



1. DATOS BÁSICOS DEL TFG:

Título: Caracterización de microRNAs en ácaros parasitiformes

Descripción general (resumen y metodología):

Los microRNAs son genes no-codificantes con importantes funciones en la regulación de la expresión génica (1). Después de un proceso de maduración, el microRNA maduro de unos 22 nt de longitud se une al complejo proteico RISC donde asiste en determinar los genes dianas mediante complementariedad de secuencia. Durante la última década la importancia de estas moléculas pequeñas de ARN en la interacción entre parásitos y sus hospedadores ha quedado cada vez más patente. Por ejemplo, se ha podido demostrar como los microRNAs secretados mediante vesículas por el nematodo gastrointestinal *Heligmosomoides polygyrus* tienen la capacidad de manipular el sistema inmune del hospedador (2). La garrapata *Ixodes ricinus* se alimenta de su hospedador durante hasta 10 días sin que este note picor o presente una respuesta inmune mayor. Existen primeros indicios que los microRNAs de la garrapata contenidos en su saliva pueden desempeñar un papel importante en este proceso (3).

Habitualmente, la anotación de los microRNAs de una especie se lleva a cabo en dos pasos. Primero, detectar los genes conocidos y altamente conservados. Por ejemplo, MirMachine (4) emplea modelos de covarianza entrenados con anotaciones manuales de MirGeneDB (5). Para la predicción de nuevos microRNAs se requiere datos de secuenciación masiva que permiten detectar la presencia de propiedades de un verdadero microRNAs como las protuberancias de 2nt y la alta homogeneidad en el extremo 5' de las lecturas que pertenecen al mismo microRNA (6).

En este TFG se propone investigar el posible papel de los microRNAs de garrapata con un especial enfoque en nuevos genes. Para ello se anotará diferentes genomas de especies que en la actualidad no tienen un complemento de microRNA en ninguna base de datos pública. A continuación se intentará determinar características comunes de los microRNAs entre ácaros hematófagos pero no presentes en otros ácaros o especies hematófagos de otros subfilos de los artrópodos. Una vez determinados los microRNAs únicos o cambios evolutivos restringidos a las garrapatas, las funciones de estos se determinarán mediante métodos *in silico* de enriquecimiento funcional.

Tipología: Trabajo de investigación o desarrollo bioinformático

Objetivos planteados:

- Determinar las especies de parasitiformes para las que existen datos de secuenciación de ARN pequeño en el repositorio público SRA y un ensamblado genómico
- Definir un conjunto de especies hematófagas que no pertenecen al subfilo Chelicerata que pueden servir de control negativo
- Predecir microRNAs nuevos empleando datos de secuenciación y la herramienta sRNAbench
- Determinar el catálogo de microRNAs conservados mediante la herramienta MirMachine
- Generar un complemento de microRNAs para cada especie
- Detectar características únicas en Parasitiformes que pueden ser: i) microRNAs restringidos a ese superorden o ii) cambios evolutivos en la secuencia del microRNA solo presente en ácaros hematófagos.
- Determinar las posibles funciones de estos microRNAs mediante métodos de enriquecimiento funcional.

Bibliografía básica:

- 1) Bartel DP. (2018) Metazoan MicroRNAs. Cell. 2018 Mar 22;173(1):20-51. doi: 10.1016/j.cell.2018.03.006. PMID: 29570994; PMCID: PMC6091663.
- 2) Buck AH et. al. (2014) Exosomes secreted by nematode parasites transfer small RNAs to mammalian cells and modulate innate immunity. Nat. Commun Nov 25;5:5488. doi: [10.1038/ncomms6488](https://doi.org/10.1038/ncomms6488)
- 3) Hackenberg M (2017) In silico target network analysis of de novo-discovered, tick saliva-specific microRNAs reveals important combinatorial effects in their interference with vertebrate host physiology
- 4) Umu SU. et al. (2023) Accurate microRNA annotation of animal genomes using trained covariance models of curated microRNA complements in MirMachine. Cell Genomics. Volume 3, Issue 8, 9 August 2023, 100348 <https://doi.org/10.1016/j.xgen.2023.100348>
- 5) Clarke AW, Høye E, et. Al. (2025) MirGeneDB 3.0: improved taxonomic sampling, uniform nomenclature of novel conserved microRNA families and updated covariance models. Nucleic Acids Res. 2025 Jan 6;53(D1):D116-D128. doi: 10.1093/nar/gkae1094.
- 6) Gómez-Martín C, Aparicio-Puerta E, Hackenberg M (2023) sRNAtoolbox: Dockerized Analysis of Small RNA Sequencing Data in Model and Non-model Species. Methods Mol Biol . doi: 10.1007/978-1-0716-2982-6_13.

Recomendaciones y orientaciones para el estudiante:**Plazas:** 1**2. DATOS DEL TUTOR/A:****Nombre y apellidos:** MICHAEL HACKENBERG**Ámbito de conocimiento/Departamento:** GENÉTICA**Correo electrónico:** hackenberg@ugr.es**3. COTUTOR/A DE LA UGR (en su caso):****Nombre y apellidos:****Ámbito de conocimiento/Departamento:****Correo electrónico:****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: