

Biología y Ecología Molecular de Bacterias de Interés Agroforestal

Curso 2020-2021

(Fecha última actualización: dd/mm/2020)

(Fecha de aprobación en Comisión Académica del Máster: dd/mm/2020)

SEMESTRE	CRÉDITOS	CARÁCTER	TIPO DE ENSEÑANZA	IDIOMA DE IMPARTICIÓN
1º	4	Optativa	Presencial	Español
MÓDULO		DOCENTE DE ESPECIALIZACIÓN. ESPECIALIDAD AGROALIMENTARIA		
MATERIA		Biología y Ecología Molecular de Bacterias de Interés Agroforestal		
CENTRO RESPONSABLE DEL TÍTULO		Escuela Internacional de Posgrado		
MÁSTER EN EL QUE SE IMPARTE		Máster Universitario en “Genética y Evolución”		
CENTRO EN EL QUE SE IMPARTE LA DOCENCIA		Estación Experimental del Zaidín, Consejo Superior de Investigaciones Científicas.		
PROFESORES⁽¹⁾				
Francisco Martínez-Abarca Pastor				
DIRECCIÓN		Dpto. Microbiología del Suelo, Estación Experimental del Zaidín, CSIC calle Profesor Albareda 1, Granada. Correo electrónico: francisco.martinez@eez.csic.es		
TUTORÍAS		Durante la realización del curso de 16:00-18:00		
Fernando Manuel García Rodríguez				
DIRECCIÓN		Dpto. Microbiología del Suelo, Estación Experimental del Zaidín, CSIC calle Profesor Albareda 1, Granada. Correo electrónico: fernando.garcia@eez.csic.es		
TUTORÍAS		Durante la realización del curso de 16:00-18:00		
Pablo José Villadas Latorre				
DIRECCIÓN		Dpto. Microbiología del Suelo, Estación Experimental del Zaidín, CSIC calle Profesor Albareda 1, Granada. Correo electrónico: pablo.villadas@eez.csic.es		
TUTORÍAS				
Nicolás Toro García				

¹ Consulte posible actualización en Acceso Identificado > Aplicaciones > Ordenación Docente

(∞) Esta guía docente debe ser cumplimentada siguiendo la “Normativa de Evaluación y de Calificación de los estudiantes de la Universidad de Granada” (<http://secretariageneral.ugr.es/pages/normativa/fichasugr/ngc7121/>!)



DIRECCIÓN	Dpto. Microbiología del Suelo, Estación Experimental del Zaidín, CSIC calle Profesor Albareda 1, Granada. Correo electrónico: nicolas.toro@eez.csic.es
TUTORÍAS	Durante la realización del curso de 16:00-18:00
COMPETENCIAS GENERALES Y ESPECÍFICAS	
<p>COMPETENCIAS BÁSICAS Y GENERALES</p> <p>CT1. Adquirir una comprensión sistemática de los distintos campos de estudio de la Genética y de la Biología evolutiva y un dominio en las habilidades y métodos de investigación propios de estas disciplinas científicas y de sus aplicaciones.</p> <p>CT2. Aplicar a entornos nuevos o poco conocidos, dentro de contextos más amplios o multidisciplinares, los conocimientos adquiridos y su capacidad de resolución de problemas relacionados con el área de estudio de las distintas ramas de la Genética y de la Biología evolutiva.</p> <p>CT3. Desarrollar habilidades de análisis y síntesis de la información científica, incluyendo capacidades de comprensión, razonamiento y crítica científica, así como de expresión oral, debate y argumentación lógica.</p> <p>CT4. Elaborar adecuadamente y con cierta originalidad composiciones escritas o argumentos motivados, redactar planes, proyectos de investigación y artículos científicos.</p> <p>CT5. Formular con cierta originalidad hipótesis razonables.</p> <p>CT6. Integrar conocimientos y enfrentarse a la complejidad de formular juicios a partir de una información que, siendo incompleta o limitada, incluya reflexiones sobre las responsabilidades sociales y éticas vinculadas a la aplicación de sus conocimientos y juicios.</p> <p>CT7. Comunicar sus conclusiones –y los conocimientos y razones últimas que las sustentan- a públicos especializados y no especializados de un modo claro y sin ambigüedades.</p> <p>CT8. Desarrollar habilidades de aprendizaje que les permitan continuar estudiando de un modo que habrá de ser en gran medida autodirigido o autónomo.</p> <p>CT9. Aplicar el método científico en la investigación.</p> <p>CT10. Trabajar eficazmente en equipo.</p> <p>CT11. Trabajar de forma organizada y planificada.</p> <p>CT12. Demostrar motivación por la calidad.</p> <p>CT13. Tener creatividad.</p> <p>CT14. Incrementar la conciencia social y solidaria, así como el sentido ético de la ciencia y de sus aplicaciones.</p> <p>CT15. Aplicar los conocimientos adquiridos al desarrollo futuro de actividades profesionales en el campo de la investigación.</p> <p>COMPETENCIAS ESPECÍFICAS</p> <p>CEA1. Aplicar las técnicas de ADN recombinante en el diseño experimental.</p> <p>CEA2. Interpretar los resultados experimentales que impliquen la modificación genética de organismos de interés agroalimentario.</p> <p>CEA3. Aplicar los conocimientos de la Genética y la Genómica a la resolución de problemas en el campo agroalimentario y medioambiental.</p> <p>CEA4. Comprender y saber aplicar las técnicas que permiten la caracterización y el análisis de genomas de organismos de interés agroalimentario.</p> <p>CEA5. Aplicar a la Mejora Genética las principales herramientas genéticas clásicas y moleculares así como las</p>	



herramientas genómicas disponibles.

CEA6. Comprender y saber hacer un buen uso de los conocimientos sobre las responsabilidades sociales y éticas vinculadas a la aplicación de las posibles medidas a tomar en un proyecto de investigación de Mejora

Genética en organismos de interés agroalimentario.

CEA7. Comprender y saber aplicar los aspectos teóricos de la Genómica y la Mejora genética así como sus aplicaciones prácticas en problemas concretos.

CEA8. Comprender y saber aplicar los conocimientos teóricos de la Biotecnología así como sus aplicaciones prácticas.

CEA9. Comprender y saber hacer un buen uso de los conocimientos sobre las responsabilidades legales, éticas y el impacto sociológico y ambiental, que determinadas técnicas y aplicaciones de la Biotecnología pueden generar.

CEA10. Aplicar los conocimientos adquiridos al desarrollo futuro de actividades profesionales en el sector agroalimentario.

COMPETENCIAS TRANSVERSALES

OBJETIVOS O RESULTADOS DE APRENDIZAJE (SEGÚN LA MEMORIA DE VERIFICACIÓN DEL TÍTULO)

El alumno sabrá/comprenderá:

Tanto desde un punto de vista teórico como práctico, técnicas moleculares para el estudio de los genomas de rizobacterias y de las comunidades bacterianas asociadas a plantas de interés agroforestal (Metagenómica, genómica funcional y estructural, proteómica, metabolómica). El conjunto de esta información genética del suelo se presentará como una fuente de recursos biotecnológicos para la selección de nuevos compuestos, enzimas o rutas metabólicas de interés. Se prestará especial atención a los elementos genéticos móviles como responsables de la transferencia genética horizontal y de la evolución en bacterias.

El alumno será capaz de:

Interpretar a un nivel práctico resultados derivados del:

- Análisis mediante técnicas moleculares de comunidades bacterianas en conjunto así como de manera aislada.
- Análisis de la capacidad de movimiento de elementos móviles y su implicación y desarrollo biotecnológico.

A un nivel teórico:

- Discusión y planteamiento de artículos científicos relevantes para la temática del curso.

BREVE DESCRIPCIÓN DE CONTENIDOS (SEGÚN LA MEMORIA DE VERIFICACIÓN DEL TÍTULO)

El desarrollo de la agricultura actual pasa por compatibilizar parámetros clásicos de producción y rentabilidad, con otros nuevos de sostenibilidad y respeto al medio ambiente. Para conseguir estos objetivos se puede trabajar tanto sobre el cultivo (la planta) como sobre los microorganismos que interaccionan con el mismo y que contribuyen a la fertilidad del suelo. Estos objetivos son los que trata de desarrollar el curso propuesto. La primera parte de éste se dedicará al estudio de las nuevas metodologías moleculares disponibles para evaluar la diversidad de los microorganismos presentes en la rizosfera de plantas con interés agroforestal y analizar su función en el ecosistema. Para ello se dedicarán una serie de clases teóricas para centrar a los alumnos del curso en el concepto de Agricultura y Silvicultura como interacción de las plantas con los microorganismos rizosféricos; la descripción de las actividades de estos últimos, centrándonos en los beneficiosos (PGPR, producción de hormonas, vitaminas, fijación de nitrógeno, biocontrol,...); y por tanto la necesidad de caracterizar la microflora presente en la rizosfera del cultivo de interés. Además de las posibles rutas metabólicas, actividades enzimáticas, o procesos con aplicación biotecnológica. Desde un



punto de vista práctico, esta caracterización se puede realizar por métodos moleculares como el análisis de huella genética (fingerprint), la amplificación y determinación de su adscripción filogenética mediante el uso del gen 16S rRNA o más recientes como el análisis de metagenomas de suelos o la secuenciación masiva mediante distintas técnicas del ADN ambiental, lo que nos abre las puertas a la aplicación de las tecnologías “ómicas”. En la segunda parte del curso se abordarán diversos aspectos de la genómica estructural y funcional de las bacterias que establecen simbiosis fijadoras de nitrógeno con las plantas leguminosas, con particular referencia a *Sinorhizobium meliloti* como modelo experimental. Se pondrá especial énfasis en la descripción de la diversidad de funciones biológicas de los RNAs no codificantes (ribozimas del grupo II y sRNAs) y de su potencial biotecnológico. Se incluirá su papel en los reordenamientos genómicos y como agentes de evolución bacteriana, o reguladores de la expresión génica (sRNAs).

TEMARIO DETALLADO DE LA ASIGNATURA

TEMARIO TEÓRICO:

- Tema 1. Métodos moleculares para el análisis del genoma microbiano del suelo.
- Tema 2. Metagenómica de la rizosfera de quercíneas.
- Tema 3. Genómica microbiana. Elementos móviles en rizobacterias.
- Tema 4. El RNoma bacteriano: identificación y caracterización de sRNAs de *S. meliloti*.
- Tema 5. Intrones del grupo II: Aplicaciones en biotecnología.
- Tema 6. Evolución de los intrones del grupo II y sus transcriptasas inversas.

TEMARIO PRÁCTICO:

Seminarios/Talleres

- Análisis bioinformático de datos de secuenciación masiva

PRÁCTICAS DE LABORATORIO:

Práctica: RNAs no codificantes: identificación y estudio biotecnológico.

PRÁCTICAS DE CAMPO:

No procede

BIBLIOGRAFÍA

BIBLIOGRAFÍA FUNDAMENTAL:

- Becker et al. 2014. Riboregulation in plant-associated α -proteobacteria. *RNA Biol.* 11:550-562.
- Berg et al. 2014. Unraveling the plant microbiome: looking back and future perspectives. *Frontiers in Microbiology* 5: 148.
- Cobo-Díaz et al. 2015. Metagenomic assessment of the potential microbial Nitrogen pathways in the rhizosphere of a Mediterranean forest after a wildfire. *Microbial Ecology* 69(4): 895-904.
- Fernández-González et al. 2017. The rhizosphere microbiome of burned holm-oak: potential role of the genus *Arthrobacter* in the recovery of burned soils. *Sci Rep* 7(1): 6008.
- Forney et al. 2004. Molecular microbial ecology: land of the one-eyed king. 7: 210-220.
- Galibert et al. 2001. The composite genome of the legume Symbiont *Sinorhizobium meliloti*. *Science* 293: 668-672.
- García-Rodríguez et al. 2014. Use of the computer-retargeted group II intron RmInt1 of *Sinorhizobium meliloti* for gene targeting. *RNA Biol.* 11(4):391-401.
- Guo et al. 2000. Group II introns designed to insert into therapeutically relevant DNA target sites in human cells. *Science*. 289(5478):452-7.
- Hill et al. 2003. Using ecological diversity measures with bacterial communities. *FEMS Microbiol. Ecol.* 43: 1-11.
- Jiménez-Zurdo et al. 2003. DNA-target requirements for homing in vivo of a bacterial group II intron encoding a protein lacking the DNA endonuclease domain. *J Mol Biol* 326: 413-423.



- Jiménez-Zurdo et al. 2013. Insights into the noncoding RNome of nitrogen-fixing endosymbiotic α -proteobacteria. *Mol Plant Microbe Interact.* 26:160-167.
- Kirk et al. 2004. Methods of studying soil microbial diversity. *J. Microbiol. Methods* 58: 169-188.
- Knief, C. 2014. Analysis of plant microbe interactions in the era of next generation sequencing technologies. *Front. Plant Science* 5: 216.
- Lefébure and Stanhope. 2007. Evolution of the core and pan-genome of *Streptococcus*: positive selection, recombination, and genome composition. *Genome Biol.* 8(5): R71.
- Lukjancenko et al. 2010. Comparison of 61 sequenced *Escherichia coli* genomes. *Microb Ecol.* 60(4):708-20.
- Martínez-Abarca et al. 1998. Characterization and splicing in vivo of a *Sinorhizobium meliloti* group II intron associated with particular insertion sequences of the IS630-Tc1/IS3 retroposon superfamily. *Mol Microbiol.* 28(6): 1295-1306.
- Martínez-Abarca et al. 2000. Homing of a bacterial group II intron with an intron-encoded protein lacking a recognizable endonuclease domain. *Mol Microbiol.* 35(6): 1405-1412.
- Martínez-Abarca et al. 2013. Complete Genome Sequence of the alfalfa Symbiont *Sinorhizobium/Ensifer meliloti* strain GR4. *Genome Announc.* 1(1). pii: e00174-12.
- Mendes et al. 2013. The rhizosphere microbiome: significance of plant beneficial, plant pathogenic, and human pathogenic microorganisms. *FEMS Microbiology Reviews* 37(5): 634-663.
- Muñoz et al. 2001 Ectopic transposition of a group II intron in natural bacterial populations. *Mol Microbiol.* 41(3): 645-652.
- Nisa-Martínez et al. 2016 Host Factors Influencing the Retrohoming Pathway of Group II Intron RmInt1, Which Has an Intron-Encoded Protein Naturally Devoid of Endonuclease Activity. *PLoS One.* 2;11(9):e0162275.
- Reinoso-Colacio et al. 2015 Localization of a bacterial group II intron-encoded protein in human cells. *Sci Rep.* 5:12716.
- Sánchez-Cañizares et al. 2017. Understanding the holobiont: the interdependence of plants and their microbiome. *Current Opinion in Microbiology* 38: 188-196.
- Schlüter et al. 2010. A genome-wide survey of sRNAs in the symbiotic nitrogen-fixing alpha-proteobacterium *Sinorhizobium meliloti*. *BMC Genomics.* 11: 245.
- Schlüter et al. 2013. Global mapping of transcription start sites and promoter motifs in the symbiotic α -proteobacterium *Sinorhizobium meliloti* 1021. *BMC Genomics.* 14: 156.
- Toro and Nisa-Martínez. 2014 Comprehensive phylogenetic analysis of bacterial reverse transcriptases. *PLoS One.* 9(11):e114083.
- Torres-Quesada et al. 2014. Genome-wide profiling of Hfq-binding RNAs uncovers extensive post-transcriptional rewiring of major stress response and symbiotic regulons in *Sinorhizobium meliloti*. *RNA Biol.* 11: 563-579.
- Turner et al. 2013. The plant microbiome. *Genome Biology* 14(6): 1-10.
- Young et al. 2001. A revision of *Rhizobium* Frank 1889, with an emended description of the genus, and the inclusion of all species of *Agrobacterium* Conn 1942 and *Allorhizobium undicola* de Lajudie et al. 1998 as new combinations: *Rhizobium radiobacter*, *R. rhizogenes*, *R. rubi*, *R. undicola* and *R. vitis*. *Int J Syst Evol Microbiol.* 51:89-103.
- Zhou, J. 2003. Microarrays for bacterial detection and microbial community analysis. *Current Op. Microbiol.* 6: 288-294.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA:

No procede

ENLACES RECOMENDADOS (OPCIONAL)

Página web del grupo de investigación: <http://www.eez.csic.es/?q=es/node/4114>
 NCBI: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>
 Joint Genome Institute: <http://www.jgi.doe.gov/>
 Ribosomal Database Project: <http://rdp.cme.msu.edu/>
 ARB database: <http://www.arb-home.de/>
 Tree of Life web project: <http://tolweb.org/tree>



Sinorhizobium meliloti: <http://iant.toulouse.inra.fr/bacteria/annotation/cgi/rhime.cgi>
<http://www.cebitec.uni-bielefeld.de/CeBiTec/rhizogate/>
Rfam database: <http://rfam.sanger.ac.uk/>
Genómica comparada: <http://www.microbesonline.org/>
IS finder: <http://www-is.biotoul.fr/is.html>
Group II introns: <http://webapps2.ucalgary.ca/~groupii/index.html>
Programa bioinformático STAMP: <https://beikolab.cs.dal.ca/software/STAMP>
Plataforma bioinformática SEED: <http://www.biomed.cas.cz/mbu/lbwr/seed/>
Plataforma bioinformática Microbiome Analyst: <https://www.microbiomeanalyst.ca/>
Plataforma bioinformática Mothur: <https://mothur.org/>

METODOLOGÍA DOCENTE

- MD1 Clases magistrales
- MD2 Experimentación
- MD3 Colección, estudio y análisis bibliográfico.
- Las actividades formativas están en relación a las competencias expuestas, así como a los contenidos que se van a detallar y explicar a los alumnos. La docencia se impartirá en base a charlas, seminarios y discusiones de artículos científicos relacionados con estas competencias. Además se realizará una parte práctica del curso en la que los alumnos se familiarizarán con las técnicas moleculares expuestas y discutidas en la parte teórica.

EVALUACIÓN (INSTRUMENTOS DE EVALUACIÓN, CRITERIOS DE EVALUACIÓN Y PORCENTAJE SOBRE LA CALIFICACIÓN FINAL, ETC.)

CONVOCATORIA ORDINARIA

El artículo 17 de la Normativa de Evaluación y Calificación de los Estudiantes de la Universidad de Granada establece que la convocatoria ordinaria estará basada preferentemente en la evaluación continua del estudiante, excepto para quienes se les haya reconocido el derecho a la evaluación única final.

- SE1 Asistencia a clase: 50%. Comp. Eval.: CT1-3;
- SE2 Participación en discusiones de clase: 10%. Comp. Eval.: CT6-8 y CE4
- SE3 Participación en las prácticas: 10% Comp Eval.: CT10,11 y CEA1-5, CEA7-8.
- SE4 Exposición y discusión de artículos científicos: 30% Comp. Eval.: CT4; CT5 y CEA7-10.

CONVOCATORIA EXTRAORDINARIA

El artículo 19 de la Normativa de Evaluación y Calificación de los Estudiantes de la Universidad de Granada establece que los estudiantes que no hayan superado la asignatura en la convocatoria ordinaria dispondrán de una convocatoria extraordinaria. A ella podrán concurrir todos los estudiantes, con independencia de haber seguido o no un proceso de evaluación continua. De esta forma, el estudiante que no haya realizado la evaluación continua tendrá la posibilidad de obtener el 100% de la calificación mediante la realización de una prueba y/o trabajo.

- Realización de examen escrito de todos los contenidos teóricos y prácticos impartidos durante el curso.

DESCRIPCIÓN DE LAS PRUEBAS QUE FORMARÁN PARTE DE LA EVALUACIÓN ÚNICA FINAL ESTABLECIDA EN LA NORMATIVA DE EVALUACIÓN Y DE CALIFICACIÓN DE LOS ESTUDIANTES DE LA UNIVERSIDAD DE GRANADA

El artículo 8 de la Normativa de Evaluación y Calificación de los Estudiantes de la Universidad de Granada establece que podrán acogerse a la evaluación única final, el estudiante que no pueda cumplir con el método de evaluación continua por causas justificadas.



Para acogerse a la evaluación única final, el estudiante, en las dos primeras semanas de impartición de la asignatura o en las dos semanas siguientes a su matriculación si ésta se ha producido con posterioridad al inicio de las clases o por causa sobrevenidas. Lo solicitará, a través del procedimiento electrónico, a la Coordinación del Máster, quien dará traslado al profesorado correspondiente, alegando y acreditando las razones que le asisten para no poder seguir el sistema de evaluación continua.

La evaluación en tal caso consistirá en:

- La evaluación única constará de la realización de examen escrito de todos los contenidos teóricos y prácticos impartidos durante el curso: 100 %

ESCENARIO A (ENSEÑANZA-APRENDIZAJE PRESENCIAL Y NO PRESENCIAL)

ATENCIÓN TUTORIAL

HORARIO (Según lo establecido en el POD)	HERRAMIENTAS PARA LA ATENCIÓN TUTORIAL (Indicar medios telemáticos para la atención tutorial)
Durante la realización el curso	Correo electrónico, teléfono, videollamadas y de forma presencial con los profesores.

MEDIDAS DE ADAPTACIÓN DE LA METODOLOGÍA DOCENTE

- Las clases teóricas se realizarán mediante videoconferencia en streaming, sin grabar las clases y con presencia de los alumnos.
- La fase práctica, *análisis bio-informático* y *RNAs no codificantes: identificación y estudio biotecnológico*, se realizarán de forma presencial, física, en las instalaciones de la Estación Experimental del Zaidín.

MEDIDAS DE ADAPTACIÓN DE LA EVALUACIÓN (Instrumentos, criterios y porcentajes sobre la calificación final)

Convocatoria Ordinaria

- Dado que las clases se realizarán en streaming, por videoconferencia, será posible discutir e interaccionar con los alumnos para plantearles preguntas, cuestiones y ver su grado de implicación en la asignatura. Al mismo tiempo, los alumnos podrán preguntar las dudas que les surjan durante el desarrollo y al final de las clases. Esto hace que la evaluación se pueda mantener sin cambios, es decir se tendrá en cuenta la asistencia a clase (teórica y práctica) y su participación en las mismas. Además, los alumnos remitirán por correo electrónico a los profesores la elaboración de trabajos sobre artículos científicos. Por tanto, no hace falta la adopción de medidas especiales para la evaluación.

Convocatoria Extraordinaria

- Iden a la anterior

Evaluación Única Final

- Iden a la anterior

ESCENARIO B (SUSPENSIÓN DE LA ACTIVIDAD PRESENCIAL)



ATENCIÓN TUTORIAL	
HORARIO (Según lo establecido en el POD)	HERRAMIENTAS PARA LA ATENCIÓN TUTORIAL (Indicar medios telemáticos para la atención tutorial)
<ul style="list-style-type: none"> Durante la realización del curso. 	<ul style="list-style-type: none"> Correo electrónico, teléfono y videollamadas.
MEDIDAS DE ADAPTACIÓN DE LA METODOLOGÍA DOCENTE	
<ul style="list-style-type: none"> Las clases teóricas se realizarán mediante videoconferencia en streaming, sin grabar las clases y con presencia de los alumnos desde sus domicilios. La fase práctica, análisis bio-informático, se realizará de forma telemática. Para ello, se realizarán clases en streaming facilitando a los alumnos los enlaces para descargas de programas open source y realizando los análisis en sus propios ordenadores. Esta modalidad permite compartir la pantalla para ver el trabajo que cada alumno realiza y poder corregir errores. De igual modo, la práctica RNAs no codificantes: identificación y estudio biotecnológico, se realizará de manera telemática en clases tutoriales mediante streaming facilitando a su vez la descarga de programas y el libre acceso a páginas web. 	
MEDIDAS DE ADAPTACIÓN DE LA EVALUACIÓN (Instrumentos, criterios y porcentajes sobre la calificación final)	
Convocatoria Ordinaria	
<p>Dado que las clases se realizarán en streaming, por videoconferencia, será posible discutir e interactuar con los alumnos para plantearles preguntas, cuestiones y ver su grado de implicación en la asignatura. Al mismo tiempo, los alumnos podrán preguntar las dudas que les surjan durante el desarrollo y al final de las clases. Esto hace que la evaluación se pueda mantener sin cambios, es decir se tendrá en cuenta la asistencia a clase (teórica y práctica) y su participación en las mismas. Además, los alumnos remitirán por correo electrónico a los profesores la elaboración de trabajos sobre artículos científicos. Por tanto, no es necesaria la adopción de medidas especiales para la evaluación.</p>	
Convocatoria Extraordinaria	
<ul style="list-style-type: none"> Idem 	
Evaluación Única Final	
<ul style="list-style-type: none"> Idem 	

