

Guía docente de la asignatura

**Metagenómica y Genómica de
Rizobacterias**Fecha última actualización: 09/07/2021
Fecha de aprobación por la Comisión
Académica: 16/07/2021**Máster**

Máster Universitario en Biotecnología

MÓDULO

Modulo I: Docencia

RAMA

Ciencias

**CENTRO RESPONSABLE
DEL TÍTULO**

Escuela Internacional de Posgrado

Semestre

Segundo

Créditos

4

Tipo

Optativa

**Tipo de
enseñanza**

Presencial

PRERREQUISITOS Y/O RECOMENDACIONES

Los propios del Máster

BREVE DESCRIPCIÓN DE CONTENIDOS (Según memoria de verificación del Máster)

Desarrollo de la agricultura actual, producción y rentabilidad frente de sostenibilidad y respeto al medio ambiente. Microorganismos que interactúan con la planta y su contribución a la fertilidad del suelo. Estudio de las nuevas metodologías moleculares para evaluar la diversidad de los microorganismos

de la rizosfera de plantas.

Análisis de la función de microorganismos en el ecosistema. Agricultura y Silvicultura.

Interacción de las plantas con los microorganismos rizosféricos; la descripción de las actividades de estos últimos. Microorganismos beneficiosos (PGPR, producción de hormonas, vitaminas, fijación de nitrógeno, biocontrol). Aplicaciones biotecnológicas de microorganismos. Las tecnologías -ómicas. Genómica estructural y funcional de bacterias simbióticas.

COMPETENCIAS**COMPETENCIAS BÁSICAS**

- CB6 - Poseer y comprender conocimientos que aporten una base u oportunidad de ser originales en desarrollo y/o aplicación de ideas, a menudo en un contexto de investigación.
- CB7 - Que los estudiantes sepan aplicar los conocimientos adquiridos y su capacidad de resolución de problemas en entornos nuevos o poco conocidos dentro de contextos más amplios (o multidisciplinares) relacionados con su área de estudio.
- CB8 - Que los estudiantes sean capaces de 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.
- CB9 - Que los estudiantes sepan 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.
- CB10 - Que los estudiantes posean las habilidades de aprendizaje que les permitan continuar estudiando de un modo que habrá de ser en gran medida autodirigido o autónomo.

COMPETENCIAS ESPECÍFICAS

- CE01 - Identificar, diseñar, implementar e interpretar métodos Biotecnológicos;
- CE03 - Manejar las tecnologías de la información para la adquisición, procesamiento y difusión de resultados en investigación;
- CE04 - Emitir juicios en función de criterios y razonamiento crítico y aprender a reconocer los parámetros de calidad en investigación;
- CE07 - Elaborar adecuadamente y con cierta originalidad composiciones escritas, proyectos de trabajo o artículos científicos en el área de la Biotecnología.
- CE09 - Reconocer y adaptarse a la diversidad y multiculturalidad.
- CE27 - Conocer las técnicas moleculares (Metagenómica, genómica funcional y estructural, proteómica, metabolómica) para el estudio de los genomas de rizobacterias y de las comunidades bacterianas asociadas a plantas de interés agroforestal.

RESULTADOS DE APRENDIZAJE (Objetivos)

El alumno comprenderá, tanto desde un punto de vista teórico como práctico, cuáles son las técnicas moleculares (metagenómica, genómica funcional y estructural) de elección para el estudio de los genomas de rizobacterias y de las comunidades bacterianas asociadas a plantas de interés agroforestal.

El alumno será capaz de aplicar el conjunto de esta información genética del suelo, entendido como una fuente de recursos biotecnológicos, y a los genomas bacterianos para proceder a la selección de nuevos compuestos, enzimas o rutas metabólicas de interés. Asimismo, tendrá capacidad para analizar el papel de los elementos genéticos móviles y de los RNAs reguladores como responsables de la transferencia genética horizontal y de la evolución en bacterias.

PROGRAMA DE CONTENIDOS TEÓRICOS Y PRÁCTICOS

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.

PRÁCTICO

TEMARIO PRÁCTICO:

Seminarios/Talleres

- Análisis bioinformático de datos de secuenciación masiva. Se realizará con un entorno de amplio uso como es Windows, basado en 64 bits; se recomienda que los alumnos dispongan de un ordenador con una memoria RAM de, al menos, 4 Gigas.

PRÁCTICAS DE LABORATORIO:

Práctica 1. RNAs no codificantes: identificación y estudio biotecnológico.

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

ENLACES RECOMENDADOS

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

- MD01 Clases magistrales
- MD02 Experimentación
- MD03 Colección, estudio y análisis bibliográfico

EVALUACIÓN (instrumentos de evaluación, criterios de evaluación y porcentaje sobre la calificación final)

EVALUACIÓN 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%.
- SE2 Actitud y participación de los estudiantes en clase: 10%.



- SE3 Evaluación de los resultados obtenidos en el laboratorio a través de la actividad diaria y/o elaboración de una memoria: 10%.
- SE4 Realización de un trabajo complementario con exposición del mismo: 30%.

EVALUACIÓN 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 un trabajo sobre los contenidos teóricos y prácticos impartidos durante el curso: 50%.

Análisis de los datos de las prácticas impartidas: 50%.

EVALUACIÓN ÚNICA FINAL

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 ha de seguir lo indicado en la normativa de la UGR pertinente.

La evaluación en tal caso consistirá en:

- Realización de un trabajo sobre los contenidos teóricos y prácticos impartidos durante el curso: 50%.
- Análisis de los datos de las prácticas aportado por el profesor: 50%.

