Universitat Autònoma de Barcelona

2023/2024

Genómica Vegetal

Código: 44782
Créditos ECTS: 6

Titulación	Tipo	Curso	Semestre
4318297 Biología, Genómica y Biotecnología Vegetales	OB	0	1

Contacto

Nombre: Narciso Campos Martinez

Correo electrónico: narciso.campos@uab.cat

Idiomas de los grupos

Puede consutarlo a través de este enlace. Para consultar el idioma necesitará introducir el CÓDIGO de la asignatura. Tenga en cuenta que la información es provisional hasta el 30 de noviembre del 2023.

Equipo docente

Luisa Maria Lois Rojas

Ana Montserrat Martin Hernandez

Maria Jose Aranzana Civit

Werner Howad

Raul Castanera Andres

Pere Arús Canals

Cristina Roquet Ruiz

Equipo docente externo a la UAB

Albert Ferrer Prats

Igor Flórez Sarasa

Julia Qüesta

Santiago Radío

Prerrequisitos

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.

Resultados de aprendizaje

- CA05 (Competencia) Reconocer las consideraciones éticas, de responsabilidad social, y legales al uso de datos genómicos valorando el respeto a los derechos humanos, fundamentales, el impacto económico y medioambiental para aplicarlas al entorno científico y profesional, de acuerdo con los Objetivos del Desarrollo Sostenible.
- CA06 (Competencia) Aplicar los conocimientos adquiridos en entornos nuevos o poco conocidos dentro de contextos más amplios (o multidisciplinares) relacionados con la Biología, Genómica y Biotecnología Vegetales.
- KA05 (Conocimiento) Reconocer el papel de las mujeres científicas en el ámbito de la genética y la genómica.
- KA06 (Conocimiento) Definir conceptos relacionados con los genómica vegetal y seleccionar las metodologías de secuenciación y anotación de los genomas vegetales más adecuadas.
- SA09 (Habilidad) Comunicar los resultados de la investigación en la organización y función de los genomas vegetales en inglés oralmente y por escrito utilizando una terminología científica adecuada.
- SA10 (Habilidad) Aplicar los conocimientos de genómico vegetal al estudio de los mecanismos evolutivos y la sistemática de plantas y hongos.
- SA11 (Habilidad) Aplicar aproximaciones de tipo "omico" a la identificación de nuevos genes y procesos de interés en investigación básica y aplicada.
- SA12 (Habilidad) Aplicar herramientas bioinformáticas a estudios genómicos de sistemática y filogenia vegetal.

Contenido

- Organización, función y regulación del genoma de plantas.

- Análisis y función de transcritos.

- Evolución molecular de las plantas.

- Marcadores genéticos y mejoramiento molecular.

- Estrategias de secuenciación y anotación genómica.

- Aproximaciones ómicas

- Herramientas bioinformáticas aplicadas a estudios ómicos.

Metodología

- Sesiones teóricas de los diferentes temas del programa. Las presentaciones de Powerpoint estarán disponibles en el Campus Virtual UAB.

- Lectura y análisis de trabajos de investigación seleccionados, por parte de los estudiantes, para su presentación y discusión en las sesiones de seminario.

- Sesiones prácticas sobre herramientas bioinformáticas aplicadas a estudios ómicos.

- 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 la titulación, para que el alumnado rellene las encuestas de evaluación de la actuación del profesorado y de evaluación de la asignatura.

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	24	0,96	KA05, KA06, SA10, SA11, SA12, KA05
Prácticas de aula	4	0,16	KA06, SA12, KA06
Prácticas de laboratorio informático	10	0,4	KA06, SA10, SA11, KA06
Seminarios	4	0,16	CA05, CA06, KA05, SA09, CA05
Visita externa	4	0,16	CA06, KA06, CA06
Tipo: Supervisadas			
Preparación de presentaciones orales y memoria escrita para seminarios	52	2,08	CA05, CA06, SA09, CA05
Tipo: Autónomas			
Trabajo de estudio y aprendizaje	50	2	KA06, SA10, SA11, KA06

Evaluación

- Informe escrito de la práctica de filogenómica

- Informe escrito del trabajo presentado en el seminario

- Presentación oral y defensa en la sesión de seminario

- Asistencia y participación en las clases y seminario

- El estudiante superará la asignatura cuando la suma de sus calificaciones alcance un mínimo de 5 sobre 10

Esta asignatura no contempla el sistema de evaluación única

Actividades de evaluación continuada

Título	Peso	Horas	ECTS	Resultados de aprendizaje

Examen escrito	30	2	0,08	KA06, SA10, SA11, SA12
Informe escrito (filogenómica)	20	0	0	CA06, KA06, SA09, SA10, SA12
Informe escrito (seminario)	25	0	0	CA06, KA06, SA09, SA10, SA11
Presentación oral (seminario)	25	0	0	CA05, CA06, KA05, KA06, SA09, SA10, SA11

Bibliografía

Se proporcionará bibliografía específica (libros, capítulos de libro y artículos de revista) y enlaces útiles relacionados con Genómica de Plantas en las diferentes sesiones de la asignatura.

Software

Genómica Vegetal, presentación de la asignatura. Programa de sesiones. Seminarios. Evaluación. Visita al CNAG-CRG.

Organización de los genomas vegetales. Genoma nuclear. Ploidía. Regiones codificantes y no codificantes del genoma. DNA repetitivo. Evolución de genes. Pseudogenes. Anotación genómica. Genomas de plástidos y mitocondrias. Edición de ARN. Interacción entre genomas celulares.

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

RNA codificante y no codificante: tipos y funciones biológicas. RNA polimerasas. Funciones del RNA en la síntesis y el procesamiento de proteínas. Mecanismos de silenciamiento por RNA_i: transcripcional y postranscripcional. Pequeños RNAs: siRNAs y hpRNAs. miRNAs: acción, roles y aplicaciones. lncRNA.

Epigenómica. Estructura de la cromatina y estado de actividad. Marcas epigenéticas en plantas. Metilación del DNA. Código de histonas.

Proteómica.

Metabolómica.

Fenotipado y fenómica.

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

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

Desequilibrio de ligamiento y asociación del genoma completo (GWAS).

Práctica informática sobre datos de genotipado y construcción de mapas.

Filogenética y evolución de las plantas. Evolución molecular de plantas. Conceptos introductorios a la filogenética. Árboles de genes versus árboles de especies: homología, ortología, paralogía. Evolución concertada. Hibridación e introgresión. Poliploidía. Clasificación de linajes 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 parsimonia. Métodos Probabilísticos (Máxima Verosimilitud). Medidas de apoyo estadístico. Árboles de especies de base coalescente.

Secuenciación de alto rendimiento. Introducción a las plataformas de secuenciación de última generación. Ejemplos de aplicaciones: secuenciación del genoma *de novo*, resecuenciación del genoma, secuenciación del exoma, secuenciación del metiloma.

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

Visita el "Centro Nacional de Análisis Genómico" (CNAG-CRG). Panorámica del CNAG. Tecnologías de secuenciación *next-generation*. Fundamentos de la bioinformática para la secuenciación *next-generation*. Ensamblaje y anotación *de novo* en genomas de plantas

Seminarios. Exposición oral de trabajos de investigación publicados, por parte de los estudiantes.