



Guía docente de la asignatura Biotecnología de la Mejora Animal

Asignatura	Biotecnología de la Mejora Animal		
Materia	Biotecnología de la Mejora Animal		
Módulo	Tecnología de la Producción Vegetal y Animal		
Titulación	Master Ingeniero Agrónomo		
Plan	427	Código	52015
Periodo de impartición	cuatrimestral	Tipo/Carácter	Obligatorio (OB)
Nivel/Ciclo		Curso	1
Créditos ECTS	3		
Lengua en que se imparte	castellano		
Profesor/es responsable/s	Dr. Jesus A. Baro Profesor Titular de Universidad.		
Datos de contacto (E-mail, teléfono...)	e-mail: baro@agro.uva.es Teléfono: 979108368		
Departamento	Ciencias Agroforestales / Área de Producción Animal		



1. Situación / Sentido de la Asignatura

1.1 Contextualización

La biotecnología como herramienta para la mejora animal está sujeta a una regulación muy estricta que prácticamente excluye cualquier intervención directa sobre el genoma, por lo que requiere el conocimiento de las herramientas de exploración de éste para identificar genes valiosos, y sus mecanismos de regulación, que permitan favorecer su presencia en los animales seleccionados. Por ello, el objetivo de la asignatura de Biotecnología para la Mejora Animal es proporcionar al alumno los conocimientos específicos sobre el genoma, sus mecanismos básicos de expresión y regulación, las herramientas estadísticas básicas para la identificación de individuos mejorantes, así como una introducción a la información genómica y proteómica disponible en la red y las herramientas básicas para explorarla. Esta asignatura pretende que el alumno conozca y comprenda los fundamentos básicos de la biotecnología que se utiliza para la mejora animal.

1.2 Relación con otras materias

Comparte fundamentos con Biotecnología de la Mejora Vegetal, pero se centra en los aspectos bioinformáticos.

Es necesario manejar con soltura conceptos básicos de estadística.

1.3 Prerrequisitos

Ninguno



2. Competencias

2.1 Generales

Se abordarán las competencias generales (G1 a G27) y muy particularmente:

G2 Saber y aplicar los conocimientos en la práctica

G3 Ser capaz de analizar y sintetizar

G4 Ser capaz de organizar y planificar

G5 Ser capaz de comunicarse de forma oral y escrita, tanto en foros especializados como para personas no expertas

G15 Demostrar un razonamiento crítico

2.2 Específicas

Conocimientos adecuados y capacidad para desarrollar y aplicar tecnología propia en:

E4: Sistemas vinculados a la tecnología de la producción animal. Nutrición, higiene en la producción animal.

Gestión de proyectos de investigación y desarrollo de nuevas tecnologías aplicadas a los procesos productivos animales: biotecnología y mejora animal.

3. Objetivos

Se espera que el alumno sea capaz de:

- exponer sus conocimientos empleando el lenguaje adecuado.
- explorar ficheros de tipo "ómico" mediante un lenguaje de guiones
- consultar las bases de datos PubMed

But two other skills are increasingly necessary: expertise in computer-programming languages designed to aid manipulation of large data sets, such as R, Perl or Python, and the ability to use these languages to analyse large amounts of data quickly.

– *Nature*, "Biostatistics: Revealing analysis." 482: 263–265.





4. Bloques temáticos

Bloque 1: INTRODUCCIÓN

Carga de trabajo en créditos ECTS:

a. Contextualización y justificación

Repaso de los fundamentos de la biología molecular: revisión del camino que se ha recorrido en los últimos 100 años con sus hitos, sus personajes y una visión global del mecanismo de la vida. En el segundo tema se repasa el soporte de la información biológica: el código, la traducción, la transcripción y la evolución.

b. Objetivos de aprendizaje

Asegurar exposición a los fundamentos y la evolución del conocimiento.

c. Contenidos

1. Conceptos básicos

Innovación en biotecnología y bioinformática. Claves del progreso reciente: Fisher, Watson, Sanger. Metabolismo, enzimología, señales y regulación de procesos biológicos.

2. El dogma central

El código. Genoma, información y mensajes. Traducción y transcripción. Características básicas de las principales formas de vida. Estructura celular básica, del genoma, y de las proteínas

d. Métodos docentes

Clases teóricas
Prácticas de aula
Elaboración de informes de prácticas
Prácticas de campo
Documentación
Conferencias invitadas

e. Plan de trabajo

Un tema cada dos semanas.
Cada semana: una clase teórica, o una práctica de aula informática ó charla invitada ó práctica de campo.

f. Evaluación

Examen liberador de materia de los dos primeros bloques.
Examen final con tercer bloque.



g Material docente

g.1 Bibliografía básica

Fitzgerald-Hayes M. y Reichsman F. (2010) DNA and technology. Academic Press

Lewin B. (2018). GENES XII. Jones & Bartlett Learning

Kill E. y otros. Systems biology in practice. Concepts, implementation and application. Wiley-VCH

Shimasaki, C. (2014). Biotechnology entrepreneurship: starting, managing, and leading biotech companies. Academic Press

Smith J.E. (2004) Biotecnología. Acribia

g.2 Bibliografía complementaria

Bioinformatics and Functional Genomics. J. Pevsner. Ed. Wiley-Blackwell

Genomics, Computing, Economics & Society MIT-OCW Health Sciences & Technology,

<http://ocw.mit.edu/OcwWeb/Health-Sciences-and-Technology/HST-508Genomics-and-Computational-BiologyFall2002/CourseHome/>

Machine learning for hackers. D. Conway y JM White. Ed. O'Reilly

Systems biology in practice. Concepts, implementation and application. E. Kill y otros. Wiley-VCH

h. Recursos necesarios

Es imprescindible mostrar cierto grado de afinidad con el uso avanzado de ordenadores.

i. Temporalización

BLOQUE TEMÁTICO	CARGA ECTS	PERIODO PREVISTO DE DESARROLLO
Bloque 1	1	Semanas 1 y 2



Bloque 2: MÉTODOS ESTADÍSTICOS PARA LA MEJORA

Carga de trabajo en créditos ECTS:

a. Contextualización y justificación

Se dedica al estudio de las herramientas estadísticas de mejora animal, evitando la excesiva inmersión en los aspectos algebraicos por su naturaleza coyuntural en plena transición del análisis de pedigrees a la genómica. Se plantea como una exposición de complejidad creciente orientada a la ejecución práctica inmediata en las sesiones de laboratorio de informática, alternadas con las clases de teoría. Comprende tres temas. En el primero se hace un repaso de los conceptos más importantes de la bioestadística y una introducción a la teoría clásica de la partición del fenotipo y de la varianza, así como una somera presentación de algunos conceptos de la genética frecuentista que mantienen su vigor: parentesco, consanguinidad, mutación y equilibrio. El segundo tema se centra en los modelos. Se expondrán los fundamentos del parecido entre parientes y los efectos maternos y los parámetros más importantes. Se expondrá el modelo mixto con más énfasis en sus propiedades que en el soporte matricial. El tercer tema de este bloque aborda los aspectos prácticos de la evaluación genética, la selección y la respuesta atendiendo especialmente a la dualidad infinitesimal y genómica de los valores genéticos. No se cubre en las clases de teoría el álgebra matricial de la estimación de valores genómicos, lo que excedería los objetivos de la asignatura, pero algunos aspectos particulares se abordarán en la programación de actividades prácticas que incluyen una charla con responsables de programas de selección y una sesión práctica de evaluación.

b. Objetivos de aprendizaje

- Conocer los fundamentos estadísticos de la mejora animal.
- Comprender la partición de la varianza fenotípica y sus elementos.
- Ser capaz de plantear un modelo de interpretación de datos fenotípicos, y resolverlo con R.
- Conocer el modelo mixto.

c. Contenidos

3. Bases estadísticas de la genética cuantitativa I

Conceptos básicos. Bioestadística. Modelos. Valor fenotípico, genotípico y desviación ambiental. Descomposición clásica de la varianza fenotípica. Parentesco, consanguinidad, mutación y equilibrio.

4. Bases estadísticas de la genética cuantitativa II

Modelos de interpretación de datos fenotípicos. Parecido entre parientes. Efectos maternos. Análisis de datos. El modelo mixto.

5. Parámetros. Métodos y esquemas de selección.

Heredabilidad y repetibilidad. Correlación genética y ambiental. Métodos y esquemas de selección. Predicción del Valor Genético Aditivo. Selección y respuesta.



d. Métodos docentes

Clases teóricas
Prácticas de aula
Elaboración de informes de prácticas
Prácticas de campo
Documentación
Trabajo en grupo
Preparación y elaboración de trabajos en grupo
Exposición de trabajos de los alumnos
Conferencias invitadas

e. Plan de trabajo

Un tema cada dos semanas.

Cada semana: una clase teórica, o una práctica de aula informática ó charla invitada ó práctica de campo..

Un trabajo en grupo por cada bloque, excepto el primero.

Prácticas:

- Análisis básico de datos: guiones y gráficas (1 h)

Una introducción al SO Linux y sus comandos básicos, programación minimalista con AWK, gráficas GNUplot por interfaz de línea de comandos

- Evaluación genética: predicción del valor genético aditivo (2 h)

En una sesión aula informática se utilizarán los resultados de la primera práctica para la manipulación de datos reales en múltiples ficheros planos, y su preparación para el análisis con modelos lineales complejos en R. Se abordará la incertidumbre en las decisiones de selección y el balance de la información genómica y la basada en pedigrees.

Prácticas de campo:

Visita al laboratorio de genética molecular del CENSYRA de León.

f. Evaluación

Examen liberador de materia de los dos primeros bloques.

Examen final con tercer bloque.

g Material docente

g.1 Bibliografía básica

Compeau P., Pevzner P. (2014). Bioinformatics algorithms. An active learnign approach. Active learning publishers



- Díaz-Uriarte R. Introducción al uso y programación del sistema estadístico R. CNIO
- Ewens W. (2000) Mathematical population genetics. Springer.
- Falconer D.S.. (1992). Introducción a la genética cuantitativa. Longman
- Foulkes A.S. (2009) Applied statistical genetics with R. Springer.
- Lynch M., Walsh B. (1997). Genetics and analysis of quantitative traits. Sinauer.
- Richard E. (2009) Probabilistic methods for bioinformatics with an Introduction to Bayesian networks. Neapolitan, Amsterdam. Elsevier
- Mrode R.A. Tjompson R. (2005). Linear models for the prediction of animal breeding values. CABI Publishing
- Rico M.. (1999) Los modelos lineales en la mejora genética animal. D.L.
- Tisdall J. Beginning PERL for bioinformatics. O'Reilly

g.2 Bibliografía complementaria

- Conway D. y White JM. Machine learning for hackers. O'Reilly
- Thompson, E.A. (2000) Statistical inference from genetica data on pedigrees. 2000 Institute of Mathematical Statistics

h. Recursos necesarios

i. Temporalización

BLOQUE TEMÁTICO	CARGA ECTS	PERIODO PREVISTO DE DESARROLLO
Bloque 2	1	Semanas 3 y 4



Bloque 3: BIOINFORMÁTICA

Carga de trabajo en créditos ECTS:

a. Contextualización y justificación

Se dedica a la bioinformática como soporte seco de la biotecnología. El primer tema aborda los formatos que toma la Información en la era genómica: bases de datos, lenguajes de consulta, formatos de intercambio, y la evolución de los soportes de la información ómica. Se dedica atención especial al caso particular de la Ontología génica. En el segundo tema se cubre el análisis de secuencias, y los algoritmos de alineación e identificación de homologías. Se hará una breve mención del análisis de expresión y del análisis funcional. Por último, el tercer tema se dedica a la filogenética; la genética evolutiva y la coalescencia serán brevemente presentadas.

b. Objetivos de aprendizaje

- Comprender que las bases de datos constituyen el armazón de la biotecnología.
- Conocer tipos de bases de datos, y manejar con soltura ficheros planos de cualquier tamaño.
- Conocer los métodos de búsqueda en bases de datos relacionales.
- Ser capaz de consultar bases de datos como PubMed y NCBI
- Ser capaz de explorar ficheros de tipo "ómico" mediante un lenguaje de guiones

c. Contenidos

7. Bases de datos. Ontología génica.

Información en la era genómica: formatos, soportes, lenguajes. Tecnología de bases de datos. Evolución de la información ómica. Ontología génica.

8. Análisis de secuencias. Genética funcional.

Alineación y homología. BLAST. Ponderación de diferencias. Análisis de expresión. Análisis funcional.

9. Filogenética

Genética evolutiva. Coalescencia. Análisis de fijación.

d. Métodos docentes

- Clases teóricas
- Prácticas de aula
- Elaboración de informes de prácticas
- Prácticas de campo
- Documentación



Trabajo en grupo
Preparación y elaboración de trabajos en grupo
Exposición de trabajos de los alumnos
Conferencias invitadas

e. Plan de trabajo

Un tema cada dos semanas.

Cada semana: una clase teórica, o una práctica de aula informática ó charla invitada ó práctica de campo..

Un trabajo en grupo por cada bloque, excepto el primero.

Prácticas:

- Desafío Rosalind¹ (2 h)

Se usará esta plataforma formativa de desafíos de bioinformática para abordar problemas sencillos: Identificar ORF en ADN con expresiones regulares, traducción y transcripción con estructuras complejas de datos en AWK

Seminarios:

- Alineamiento y consultas BLAST on-line (1 h)
- Las utilidades de programación ENTREZ (2 h)

Entrez Direct (EDirect) y sus utilidades de programación E-utilities constituyen un método muy sencillo de acceso a las bases de datos del NCBI (publicaciones, nucleótidos, proteínas, estructura 3D, genes, variaciones, expresión, etc.) mediante la URL de un navegador o por la línea de comando del SO Linux.

- El programa de mejora genómica de CONAFE

En coordinación con los técnicos de CONAFE, los alumnos asistirán a las jornadas de presentación que giran los técnicos de la asociación.

f. Evaluación

Examen final: definiciones y preguntas cortas (55%) y presentación (5%)

Pruebas para evaluar competencias relacionadas con la aplicación de técnicas: guiones de prácticas (20%)

Pruebas para evaluar otras competencias profesionales, sociales y personales: trabajos en grupo (20%)

g Material docente

g.1 Bibliografía básica

Barnes M.R. (2007). Bioinformatics for geneticists. A bioinformatics primer for the analysis of genetic data. John Wiley & Sons

Klipp E. et al. (2005). Systems Biology in Practice. Concepts, Implementation and Application. Ed. Wiley

1 <http://rosalind.info/problems/list-view/>

Mount D. (2004). Bioinformatics. Sequence and genome analysis. Cold Spring Harbor Laboratory Press

Page R.D.M. y Holmes E.C. (1998). Molecular Evolution : A Phylogenetic Approach. Blackwell Publishing Ltd

Pevsner J.. Bioinformatics and Functional Genomics.Ed. Wiley-Blackwell

Raychaudhuri S. () Computational Text Analysis for Functional Genomics and Bioinformatics. Oxford University Press

Renneberg R. (2008). Biotecnología para principiantes. Ed. Reverté.

Xuhua Xia (2002). Data analysis in molecular biology and evolution. Kluwer Academic Publishers

Zvelebil, M. y Baum, J.O. (2008) Understanding bioinformatics. New York, Garland Science

g.2 Bibliografía complementaria

Robeba R. (2015). Algebraic and discrete mathematical methods for modern biology. Academic Press

Wood S.N. (2017) Generalized Additive Models: an introduction with R. Ed. CRC Press

i. Recursos necesarios

i. Temporalización

BLOQUE TEMÁTICO	CARGA ECTS	PERIODO PREVISTO DE DESARROLLO
Bloque 3	1	Semanas 5 y 6

5. Métodos docentes y principios metodológicos

- * Clase magistral: Exposición de los contenidos correspondientes a los temas propuestos por parte del profesor; el alumno que conoce el tema previamente, a través de la plataforma de enseñanza, debe participar y anticipar sus dudas o cuestiones
- * Clase práctica: Resolución de problemas por parte del profesor (aula, sala de informática, laboratorio). El alumno deberá ser capaz de resolver a continuación las cuestiones que se le propongan de forma individual o en grupo
- * Seminarios: Medio que utilizará tanto profesor como alumno para, de forma más particularizada, exponer y resolver cuestiones concretas

6. Tabla de dedicación del estudiante a la asignatura

ACTIVIDADES PRESENCIALES	horas	ACTIVIDADES NO PRESENCIALES	horas
Clases teórico-prácticas (T/M)	15	Estudio y trabajo autónomo en grupo	45
Clases prácticas de aula (A)	4		
Clases prácticas laboratorio (L)	5		
Prácticas de campo	3		
Seminarios (S)	3		
Tutorías grupales (TG)			
Evaluación			
Total presencial	30	Total no presencial	45

7. Sistema y características de la evaluación

INSTRUMENTO/PROCEDIMIENTO	PESO EN LA NOTA FINAL	OBSERVACIONES
Examen: definiciones y preguntas cortas, más presentación.	60%	Bloques 1 y 2 Bloque 3 (final)
<i>Pruebas para evaluar competencias relacionadas con la aplicación de técnicas: guiones de prácticas</i>	20%	Un resumen de cada práctica, charla invitada y práctica de campo
<i>Pruebas para evaluar otras competencias profesionales, sociales y personales: trabajos en grupo</i>	20%	Dos trabajos, centrados en secciones del temario, excluido el Bloque de Introducción.

8. Consideraciones finales

Las competencias G2 “Saber y aplicar los conocimientos en la práctica” y G3 “Ser capaz de analizar y sintetizar” se evaluará en el exámen de teoría.

Las competencias G4 “Ser capaz de organizar y planificar”, G5 “Ser capaz de comunicarse de forma oral y escrita, tanto en foros especializados como para personas no expertas” y G15 “Demostrar un razonamiento crítico”, se evaluará mediante la entrega y presentación oral del trabajo escrito.

Se penalizará la copia literal de materiales ajenos en los trabajos.