



Programa materia Genética Molecular

UNIDAD 1. ADN COMO MATERIAL GENETICO

- 1.1. Identificación del ADN como depósito de información genética
- 1.2. Propiedades químicas y físicas del ADN
- 1.3. Topología del ADN
 - 1.3.1. Estructuras secundarias intramoleculares: Z-ADN, cruciforme, hélices triples
 - 1.3.2. Estructuras intermoleculares: R-loops, D-loops, estructuras de Holliday, concatémeros
- 1.4. ADN circular y superenrollado

UNIDAD 2. METABOLISMO DEL ADN

- 2.1. Replicación del ADN
 - 2.1.1. Reglas básicas de la replicación
 - 2.1.2. Horquilla de replicación: origen, dirección, estructura
 - 2.1.3. Replicación semidiscontinua
 - 2.1.4. Proteínas involucradas en la replicación
 - 2.1.5. Inicio de la replicación
 - 2.1.5.1. Orígenes de replicación: secuencias consenso
 - 2.1.6. Fidelidad de la replicación.
 - 2.1.6.1. Mecanismos que evitan errores.
 - 2.1.6.1.1. Exactitud en el apareamiento de bases.
 - 2.1.6.1.2. Edición
 - 2.1.6.2. Mecanismos de corrección
 - 2.1.7. Modelos de replicación
 - 2.1.7.1. Moléculas lineales
 - 2.1.7.2. Moléculas circulares de cadena sencilla
 - 2.1.7.3. Modelo del círculo rodante
- 2.2. Reparación del ADN
 - 2.2.1. Tipos de reparación
 - 2.2.1.1. Tramo corto
 - 2.2.1.2. Tramo largo
 - 2.2.1.3. Fotorreactivación
 - 2.2.1.4. Glucosilasas
 - 2.2.1.5. Sistema SOS
 - 2.2.2. Enzimología de la reparación

UNIDAD 3. MECANISMOS DE REARREGLO E INTERCAMBIO DE MATERIAL GENETICO

3.1. Recombinación

- 3.1.1. Tipos de recombinación
- 3.1.2. Recombinación homóloga
- 3.1.3. Recombinación entre moléculas intactas de ADN
 - 3.1.3.1. Estructuras de Holliday
 - 3.1.3.2. Modelo de transferencia de cadenas
 - 3.1.3.3. Resolución
- 3.1.4. Propiedades de las proteínas RecA, RecBCD y RuvABC

3.2. Transposición

- 3.2.1. Secuencias de inserción
 - 3.2.1.1. Tamaño y propiedades
- 3.2.2. Transposones
 - 3.2.2.1. Detección de la transposición
 - 3.2.2.2. Localización de los sitios de inserción
 - 3.2.2.3. Tipos de transposones
- 3.2.3. Transposición
 - 3.2.3.1. Duplicación de la secuencia blanco en un sitio de inserción
 - 3.2.3.2. Naturaleza de la unión transposón-secuencia blanco
 - 3.2.3.3. Mecanismo de la transposición
 - 3.2.3.4. Cointegración
 - 3.2.3.5. Replicación de un transposón
 - 3.2.3.6. Otros fenómenos genéticos mediados por transposones: fusión de replicones, deleciones e inversiones

3.3. Plásmidos

- 3.3.1. Propiedades generales y tipos
- 3.3.2. Incompatibilidad
- 3.3.3. Control del número de copias
- 3.3.4. Ejemplos de plásmidos bacterianos
 - 3.3.4.1. Plásmido F
 - 3.3.4.2. Plásmidos R
 - 3.3.4.3. Plásmidos colicinogénicos

UNIDAD 4. BACTERIOFAGOS

- 4.1. Ciclo lítico
- 4.2. Ciclo lisogénico

UNIDAD 5. TRANSCRIPCION

- 5.1. ARN polimerasas

- 5.1.1. Tipos y funciones
- 5.2. Promotores
 - 5.2.1. Secuencias consenso
 - 5.2.2. Enhancers
- 5.3. Inicio de la transcripción
 - 5.3.1. Formación del complejo de iniciación
 - 5.3.2. Factor sigma
- 5.4. Elongación de la cadena de ARN
- 5.5. Terminación del proceso
 - 5.5.1. Factor rho
 - 5.5.2. Terminación independiente del factor rho
- 5.6. Modificación del ARNm
 - 5.6.1. Unión de la cola de poli(A)
 - 5.6.2. Capping
 - 5.6.3. Partículas ribonucleoprotéicas

UNIDAD 6. TRADUCCION

- 6.1. Código genético
- 6.2. Elementos que componen al aparato de traducción
 - 6.2.1. Ribosomas
 - Subunidades
 - Sitios A y P
 - Actividades enzimáticas asociadas al ribosoma
 - 6.2.2. ARNt
 - Estructura
 - Región del anticodón
 - Hipótesis del bamboleo de Crick
- 6.3. Inicio de la traducción
 - 6.3.1. Ensamble del complejo traduccional
 - 6.3.2. Formación del primer enlace proteico
- 6.4. Elongación
 - 6.4.1. Traslocación
 - 6.4.2. Factores proteicos asociados al proceso
 - 6.4.3. ARNt sintetasas; Proceso de carga de los aminoácidos
- 6.5 Terminación
 - 6.5.1. Codones de terminación
 - 6.5.2. Desensamble del ribosoma
 - 6.5.3. Factores proteicos involucrados
 - 6.5.4. Reciclaje de subunidades ribosomales

UNIDAD 7. REGULACION DE LA EXPRESION GENETICA EN PROCARIOTES

- 7.1. Mecanismos de regulación positiva y negativa
- 7.2. Concepto de operón
 - 7.2.1. Operón de la lactosa
 - 7.2.2. Operón de la galactosa

- 7.2.3. Operón de la arabinosa
- 7.2.4. Operón del triptófano
- 7.3 Control en la terminación
 - 7.3.1. Atenuación
 - 7.3.2. Antiterminación

UNIDAD 8. GENOMAS EUCARIOTES

- 8.1. Generalidades
 - 8.1.1. Diferencias y similitudes entre los genomas procariotes y eucariotes
 - 8.1.2. Niveles de empacamiento del ADN
 - 8.1.3. Cromatina activa
 - 8.1.4. Estructura de los genes eucariotes
- 8.2. Regulación de la expresión genética en eucariotes
 - 8.2.1. A nivel de genoma
 - 8.2.1.1. Pérdida
 - 8.2.1.2. Amplificación
 - 8.2.1.3. Rearreglos
 - 8.2.1.4. Metilación
 - 8.2.2. Transcripcional
 - 8.2.2.1. Expresión basal y constitutiva
 - 8.2.2.2. Expresión inducible y tejido específica
 - 8.2.2.3. Elementos cis-reguladores
 - 8.2.2.3.1. Promotores
 - 8.2.2.3.2. Potenciadores
 - 8.2.2.3.2. Silenciadores
 - 8.2.2.4. Factores de transcripción
 - 8.2.2.4.1. De acción general
 - 8.2.2.4.2. De acción específica
 - 8.2.3. Post-transcripcional
 - 8.2.3.1. Procesamiento de mensajeros
 - 8.2.3.2. Transporte de mensajeros
 - 8.2.3.3. Vida media de mensajeros
 - 8.2.4. Traduccional
 - 8.2.4.1. Mecanismos de regulación traduccional
 - 8.2.5. Post-traduccional
 - 8.2.5.1. Tipos de modificación posttraduccional
 - 8.2.5.2. Compartimentalización
- 8.3. Transducción de señales
 - 8.3.1. Cascadas de cinasas en respuesta a estrés y reguladores de crecimiento

UNIDAD 9. GENOMAS EXTRACROMOSOMALES

- 9.1. Mitocondria
- 9.2. Cloroplasto

UNIDAD 10. TECNOLOGÍA DEL ADN RECOMBINANTE

- 10.1. Introducción
 - 10.1.1. Nomenclatura básica
- 10.2. Etapas de desarrollo
 - 10.2.1. Enzimas de restricción

 - 10.2.2. Formación de una molécula de ADN recombinante
 - 10.2.3. Purificación y amplificación de secuencias clonadas en un plásmido
 - 10.2.3.1. Cepas bacterianas
 - 10.2.4. Métodos para identificar colonias conteniendo plásmidos recombinantes
- 10.3. Vectores de clonación
 - 10.3.1. Plásmidos naturales**

 - 10.3.2. Plásmidos artificiales
- 10.4. Aislamiento de genes
 - 10.4.1. Bibliotecas genómicas y de ADNc
 - 10.4.2. Hibridación substractiva
- 10.5. Análisis de la información genética
 - 10.5.1. PCR
 - 10.5.2. Hibridaciones: Southern, Northern, Western
 - 10.5.3. Secuenciación
- 10.6. Regulación de la expresión genética
- 10.7. Regiones promotoras, potenciadoras, silenciadoras
- 10.8. Identificación de genes
 - 10.8.1. Banco de secuencias
 - 10.8.2. Complementación
 - 10.8.3. Expresión en plantas
- 10.9. Sistema de transferencia de genes
 - 10.9.1. Biobalística
 - 10.9.2. Sistema de *Agrobacterium tumefaciens*
 - 10.9.2.1. Vectores de transformación
 - 10.9.2.2. Marcadores de selección
 - 10.9.2.3. Genes reporteros
- 10.10. APLICACIONES

EVALUACION

El aprovechamiento del alumno será evaluado con los siguientes parámetros:

Actividad	Porcentaje
Exámenes	80
Discusión en clase	10
Investigación bibliográfica	10

La calificación mínima para acreditar el curso será de 80 puntos.

Los exámenes podrán ser de preguntas puntuales, temáticas, diseño experimental, interpretación de resultados, resolución de problemas o de desarrollo de temas específicos.