

Genómica Vegetal

Código: 43865
Créditos ECTS: 6

Titulación	Tipo	Curso	Semestre
4316231 Biología, Genómica y Biotecnología Vegetales / Plant Biology, Genomics and Biotechnology	OB	0	1

La metodología docente y la evaluación propuestas en la guía pueden experimentar alguna modificación en función de las restricciones a la presencialidad que impongan las autoridades sanitarias.

Contacto

Nombre: Narciso Campos Martinez
Correo electrónico: Narciso.Campos@uab.cat

Uso de idiomas

Lengua vehicular mayoritaria: inglés (eng)

Equipo docente

Jordi García Mas
Maria Jose Aranzana Civit
Pere Arus
Werner Howad
Raul Castanera Andres
Albert Ferrer Prats
Cristina Roquet Ruíz

Equipo docente externo a la UAB

Riccardo Aiese

Prerequisitos

Buen dominio de inglés
Buena formación en genética, biología molecular e ingeniería genética.

Objetivos y contextualización

Proporcionar una visión global y actualizada de las bases teóricas y tecnológicas relacionadas con el estudio de la organización, la función y la evolución de los genomas de las plantas y sus posibles aplicaciones a la mejora genética de las plantas de cultivo.

Competencias

- Aplicar los conocimientos de genética molecular de las plantas en diferentes ámbitos científicos e industriales.

- Aplicar los conocimientos de los mecanismos funcionales de las plantas desde los diferentes niveles organizativos a la caracterización de los procesos de crecimiento y desarrollo del organismo vegetal entero.
- Desarrollar el razonamiento crítico en el ámbito de estudio y en relación con el entorno científico y empresarial.
- Identificar y utilizar herramientas bioinformáticas para aplicarlas al estudio genético, evolutivo y funcional de los vegetales.
- Que los estudiantes posean las habilidades de aprendizaje que les permitan continuar estudiando de un modo que habrá de ser en gran medida autodirigido o autónomo.
- Que los estudiantes sean capaces de integrar conocimientos y enfrentarse a la complejidad de formular juicios a partir de una información que, siendo incompleta o limitada, incluya reflexiones sobre las responsabilidades sociales y éticas vinculadas a la aplicación de sus conocimientos y juicios.
- Que los estudiantes sepan aplicar los conocimientos adquiridos y su capacidad de resolución de problemas en entornos nuevos o poco conocidos dentro de contextos más amplios (o multidisciplinares) relacionados con su área de estudio.
- Que los estudiantes sepan comunicar sus conclusiones y los conocimientos y razones últimas que las sustentan a públicos especializados y no especializados de un modo claro y sin ambigüedades.
- Sintetizar, analizar alternativas y debatir críticamente.
- Trabajar en un equipo multidisciplinario.
- Utilizar terminología científica para argumentar los resultados de la investigación y saber comunicarlos oralmente y por escrito en inglés en un entorno internacional.
- Utilizar y gestionar información bibliográfica y recursos informáticos en el ámbito de estudio.

Resultados de aprendizaje

1. Aplicar los conocimientos derivados de la identificación de la función de nuevos genes en investigación básica y aplicada.
2. Aplicar aproximaciones de tipo ómico a la identificación de nuevos genes y procesos de interés en investigación básica y aplicada.
3. Aplicar estrategias de secuenciación y anotación de genomas.
4. Aplicar herramientas bioinformáticas al estudio de la sistemática y filogenia vegetal.
5. Aplicar los conocimientos de genómica vegetal al estudio de los mecanismos evolutivos y la sistemática de plantas y hongos.
6. Desarrollar el razonamiento crítico en el ámbito de estudio y en relación con el entorno científico y empresarial.
7. Describir la organización y función de los genomas vegetales.
8. Que los estudiantes posean las habilidades de aprendizaje que les permitan continuar estudiando de un modo que habrá de ser en gran medida autodirigido o autónomo.
9. Que los estudiantes sean capaces de integrar conocimientos y enfrentarse a la complejidad de formular juicios a partir de una información que, siendo incompleta o limitada, incluya reflexiones sobre las responsabilidades sociales y éticas vinculadas a la aplicación de sus conocimientos y juicios.
10. Que los estudiantes sepan aplicar los conocimientos adquiridos y su capacidad de resolución de problemas en entornos nuevos o poco conocidos dentro de contextos más amplios (o multidisciplinares) relacionados con su área de estudio.
11. Seleccionar y aplicar herramientas bioinformáticas a estudios genómicos.
12. Sintetizar, analizar alternativas y debatir críticamente.
13. Trabajar en un equipo multidisciplinario.
14. Utilizar terminología científica para argumentar los resultados de la investigación y saber comunicarlos oralmente y por escrito en inglés en un entorno internacional.
15. Utilizar y gestionar información bibliográfica y recursos informáticos en el ámbito de estudio.

Contenido

- Organización y función del genoma de plantas.
- Estrategias de secuenciación y anotación genómica.

- Herramientas bioinformáticas aplicadas a estudios genómicos.
- Evolución molecular de las plantas.
- Marcadores genéticos y mejoramiento molecular.
- Análisis y función de transcritos.

"*A menos que las restricciones impuestas por las autoridades sanitarias obliguen a una priorización o reducción de estos contenidos."

Metodología

- Sesiones teóricas que cubren los diferentes temas del programa. Las presentaciones de *Powerpoint* estarán disponibles, con antelación, en el *Campus Virtual UAB*.
- Lectura de trabajos de investigación seleccionados para su presentación y discusión en las sesiones del seminario.
- Sesiones prácticas sobre herramientas bioinformáticas aplicadas a estudios genómicos.
- Visita al *Centro Nacional de Análisis Genómico (CNAG-CRG)* en el *Parque Científico de Barcelona*.

"*La metodología docente propuesta puede experimentar alguna modificación en función de las restricciones a la presencialidad que impongan las autoridades sanitarias."

Nota: se reservarán 15 minutos de una clase dentro del calendario establecido por el centro o por la titulación para que el alumnado rellene las encuestas de evaluación de la actuación del profesorado y de evaluación de la asignatura o módulo.

Actividades

Título	Horas	ECTS	Resultados de aprendizaje
Tipo: Dirigidas			
Clases teóricas	17	0,68	2, 4, 5, 1, 3, 7, 6, 9, 11, 15
Prácticas de aula	4	0,16	2, 3, 10, 11, 15
Prácticas de laboratorio informático	10	0,4	2, 4, 5, 3, 10, 11, 13, 15
Seminarios	4	0,16	5, 6, 9, 10, 8, 12, 13, 14
Visita externa	4	0,16	2, 1, 3, 11, 15
Tipo: Supervisadas			
Preparación de presentaciones orales	30	1,2	6, 9, 10, 8, 11, 12, 15, 14
Tipo: Autónomas			
Trabajo de estudio y aprendizaje	80	3,2	6, 10, 8, 12, 13

Evaluación

- Informes escritos (examen y ejercicios sobre bioinformática).

- Presentación oral y defensa de sesión de seminario.
- Asistencia y participación en las clases y sesiones de seminarios.
- El estudiante no será "calificado" cuando la suma de notas de las diferentes evaluaciones no alcance una puntuación mínima de 5.0 (sobre 10).

*La evaluación propuesta puede experimentar alguna modificación en función de las restricciones a la presencialidad que impongan las autoridades sanitarias.

Actividades de evaluación

Título	Peso	Horas	ECTS	Resultados de aprendizaje
Asistencia y participación en las clases y sesiones de seminarios	10%	0	0	6, 12, 13
Informes escritos (examen y ejercicios de bioinformática)	60%	1	0,04	2, 4, 5, 1, 3, 7, 9, 10, 8, 11, 12, 14
Presentación oral y defensa del seminario	30%	0	0	9, 8, 12, 15, 14

Bibliografía

Se proporcionará bibliografía específica (libros, capítulos de libros y artículos de revista) y enlaces útiles relacionados con *Genómica de Plantas* para las diferentes sesiones del programa.

Software

Genómica Vegetal, presentación de la asignatura. Programa de sesiones, seminarios, evaluación, visita al CNAG-CRG.

Organización de genomas vegetales. Genoma nuclear. Ploidía. Regiones codificantes y no codificantes en el genoma. DNA repetitivo. Evolución genética. Pseudogenes. Anotación genómica. Genomas de plastos y mitocondrias. Edición de RNA. Interacciones entre genomas. Epigenómica.

Plasticidad del genoma vegetal y elementos transponibles. Impacto de los elementos transponibles en la estructura y evolución de los genomas vegetales.

Marcadores moleculares. Definición. Tipos de marcadores moleculares. Métodos para la obtención de marcadores moleculares. Métodos de genotipado.

Ligamiento genético: mapeo de genes y rasgos cuantitativos (QTL).

Desequilibrio de ligamiento y **Genome-Wide Association** (GWAS).

Seminario/práctica informática: Jugando con datos de genotipado y construcción de mapas.

Filogenética vegetal y evolución. Evolución molecular vegetal. Conceptos introductorios a la filogenética. Árboles genéticos versus árboles de especies: homología, ortología, paralogía. Evolución concertada. Hibridación e introgresión. Poliploidía. Clasificación de linaje o coalescencia profunda. Marcadores moleculares utilizados en filogenética y filogenómica de plantas.

Herramientas bioinformáticas en estudios filogenómicos. Evaluación de ortología y alineación de secuencias múltiples. Distancias genéticas y modelos de sustitución de nucleótidos. Inferencia filogenética. Análisis de la parsimonia. Métodos probabilísticos (máxima verosimilitud). Medidas de soporte estadístico. Árboles de especies basados en coalescencia.

RNAs codificantes y no codificantes: tipos y funciones biológicas. Polimerasas de RNA. Funciones de los RNAs en la síntesis y procesamiento de proteínas. Mecanismos de silenciamiento por RNAi: transcripcional y postranscripcional. RNAs pequeños: siRNAs y hpRNAs. miRNAs: acción, funciones y aplicaciones. lncRNAs.

Secuenciación de alto rendimiento. Introducción a las plataformas de secuenciación de próxima generación. Ejemplos de aplicaciones: secuenciación de genomas *de novo*, re-secuenciación de genomas, secuenciación del exoma, secuenciación del metiloma.

Tecnologías de secuenciación de próxima generación para transcriptómica. Diseño de experimentos de RNA-seq. Análisis de datos de RNA-seq (Illumina): identificación de genes expresados diferencialmente. Uso práctico de la plataforma AIR.

Visita al "Centro Nacional de Análisis Genómico" (CNAG-CRG). Descripción general del CNAG. Tecnologías de secuenciación de próxima generación. Fundamentos bioinformáticos para secuenciación de próxima generación. Ensamblaje y anotación *de novo* en genomas de plantas

Seminarios. Presentaciones orales de los estudiantes.