



## 1. DATOS BÁSICOS DEL TFG:

**Título:** Uso de transposones como marcadores de diversidad genética

**Descripción general** (resumen y metodología):

La aparición de la genómica ha supuesto una revolución en prácticamente todos los campos de las ciencias de la vida y la bajada continua de precios desde su desarrollo ha hecho posible su aplicación para responder problemas muy variados. Sin embargo, aplicaciones que requieran secuenciar un gran número de individuos pueden seguir teniendo una viabilidad limitada debido a los grandes presupuestos necesarios para las mismas. Tal es el caso de la aplicación de la genómica a la monitorización de diversidades genéticas poblacionales, que necesitarían la secuenciación de un número suficiente de individuos y su comparación con el mismo número de secuencias realizadas a lo largo del tiempo. Este proyecto intenta evaluar la capacidad de las regiones repetidas (tales como los transposones) secuenciadas a baja cobertura para obtener estimas de diversidad genética comparables con las obtenidas a partir de lecturas del genoma completo a gran cobertura. Para ello utilizaremos una aproximación *in silico* en la que analizaremos lecturas de diferentes especies, calcularemos la diversidad genética de poblaciones en función de ellos y la compararemos con las obtenidas a partir de las regiones de transposones.

Este trabajo NO HA SIDO PROPUESTO POR EL ALUMNADO, si no por el tutor. Alumno y tutor están de acuerdo en que este tema sea desarrollado por el primero para la realización de su TFG

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

**Objetivos planteados:**

El objetivo general de esta propuesta es estudiar la capacidad de los transposones para cuantificar la diversidad genética de poblaciones naturales mediante el uso de secuenciación masiva a baja cobertura. Para conseguir este objetivo general perseguiremos los siguientes objetivos específicos: 1) Cuantificar la correlación entre la diversidad genética obtenida mapeando lecturas a un genoma de referencia con la obtenida a partir de un subconjunto de lecturas propias de transposones. 2) Evaluar el efecto de la cobertura en dicha calidad de dicha correlación.

**Bibliografía básica:**

1. Alzohairy, A. M., Gyulai, G., Ramadan, M. F., Edris, S., Sabir, J. S., Jansen, R. K., Eissa HF, Bahieldin A. (2014). Retrotransposon-based molecular markers for assessment of genomic diversity. *Functional Plant Biology*, 41(8), 781-789.
2. Bao, W., Kojima, K.K., Kohany, O. Repbase Update, a database of repetitive elements in eukaryotic genomes. *Mob DNA*, 2015;6:11.
3. Chen, J., Hu, Q., Zhang, Y., Lu, C. and Kuang, H. (2013) P-MITE: a database for plant miniature inverted-repeat transposable elements. *Nucleic Acids Res.* doi: 10.1093/nar/gkt1000.
4. Dodsworth, S. (2015). Genome skimming for next-generation biodiversity analysis. *Trends in Plant Science*, 20(9), 525-527.
5. Frankham, R. (2005) Genetics and extinction. *Biological Conservation*, 126, 131-140.
6. Guyot, R., Darré, T., Dupeyron, M., de Kochko, A., Hamon, S., Couturon, E., ... & Hamon, P. (2016). Partial sequencing reveals the transposable element composition of *Coffea* genomes and provides evidence for distinct evolutionary stories. *Molecular Genetics and Genomics*, 291(5), 1979-1990.
7. Idrees, M., & Irshad, M. (2014). Molecular markers in plants for analysis of genetic diversity:

areview. European academic research, 2(1), 1513-1540.

8. Jiang, N., Feschotte, C., Zhang, X., & Wessler, S. R. (2004). Using rice to understand the origin and amplification of miniature inverted repeat transposable elements (MITEs). *Current opinion in plant biology*, 7(2), 115-119.

9. Jurka, J., Kapitonov, V.V., Pavlicek, A., Klonowski, P., Kohany, O., Walichiewicz, J. (2005) RepbaseUpdate, a database of eukaryotic repetitive elements. *Cytogenetic and Genome Research* 110:462-467.

10. Makałowski, W., Gotea, V., Pande, A., Makałowska, I. Transposable elements: Classification, identification, and their use as a tool for comparative genomics. In *Evolutionary Genomics: STATISTICAL and Computational Methods, Methods in Molecular Biology*; Anisimova, M., Ed.; Springer: New York, NY, USA, 2019; Volume 1910.

11. NCBI Resource Coordinators (2016). Database resources of the National Center for Biotechnology Information. *Nucleic acids research*, 44(D1), D7-D19. <https://doi.org/10.1093/nar/gkv1290>.

12. Paetkau, D., Waits, L. P., Clarkson, P. L., Craighead, L., Vyse, E., Ward, R., & Strobeck, C. (1998). Variation in genetic diversity across the range of North American brown bears. *Conservation Biology*, 12(2), 418-429.

13. R Core Team (2021). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL: <https://www.R-project.org/>.

14. Schulman, A. H. (2007). Molecular markers to assess genetic diversity. *Euphytica*, 158(3), 313-321.

15. Suoniemi, A., Tanskanen, J., & Schulman, A. H. (1998). Gypsy-like retrotransposons are widespread in the plant kingdom. *The Plant Journal*, 13(5), 699-705.

16. Väli, Ü., Einarsson, A., Waits, L., & Ellegren, H. (2008). To what extent do microsatellite markers reflect genome-wide genetic diversity in natural populations?. *Molecular ecology*, 17(17), 3808-3817.

17. Vignal, A., Milan, D., San Cristobal, M., & Eggen, A. (2002). A review on SNP and other types of molecular markers and their use in animal genetics. *Genetics selection evolution*, 34(3), 275-305.

18. Vitte C, Panaud O (2005) LTR retrotransposons and flowering plant genome size: emergence of the increase/decrease model. *Cytogenetic and Genome Research* 110, 91-107.

19. Wicker, T.; Sabot, F.; Hua-Van, A.; Bennetzen, J.L.; Capy, P.; Chalhoub, B.; Flavell, A.; Leroy, P.; Morgante, M.; Panaud, O.; et al. A unified classification system for eukaryotic transposable elements. *Nature Reviews Genetics*. 2007, 8(12), 973-982.

20. Wetterstrand KA. DNA Sequencing Costs: Data from the NHGRI Genome Sequencing Program (GSP) Available at: <https://www.genome.gov/sequencingcostsdata>.

### **Recomendaciones y orientaciones para el estudiante:**

**Plazas:** 1

### **2. DATOS DEL TUTOR/A:**

**Nombre y apellidos:** ANTONIO JESÚS MUÑOZ PAJARES

**Ámbito de conocimiento/Departamento:** GENÉTICA

**Correo electrónico:** [ajesusmp@ugr.es](mailto:ajesusmp@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:** RAUL BURGOS MORATA

**Correo electrónico:** rbm214@correo.ugr.es