

Guía docente de la asignatura

Metagenómica y Genómica de RizobacteriasFecha última actualización: 07/07/2021
Fecha de aprobación por la Comisión Académica: 15/07/2021**Máster**

Máster Universitario en Investigación y Avances en Microbiología

MÓDULO

Módulo de Docencia

RAMA

Ciencias

CENTRO RESPONSABLE DEL TÍTULO

Escuela Internacional de Posgrado

Semestre

Primero

Créditos

3

Tipo

Optativa

Tipo de enseñanza

Presencial

PRERREQUISITOS Y/O RECOMENDACIONES

Los propios del máster

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

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 interactúan 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).

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 - Reconocer un problema microbiológico que ofrezca interés para la investigación, describirlo apropiadamente en su entorno (antecedentes, estado de la cuestión, hipótesis planteadas por otros autores, etc.) y plantear con claridad los objetivos de la investigación correspondiente.
- CE02 - Diseñar el proceso de investigación apropiado para resolver el problema planteado, seleccionando las metodologías y técnicas más eficaces y los experimentos oportunos de acuerdo con los objetivos de la investigación propuesta.
- CE03 - Poner a punto las técnicas necesarias para la resolución del problema planteado, contrastando su corrección y validación.
- CE04 - Realizar la investigación diseñada, trabajando dentro de un equipo y/o en colaboración con otros investigadores.
- CE05 - Elaborar los datos de laboratorio y presentar los resultados de forma lógica y funcional.
- CE06 - Establecer de forma crítica la relevancia y significación de los resultados obtenidos respecto de los objetivos propuestos y elaborar las conclusiones pertinentes, en el marco del conocimiento científico actual sobre el tópico en cuestión.
- CE07 - Elaborar un *¿reporte?* científico/técnico o trabajo de investigación que comunique a la comunidad científica la aportación de la investigación realizada, manejando las tecnologías de la información útiles para la adquisición y difusión de resultados en investigación.
- CE08 - Presentar públicamente ideas, procedimientos o informes de investigación sobre



microbiología para asesorar a personas y a organizaciones.

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

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 8 Gigas.

BIBLIOGRAFÍA

BIBLIOGRAFÍA FUNDAMENTAL

- **Becker et al.** 2014. Riboregulation in plant-associated α -proteobacteria. 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

- 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/lbwrf/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.

- Asistencia a clase: 50%.
- Participación en discusiones de clase y prácticas: 10%.
- Elaboración de trabajos, exposición y discusión de artículos científicos: 40%.



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 examen escrito de todos los contenidos teóricos y prácticos impartidos durante el curso: 100%

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, 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: Realización de examen escrito de todos los contenidos teóricos y prácticos impartidos durante el curso: 100 %

