

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

Contacto

Nombre: Narciso Campos Martinez

Correo electrónico: narciso.campos@uab.cat

Equipo docente

Merce Galbany Casals

Maria Jose Aranzana Civit

Pere Arus

Werner Howad

Raul Castanera Andres

Albert Ferrer Prats

Uso de idiomas

Lengua vehicular mayoritaria: inglés (eng)

Equipo docente externo a la UAB

Santiago Radio

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.

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*.

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	2	0,08	2, 3, 10, 11, 15
Prácticas de laboratorio informático	10	0,4	2, 4, 5, 3, 10, 11, 13, 15
Seminarios	6	0,24	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).

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)	70%	1	0,04	2, 4, 5, 1, 3, 7, 9, 10, 8, 11, 12, 14
Presentación oral y defensa del seminario	20%	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.