



1. DATOS BÁSICOS DEL TFG:

Título: Análisis evolutivo en poblaciones naturales de liliáceas

Descripción general (resumen y metodología):

En el genoma de los eucariotas existe una gran variedad de secuencias repetidas que forman parte de lo que se conoce como ADN no génico. Podemos distinguir entre secuencias que se disponen en tándem (los microsatélites, minisatélites y el ADN satélite) o dispersas en los genomas (SINES, LINEs, transposones...). También hay que incluir las familias multigénicas como los genes de los ARN transferentes o como los genes ribosómicos. Las secuencias repetidas, como el ADN satélite y los espaciadores de los genes ribosómicos, evolucionan a un ritmo muy superior al de otras fracciones del genoma eucariota y, por lo general, siguen una pauta evolutiva conocida como evolución concertada. La evolución rápida y concertada del ADN satélite

Metodología

1. Extracción de ADN

Se emplearán tejidos foliares jóvenes, procesados bajo condiciones de asepsia y macerados en nitrógeno líquido para preservar la integridad del ADN. Para la extracción se utilizará preferentemente kits comerciales (por ejemplo, DNeasy Plant Mini Kit, QIAGEN) con purificación en columnas de sílice para obtener ADN de alta calidad. La calidad y cantidad del ADN se verifican mediante espectrofotometría y electroforesis en gel de agarosa.

2. Amplificación de regiones génicas

Se seleccionarán marcadores nucleares (microsatélites, ITS, espaciadores ribosómicos), cloroplastidiales (matK, rbcL, trnL-F, psbA-trnH) y mitocondriales (nad1, cox1). La amplificación se realizará mediante PCR convencional, optimizando las condiciones para cada tipo de marcador y especie.

3. Secuenciación y ensamblaje genómico

El ADN de los orgánulos secuenciará mediante tecnologías de secuenciación masiva (NGS), preferiblemente en plataformas Illumina (MiSeq, NovaSeq) para obtener datos de alta cobertura. Para el ensamblaje de los genomas mitocondrial y cloroplastidial completos, se emplearán softwares como NOVOPlasty, GetOrganelle, y SPAdes, que permiten reconstruir genomas circulares a partir de lecturas NGS.

El análisis bioinformático incluirá la limpieza de secuencias (Trimmomatic), alineamiento (MAFFT, Clustal Omega), detección de variantes (GATK, FreeBayes) y análisis filogenético (RAxML, IQ-TREE).

4. Análisis de datos y aplicaciones evolutivas

Se realizarán análisis de diversidad genética (Arlequin, GenAlEx), estructura poblacional (STRUCTURE, ADMIXTURE) y filogenia comparada (BEAST, MrBayes). Los resultados permitirán inferir relaciones evolutivas, eventos de hibridación, poliploidía y dispersión geográfica en Liliaceae.

Tipología: Trabajos experimentales, de toma de datos de campo o de laboratorio.

Objetivos planteados:

Objetivos

Caracterizar la diversidad genética y las relaciones evolutivas en plantas liliáceas mediante marcadores nucleares, mitocondriales y cloroplastidiales.

Evaluar la utilidad de diferentes secuencias repetidas (microsatélites, ADN satélite, espaciadores ribosómicos) y regiones organelares en la resolución de linajes y eventos de especiación.

Comparar patrones de evolución concertada y divergente en los distintos compartimentos genómicos.

Aplicar estos marcadores a estudios de filogenia, hibridación y poliploidía en especies de la familia Liliaceae.

Bibliografía básica:

Pamela S Soltis, D Blaine Marchant, Yves Van de Peer, Douglas E Soltis,. Polyploidy and genome evolution in plants. Current Opinion in Genetics & Development. Volume 35, 2015, Pages 119-125. <https://doi.org/10.1016/j.gde.2015.11.003>
MICHAEL D. BENNETT, ILIA J. LEITCH. CHAPTER 2 - Genome Size Evolution in Plants. Editor(s): T. Ryan Gregory. The Evolution of the Genome, Academic Press, 2005. Pages 89-162, <https://doi.org/10.1016/B978-012301463-4/50004-8>

Recomendaciones y orientaciones para el estudiante:

Estar cursando o haber cursado Genética de la conservación y del medio ambiente

Plazas: 1

2. DATOS DEL TUTOR/A:

Nombre y apellidos: CARMELO RUIZ REJÓN

Ámbito de conocimiento/Departamento: GENÉTICA

Correo electrónico: carmelo@ugr.es

3. COTUTOR/A DE LA UGR (en su caso):

Nombre y apellidos: ROBERTO DE LA HERRÁN MORENO

Ámbito de conocimiento/Departamento: GENÉTICA

Correo electrónico: rherran@ugr.es

4. COTUTOR/A EXTERNO/A (en su caso):

Nombre y apellidos:

Correo electrónico:

Nombre de la empresa o institución:

Dirección postal:

Puesto del tutor en la empresa o institución:

Centro de convenio Externo:

5. DATOS DEL ESTUDIANTE:

Nombre y apellidos:

Correo electrónico: