenética

3.3 Maduración del RNA o procesamiento postranscripcional

Introducción

Características diferenciales de la maduración

Procesamiento del RNA mensajero

Procesamiento de los RNAs ribosómico y de transferencia

Regulación postranscripcional y pretraduccional de la expresión génica

3.4 El código genético

Antecedentes y propiedades generales del código

Asignación de codones a aminoácidos concretos

Modelos de representación

Características específicas

3.5 Síntesis de proteínas: Traducción

Características de la traducción

Fase previa: activación de los aminoácidos en forma de aminoacil-tRNAs

Fase 1: iniciación

Fase 2: elongación o alargamiento de la cadena peptídica

Fase 3: terminación



Energética de la síntesis de proteínas

Inhibidores de la traducción

Niveles de regulación de la síntesis proteica

3.6 Modificaciones postraduccionales

Introducción a las modificaciones postraduccionales

Maduración, tráfico, plegamiento y degradación de proteínas

VII. Sistema de evaluación

Teoría 60%

Exámenes parciales (3)

50%

Exposición

20%

Asistencia a clases

10%

Participación en clase (discusión de ideas, comentarios)

20%

Prácticas de laboratorio 40%

Reportes y asistencia

100%

VIII. Acervo bibliográfico

Krishhan, V. V., I. H. Khanand and P. A. Luciw. 2009. Multiplexed microbead immunoassays by flow cytometry for molecular profiling: Basic concepts and proteomics applications. *Crit. Rev. Biotechnol.* 29(1):29-43.

Lippert, B. y D. Gupta. 2009. Promotion of rare nucleobase tautomers by metal binding. *Dalton Trans.* (24):4619-34.

Whetten, R. W., V. A. Sofía and J. Frampton. 2009. Polymerase chain reaction preparation of template for massively parallel pyrosequencing. *J Biomol. Tech.* 20(2):128-34.

Saikrishnan, K., B. Powell, N. J. Cook, M. R. Webb and D. B. Wigley. 2009. Mechanistic basis of 5'-3' translocation in SF1B helicases. *Cell.* 137(5):849-59.

Shao, X., Y. Tian, L. Wu, Y. Wang, L. Jing and N. Deng. 2009. Predicting DNA- and RNA-binding proteins from sequences with kernel methods. *J Theor Biol.* 258(2):289-93.

Komarova, A. V., M. Brocard and K. M. Kean. 2006. The case for mRNA 5' and 3' end cross talk during translation in a eukaryotic cell. *Prog Nucleic Acid Res Mol Biol.* 81:331-67.



UAEM

Universidad Autónoma
del Estado de México



Universidad Autónoma del Estado de México • Secretaría de Docencia • Dirección de Estudios Profesionales

Ghigna, C, C. Valacca and G. Biamonti. 2008. Alternative splicing and tumor progression. *Curr Genomics*. (8):556-70.

Li, C. Z., N. Kato, J. H. Chang, R. X. Muroyama, R. X. Shao, N. Dharel, R. Sermathanasawadi, T. Kawabe and M. Omata. 2009. Polymorphism of OAS-1 determines liver fibrosis progression in hepatitis C by reduced ability to inhibit viral replication. *Liver Int*.

Lodish, H., A. Berk, P. Matsuidaira, C. A. Kaiser, M. Krieger, M. P. Scott, S. L. Zipursky y J. Darnell. 2004. *Molecular Cell Biology*. 5a edición. W.H. Freeman y Compañía. Nueva York, Estados Unidos. 973 p.

Lewin, B. 2004. *Genes VIII*. 1a edición. Pearson Prentice Hall. Upper Saddle River N.J. Estados Unidos. 1027 p.

Alberts, B., D. Bray, J. Lewis, M. Raff, K. Roberts y J. D. Watson. 1994. *Molecular Biology of the Cell*. 3a edición. Garland Publishing, Inc. Nueva York y Londres. 1294 p.