UNIVERSIDAD DE GRANADA

FACULTAD DE CIENCIAS

Propuesta TFG. Curso 2025/2026

GRADO: Grado en Biología

CÓDIGO DEL TFG: 200-225-2025/2026

1. DATOS BÁSICOS DEL TFG:

Título: Cuantificación de la distribución espacial de los hsiRNA en los cromosomas de plantas

Descripción general (resumen y metodología):

En las plantas existe una alta diversidad de moléculas no-codificantes con diferentes funciones como los miRNA, siRNA o hsiRNA. Estas últimas suelen tener una longitud característica de 24 nt y actúan en la metilación del ADN dirigida por ARN (RNA-directed DNA methylation - RdDM). En la generación de estas moléculas actúan la polimerasa IV, especifica de plantas, la ARN polimerasa dependiente de ARN (RDR2) y la proteína DCL3 (Dicer-like 3). Una vez generadas, se unen a una proteína de la familia Argonaute (AGO4, AGO6, AGO9) buscando secuencias complementarias producidas por la polimerasa V. Después de la unión, con la ayuda de distintos cofactores, se atrae a la ADN metilasa DRM2 que añade grupos de metilo, marcas epigenéticas represivas a las citosinas flanqueantes. Se ha descrito que las hsiRNA se producen sobre todo en regiones con alto contenido en elementos transponibles ayudando así a controlar la expresión de estas secuencias. De esta forma, este mecanismo es crucial para mantener la estabilidad del genoma.

Recientemente se ha descrito que la expresión de hsiRNA es muy estable entre diferentes cultivares de la cebada mientras que se puede observar grandes diferencias en otros tipos de ARN pequeños. Así mismo, los hsiRNA parecen los menos conservados entre todos los tipos de ARN no-codificante en plantas.

La base de datos miSRA contiene docenas de miles de conjuntos de datos de secuenciación masiva para ARN pequeño en plantas. Mediante la herramienta sRNAbench, se pueden generar los perfiles de expresión de los hsiRNA a lo largo de los cromosomas.

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

Objetivos planteados:

1. Seleccionar los datos de secuenciación de la base de datos miSRA. Estos datos deben cubrir las especies modelo mas importante de plantas, diferentes tejidos y datos de plantas con estrés abiótico.
2. Generar los perfiles de expresión mediante la herramienta sRNAbench.
3. Implementar diferentes métodos para cuantificar la distribución espacial de los hsiRNA a lo largo de un cromosoma. Estos métodos incluyen al coeficiente de clusterización y la agrupación por cercanía y significación estadística.
4. Comparar los patrones encontrados entre diferentes tejidos y condiciones
5. Calcular el grado de conservación de los hsiRNAs y determinar si existen hsiRNAs altamente conservados.

Bibliografía básica:

Axtell MJ. Classification and comparison of small RNAs from plants. Annu Rev Plant Biol. 2013;64:137-59. doi: 10.1146/annurev-arplant-050312-120043. Epub 2013 Jan 16. PMID: 23330790.

Matzke MA, Mosher RA. RNA-directed DNA methylation: an epigenetic pathway of increasing complexity. Nat Rev Genet. 2014 Jun;15(6):394-408. doi: 10.1038/nrg3683. Epub 2014 May 8. Erratum in: Nat Rev Genet. 2014 Aug;15(8):570. PMID: 24805120.

Erdmann RM, Picard CL. RNA-directed DNA Methylation. PLoS Genet. 2020 Oct 8;16(10):e1009034. doi: 10.1371/journal.pgen.1009034. PMID: 33031395; PMCID: PMC7544125.

Hackenberg M, Rueda A, Gustafson P, Langridge P, Shi BJ. Generation of different sizes and classes of small RNAs in barley is locus, chromosome and/or cultivar-dependent. BMC Genomics. 2016 Sep 15;17(1):735. doi: 10.1186/s12864-016-3023-5. PMID: 27633252; PMCID: PMC5025612.
Aparicio-Puerta E, Gómez-Martín C, Giannoukakos S, Medina JM, Scheepbouwer C, García-Moreno A, Carmona-Saez P, Fromm B, Pegtel M, Keller A, Marchal JA, Hackenberg M. sRNAbench and sRNAtoolbox 2022 update: accurate miRNA and sncRNA profiling for model and non-model organisms. Nucleic Acids Res. 2022 Jul 5;50(W1):W710-W717. doi: 10.1093/nar/gkac363. PMID: 35556129; PMCID: PMC9252802.
Gómez-Martín C, Aparicio-Puerta E, Hackenberg M. sRNAtoolbox: Dockerized Analysis of Small RNA Sequencing Data in Model and Non-model Species. Methods Mol Biol. 2023;2630:179-213. doi: 10.1007/978-1-0716-2982-6_13. PMID: 36689184.

Recomendaciones y orientaciones para el estudiante:

Se recomienda un nivel básico de programación en Python y R y manejo del sistema operativo Linux antes de iniciar este TFG

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: José Maria Medina Muñoz

Ámbito de conocimiento/Departamento: GENÉTICA

Correo electrónico: chemamm@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: MARIA DEL CARMEN NOGUERA FERNANDEZ

Correo electrónico: mcnogfer@correo.ugr.es