



UNIVERSIDAD DE JAÉN

Anexo II

TITULACIÓN: Grado en Biología

MEMORIA INICIAL DEL TRABAJO FIN DE GRADO

CENTRO: Facultad de Ciencias Experimentales

CURSO ACADÉMICO: 2013-14



UNIVERSIDAD DE JAÉN

Facultad de Ciencias Experimentales

Título del Trabajo Fin de Grado:Análisis transcriptómico mediante RNAseq en el olivo

1. DATOS BÁSICOS DE LA ASIGNATURA

NOMBRE: Trabajo Fin de Grado

CÓDIGO: 10216001

CARÁCTER: Obligatorio

Créditos ECTS: 12

CURSO:Cuarto

CUATRIMESTRE:Segundo

2. TUTOR/COTUTOR(en su caso)

Francisco Luque Vázquez / Jaime Jiménez Ruiz

3. VARIANTE Y TIPO DE TRABAJO FIN DE GRADO (Artículo 8 del Reglamento de los Trabajos Fin de Grado)

Experimental



UNIVERSIDAD DE JAÉN

4. COMPETENCIAS Y RESULTADOS DE APRENDIZAJE

Competencias generales:

CG6. Realizar análisis crítico de trabajos científicos y familiarizarse con su estructura.

CG7. Utilizar las fuentes de información dentro del ámbito de las Ciencias de la Vida.

CG9. Aplicar los principios básicos del pensamiento y del método científico.

Competencias transversales:

CT1. Adquirir capacidad de gestión de la información, análisis y síntesis

CT3. Ser capaz de comunicarse correctamente de forma oral y escrita en la lengua materna

CT4. Conocer una lengua extranjera

CT6. Desarrollar actitudes críticas basadas en el conocimiento

CT7. Ser capaz de realizar aprendizaje autónomo para el desarrollo continuo profesional

CT8. Ser capaz de adaptarse a nuevas situaciones y de tomar decisiones

CT9. Tener sensibilidad hacia temas de índole social y medioambiental

Competencias Específicas:

CE10. Ser capaz de utilizar aplicaciones informáticas para el estudio de biomoléculas.

CE27. Diseñar experimentos, analizar datos y resolver problemas planteados en la experimentación con plantas.

CE30. Diseñar y aplicar procesos biotecnológicos.

CE33. Valorar los aspectos sociales en la investigación con plantas.

CE35. Ser capaz de llevar a cabo asesoramiento científico y técnico sobre temas relacionados con el crecimiento y desarrollo de las plantas.

CE36. Conocer y comprender los conceptos básicos y procedimientos propios de la Genética.

CE40. Adquirir la capacidad de análisis, interpretación, valoración, discusión y comunicación de los datos procedentes de los experimentos genéticos.

CE41. Ser capaz de utilizar programas informáticos de análisis de secuencias de ácidos nucleicos y proteínas.

Resultados de aprendizaje

Resultado 216001A	Capacidad de integrar creativamente sus conocimientos para resolver un problema biológico real.
Resultado 216001B	Capacidad para estructurar una defensa sólida de los puntos de vista personales apoyándose en conocimientos científicos bien fundados.
Resultado 216001C	Destreza en la elaboración de informes científicos complejos, bien estructurados y bien redactados.
Resultado 216001D	Destreza en la presentación oral de un trabajo, utilizando los medios audiovisuales más habituales.

5. ANTECEDENTES

El olivo es uno de los cultivos más antiguos y ampliamente distribuido en la cuenca mediterránea, adaptado al clima de esta región geográfica donde forma parte integrante de los paisajes como un elemento más de los ecosistemas mediterráneos y de su cultura. España es la primera productora mundial siendo la región olivarera por excelencia Andalucía y dentro de ésta, la provincia de Jaén.



UNIVERSIDAD DE JAÉN

Conocer el mapa genético del olivo representa una información clave para obtener variedades más productivas y rentables, libres de enfermedades, y aceites de mayor calidad o con características más beneficiosas para la salud.

Las nuevas técnicas de secuenciación masiva (NGS-NextGenerationSequencing), están generando enormes cantidades de datos genómicos cuyo análisis está siendo el factor limitante en la mayoría de los estudios. Aun así, la mayoría de estos procesos pueden automatizarse, pero la interpretación y el correcto juicio de los mismos son esenciales para dilucidar las complejas relaciones biológicas existentes entre ellos. El análisis de expresión a nivel de ARN (RNAseq) genera una aproximación más precisa de la información generada por otros métodos. La accesibilidad de la secuenciación del transcriptoma y la flexibilidad a la hora de elección de distintas muestras a diferentes tiempos, tejidos e incluso de varios organismos al mismo tiempo hace del estudio transcriptómico (RNAseq) una alternativa adecuada en los diseños experimentales.

Conocer las herramientas bioinformáticas disponibles para el análisis de estos datos son siempre de interés para la formación del alumno.

6. HIPÓTESIS DE TRABAJO

Mejora del transcriptoma del olivo usando herramientas bioinformáticas.

7. BREVE DESCRIPCIÓN DE LAS ACTIVIDADES A REALIZAR

Análisis de técnicas de gestión y manipulación de datos procedentes de secuenciación masiva que incluyen el ensamblaje de un transcriptoma *de novo*, análisis de la expresión y anotación funcional del mismo.

Breve introducción al lenguaje "Unix".

Aplicación de las herramientas anteriormente evaluadas para la mejora del transcriptoma del olivo.

8. DOCUMENTACIÓN/BIBLIOGRAFÍA

Bases de datos de NCBI, artículos científicos y diversas herramientas bioinformáticas de libre acceso.

9. CRONOGRAMA PROVISIONAL

Este trabajo se realizará en horario de mañana y/o tarde dependiendo de la disponibilidad del alumno y coordinando el trabajo bibliográfico y de bioinformática