



MODELO DE SÍLABO ADAPTADO PARA EL PERIODO DE ADECUACIÓN A LA EDUCACIÓN NO PRESENCIAL

Facultad de Ciencias Biológicas
Escuela Profesional de Biología

SÍLABO 2021-II

I. DATOS ADMINISTRATIVOS

1.	Asignatura	: Genética Cuantitativa
2.	Código	: CB-0862
3.	Naturaleza	: Teórico-práctica
4.	Condición	: Obligatorio
5.	Requisitos	: Evolución CB 0765
6.	Nro. Créditos	: 4
7.	Nro de horas	: 2 / 2
8.	Semestre Académico	: VII
9.	Docente	: Roberto Pineda Chavarria
	Correo Institucional	: roberto.pineda@urp.edu.pe

II. SUMILLA

Es una asignatura teórico-práctica obligatoria del área de formación profesional básica, que tiene como propósito que el estudiante diferencie los caracteres cuantitativos de los cualitativos de la herencia y la variación continua y distribución normal de la base mendeliana, los tipos de acción en los genes, los valores genotípicos y la varianza fenotípica y genotípica, la heredabilidad y la selección natural y artificial. La asignatura está dividida en las siguientes unidades de aprendizaje:

1. Genética de caracteres cuantitativos.
2. Estimación estadística de los efectos génicos.
3. Heredabilidad, selección natural y artificial.

III. COMPETENCIAS GENÉRICAS A LAS QUE CONTRIBUYE LA ASIGNATURA

- Pensamiento crítico y creativo
- Investigación científica y tecnológica
- Responsabilidad social

IV. COMPETENCIAS ESPECÍFICAS A LAS QUE CONTRIBUYE LA ASIGNATURA

- Transforma la biodiversidad, usando organismos o sus partes, en estricto apego a las normas y principios de la bioética
- Realiza investigación básica y aplicada en cualquier área de las ciencias biológicas y difunde los resultados de sus investigaciones y el estado del arte a diferentes sectores de la sociedad.
- Conoce los aspectos fundamentales de los procesos físicos y químicos que ocurren en los seres vivos.

V. DESARROLLA EL COMPONENTE DE: INVESTIGACIÓN (x) RESPONSABILIDAD SOCIAL (x)

V. LOGRO DE LA ASIGNATURA

1. Comprender la varianza fenotípica, ambiental, genética, epistática y aditiva
2. Conocer la historia del descubrimiento de la variación genotípica continua
3. Modelar informáticamente casos de deriva genética, selección (natural y artificial) así como poblaciones en equilibrio de Hardy-Weinberg.
4. Aplicar el uso de marcadores de polimorfismo para reconocer poblaciones emparentadas genéticamente.
5. Conocer aplicaciones de la genética cuantitativa a diferentes aspectos de la actividad profesional del biólogo.

VII. PROGRAMACIÓN DE CONTENIDOS

UNIDAD I: Genética de caracteres cuantitativos



LOGRO 1: Comprender la varianza fenotípica, ambiental, genética, epistática y aditiva	
LOGRO 2: Conocer la historia del descubrimiento de la variación genotípica continua	
Semana	Contenido
1	Historia del descubrimiento de la variación genotípica continua
2	Varianza fenotípica: Varianza ambiental y varianza genética
3	Componentes de la varianza genética, genes mendelianos, aditivos, epistáticos.
4	Consanguinidad y covarianza en salud humana y mejoramiento genético animal.

UNIDAD II: Estimación estadística de los efectos génicos	
LOGRO 3: Modelar informáticamente casos de deriva genética, selección (natural y artificial) así como poblaciones en equilibrio de Hardy-Weinberg.	
Semana	Contenido
5	Análisis estadístico de los caracteres poligénicos.
6	Modelamiento de la deriva genética y de la selección.
7	Equilibrio Hardy Weinberg (Consideraciones y modelamiento)
8	Monitoreo y Retroalimentación. Evaluación del Logro

UNIDAD III: Heredabilidad, selección natural y artificial.	
LOGRO 5: Aplicar el uso de marcadores de polimorfismo para reconocer poblaciones emparentadas genéticamente.	
LOGRO 6: Conocer aplicaciones de la genética cuantitativa a diferentes aspectos de la actividad profesional del biólogo.	
Semana	Contenido
9	Heredabilidad de rasgos de importancia en ganadería y agricultura
10	Métodos moleculares para el análisis de polimorfismos y diversidad genética: SNPM, RAPDS, RFLPS, haplotipos y haplogrupos.
11	QTL, identificación de locus de caracteres cuantitativos
12	Aplicaciones de la genética cuantitativa al mejoramiento genético vegetal.
13	Aplicaciones de la genética cuantitativa al mejoramiento genético animal.
14	Rodadura o Rotación del cuerpo rígido alrededor de un eje móvil. Condición de la rodadura pura. Ecuación dinámica de la rodadura. Aplicaciones.
15	Aplicaciones de la genética cuantitativa a la salud humana
16	Monitoreo y Retroalimentación. Evaluación del Logro
17	EVALUACIÓN SUSTITUTORIA CON PRODUCTO FINAL: RÚBRICA

VIII. ESTRATEGIAS DIDÁCTICAS

Aula invertida, Aprendizaje Colaborativo, Disertación



IX. MOMENTOS DE LA SESIÓN DE APRENDIZAJE VIRTUAL

La modalidad no presencial desarrollará actividades sincrónicas (que los estudiantes realizarán al mismo tiempo con el docente) y asincrónicas (que los estudiantes realizarán independientemente fortaleciendo su aprendizaje autónomo. La metodología del aula invertida organizará las actividades de la siguiente manera:

Antes de la sesión

Exploración: preguntas de reflexión vinculada con el contexto, otros.

Problematización: conflicto cognitivo de la unidad, otros.

Durante la sesión

Motivación: bienvenida y presentación del curso, otros.

Presentación: PPT en forma colaborativa, otros.

Práctica: resolución individual de un problema, resolución colectiva de un problema, otros.

Después de la sesión

Evaluación de la unidad: presentación del producto.

Extensión / Transferencia: presentación en digital de la resolución individual de un problema.

IX. EVALUACIÓN

La modalidad no presencial se evaluará a través de productos que el estudiante presentará al final de cada unidad. Los productos son las evidencias del logro de los aprendizajes y serán evaluados a través de rúbricas cuyo objetivo es calificar el desempeño de los estudiantes de manera objetiva y precisa.

Retroalimentación. En esta modalidad no presencial, la retroalimentación se convierte en aspecto primordial para el logro de aprendizaje. El docente devolverá los productos de la unidad revisados y realizará la retroalimentación respectiva.

UNIDAD	INSTRUMENTOS	PORCENTAJE
I y II	Rúbrica	50%
III	Rúbrica	50%

X. RECURSOS

- Equipos: computadora, laptop, Tablet, celular
- Materiales: apuntes de clase del Docente, separatas de problemas, lecturas, videos.
- Uso de la plataforma: "In silico simulation of molecular biology experiments"
- Software Netlogo para modelamiento y simulación de problemas genéticos.
- Software Mega para arboles filogenéticos y alineamiento de secuencias
- mafft, iqtree
- Herramientas de Crop Ontology
- Software Putty y WinSCP para conectar con el cluster computacional de la URP
- Software mafft e iqtree para análisis filogenéticos de alta performance.

XI. REFERENCIAS

Bibliografía Básica

- Amirpour, Hamed & Ansari Mahyari, Saeid. (2013). Modern Animal Breeding and Genetics.
- BOWMAN, J. C. 1984. Introducción al mejoramiento genético animal. Univ. de Sao Paulo, Brasil.
- Castle, W. E. (1903). The laws of Galton and Mendel and some laws governing race improvement by selection. Proc. Amer. Acad. Arts Sci.. 35: 233–242.
- Crow, J.F. (1999). Hardy, Weinberg and language impediments. Genetics 152: 821-825. enlace
- Emigh, T.H. (1980). A comparison of tests for Hardy-Weinberg equilibrium. Biometrics 36: 627 – 642.
- Griffiths AJF, Gelbart WM, Miller JH, et al. Modern Genetic Analysis. New York: W. H. Freeman; 1999.
- Milton Poehlman, John. (2007). Breeding Field Crops.