



UAEM

Universidad Autónoma
del Estado de México

Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia
Licenciatura en Medicina Veterinaria y Zootecnia
Reestructuración, 2015



Universidad Autónoma del Estado de México
Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia
Licenciatura en Medicina Veterinaria y Zootecnia



Manual de Prácticas.
BIOTECNOLOGÍA

Elaboro

Dr. Juan Carlos Vázquez Chagoyán

Dr. Vladimir Morales Erasto

**Fecha de
aprobación**

Junio 2019
H. Consejo Académico

Junio 2019
H. Consejo de Gobierno



UAEM

Universidad Autónoma
del Estado de México

Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia
Licenciatura en Medicina Veterinaria y Zootecnia

Reestructuración, 2015



Universidad Autónoma del Estado de México
Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia
Licenciatura en Medicina Veterinaria y Zootecnia



ULTIMA REVISIÓN

Revisores: Dra. Mona Mohamed Mohamed Yasseen Elghandour
Dr. Abdel Fattah Zeidan Mohamed Salem
Dr. Nazario Pescador Salas

Fecha de	28/01/2025	28/01/2025
aprobación:	H. Consejo Académico	H. Consejo de Gobierno



Índice

	Pág.
I. Datos de identificación	3
II. Introducción	4
III. Lineamientos	4
IV. Organización y desarrollo de las practicas	5
Práctica 1. Extracción y Visualización de ADN	
Práctica 2. Amplificación de ADN Mediante PCR	7
Práctica 3. Utilización de GenBank y BLAST	9
Práctica 4. Utilización de Enzimas de Restricción	11
Práctica 5. Análisis Filogenéticos	13
Práctica 6. Obtención de Plasma Rico en Plaquetas	15
V. Bibliografía	17



I. Datos de identificación

Espacio educativo donde se imparte	Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia								
Licenciatura	Licenciatura en Medicina Veterinaria y Zootecnia								
Unidad de aprendizaje	Biotecnología						Clave	L43766	
Carga académica	2	2	4	6					
	Horas teóricas	Horas prácticas	Total de horas	Créditos					
Período escolar en que se ubica	1	2	3	4	5	6	7	8	9
Seriación	Ninguna			Ninguna					
	UA Antecedente			UA Consecuente					

Tipo de Unidad de Aprendizaje

Curso	☐	Curso taller	☒
Seminario	☐	Taller	☐
Laboratorio	☐	Práctica profesional	☐
Otro tipo (especificar)			

Modalidad educativa

Escolarizada. Sistema rígido	☐	No escolarizada. Sistema virtual	☐
Escolarizada. Sistema flexible	☒	No escolarizada. Sistema a distancia	☐
No escolarizada. Sistema abierto	☐	Mixta (especificar)	

Formación común

☐	☐
☐	☐
☐	☐
☐	☐

Formación equivalente

Unidad de aprendizaje

N/A



II. Introducción

La biotecnología se puede definir como una actividad multidisciplinaria, cuyo sustento es el conocimiento nuevo, generado en diversas disciplinas (entre otras, la biología molecular, la ingeniería, bioquímica, la microbiología, la genómica y la inmunología), que permite el estudio integral y la manipulación de los sistemas biológicos. El presente manual de prácticas describe algunos aspectos relevantes de la biotecnología que tienen un impacto en la formación profesional de un Médico Veterinario Zootecnista, se incluyen prácticas enfocadas a las áreas de biología molecular, inmunología, reproducción y producción animal. El diseño del manual está basado en las Unidades de competencia de la Unidad de aprendizaje de Biotecnología impartida en la Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia de la Universidad Autónoma del Estado de México.

III. Lineamientos

Lineamientos del CIESA.FMVZ-UAEM o del laboratorio de prácticas de la FMVZ-UAEM

Manuales de bioseguridad, protección civil, reglamentos del CIESA y de la Universidad Autónoma del Estado de México



IV. Organización y desarrollo de las prácticas

UNIDAD 2: HERRAMIENTAS MOLECULARES	Número de la práctica
EXTRACCIÓN Y VISUALIZACIÓN DE ADN	1

Objetivo o competencia de la práctica:

Extraer ADN bacteriano mediante “shock térmico”

Observar la presencia de ADN en un gel de agarosa.

Identificar el peso molecular del ADN total y de productos de PCR.

Desarrollar habilidades de biología molecular.

Materiales, reactivos y/o equipo:

- Bacterias inactivadas suspendidas en PBS
- Agua libre de nucleasas
- Marcador de Peso Molecular
- Buffer de carga de ADN (6×)
- Buffer Tris Borato EDTA (TBE) (1×)
- Gel de agarosa (0.7% en TBE)
- Cámara de electroforesis
- Fuente de poder para electroforesis
- Baño seco
- Hielo para tubos de 1.5 ml
- Transiluminador de luz UV
- Micropipetas y puntas (0.5-10 µl, 200-1000 µl) (UAEM)
- Microcentrífuga UAEM
- Microtubos 1.5 ml
- Horno de microondas
- Bata de laboratorio, Guantes de nitrilo o látex, marcadores permanentes (Alumnos).

Desarrollo:

Día 1:

1. Tomar 100 µl de la suspensión bacteriana y colocarlos en un microtubo de 1.5 ml.
2. Centrifugar los microtubos a 11,000 rpm durante 5 minutos.
3. Adicionar 100 µl de agua libre de nucleasas y mezclar hasta disolver el pellet bacteriano.
4. Incubar a 98 C durante 5 minutos
5. Incubar en hielo durante 5 minutos.
6. Repetir los pasos 4 y 5 en tres ocasiones.
7. Centrifugar a 11,000 rpm durante 5 minutos y pasar el



sobrenadante a un nuevo microtubo de 1.5 µl.

8. Almacenar el ADN a -20 C hasta su visualización.

Día 2:

9. Descongelar el ADN.

10. Armar el molde para geles de agarosa con las barreras en los extremos y el peine para formar pozos.

11. Adicionar agarosa (0.50 g) al TBE (50 ml) en un matraz y disolver por calentamiento, adicionar el colorante a emplear y vertir en el molde, dejar fraguar y retirar el peine y las barreras. Colocar el gel en la cámara de electroforesis.

12. Agregar TBE a la cámara de electroforesis hasta cubrir el gel

13. Mezclar el buffer de carga (2 ml) y el ADN (10ml).

14. Colocar cada una de las muestras de ADN (10 µl) y el marcador de peso molecular (2 µl) en cada uno de los pozos del gel de agarosa con una micropipeta y con punta de 0.5 – 10 µl.

15. Agregar voltaje a la cubeta de electroforesis (120 volts, durante 20 minutos)

16. Transcurridos 20 minutos, apagar la fuente de poder, extraer el gel y observar en el transluminador de luz UV en cuarto oscuro.

Resultados:

El alumno observará las bandas de ADN extraído con el peso molecular correspondiente.

Cuestionario:

1. ¿Qué es un marcador de peso molecular y para qué se coloca en el gel?
2. ¿Por qué se coloca agua libre de nucleasas en la extracción de ADN?
3. Si es el caso, ¿Por qué no se observan bandas?
4. ¿Por qué es peligroso el bromuro de etidio?

Observaciones:

Los desechos químicos y biológicos (RPBI), serán eliminados de acuerdo a los lineamientos del CIESA.FMVZ-UAEM o laboratorio de prácticas de la FMVZ, según corresponda.

Cumplir con la reglamentación indicada en los manuales de bioseguridad, protección civil, reglamentos del CIESA y de la Universidad.



UNIDAD 2: HERRAMIENTAS MOLECULARES	Número de la práctica
AMPLIFICACIÓN DE ADN MEDIANTE PCR	2

Objetivo o competencia de la práctica:

Amplificar un fragmento de ADN mediante la prueba de PCR (Reacción en Cadena de la Polimerasa)

Materiales, reactivos y/o equipo:

- Termociclador
- Agua libre de nucleasas
- Buffer de PCR
- $MgCl_2$
- dNTPs
- Taq Polimerasa
- Iniciadores o primers
- ADN bacteriano
- Micropipetas y puntas (0.5-10 μ l, 200-1000 μ l)
- Microtubos 1.5 ml
- Tubos de 200 μ l
- Marcador de Peso Molecular
- Buffer de carga de ADN (6 $\times$)
- Buffer Tris Borato EDTA (TBE) (1 $\times$)
- Gel de agarosa (0.7% en TBE)
- Cámara de electroforesis
- Fuente de poder para electroforesis
- Transiluminador de luz UV
- Horno de microondas
- Bata de laboratorio, Guantes de nitrilo o látex (ALUMNOS).

Desarrollo:

1. Realizar el cálculo de los reactivos de acuerdo al número de muestras que se van a amplificar, utilizando las siguientes cantidades.

Reactivo	Para 1 reacción	Para ____ muestras
Agua	11.1 μ l	
Buffer	4 μ l	
$MgCl_2$	2.4 μ l	
dNTPs	0.4 μ l	
Taq DNA polimerasa	0.1 μ l	
Primer 1	0.5 μ l	
Primer 2	0.5 μ l	
ADN	1 μ l	
TOTAL	20 l	



2. Colocar la cantidad de reactivo calculada en un tubo de 1.5 ml y mezclar por pipeteo suavemente, utilizar las micropipetas y puntas de acuerdo al volumen a emplear.
3. Dividir la reacción en tubos de 200 μ l de acuerdo al número de muestras que se amplifiquen.
4. Colocar los tubos de 200 μ l con la reacción en el termociclador y amplificar bajo las siguientes condiciones.

		Tiempo	Temperatura
Desnaturalización inicial		4 minutos	96 C
35 ciclos	Desnaturalización	30 segundos	95 C
	Alineación	1 minuto	55 C
	Extensión	2 minutos	72 C
Extensión final		10 minutos	72 C

Día 2.

1. Descongelar las muestras de PCR amplificadas.
2. Armar el molde para geles de agarosa con las barreras en los extremos y el peine para formar pozos.
3. Agregar agarosa (0.50 g) al TBE 1 $\times$ (50 ml) en un matraz y se disolver por calentamiento, agregar bromuro de etidio (2 ml) verter en el molde, dejar fraguar, retirar el peine y las barreras.
4. Adicionar TBE a la cámara de electroforesis hasta cubrir el gel
5. Mezclar el buffer de carga (2 ml) y el ADN (10ml).
6. Colocar el marcador de peso molecular (2 μ l) en el primer pozo y cada una de las muestras de ADN (10 μ l) en los pozos posteriores del gel de agarosa con una micropipeta y con punta de 0.5 – 10 μ l.
7. Agregar voltaje a la cubeta de electroforesis (120 volts, durante 20 minutos)
8. Transcurridos 20 minutos, apagar la fuente de poder, extraer el gel y observar en el transluminador de luz UV en cuarto oscuro.

Resultados:

Las bandas de ADN de los productos amplificados se observarán en el peso molecular correspondiente.

Cuestionario:

1. ¿Cuál es el principio de la prueba de PCR?
2. ¿Por qué se colocan iniciadores o primers en la reacción de PCR?
3. ¿Qué utilidades tiene una prueba de PCR convencional?

Observaciones:

Los desechos químicos y biológicos (RPBI), serán eliminados de acuerdo a los lineamientos del CIESA.FMVZ-UAEM o laboratorio de prácticas de la FMVZ, según corresponda.

Cumplir con la reglamentación indicada en los manuales de bioseguridad, protección civil, reglamentos del CIESA y de la Universidad.



UNIDAD 3. BIOINFORMÁTICA.	Número de la práctica
UTILIZACIÓN DE GENBANK Y BLAST	3

Objetivo o competencia de la práctica:

Identificar secuencias nucleotídicas de diversos organismos, obtener características de los organismos de los que se obtuvieron las secuencias y analizar secuencias nucleotídicas mediante BLAST.

Materiales, reactivos y/o equipo:

Equipo de cómputo con internet.

Archivo digital en formato FASTA con al menos 10 secuencias nucleotídicas proporcionadas por el profesor para análisis de BLAST.

Desarrollo:

1. Ingresar a la página de BLAST en la siguiente dirección: <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi> y posteriormente seleccionar nucleotide BLAST.
2. Abrir el archivo digital con las secuencias nucleotídicas a analizar.
3. Copiar y pegar la primera secuencia a analizar en el recuadro destinado para la búsqueda.
4. Verificar los criterios de búsqueda de acuerdo a las indicaciones del profesor y posteriormente seleccionar el botón BLAST situado en la parte inferior.
5. De acuerdo a los resultados obtenidos, identificar
 - El porcentaje de similitud que tiene con cierto organismo y a qué gen corresponde.
 - El número de bases diferentes. P. ej: 6 bases diferentes de 450 bases analizadas.
6. Seleccionar la secuencia nucleotídica con la que la secuencia ingresada tenga un mayor porcentaje de similitud e ingresar a GenBank dando click en el número de acceso situado en la parte lateral de la identificación de la secuencia y obtener:
 - La especie, el origen geográfico, el nombre de la cepa del organismo del que se obtuvo la secuencia.

Resultados:

Se obtendrá un análisis mediante la herramienta BLAST de cada una de las secuencias.



UAEM

Universidad Autónoma
del Estado de México

Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia
Licenciatura en Medicina Veterinaria y Zootecnia

Reestructuración, 2015



Cuestionario:

¿Cuál es la función del gen identificado en cada una de las secuencias nucleotídicas analizadas?

¿Qué aplicaciones prácticas tiene el manejo de BLAST?

¿Cuáles son los datos que podemos obtener de una secuencia que se encuentra en GenBank?

Observaciones

Seguir el reglamento interno de la sala de cómputo de la FMVZ-UAEM.



UNIDAD 3. BIOINFORMÁTICA.	Número de la práctica
UTILIZACIÓN DE ENZIMAS DE RESTRICCIÓN	4

Objetivo o competencia de la práctica:

En esta práctica el alumno realizará mapas de restricción de una secuencia de ADN *in silico* (con equipo de cómputo) y posteriormente, se realizará la restricción de un fragmento de ADN *in vitro*.

Materiales, reactivos y/o equipo:

Secuencia del plásmido pCDNA3

Acceso a computadora (Sala de cómputo de la FMVZ).

Acceso al programa para análisis de secuencias en línea:
<http://www.restrictionmapper.org/> (existen otros programas en línea que tienen funciones similares)

Desarrollo:

- Abrir el programa “restrictionmapper”
- Abrir la secuencia del plásmido pCDNA3 (https://www.addgene.org/browse/sequence_vdb/2093/)
- Copiar y pegar la secuencia del pCDNA3 en la ventana que dice “Sequence information”
- Seleccionar las opciones:
 - Conformation: circular
 - Sort by: Frequency, overhang, name
 - Filtered by: maximum cuts: all, 1 y 2. (cada uno de estos cortes un ejercicio que dará diferentes resultados)
 - Maximum site length: probar con 6 y con 8 (se obtendrán resultados diferentes)
 - En la sección de “Include” seleccionar las enzimas, all, EcoRI, XhoI y PstI
 - En “Menú”, en la opción de Name your sequence pon tu nombre
 - Escoge la opción “Map sites” observa resultados y escoge la opción “virtual digest” y observa resultados (**Nota: captura y guarda las pantallas de resultados para tu informe de práctica**).
 - Puedes obtener información de las enzimas cuando ves en la liga del nombre de la enzima que aparece en el cuadro de resultados: Busca una enzima que deje extremos pegajosos 5'(5' overhangs), una que deje extremos pegajoso 3' (3' overhangs) y una que deje cortes romos (Blunt ends)
 - ¿Qué diferencias encuentras entre los resultados obtenidos con cada enzima de restricción?



- En el sitio https://molbiol-tools.ca/Restriction_endonuclease.htm hay varios programas que hacen la misma función. Explóralos y elige el que más te guste y repite el ejercicio con ese programa

Resultados:

- Se obtendrán mapas de restricción para 1, 2 o múltiples sitios de restricción del pcDNA3

Cuestionario:

- ¿Cómo explicas que la digestión con *EcoRI* y con *BamHI* sean parecidos?
- ¿Cómo explicas que cuando haces la restricción con todas las enzimas los resultados sean diferentes que con *EcoRI*?
- ¿Cómo explicas que la digestión con *EcoRI* y con *PstI* sean diferentes?
- ¿Qué tipo de corte produce *EcoRI* y que tipo de corte produce?
- ¿Qué enzimas producen cortes con “extremos 3’, 5’ o romos? Da un ejemplo de cada una.

Observaciones:

Seguir el reglamento de la sala de cómputo de la FMVZ-UAEM.



UNIDAD 3. BIOINFORMÁTICA.	Número de la práctica
ANÁLISIS FILOGENÉTICOS	5

Objetivo o competencia de la práctica:

Que el alumno se familiarice con las herramientas bioinformáticas que permiten realizar estudios filogenéticos y que aprenda a realizar dichos análisis.

Materiales, reactivos y/o equipo:

Esta práctica se llevará a cabo completamente en sala de cómputo y se requerirá:

Computadora con acceso a internet, con el software de “MEGA X” instalado y operable

Desarrollo:

Abrir programa MEGA X

En los iconos de la parte inferior de la ventana abrir Mega links

Pulsar en el icono DOWNLOAD (Transfer NCBI data to your computer)

En la ventana de “popular sources” seleccionar “nucleotide”

Colocar un número a la vez de los siguientes identificadores en la ventana que está a la derecha de dónde se seleccionó “nucleotide” y seleccionar: *search*

1) AJ133580.1

2) EF490990.1

3) GU938462.1

4) KC405578.1

5) EF591039.1

Una vez encontrada la secuencia pulsar el botón con la cruz roja (add to alignment; hasta arriba de la ventana)

Al abrir hay una ventana que pregunta por un nombre. Darle el nombre de la especie a que corresponde la secuencia pide 4 palabras por ejemplo (sus scrofa myostatin gene) la secuencia se añadirá a la sección de análisis de Mega.

Hacer lo mismo para las cinco secuencias, al final todas las secuencias estarán en Mega.

Seleccionar todas las secuencias de la pantalla de mega y en el icono de muscle seleccionar align DNA

Las secuencias alineada no son del mismo tamaño, por lo que una vez alineadas elimina manualmente el inicio y colas de todas las secuencias hasta donde todas las secuencias comiencen y terminen juntas.

Guarda tu alineación con un nombre que recuerdes (anótalo)

Ve a la pantalla original de mega y en el botón de “phylogeny” selecciona “construct/Test Maximum likelihood Tree”

Utiliza los parámetros por default

Y dale al ícono “Compute”



Después de esto puedes explorar un poco el programa para que veas que otras funciones tiene.

Resultados:

Se produce un árbol filogenético donde se ven las relaciones evolutivas de las especies analizadas

Cuestionario:

¿Qué es un árbol filogenético?

¿Para qué sirve el programa MEGA X?

¿En el árbol filogenético que elaboraste cuales especies están más relacionadas evolutivamente?

Considerando que es un árbol filogenético realizado con pocas secuencias y que no es muy preciso y que tendremos un margen de error: ¿cuántos clados se formaron?

Observaciones:

Seguir el reglamento de prácticas de cómputo de la FMVZ-UAEM.



UNIDAD 4. BIOMEDICINA.	Número de la práctica
OBTENCIÓN DE PLASMA RICO EN PLAQUETAS	6

Objetivo o competencia de la práctica:

- Obtener plasma rico en plaquetas, a partir de sangre de ovino.

Materiales, reactivos y/o equipo:

- Centrifuga
- 4 tubos con Citrato de sodio
- Dos tubos de 6ml con tapa
- 2 jeringas una de 10mL
- Baños de María
- Ventilador
- Gluconato de calcio al 10%

Desarrollo:

1. Colección de sangre 10 a 15ml de sangre en un tubo con citrato de sodio al 3.2% (proporción 1:9). El animal empleado debe estar en ayuno y sin consumir productos lácteos.
2. Se realiza centrifugación de la sangre durante 10min a 2000 rpm.
3. Sacar los tubos con mucho cuidados para evitar que se vuelva a mezclar el plasma con los eritrocitos.
4. Se colocan cuatro tubos de 6ml con tapón limpio y totalmente estériles para colocar el plasma.
5. Se extrae el plasma rico en plaquetas que es de color amarillo y se encuentra de la mitad hacia abajo de donde comienza el plasma y se deja el plasma pobre
6. Para la extracción se debe tener mucho cuidado no extraer los elementos formes depositados en el fondo del tubo.
5. Se debe añadir gluconato de calcio al plasma rico en plaquetas en una relación 2cc de plasma se le agrega 0,4 cc de gluconato de calcio.
6. Se procede a homogenizar para mezclar el plasma con el gluconato de calcio
7. Se pone en baño de maría a una temperatura de 40 grados durante 30 minutos para obtener un plasma de cuarta generación.
8. Se saca el plasma y se procede a dejar 5 minutos de enfriamiento mediante un ventilador.
9. En el tubo tendremos dos porciones una en forma de plasma que es la porción donde se encuentran los factores de crecimiento y otra en forma de coagulo de color blanquecino.
- 10 se extrae con una jeringa la porción de plasma sin destapar el frasco y ya en esta porción tenemos los factores de crecimiento para le tratamiento regenerativo
- 11 los factores de crecimiento tienen un tiempo de vida de 3 a 5 minutos por lo que el tratamiento debe aplicarse de forma inmediata al paciente.

Resultados:

El alumno tendrá la capacidad de entender la importancia del uso del plasma rico en plaquetas en el ámbito veterinario.



Cuestionario:

1. ¿Qué es el plasma rico en plaquetas?
2. ¿Qué aplicaciones tiene?
3. ¿Cuál sería el uso del plasma rico en plaquetas en Medicina Veterinaria y Zootecnia?

Observaciones:

Los desechos químicos y biológicos (RPBI), serán eliminados de acuerdo con los lineamientos del CIESA.FMVZ-UAEM.

Cumplir con la reglamentación indicada en los manuales de bioseguridad, protección civil, reglamentos del CIESA y de la Universidad.



Bibliografía:

- Abbas, Abul K., Lichtman, Andrew H., Pillai, Shiv, Cellular. Molecular Immunology. 6th ed. Saunders Elsevier, 2007. ISBN 9788131210345.
- FAO Biotechnologies for Agricultural Development FAO. 2011. ISBN 978-92-5-106906-6.
- Brandenburg, Oliver; Dhlamini, Zephaniah; Sensi, Alessandra; Ghosh, Kakoli; Sonnino, Andrea. Biosafety resource book. FAO. 2011. ISBN 978-92-5106718-5.
- Nagy, A., Gerstenstein, M., Vintersten, K., Behringer, R. Manipulating the Mouse Embryo: A Laboratory Manual (Third Edition) CSHL Press 2003. University of Texas. ISBN 978-087969591-0
- Ormerod, MG. Flow Cytometry: A basic introduction. Wiley, 2008. ISBN 978-0-9559812-0-3
- Adriana Salazar Montes, Ana Sandoval Rodríguez y Juan Armendariz Borunda (2013). Biología Molecular 1º edición. Ed. Mc Graw Hill Education. México, D.F. (PDF)
- Reinhard Renneberg (2008). Biotecnología para principiantes. Editorial Reverté, S.A. Barcelona. España Acceso en: <https://drive.google.com/file/d/1imOcQUXBA836RaXXIT9SC11q1qZslFij/preview>. **2016, English.**
- English version: Reinhard Renneberg, Viola Berkling and Vanya Lorocho (2017): Biotechnology for Beginners. 2nd edition. Ed. Elsevier. United Kingdom. <https://www.elsevier.com/books/biotechnology-for-beginners/renneberg/978-0-12-801224-6>
- William J. Thieman y Michael A. Palladino (2010). Introducción a la Biotecnología. Editorial Pearson Education, S.A. Madrid España. Inglés, 2018 (PDF)
- English Version: William J. Thieman y Michael A. Palladino (2018). Introduction to Biotechnology. 4th edition. Pearson Education, USA.
- Carlos David Castañeda Guillot (2017). Microbiota intestinal, probióticos y prebióticos Enfermería Investiga, Investigación, Vinculación, Docencia y Gestión- Vol. 2 No 4 2017 (Oct-Dic) 156 DOI: <http://dx.doi.org/10.29033/ei.v2n4.2017.07> Artículo de revisión (PDF)
- Elder K; Dale B; Menezó Y; Harper J; and Huntriss J. (2011) In vitro Fertilization ,Thirt Edition Published in the United States of America by Cambridge University Press, New York. (PDF)
- Wiwanitkit V (2009). Cell, Gene and Molecular Therapy: New Concepts. Nova Biomedical Books New York. (PDF)
- Sanberg Cyndy Davis; Sanberg P. (2006) Cell Therapy, Stem Cells, and Brain Repair. Humana Press Inc. Totowa, New Jersey. (PDF)



- Yamashiro H (2014) Recent Advances in Cryopreservation. Publishing Process Manager Technical Editor
- Schneider Maria V., Orchard Sandra, Mayer B (2011) Bioinformatics for Omics Data_ Methods and Protocols-Humana Press.
- Barh D., Blum K., Madigan Margaret A (2012)- Omics _ biomedical perspectives and applications-CRC Press
- Beginning Molecular Biology Laboratory Manual:
<https://userpages.umbc.edu/~jwolf/method1.htm>
- Muhammad Abubakar, Ali Saeed, Oguz Kul, 2015. The Role of Biotechnology in Improvement of Livestock, pringer-Verlag GmbH Berlin Heidelberg
- https://www.academia.edu/76507689/The_Role_of_Biotechnology_in_Improvement_of_Livestock
- Ralf Pörtner, 2020. Animal Cell Biotechnology, Springer Nature
- <https://link.springer.com/book/10.1007/978-1-0716-0191-4>
- Colin Ratledge, Bjørn Kristiansen, 2006. Basic Biotechnology, Third Edition, cambridge university press, The Edinburgh Building, Cambridge CB2 8RU, UK
- chrome-extension://efaidnbmnnnibpcajpcglclefindmkaj/<https://vulms.vu.edu.pk/Courses/BT301/Downloads/Basic%20Biotechnology-Third%20Edition.pdf>
- A.J. Nair. 2008. Introduction to Biotechnology and Genetic Engineering

Información complementaria:

[http://vetmed.tamu.edu/equine-embryo-laboratory/cloning-](http://vetmed.tamu.edu/equine-embryo-laboratory/cloning-research)

[research http://vetmed.tamu.edu/equine-embryo-](http://vetmed.tamu.edu/equine-embryo-laboratory/research-publications)

[laboratory/research-publications](http://vetmed.tamu.edu/equine-embryo-laboratory/research-publications)

<http://www.revistaciencias.com/publicaciones/EEEFuFVpEViYvxb>

[fZt.php http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/)

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>

<http://www.ugr.es/~eianez/Biotecnologia/bioetic>



UAEM

Universidad Autónoma
del Estado de México

Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia

Licenciatura en Medicina Veterinaria y Zootecnia

Reestructuración, 2015



[a.htm](#)