

SÍLABO

Biología Molecular

Código	ASUC01157	Carácter	Obligatorio	
Prerrequisito	Biología General			
Créditos	3			
Horas	Teóricas	2	Prácticas	2
Año académico	2022			

I. Introducción

Biología Molecular es una asignatura obligatoria y específica, ubicada en el cuarto ciclo de la carrera de Tecnología Médica, especialidad de Laboratorio Clínico y Anatomía Patológica. Con esta asignatura se desarrolla, en un nivel intermedio, la competencia específica Ciencias Morfológicas. En virtud de lo anterior, su relevancia reside en la aproximación del estudiante a desarrollar la capacidad de identificar la estructura y función de las macromoléculas, considerando en forma especial el rol de los ácidos nucleicos y proteínas en la expresión genética y los mecanismos de control que la regulan.

Los contenidos generales que la asignatura desarrolla son los siguientes: características y función de los componentes de la célula, de membrana, su relación con los procesos energéticos, mecanismos de la comunicación celular, apoptosis, composición y regulación del genoma y expresión genética.

II. Resultado de aprendizaje de la asignatura

Al finalizar la asignatura, el estudiante será capaz de analizar y aplicar los aspectos fundamentales de las ciencias básicas y cómo las principales macromoléculas intervienen en la expresión de la herencia en situaciones hipotéticas.

III. Organización de los aprendizajes

Unidad 1 Estructuras moleculares básicas		Duración en horas	16
Resultado de aprendizaje de la unidad:	Al finalizar la unidad, el estudiante será capaz de diferenciar las estructuras y funciones de ácidos nucleicos, proteínas y enzimas en la célula y su relación entre ellas.		
Ejes temáticos:	1. Introducción a la Biología Molecular 2. Ácidos nucleicos: ADN Y ARN 3. Genoma, genes y cromosomas 4. Replicación del ADN		

Unidad 2 Expresión génica		Duración en horas	16
Resultado de aprendizaje de la unidad:	Al finalizar la unidad, el estudiante será capaz de explicar el mecanismo de formación de proteínas y enzimas a partir de la información genética almacenada en el ADN.		
Ejes temáticos:	1. Transcripción genética 2. Traducción genética y código genético 3. Regulación de mecanismos moleculares		

Unidad 3 Técnicas moleculares para el estudio de enfermedades en el laboratorio clínico		Duración en horas	16
Resultado de aprendizaje de la unidad:	Al finalizar la unidad, el estudiante será capaz de utilizar técnicas moleculares para el estudio de enfermedades <i>in vitro</i> .		
Ejes temáticos:	1. Mutaciones y mecanismos de reparación del ADN 2. Extracción y cuantificación de ácidos nucleicos 3. Reacción en cadena de la polimerasa: PCR convencional 4. Reacción en cadena de la polimerasa: PCR cuantitativo (qPCR)		

Unidad 4 Bioinformática básica		Duración en horas	16
Resultado de aprendizaje de la unidad:	Al finalizar la unidad, el estudiante será capaz de utilizar herramientas bioinformáticas para poder estudiar genes y proteínas <i>in silico</i> .		
Ejes temáticos:	1. Bioinformática I: bases de datos en biología molecular y búsqueda de información científica en genética 2. Bioinformática II: herramientas para la búsqueda de genes y estructuras genéticas 3. Bioinformática III: herramientas para realizar alineamientos múltiples y para el estudio estructural de proteínas. Diseño de <i>primers</i>		

IV. Metodología

a. Modalidad presencial:

En la asignatura de Biología Molecular se utilizarán las siguientes metodologías de enseñanza y aprendizaje: clases magistrales, a través de esquemas teórico y diapositivas; prácticas de laboratorio experimentales *in vitro*; talleres donde los estudiantes utilizarán herramientas bioinformáticas y bases de datos de biología molecular y genéticas; basado en un aprendizaje experiencial y colaborativo, mediante la manipulación de equipos y materiales de laboratorio; y la resolución de ejercicios y problemas.

V. Evaluación

V.1 Modalidad presencial

Rubros	Unidad a evaluar	Fecha	Entregable/Instrumento	Peso total
Evaluación de entrada	Prerrequisito	Primera sesión	- Evaluación teórica individual / Prueba objetiva	0 %
Consolidado 1 C1	1	Semana 1 -4	- Evaluación práctica grupal / Informe de laboratorio	20 %
	2	Semana 5- 7	- Evaluación práctica grupal / Informe de laboratorio	
Evaluación parcial EP	1 y 2	Semana 8	Evaluación teórico-práctica individual / Evaluación mixta	25 %
Consolidado 2 C2	3	Semana 9-12	- Evaluación práctica grupal / Informe de laboratorio	20 %
	4	Semana 13-15	- Evaluación práctica grupal / Informe de taller	
Evaluación final EF	Todas las unidades	Semana 16	- Evaluación teórico-práctica individual / Evaluación mixta	35 %
Evaluación sustitutoria *	Todas las unidades	Fecha posterior a la evaluación final	- Evaluación teórico-práctica individual / Evaluación mixta	

* Reemplaza la nota más baja obtenida en los rubros anteriores.

Fórmula para obtener el promedio:

$$PF = C1 (20 \%) + EP (25 \%) + C2 (20 \%) + EF (35 \%)$$

VI. Bibliografía

Básica:

Lodish, H., Berk, A., [y 6 otros]. (2008). *Biología celular y molecular*. (5.ª ed.). Médica Panamericana. <https://bit.ly/3kZN51c>

Complementaria:

Alberts, Jhonson, Lewis, Morgan, Raff, Roberts, Walter. (2017). *Biología molecular de la célula*. (6ª ed.). México D. F.: Mc Graw Hill.

Karp, G. (2011). *Biología Celular y Molecular. Conceptos y experimentos*. (6ª ed.). México D. F.: Mc Graw Hill.

Lehninger, Nelson, D, Cox, M. *Principios de bioquímica*. (5ª ed.). Barcelona.: Omega.

Lozano, J., Galindo, J., García-Barrón, J., García-Liarte, Peñafiel, R. y Solano F. (2005). *Bioquímica y Biología Molecular para ciencias de la salud*. (3ª ed.). Madrid: Mc Graw Hill.

VII. Recursos digitales:

NCBI Entrez: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/> (base de datos de biología molecular)

ORFfinder: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/orffinder/> (herramienta bioinformática para búsqueda de marcos abiertos de lectura genética)

GenScan: <http://genes.mit.edu/GENSCAN.html> (herramienta bioinformática para búsqueda de probables genes y su estructura)

CLUSTALomega: <https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/> (herramienta bioinformática para alineamiento múltiple de secuencias nucleotídicas y secuencias de aminoácidos)

PROSITE: <https://prosite.expasy.org/> (herramienta bioinformática para búsqueda de dominios y motivos proteicos)

Pfam: <https://pfam.xfam.org/> (herramienta bioinformática para búsqueda de familias proteicas)

Protein Data Bank (PDB): <https://www.rcsb.org/> (herramienta bioinformática para estudio estructural en 3D de proteínas)

Libros recuperados de Internet

Keith, J. (2008). *Bioinformatics. Volume I: Data, Sequence Analysis and Evolution*. Recuperado de <https://booksmedicos.org/tag/bioinformatics-volume-i-data-sequence-analysis-and-evolution/> [Consulta: 27 de noviembre de 2018].

Santos, J. (2009). *Las proteínas: Estructuras fascinantes*. Recuperado de <https://booksmedicos.org/las-proteinas-estructuras-fascinantes/> [Consulta: 03 de diciembre de 2018].