

## APLICACIÓN DE HERRAMIENTAS MOLECULARES BASADAS EN ADN (DNA-BASED MOLECULAR TOOLS)

### IDENTIFICACIÓN DE LA ASIGNATURA (Plan Nuevo)

CÓDIGO	SEMESTRE	SCT presencial	SCT Alumno	SCT total	Requisito	Línea de formación y tipo de asignatura	Unidad responsable
EPC-PAN-053	Primavera	2	2	4	Ciclo Básico Aprobado	Ciclo Especializado, Asignatura Electiva	Departamento de Producción Animal

SCT: Sistema de Créditos Transferibles. SCT presencial: horas teóricas y horas prácticas.

### IDENTIFICACIÓN DE LA ASIGNATURA (Plan Antiguo)

CÓDIGO	SEMESTRE	UD presencial	UD Alumno	UD total	Requisito	Línea de formación y tipo de asignatura	Unidad responsable
	Primavera	4	4	8	Ciclo Básico Aprobado	Electiva Profesional	Departamento de Producción Animal

UD: Unidad docente.

### DESCRIPCIÓN DE LA ASIGNATURA

Este curso tiene como objetivo proporcionar a los estudiantes de Ingeniería en Recursos Naturales Renovables e Ingeniería Agronómica, una comprensión sólida de las herramientas moleculares basadas en ADN y ARN, y cómo se aplican en la investigación y la gestión de recursos naturales. Los estudiantes aprenderán las técnicas de biología molecular y genética necesarias para abordar desafíos específicos relacionados con la agricultura y acuicultura sostenible, el estudio y la conservación de la diversidad biológica y la gestión de recursos naturales.

### TIPO DE TRABAJO REALIZADO EN LA ASIGNATURA

Multidisciplinar
  Interdisciplinar
  Transdisciplinar
  Otro / No aplica

### RESULTADOS DE APRENDIZAJE

- Comprende los fundamentos de técnicas de biología molecular y genética basadas en ADN y ARN como herramientas que permiten la identificación de especies e interpretación y análisis de datos genéticos.
- Reconoce como la utilización técnica de marcadores moleculares, secuenciación de ADN y análisis de secuencias permiten estudiar la diversidad genética de poblaciones y especies.

## ÁMBITOS DE ACCIÓN DEL PERFIL DE EGRESO DEL/LA INGENIERO/A EN RECURSOS NATURALES RENOVABLES

**Ámbito Diagnóstico Territorial:** Da cuenta de la evaluación del sistema territorial y sus interacciones respecto a sus capacidades para sustentar los objetivos estratégicos establecidos por los diferentes actores territoriales. Se determina el estado en que se encuentra el sistema territorial en función de las múltiples variables que inciden sobre sus procesos biológicos, físicos, ecológicos, sociales y culturales. Se aplican metodologías derivadas del avance científico de diversas disciplinas que abordan problemáticas ambientales, identificando potenciales conflictos socio-ambientales, proyectando escenarios futuros y generando información clave y estratégica que sustente la toma de decisiones.

## ÁMBITOS DE ACCIÓN DEL PERFIL DE EGRESO DEL/LA INGENIERO/A AGRÓNOMO/A

**Producción agropecuaria y alimentaria sostenible:** se refiere al diseño, gestión y evaluación de sistemas agropecuarios que optimicen la producción, protegiendo y conservando la biodiversidad y los recursos naturales. En un contexto territorial, se integran aspectos económicos, ambientales, sociales y culturales para abordar los desafíos productivos de los ecosistemas agropecuarios

## ESTRATEGIAS METODOLÓGICAS (de enseñanza –aprendizaje)

Clases expositivas e interactivas. Lecturas y estudios de caso. Trabajos prácticos. Trabajo en equipo.

## RECURSOS DOCENTES:

Equipos audiovisuales, software de edición de videos y conexión a internet. Softwares y Plataformas bioinformáticas para análisis de secuencias. Plataforma U-cursos. Repositorio OneDrive.

## CONTENIDOS

Capítulos	Contenido
Introducción a la Biología Molecular y Genética.	<ul style="list-style-type: none"> <li>● Fundamentos de la biología molecular: Estructura y replicación del ADN, transcripción y traducción.</li> <li>● Organización del genoma: Núcleo, cromatina, cromosomas. Mitosis, meiosis. Tamaño del genoma. Elementos del genoma.</li> <li>● Fundamentos genética: Leyes de Mendel, teoría cromosómica de la herencia, ligamiento y recombinación.</li> </ul>
Técnicas Molecular y Genómica	<ul style="list-style-type: none"> <li>● Extracción y purificación de ADN y ARN: Bases conceptuales, métodos de extracción, métodos de purificación, aplicaciones, evaluación de calidad y cantidad.</li> <li>● Amplificación de ADN y PCR: Principios del PCR, componentes de la reacción, diseño de partidores, perfil térmico y cálculo de Tm, variaciones y modificaciones.</li> <li>● Secuenciación de ADN y análisis de secuencias: Técnicas de secuenciación (Sanger, NGS, secuenciación de tercera generación). Formatos de secuencias (Fasta, Genebank y fastq). Herramientas para</li> </ul>

	<p>edición y curado de secuencias. Alineamiento, llamado de variantes, herramienta de ensamble.</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>● Análisis filogenético básico. Métodos de análisis filogenéticos y softwares, construcción e interpretación de árboles filogenéticos.</li> <li>● Marcadores moleculares: Tipos de marcadores, basados en PCR (RFLP-PCR, SCARs y Microsatélites), basados en secuenciación (SNPs) y otros métodos para genotipificar SNPs (GBS, RADseq y HMR).</li> <li>● PCR en tiempo real: Principios del RT-PCR. Fluoróforos y sondas usados, curvas estándar, cuantificación relativa y absoluta, cálculo de eficiencia.</li> </ul>
Identificación y Clasificación de Especies.	<ul style="list-style-type: none"> <li>● Genoma mitocondrial: Código genético, genes mitocondriales, variaciones del genoma mitocondrial en plantas y animales. Técnicas de secuenciación de genomas mitocondriales. Anotación del genoma mitocondrial.</li> <li>● Código de barras de ADN: DNA barcoding y metabarcoding. eDNA. Genes barcode más usados, Consorcio BOLD (Barcode of Life). Herramientas bioinformáticas (blast, boldsystems, myto-fish, etc.).</li> <li>● Otros métodos de identificación de especies: Algunos conceptos de especie, FINS (forensically informative nucleotide sequencing), comparación de secuencias (Best close match, all barcode y barcode gap). Análisis mono-locus y multi-locus, uso de SNPs para identificación de especies.</li> </ul>
Aplicaciones.	<ul style="list-style-type: none"> <li>● Aplicaciones en la identificación de especies: Análisis forense y crimen contra la vida silvestre, conservación y biodiversidad, fraude alimentario (sustitución y mal etiquetado), identificación cultivares.</li> <li>● Aplicaciones de marcadores moleculares en la detección de migrantes y tasas de migración.</li> <li>● Aplicaciones de marcadores moleculares en la detección de híbridos e introgresión de tasas.</li> <li>● Aplicaciones del PCR y qPCR en el diagnóstico molecular de plagas agrícolas.</li> <li>● Aplicaciones de los marcadores moleculares en la determinación de paternidad y parentesco.</li> </ul>

**PROFESORES PARTICIPANTES** (Lista no excluyente)

<i>Profesor/a (indicar título y/o Grado)</i>	<i>Departamento</i>	<i>Especialidad o área</i>
Cristian Araneda (Biólogo, Mg. Dr en Cs Biomédicas)	Departamento de Producción Animal	Genética y genómica.
Natalia Lam (Ing. en Acuicultura, Mag. Dra. en Acuicultura)	Departamento de Producción Animal	Genética y citogenética.

## EVALUACIÓN DEL APRENDIZAJE

<i>Instrumentos</i>	<i>Ponderación (%)</i>
Pruebas catedra 1	30%
Pruebas catedra 2	30%
Informes y tareas de laboratorio	15%
Participación en discusiones	10%
Proyecto	15%
<b>Nota presentación a examen (NPE)*</b>	<b>75%</b>
<b>Examen</b>	<b>25%</b>

\*Si la NPE es igual o mayor a 5,0 el alumno puede optar a no rendir el examen y obtener como nota final la nota de presentación, siempre y cuando se cumpla con el requisito de asistencia y que las Notas parciales, con un 25 % de ponderación o más, tengan nota mayor o igual a 4,0.

Cuando la NPE sea inferior a 5,0, excepcionalmente podrá aplicarse el criterio del profesor(a)

## BIBLIOGRAFÍA OBLIGATORIA

- Watson J., Baker T., Belk S., Gann A., Levine M. Losik R. 2008. Biología molecular del gen. Editorial Medica panamericana. Recurso electrónico <http://bibliografias.uchile.cl.us1.proxy.openathens.net/3080>
- Griffiths A., Wessler S., Lewontin R., Carroll S. 2008. Genética. Editorial McGraw-Hill Interamericana. 841 pp.
- Blanco E. Genómica computacional. Universitat Oberta de Catalunya. 250 pp. Recurso electrónico <https://www-digitallipublishing-com.us1.proxy.openathens.net/a/28897>
- Diaz N., Araneda C., Iturra P., Neira R. 2005. El uso de marcadores moleculares en el mejoramiento genético de peces. Serie publicaciones para la acuicultura N4. 64 pp.
- Najafov A., Hoxhaj G. 2017. PCR guru: an ultimate benchtop reference for molecular biologists. Academic Press. 108 pp. Recurso electrónico

## BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA

- Ayala, F.J. 1984. Genética moderna. Fondo Educativo interamericano. 836 p.
- Rodríguez R., Castañeda A., Ordáz MG. 2009. Conceptos básicos de genética. 2da edición. Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México. 279 p.
- Dandekar T., Kunz M. 2023. Bioinformatics An Introductory Textbook. pringer-Verlag GmbH 2023. <https://doi.org/10.1007/978-3-662-65036-3>

## RECURSOS WEB

- Animal Genome Size Database <http://www.genomesize.com>

- Assemble Species by Automatic Partitioning <https://bioinfo.mnhn.fr/abi/public/asap/asapweb.html>
- Automatic barcode Gap Discovery <https://bioinfo.mnhn.fr/abi/public/abgd/>
- Barcode of Life DataSystems <http://www.boldsystems.org/index.php/Login/page>
- Basic Local Alignment Search Tool <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>
- Compute reverse complement <http://reverse-complement.com>
- Clustal Omega <https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/>
- Draw Organelle Genome Maps <https://chlorobox.mpimp-golm.mpg.de/OGDraw.html>
- FASTA sequence comparison [https://fasta.bioch.virginia.edu/fasta\\_www2/fasta\\_list2.shtml](https://fasta.bioch.virginia.edu/fasta_www2/fasta_list2.shtml)
- Multiple sequences alignment <http://multalin.toulouse.inra.fr/multalin/>
- Phylogenetic tree (newick) viewer <http://etetoolkit.org/treeview/>
- Pop tree view <http://www.med.kagawa-u.ac.jp/~genomelb/takezaki/poptreew/>
- Primer3 V.4.0 <https://bioinfo.ut.ee/primer3-0.4.0/>
- Stacks Manual <https://catchenlab.life.illinois.edu/stacks/manual/>
- Tandem Repeats Finder <https://tandem.bu.edu/trf/trf.html>
- Webcutter <http://heimanlab.com/cut2.html>