



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 de respuesta a estrés en el olivo mediante secuenciación masiva.

**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)**

**TUTOR:** Francisco Luque Vázquez / **COTUTORA:** M<sup>a</sup> de la O Leyva Pérez

**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

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

#### 5. ANTECEDENTES

Los factores ambientales son los principales determinantes del crecimiento y desarrollo de plantas. Si los factores ambientales no son óptimos para el crecimiento, éstos suponen un estrés para la planta. Si el origen del estrés no es otro organismo vivo (Temperatura, daño mecánico), se le clasifica como estrés biótico. Por otra parte, las plantas pueden ser atacadas por una amplia variedad de fitopatógenos microbianos (bacterias, virus y hongos), invertebrados (insectos herbívoros) e incluso por otras plantas, lo que se considera un estrés



UNIVERSIDAD DE JAÉN

biótico. Ambos tipos de estreses tienen un efecto importante en la productividad de los cultivos y la calidad del producto. Sin embargo, a pesar de que las plantas carecen de movilidad para alejarse del peligro y de un sistema inmunitario especializado, la enfermedad es una excepción más que la norma en el mundo vegetal salvaje. Esto se debe a que las plantas han desarrollado mecanismos de respuesta a estrés eficientes.

El objeto de estudio del presente trabajo, el olivo (*Olea europaea* L.), es una especie perenne originaria de la región mediterránea. Siendo Jaén la mayor región productora de aceite de oliva en España y del mundo, la producción de aceite de oliva se está extendiendo a países de todos los continentes como EE.UU., México, Argentina, Chile, China, Japón, Australia y Arabia Saudí, y su consumo crece paralelamente al número de evidencias de los beneficios para la salud del aceite de oliva.

Conocer la respuesta a estrés del olivo representa una información clave para el diseño de estrategias para la obtención de variedades más productivas y rentables, libres de enfermedades, y aceites de mayor calidad o con características más beneficiosas para la salud. Para abordar dicho objetivo hemos hecho un análisis de secuenciación masiva en el que se incluyeron muestras de ARN de Olivos sometidos a diversos estreses bióticos y abióticos.

Las nuevas técnicas de secuenciación masiva (NGS-Next Generation Sequencing) están contribuyendo de forma revolucionaria al desarrollo de este tipo de estudios transcriptómicos globales. Sin embargo, no es una tarea trivial transformar la enorme cantidad de datos obtenidos en la secuenciación en información útil. De hecho, el análisis de los datos generados en NGS es todavía el principal "cuello de botella" para la mayoría de los proyectos de investigación en este campo. La habilidad para interpretar correctamente los resultados generados a partir de las NGS así como el conocimiento de las propiedades intrínsecas de estos datos es esencial para evitar un incorrecto diseño experimental y/o la aplicación de métodos de análisis inapropiados. Debido a lo anteriormente expuesto, una parte importante de este trabajo por parte del alumno consistirá en familiarizarse con el procedimiento de análisis de datos de NGS y entrenarse en las metodologías de análisis con programas bioinformáticos.

## 6. HIPÓTESIS DE TRABAJO

Estudio de la respuesta del Olivo al estrés mediante análisis bioinformático de los datos generados en la secuenciación masiva.

## 7. BREVE DESCRIPCIÓN DE LAS ACTIVIDADES A REALIZAR

Introducción al lenguaje Linux  
Evaluación de la calidad de las secuencias generadas por NGS (NGS\_QC, SeqTrimNext, fastQC)  
Ensamblaje *de Novo* del transcriptoma  
Calidad del ensamblaje  
Anotación funcional del ensamblaje  
Análisis de expresión diferencial (Cufflinks)  
Análisis funcional de los genes de respuesta a estrés del Olivo.

## 8. DOCUMENTACIÓN/BIBLIOGRAFÍA

<http://www.my-guides.net/en/guides/linux/basic-linux-commands>  
<http://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/>  
<http://trinityrnaseq.sourceforge.net/>  
[http://cogeme.ex.ac.uk/tmp/ariadne/annotation/BLAST2GO\\_tutorial.pdf](http://cogeme.ex.ac.uk/tmp/ariadne/annotation/BLAST2GO_tutorial.pdf)  
<http://cufflinks.cbcb.umd.edu/manual.html>



UNIVERSIDAD DE JAÉN

### **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