



Licenciatura en **CIENCIAS GENÓMICAS**

Formato para proponer cursos Semestre 2024-2

El curso ya ha sido impartido: Sí No

1. Indicar modalidad: (Optativo, Seminario, curso regular (con profesor invitado)
Curso Regular

2. Título: Se sugiere que sea conciso y refleje el contenido general
Principios de Evolución (Biología Molecular 2)

3. Tutor responsable:

| | |
|-------------------|------------------------------|
| Nombre completo | Christian Sohlenkamp |
| Entidad académica | Centro de Ciencias Genómicas |

6. Descripción del curso

Durante el curso de Biología Molecular 2 las y los alumnos deben aprender sobre las bases del RNA splicing, la traducción de mRNA a proteínas, el código genético, la regulación transcripcional en procariotas y eucariotas, y la diversidad y las funciones de RNAs regulatorios. Habrá presentaciones por parte del profesor o del ayudante sobre aspectos de los temas del curso, discusión de artículos científicos y de revisiones del tema, actividades de evaluación como Kahout y similar.

Otro eje del curso está compuesto por presentaciones de métodos en biología molecular por parte de las y los alumnos. Cada alumno presenta en una o dos ocasiones en 20 a 30 minutos un método. Así se pretende dar las bases a las y los alumnos para entender los conceptos y alcances de los métodos más comunes en la biología molecular y las ciencias genómicas. Durante cursos anteriores se presentaron los siguientes métodos: Electroforesis & Extracción de ácidos nucleicos, Hibridación de ácidos nucleicos (Soportes de retención, hibridaciones tipo southern y northern), Amplificación de DNA (PCR, RT-PCR, PCR en tiempo real), Secuenciación de DNA (Química y Enzimática), Técnicas de DNA Recombinante (Restricción, Ligación, Mutagénesis dirigida), Nuevas sistemas de clonación (GATEWAY, TOPO, ...), Análisis de Proteínas (SDS-Page, Western Blot), Análisis de Proteínas II (ELISA, Inmunoprecipitación), Inmunohistochemistry, Sistemas de expresión en eucariotes (métodos de transfección, transfecciones estables, transfecciones transitorias), Interacciones proteína-DNA (EMSA, Footprinting, Crosslinking), Generación de modelos genéticos (Knock in, Knock out, CRISPR/Cas9), RNA de interferencia, Sistemas de interacción proteína-proteína (doble híbrido, un solo híbrido, ensayo de complementación de fragmentos de proteína),

Microarreglos (DNA-DNA, DNA-RNA), Métodos de conformación cromosómica (3C, 4C, 5C, Hi-C), Métodos de captura de conformación de la cromatina (ChIA-PET, ATAC-Seq, HiChIP), Next Generation Sequencing (2 clases), Citometría de flujo, Genes reporteros, protein tags, Single cell techniques, Golden Gate, Gibson Assembly, Library cloning (BAC, YAC, cosmid, fosmid). Esta lista solamente es una orientación. Dependiendo del número de alumnas y alumnos y del avance de las ciencias esta lista es sujeta a modificaciones.

En una o dos clases dedicadas a los organismos modelo, las y los alumnos presentan en grupos los organismos modelo más utilizados en la biología molecular y las ciencias genómicas, enfatizando en por qué fueron seleccionados y para qué tipos de estudios se utilizan. Este ejercicio tiene el propósito de presentar a las y los alumnos la diversidad de los sistemas biológicos que se estudian. Ejemplos son: fago lambda, *E. coli* y otras bacterias, hongos filamentosos, *Chlamydomonas*, *Arabidopsis*, *C. elegans*, *Drosophila*, pez cebra, ratón, rata. Esta lista sirve como orientación y varía de año en año.

7. Características para la impartición del curso :

| | |
|---|---|
| Lugar donde se realizará | Aula 1, LCG |
| Duración en horas por sesión y número de sesiones | Todo el semestre Lunes de 9:00 am a 11:00 am, miércoles 9:00am a 11:00am |
| Disponibilidad de impartirlo por videoconferencia | Sí <u>x</u> No <u> </u> |

8. Método de evaluación:

Por favor incluya en este apartado el % de la contribución relativa de:

| | |
|-------------------------------------|---|
| Exámenes | 60 |
| Presentaciones de métodos/artículos | 20 |
| Otros trabajos | 10 |
| Participación en clase | 10 |
| | Al inicio de cada semestre se discuten estas proporciones con las y los estudiantes y se puede modificar. |

10. Bibliografía

Ejemplos de revisiones científicas que se han ocupado en años anteriores:

- 1) Douglas F. Browning and Stephen J. W. Busby. 2016. Local and global regulation of transcription initiation in bacteria. Nature Reviews Microbiology. 14: 638-650. doi:[10.1038/nrmicro.2016.103](https://doi.org/10.1038/nrmicro.2016.103)
- 2) Harry F Noller, Laura Lancaster, Jie Zhou & Srividya Mohan. 2017. The ribosome moves: RNA mechanics and translocation. Nature Structural & Molecular Biology 24:1021-1027. <http://dx.doi.org/10.1038/nsmb.3505>

- 3) Yeon Lee and Donald C. Rio. 2015. Mechanisms and Regulation of Alternative Pre-mRNA Splicing. *Annual Reviews in Biochemistry* 84:291–323. doi:10.1146/annurev-biochem-060614-034316
- 4) Haifeng Wang, Marie La Russa, and Lei S. Qi. 2016. CRISPR/Cas9 in Genome Editing and Beyond. *Annual Reviews in Biochemistry* 85:227–64. doi:10.1146/annurev-biochem-060815-014607
- 5) Watson, Baker, Bell, Gann, Levine, & Losick. 2014. *Molecular Biology of the gene*. 7th edition. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Pearson.
- 6) Zhao, Boxuan Simen, Ian A Roundtree, and Chuan He. 2017. “Post-Transcriptional Gene Regulation by mRNA Modifications.” *Nature Publishing Group* 18: 31–42.
- 7) Chen, Fei Xavier, Edwin R. Smith, and Ali Shilatifard. 2018. “Born to Run: Control of Transcription Elongation by RNA Polymerase II.” *Nature Reviews Molecular Cell Biology* 19(7): 464–78.
- 8) Abril, Ana G, Jose Luis R Rama, and Tomás G Villa. 2020. “Prokaryotic Sigma Factors and Their Transcriptional Counterparts in Archaea and Eukarya.” *Applied Microbiology and Biotechnology* 104: 4289–4302.
- 9) Ransohoff, Julia D., Yuning Wei, and Paul A. Khavari. 2018. “The Functions and Unique Features of Long Intergenic Non-Coding RNA.” *Nature Reviews Molecular Cell Biology* 19(3): 143–57. <http://dx.doi.org/10.1038/nrm.2017.104>.
- 10) Mojica, Francisco J M, and Lluís Montoliu. 2016. “On the Origin of CRISPR-Cas Technology: From Prokaryotes to Mammals.” *Trends in Microbiology* 10: 811–20. <http://dx.doi.org/10.1016/j.tim.2016.06.005>
- 11) Zhang, Y., Qian, J., Gu, C., & Yang, Y. 2021. “Alternative splicing and cancer: a systematic review”. *Signal transduction and targeted therapy*, 6(1), 78. <https://doi.org/10.1038/s41392-021-00486-7>
- 12) Wu, Q., & Bazzini, A. A. 2023. “Translation and mRNA Stability Control”. *Annual review of biochemistry*, 92, 227–245. <https://doi.org/10.1146/annurev-biochem-052621-091808>
- 13) Sharp, P. A., Chakraborty, A. K., Henninger, J. E., & Young, R. A. 2022. “RNA in formation and regulation of transcriptional condensates”. *RNA (New York, N.Y.)*, 28(1), 52–57. <https://doi.org/10.1261/rna.078997.121>

Al inicio del semestre se hará una nueva búsqueda para incorporar revisiones y artículos más recientes de los temas que se van a tratar.

* Requerido sólo para los tutores y/o ayudantes que vayan a percibir alguna remuneración

**En caso de que sean varios invitados, podría enviarse la lista en tabla de Excel