UNIVERSIDAD DE GRANADA

FACULTAD DE CIENCIAS

Propuesta TFG. Curso 2024/2025

GRADO: Grado en Biotecnología

CÓDIGO DEL TFG: 251-026-2024/2025

1. DATOS BÁSICOS DEL TFG:

Título: Regulación en respuesta a microoxia en rizobios: Interrelación entre factores de transcripción tipo FixK y FnrN ortólogos

Descripción general (resumen y metodología):

Los rizobios son bacterias del suelo capaces de establecer simbiosis con plantas leguminosas, originando unas estructuras radiculares, los nódulos, donde tiene lugar el proceso de fijación de nitrógeno en condiciones limitantes de oxígeno (microoxia) (1). La percepción y la transducción de la señal de microoxia en rizobios está mediada por proteínas conservadas, que se integran en redes de regulación específicas (1, 2).

En Bradyrhizobium diazoefficiens, la proteína $FixK_2$ juega un papel central en la cascada de regulación FixLJ-$FixK_2$, que percibe la microoxia a nivel del sistema FixLJ y controla un conjunto de genes esenciales en vida libre y en simbiosis (3). $FixK_2$ pertenece al clado FixK de la familia CRP/FNR de factores transcripcionales (4), y, en particular, activa la expresión de sus dianas mediante la unión a un palíndromo conservado presente en sus promotores. En otros rizobios como Rhizobium leguminosarum, la percepción de la microoxia tiene lugar a dos niveles, por la cascada alternativa hFixL-FxkR-FixK y por el regulador FnrN, un ortólogo de $FixK_2$ (1, 2).

En este contexto, sería interesante analizar si la proteína $FixK_2$ de B. diazoefficiens actuaría como análogo funcional de FnrN de R. leguminosarum respecto a la activación de sus dianas, aunque la percepción de la señal de microoxia por ambos reguladores sea diferente (indirecta o directa). Para ello, se realizarán experimentos in vivo e in vitro que integran técnicas de microbiología, biología molecular, bioquímica y bioinformática, los cuales permitirán dilucidar una posible interrelación funcional entre estos dos ortólogos pertenecientes clados distintos de la familia CRP/FNR.

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

Objetivos planteados:

Para ello, se realizarán:

- experimentos in vivo e in vitro que integran técnicas de microbiología, biología molecular y bioquímica los cuales aportarán datos funcionales entre estos dos genes ortólogos pertenecientes a clados distintos de la familia CRP/FNR.
- Anaíisis bioinformáticos de los datos experimentales obtenidos con el fin de encontrar los patrones especificos reconocidos por cada ortólogo así como las posible dianas alternativas

Bibliografía básica:

1. Rutten & Poole (2019). Adv. Microb. Physiol. 75: 325-389.
2. Rutten et al. (2021). PLoS Genet 17:e1009099.
3. Mesa et al. (2008). J. Bacteriol. 190: 6568-6579.
4. Matsui et al. (2013). Genome Biol Evol 5: 267-282.

Recomendaciones y orientaciones para el estudiante:

Este trabajo implica una parte experimental y una parte bioinformática.

Preferiblemente, el desarrollo del Trabajo de Fin de Grado se llevará a cabo en periodos continuados, sobre todo lo relacionado con la parte experimental.

Es aconsejable tener conocimientos de bioinformática y o interés en su aprendizaje.

Es aconsejable la capacidad de leer textos y redactar en inglés a nivel medio.

Plazas: 1

2. DATOS DEL TUTOR/A:

Nombre y apellidos: MARÍA CORAL DEL VAL MUÑOZ

Ámbito de conocimiento/Departamento: CIENCIAS DE LA COMPUTACIÓN E INTELIGENCIA ARTIFICIAL

Correo electrónico: delval@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: Socorro Mesa Banqueri

Correo electrónico: socorro.mesa@eez.csic.es

Nombre de la empresa o institución: EEZ, CSIC

Dirección postal: C/ Profesor Albareda s/n

Puesto del tutor en la empresa o institución: Investigador

Centro de convenio Externo:

5. DATOS DEL ESTUDIANTE:

Nombre y apellidos:

Correo electrónico: