

ASIGNATURAS OPTATIVAS - Orientaciones Vegetal y Animal

16- Expresión y purificación de proteínas recombinantes

Carga horaria: 40 h.

Tipo de actividad curricular: Curso teórico-práctico.

Contenidos mínimos:

Unidad 1: Expresión de proteínas recombinantes en sistemas procariotas. Diferentes sistemas de expresión: vectores, bacterias, protocolos de expresión. Conceptos de toxicidad, uso de codones, inestabilidad de plásmido, formación de cuerpos de inclusión. Purificación e identificación de proteínas.

Unidad 2: Expresión de proteínas recombinantes en sistemas vegetales. Métodos de transformación: por *Agrobacterium*. Estrategias para optimizar la expresión. Vectores virales y amplicones. Las plantas como biorreactores: “molecular farming”. Aplicaciones.

Unidad 3: Expresión de proteínas recombinantes en levadura. Genética de Levaduras. Clonado y vectores de levaduras. Transformación de *Saccharomyces cerevisiae*, *Pichia pastoris* y *Kluyveromyces lactis*. Expresión y purificación de proteínas recombinantes en levaduras. Biotecnología de levaduras y aplicaciones.

Unidad 4: Expresión de proteínas recombinantes en células de mamíferos. Vectores y clonado. Métodos de introducción de transgenes (Físicos, Químicos y virales). Elementos regulatorios de la expresión génica. Transferencia y expresión génica con fines terapéuticos (Terapia Génica). Aplicaciones Biotecnológicas.

Unidad 5: Expresión de proteínas recombinantes en otros sistemas. Bacterias ácidolácticas (BAL), algas y sistemas libres de células: Utilización de herramientas genéticas para la manipulación de bacterias lácticas. Plásmidos, fagos, transformación, transducción, conjugación, transposición y recombinación en BAL. Biotecnología de algas. Vectores y métodos de transformación. Usos y aplicaciones. Traducción in vitro. Ventajas sobre la expresión de genes in vivo. Aplicaciones. Tipos de sistemas. Protocolos. Eficiencia.

Unidad 6: Concepto de fermentación en la industria. Fermentación en estado sólido y en cultivos sumergidos. Fermentación discontinua, alimentada y continua. Significado del salto de escala. Pasos en el escalado de un proceso. Agitación y mezclado. Viscosidad del cultivo. Transferencia de calor y oxígeno. Escalado del inóculo. Recuperación del producto.

17- Modelado de proteínas

Carga horaria: 40 h.

Tipo de actividad curricular: Curso teórico – práctico.

Contenidos mínimos:

Unidad 1: Introducción al modelado molecular. Definición y objetivos del Modelado Molecular. Relación con la Bioinformática, la Informática y la Ciencia de Datos. Clasificación de los métodos de modelado. Ejemplos de aplicación. Conceptos básicos de lenguaje de programación en Python empleando cuadernos interactivos.

Unidad 2: Representación de moléculas. Dogma central de la biología. Motores de búsqueda en bases de datos biológicas: Entrez y Expasy. Acceso, análisis y manipulación de secuencias empleando Biopython. Alineamiento de secuencias. BLAST. Bases de datos estructurales de proteínas: Protein Data Bank. Modelado Comparativo de proteínas. Alpha-Fold y los algoritmos de inteligencia artificial. Representación 1, 2 y 3 dimensiones (1D, 2D, 3D). Quimioinformática. Herramientas quimioinformáticas: OpenBabel y RDkit. SMILES y SMARTS. Fingerprints moleculares. Búsqueda por similitud estructural y por subestructura. Coeficiente de Tanimoto. Concepto de Farmacóforo. Conversión de 1D/2D a 3D. Base de datos de moléculas bioactivas (PubChem, ChEMBL) y de compuestos comerciales (ZINC).

Unidad 3: Métodos de simulación computacional. Superficie de Energía Potencial (SEP). Minimización de la energía y Optimización geométrica. Diferentes aproximaciones para el cálculo de la energía. El problema del mínimo local. Estrategias de muestreo. Dinámica molecular. Campos de Fuerzas clásicos. Modelado de interacciones. Modelos de solvente implícito y explícito. Cálculo de propiedades termodinámicas. Colectivos NVT, NPT y NVE. Hipótesis ergódica. Estrategias para el cálculo de la energía libre. Dinámica esencial de las proteínas. Potencial de Fuerza Media. Simulaciones de Dinámica Molecular con muestreo mejorado. Análisis de Componentes Principales

Unidad 4: Predicción de interacciones ligando-proteína. Blancos Moleculares. Drogabilidad. Identificación de bolsillos de unión. Priorización de blancos moleculares a partir del proteoma del organismo diana. Cribado de blancos moleculares empleando datos de expresión diferencial de genes. Docking Molecular. Algoritmos de búsqueda conformacional. Funciones de scoring. Screening Virtual de bibliotecas de compuestos sobre un blanco molecular específico. Cribado virtual basado en el ligando y basado en la estructura. Cribado mediante algoritmos de aprendizaje profundo. Curvas de enriquecimiento y ROC.

18- RNA-seq y análisis de datos provenientes de NGS.

Carga horaria: 40 h. **Tipo de actividad curricular:** Curso teórico-práctico.

Contenidos mínimos:

Unidad 1: Introducción. Nuevas técnicas de secuenciación en proyectos de genómica y transcriptómica. Introducción al sistema operativo Linux. Uso de líneas de comando y de la interfaz gráfica o GUI. Introducción a R y el entorno de R. Trabajo con R. Fundamentos de la secuenciación en las plataformas Illumina, Ion Torrent, PacBio y MinION. Comparación, ventajas y limitaciones entre las diferentes tecnologías en proyectos de genómica y transcriptómica. Diseño de experimentos transcriptómicos.

Unidad 2: Control de calidad y preprocesamiento de lecturas. Formatos de archivos. Análisis de las lecturas producidas por la secuenciación: calidad de las bases, eliminación de adaptadores y lecturas de baja calidad.

Unidad 3: Ensamblado de un transcriptoma con genoma de referencia o sin genoma de referencia (*de novo*). Mapeo de las lecturas. Alineamiento sobre un genoma de referencia. Estrategias de ensamblado *de novo*. Ensamblado *de novo* guiado por un genoma de referencia. Análisis de calidad, elaboración de datos estadísticos del transcriptoma ensamblado.

Unidad 4: Anotación estructural y funcional en transcriptomas. Métodos computacionales. Alineamiento de secuencias, local y global. BLAST. Perfiles, patrones y logos. PSI-BLAST. RPS-BLAST. Modelos ocultos de Markov. HMMER. Bases de datos biológicas. GenBank. UniProt. Pfam. Rfam. Protein Data Bank. COG y KOG. PRIAM. Gene Ontology (GO). Enriquecimiento funcional. Enriquecimiento de términos GO.

Unidad 5: Análisis de expresión diferencial. Mapeo de las lecturas de cada muestra, sobre el transcriptoma ensamblado o genoma de referencia. Estimación de la abundancia de cada transcripto. Análisis de expresión diferencial: normalización, identificación de genes diferencialmente expresados y análisis funcional. Enriquecimiento funcional.

19- Ciclado de carbono en sistemas agropecuarios

Carga horaria: 40 h.

Tipo de actividad curricular: Curso teórico-práctico.

Contenidos mínimos:

Unidad 1: Ciclo del carbono (C) y nitrógeno (N). Importancia del ciclo del carbono en un contexto de cambio global. Balance de Carbono en sistemas agropecuarios y forestales. Rol e impacto del manejo en sistemas pastoriles sobre el contenido de carbono orgánico en el suelo (COS), formas de C (COS), actividad microbiana, y en las emisiones de gases de efecto invernadero a la atmósfera.

Unidad 2: Ciclo del nitrógeno. Importancia del ciclo del nitrógeno en un contexto de cambio global. Relación C: N y mineralización-inmovilización de N en el suelo. Ganancias y pérdidas en sistemas agropecuarios con diferentes manejos.

Unidad 3: Manejo ganadero y su impacto en los ciclos de C y N. Manejo y toma de decisiones en sistemas pastoriles y silvopastoriles, y su implicancia en la productividad. Seguimiento y evaluaciones de sistemas pastoriles a largo plazo (>20 años) con enfoque multidisciplinario: metodologías, indicadores y modelos de análisis.

Unidad 4: Los cultivos agrícolas y su impacto en los ciclos de C y N. Intensificación sostenible de la agricultura y su impacto en los ciclos de C y N. Seguimiento y evaluaciones de sistemas agrícolas en diferentes ambientes: metodologías, indicadores y escenarios futuros.