

Universidad Autónoma de Baja California
 Coordinación General de Investigación y Posgrado



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE BAJA CALIFORNIA
COORDINACIÓN GENERAL DE INVESTIGACIÓN Y POSGRADO
PROGRAMA DE UNIDAD DE APRENDIZAJE

Datos de identificación

Unidad académica: Facultad de Ciencias Marinas e Instituto de Investigaciones Oceanológicas

Programa: Doctorado en Ciencias en Oceanografía Costera

Plan de estudios: 2021-1

Nombre de la unidad de aprendizaje: Ecología Microbiana Aplicada a la Acuicultura

Clave de la unidad de aprendizaje:

Tipo de unidad de aprendizaje: Optativa

Horas clase (HC):

2

Horas prácticas de campo (HPC):

Horas taller (HT):

1

Horas clínicas (HCL):

Horas laboratorio (HL):

Horas extra clase (HE):

2

Créditos (CR): 5

Requisitos:

Perfil de egreso del programa

El egresado del Programa de Doctorado en Ciencias en Oceanografía Costera, tendrá una formación que le permita desarrollar una línea de investigación en las ciencias del mar de manera original e independiente con alta capacidad técnica y metodológica. Su formación le permitirá contribuir al avance del conocimiento científico y la solución de problemas emergentes del medio ambiente marino. El egresado del Programa de Doctorado en Ciencias en Oceanografía Costera será capaz de:

Evaluar el comportamiento integral de las condiciones oceanográficas y climatológicas, mediante la aplicación profesional del método científico incluyendo el trabajo interdisciplinario y multidisciplinario, así como su análisis crítico, para la implementación de estrategias innovadoras que resuelvan problemáticas emergentes regionales y globales para el aprovechamiento y protección del medio ambiente marino, con honestidad, responsabilidad social y respeto al medio ambiente.

Evaluar los efectos de las variaciones físicas y climatológicas en las variables químico-biológicas que ocurren en el océano, mediante la generación y aplicación de metodologías y técnicas multidisciplinarias de análisis biogeoquímicos, para la implementación de acciones innovadoras e integrales de mitigación que permitan la protección y uso sostenible de los recursos naturales marinos, con una actitud propositiva e innovadora y de responsabilidad social y respeto al medio ambiente.

Evaluar los componentes biológicos de un ecosistema, su relación y adaptación a las variables fisicoquímicas del ambiente y sus variaciones antrópicas, mediante la participación en equipos interdisciplinarios y multidisciplinarios, así como la generación de herramientas biotecnológicas innovadoras, para contribuir a la implementación de medidas de conservación y manejo de los recursos marinos fundamentadas en el valor de los bienes y servicios ambientales que brindan a los ecosistemas, con una actitud propositiva e innovadora y de responsabilidad social y respeto al medio ambiente.

Definiciones generales de la unidad de aprendizaje

Propósito general de esta unidad de aprendizaje:

La unidad de aprendizaje Ecología Microbiana Aplicada a la Acuicultura tiene como propósito capacitar a los estudiantes del posgrado en ciencias en oceanografía costera en la aplicación de las nuevas herramientas de biología

Universidad Autónoma de Baja California
 Coordinación General de Investigación y Posgrado

	molecular para el estudio de comunidades microbianas asociadas a organismos de importancia acuícola. Para ello se examinarán las bases teóricas sobre la interacción entre las comunidades bacterianas con los organismos de importancia acuícola, se examinarán diferentes herramientas para el manejo de datos metagenómicos y se realizará un análisis e interpretación de resultados.
Competencia de la unidad de aprendizaje:	Interpretar el efecto de las comunidades microbianas en la fisiología y salud de los organismos acuícolas, mediante el uso de herramientas ómicas, para generar una conciencia sobre dichos efectos en los organismos vivos y permitir la toma de decisiones con responsabilidad, cuidado al medio ambiente y ética.
Evidencia de aprendizaje (desempeño o producto a evaluar) de la unidad de aprendizaje:	Proyecto final donde integren un análisis de metagenómica dirigida (16S rRNA) con datos reales.

Temario	
I. Nombre de la unidad: Introducción a la ecología microbiana	Horas: 6
Competencia de la unidad: Examinar el concepto de ecología microbiana, mediante la revisión de bibliografía especializada en el tema, para conocer la importancia de las sucesiones ecológicas en el mantenimiento de la salud de los ecosistemas, con dedicación y empeño.	
Tema y subtemas:	
1.1. Principios de ecología microbiana	
1.1.1. Definición	
1.1.2. Perspectiva histórica	
1.1.3. Actualidad	
1.2. Interacción	
1.2.1. Interacción positiva y negativa	
1.2.2. Interacciones entre poblaciones	
1.2.3. Sucesiones ecológicas	
1.3. Ecología microbiana en sistemas acuícolas	

II. Nombre de la unidad: Ecología microbiana en relación con organismos acuáticos	Horas: 10
Competencia de la unidad: Examinar la relevancia de los microorganismos en los aspectos de inmunoestimulación, desarrollo y nutrición de organismos de interés acuícola, mediante la revisión de artículos de divulgación científica, para identificar la importancia de los procesos y relaciones que se llevan a cabo y facilitar la toma de decisiones y análisis, con responsabilidad y cuidado al medio ambiente.	
Tema y subtemas:	
2.1. Interacciones biológicas	
2.1.1. Inmunoestimulación	
2.1.2. Desarrollo del tracto digestivo	
2.1.3. Nutrición	
2.1.4. Salud acuícola	

2.2. Determinantes del crecimiento microbiano

- 2.2.1. Nutrientes
- 2.2.2. Temperatura y Oxígeno disuelto
- 2.2.3. Salinidad
- 2.2.4. Compuestos orgánicos e inorgánicos

III. Nombre de la unidad: Introducción a la metagenómica	Horas: 8
-----------------------------------------------------------------	-----------------

Competencia de la unidad: Evaluar las nuevas herramientas de biología molecular, mediante la revisión de artículos de divulgación científica, para estudiar la composición y la función de la comunidad microbiana de organismos acuícolas, con compromiso y responsabilidad.

Tema y subtemas:

- 3.1. Metagenómica dirigida al gen 16S rRNA
 - 3.1.1. Descripción del gen 16S rRNA
 - 3.1.2. Herramientas para el análisis de la microbiota
 - 3.1.3. Casos de estudio de microbiota en organismos acuáticos
- 3.2. Otras aproximaciones moleculares al estudio de las comunidades bacterianas y su función en los ecosistemas
 - 3.2.1. Metagenomas
 - 3.2.2. Metatranscriptómica
 - 3.2.3. Metaproteómica
 - 3.2.4. Metabolómica

Prácticas (taller): 1. Ejercicios de extracción de ADN metagenómico: análisis de protocolos, extracción, pruebas de calidad de extracción de ADN y amplificación del gen 16S rRNA.	Horas: 8
----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------	-----------------

IV. Nombre de la unidad: Análisis de metagenómica dirigida al gen 16S rRNA	Horas: 8
-----------------------------------------------------------------------------------	-----------------

Competencia de la unidad: Examinar diferentes métodos para el manejo de datos de secuenciación masiva de nueva generación mediante el uso de programas especializados con entusiasmo, actitud y compromiso.

Tema y subtemas:

- 4.1. QIIME2
 - 4.1.1. Introducción a QIIME2
 - 4.1.2. Conceptos básicos
 - 4.1.3. Importar y exportar datos
 - 4.1.4. Desmultiplexación y control de calidad
 - 4.1.5. Reconstrucción filogenética
 - 4.1.6. Medición de la diversidad alfa y beta

<p>4.1.7. Análisis taxonómico</p> <p>4.1.8. Abundancia diferencial</p> <p>4.2. Herramientas alternas para el estudio de la microbiota (16S rRNA)</p> <p>4.2.1. STAMP</p> <p>4.2.2. Past3</p> <p>4.2.3. Excel</p>	
<p>Prácticas (taller):</p> <p>1. Taller práctico de procesamiento de datos de secuenciación del (16S rRNA) con las herramientas de QIIME2, iniciando con la limpieza de secuencias quiméricas, depuración de secuencias de mala calidad, análisis estadísticos para comunidades ecológicas, asignación taxonómica y generación de gráficos.</p> <p>2. Taller práctico de procesamiento de datos de secuenciación del (16S rRNA) con herramientas alternas a QIIME2 para la limpieza de secuencias quiméricas, depuración de secuencias de mala calidad, análisis estadísticos para comunidades ecológicas y asignación taxonómica y generación de gráficos.</p>	<p>Horas: 8</p>

<p>Estrategias de aprendizaje utilizadas:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1) Impartición de teoría mediante exposiciones por parte del profesor donde el alumno será evaluado mediante exámenes. 2) Discusión y debate sobre artículos relevantes al tema de ecología microbiana por parte del profesor y alumnos 3) Elaboración y presentación del proyecto final sobre el manejo de datos reales de metagenómica dirigida al gen 16S rRNA <p>Lo anterior para lograr que el estudiante obtenga un conocimiento integral a partir de sus actividades realizadas dentro y fuera del salón de clases en teoría y de taller de ecología microbiana y su importancia en la acuicultura.</p> <p>En el taller elaborarán ejercicios para aprender a usar las herramientas disponibles para el análisis de metagenómica dirigida al gen 16S rRNA.</p>
<p>Criterios de evaluación:</p> <p>3 Exámenes: 60%</p> <p>Exposiciones: 10%</p> <p>Prácticas: 10%</p> <p>Proyecto final: 20%</p> <p>Total:100%</p> <p>Criterios de acreditación:</p> <ul style="list-style-type: none"> ● El estudiante debe cumplir con lo estipulado en el Estatuto Escolar vigente u otra normatividad aplicable. ● Calificación en escala de 0 al 100, con un mínimo aprobatorio de 70.
<p>Bibliografía:</p> <p>Atlas, R. M. & Bartha, R. (2002). <i>Ecología microbiana y Microbiología ambiental</i> (4a. ed.). Madrid: Pearson-Addison Wesley. [clásico]</p> <p>Madigan, M.T., Martinko, J.M., Bender, K.S., Buckley, D.H. & Stahl, D.A. (2015). <i>Brock Biología de los microorganismos</i> (14a. ed.). Madrid: Pearson Educación. [clásico]</p> <p>Lozupone, C. & Knight, R. (2005). UniFrac: a new phylogenetic method for comparing microbial communities. <i>Appl. Environ. Microbiol.</i>, 71(12), 8228-8235. https://doi: 10.1128/AEM.71.12.8228-8235.2005</p>

- Hughes, J. B., Hellmann, J. J., Ricketts, T. H. & Bohannan, B. J. (2001). Counting the uncountable: statistical approaches to estimating microbial diversity. *Appl. Environ. Microbiol*, 67(10), 4399-4406. [https://doi: 10.1128/AEM.67.10.4399-4406.2001](https://doi.org/10.1128/AEM.67.10.4399-4406.2001)
- Willis, A. D. (2019). Rarefaction, alpha diversity, and statistics. *Frontiers in microbiology*, 10, 2407. [https://doi: 10.3389/fmicb.2019.02407](https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.02407)
- Egerton, S., Culloty, S., Whooley, J., Stanton, C. & Ross, R. P. (2018). The gut microbiota of marine fish. *Frontiers in microbiology*, 9, 873. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.00873>
- Ikeda-Ohtsubo, W., Brugman, S., Warden, C. H., Rebel, J. M., Folkerts, G. & Pieterse, C. M. (2018). How Can We Define "Optimal Microbiota?": A Comparative Review of Structure and Functions of Microbiota of Animals, Fish, and Plants in Agriculture. *Frontiers in nutrition*, 5, 90. <https://doi.org/10.3389/fnut.2018.00090>
- Xiong, J. B., Nie, L. & Chen, J. (2019). Current understanding on the roles of gut microbiota in fish disease and immunity. *Zoological research*, 40(2), 70-76. [https://doi: 10.24272/j.issn.2095-8137.2018.069](https://doi.org/10.24272/j.issn.2095-8137.2018.069)
- Contijoch, E. J., Britton, G. J., Yang, C., Mogno, I., Li, Z., Ng, R. & Barkan, R. (2019). Gut microbiota density influences host physiology and is shaped by host and microbial factors. *Elife*, 8, e40553. [https://doi: 10.7554/eLife.40553](https://doi.org/10.7554/eLife.40553)
- Bledsoe, J. W., Peterson, B. C., Swanson, K. S. & Small, B. C. (2016). Ontogenetic characterization of the intestinal microbiota of channel catfish through 16S rRNA gene sequencing reveals insights on temporal shifts and the influence of environmental microbes. *PloS one*, 11(11), e0166379. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0166379>
- Amato, K. R., Sanders, J. G., Song, S. J., Nute, M., Metcalf, J. L., Thompson, L. R. & Gogul, G. (2019). Evolutionary trends in host physiology outweigh dietary niche in structuring primate gut microbiomes. *The ISME journal*, 13(3), 576-587. <https://doi.org/10.1038/s41396-018-0175-0>
- Singh, B. K., Liu, H. & Trivedi, P. (2020). Eco-holobiont: A new concept to identify drivers of host-associated microorganisms. *Environmental Microbiology*, 22(2), 564-567. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.14900>
- Ghanbari, M., Kneifel, W. & Domig, K. J. (2015). A new view of the fish gut microbiome: advances from next-generation sequencing. *Aquaculture*, 448, 464-475. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2015.06.033>
- Aguiar-Pulido, V., Huang, W., Suarez-Ulloa, V., Cickovski, T., Mathee, K. & Narasimhan, G. (2016). Metagenomics, metatranscriptomics, and metabolomics approaches for microbiome analysis: supplementary issue: bioinformatics methods and applications for big metagenomics data. *Evolutionary Bioinformatics*, 12, EBO-S36436. <https://doi.org/10.4137/EBO.S36436>
- Wu, S., Ren, Y., Peng, C., Hao, Y., Xiong, F., Wang, G. & Angert, E. R. (2015). Metatranscriptomic discovery of plant biomass-degrading capacity from grass carp intestinal microbiomes. *FEMS microbiology ecology*, 91(10), fiv107. <https://doi.org/10.1093/femsec/fiv107>
- Romero-Olivares, A. L., Meléndrez-Carballo, G., Lago-Lestón, A. & Treseder, K. K. (2019). Soil metatranscriptomes under long-term experimental warming and drying: Fungi allocate resources to cell metabolic maintenance rather than decay. *Frontiers in microbiology*, 10:1914. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.01914>
- Huse, S. M., Dethlefsen, L., Huber, J. A., Welch, D. M., Relman, D. A. & Sogin, M. L. (2008). Exploring microbial diversity and taxonomy using SSU rRNA hypervariable tag sequencing. *PLoS genetics*, 4(11), e1000255. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1000255>
- Zhang, R. Y., Zou, B., Yan, Y. W., Jeon, C. O., Li, M., Cai, M. & Quan, Z. X. (2020). Design of targeted primers based on 16S rRNA sequences in meta-transcriptomic datasets and identification of a novel taxonomic group in the Asgard archaea. *BMC microbiology*, 20(1), 25. <https://doi.org/10.1186/s12866-020-1707-0>

Universidad Autónoma de Baja California
Coordinación General de Investigación y Posgrado

Ong, S. H., Kukkillaya, V. U., Wilm, A., Lay, C., Ho, E. X. P., Low, L. & Nagarajan, N. (2013). Species identification and profiling of complex microbial communities using shotgun Illumina sequencing of 16S rRNA amplicon sequences. *PLoS One*, 8(4), e60811. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0060811>

Brumfield, K. D., Huq, A., Colwell, R. R., Olds, J. L. & Leddy, M. B. (2020). Microbial resolution of whole genome shotgun and 16S amplicon metagenomic sequencing using publicly available NEON data. *Plos one*, 15(2), e0228899. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0228899>

Fecha de elaboración / actualización: Agosto, 2020

Perfil del profesor: Profesor con Doctorado en Biotecnología Marina o área afin a las unidades de Ecología Microbiana, con experiencia de al menos dos años de investigación en estas disciplinas.

Nombre(s) y firma(s) de quién(es) diseñó(aron) el Programa de Unidad de Aprendizaje:

Dr. Ernesto Larios Soriano
Posdoctorado CONACYT de Tiempo Completo
FCM, Posgrado en Oceanografía Costera

Dr. Mario Alberto Galaviz Espinoza
Profesor de Tiempo Completo
FCM, CA de Biotecnología Acuícola Animal

Dra. Laura Liliana López Galindo
Profesor de Tiempo Completo
IIO, Asociado CA de Biología y Cultivo de Moluscos

Nombre y firma de quién autorizó el Programa de Unidad de Aprendizaje:

Dra. Lus Mercedes López Acuña
Directora de la Facultad de Ciencias Marinas
Profesor de Tiempo Completo
FCM, CA de Biotecnología Acuícola Animal

Dr. Alejandro Cabello Pasini
Director del Instituto de Investigaciones Oceanológicas
Investigador de Tiempo Completo
IIO, CA de Botánica Marina

Nombre(s) y firma(s) de quién(es) evaluó/revisó(evaluaron/ revisaron) de manera colegiada el Programa de Unidad de Aprendizaje:

Dra. Natalie Millán Aguiñaga
Profesor de Tiempo Completo
FCM, CA de Nanobiotecnología Marina

Dra. Claudia Ventura López
Posdoctorado CONACYT de Tiempo Completo
CICESE, Posgrado Biotecnología Marina