



1. DATOS BÁSICOS DEL TFG:

Título: Estudio de genes relacionados con la dehiscencia en pistacho y otros frutos secos

Descripción general (resumen y metodología):

El pistachero (*Pistacia vera*) es uno de los frutos secos con mayor importancia comercial a nivel mundial. Uno de los aspectos más importantes que afectan a la viabilidad de este cultivo es la dehiscencia, es decir, el porcentaje de frutos abiertos. La dehiscencia es el principal mecanismo que permite la dispersión de semillas y, por tanto, la propagación en plantas silvestres, pero al mismo tiempo dificulta o complica la recolección de frutos en plantas cultivadas. Por esta razón, en agricultura, la dehiscencia es un rasgo no deseado y ha sido tradicionalmente seleccionado en contra durante el proceso de domesticación de la mayoría de las plantas cultivadas. Claros ejemplos de esta domesticación se pueden observar en el maíz y la judía, o en ciertos cereales como el trigo, el arroz y la cebada. Los principales genes implicados en la dehiscencia fueron descritos por primera vez en *Arabidopsis thaliana* y posteriormente caracterizados total o parcialmente en otras especies de importancia comercial. Los estudios más recientes indican que se trata de un grupo de genes altamente conservados, de los cuales al menos veinte han sido bien caracterizados.

El caso del pistacho podría ser diferente, ya que la mayoría de las variedades comerciales están destinadas al consumo como aperitivo, por lo que se prefieren frutos grandes y predominantemente dehiscentes. Las primeras evidencias de cultivo humano del pistacho datan de hace unos 8.000 años, lo que indica una larga historia evolutiva de domesticación de esta especie. A pesar de ello, se sabe poco sobre el control genético de la dehiscencia. Profundizar en este aspecto contribuirá a facilitar futuros programas de mejora y selección de especies con rasgos deseados por el mercado.

Ya contamos con una base de datos sólida sobre la que trabajar: recientemente publicamos el genoma completo de dos variedades de pistacho (una variedad masculina, Bagyolu, y una femenina, Siirt) (Kafkas et al., 2023), lo que refina un genoma preliminar publicado por Zeng y colaboradores (2019). Además, más recientemente se ha publicado la secuencia completa del genoma de una de las variedades comerciales más importantes, Kerman, así como los transcriptomas de los distintos estadios de desarrollo del fruto en esta variedad (Adaskaveg et al., 2025).

A lo largo de este trabajo, se explorarán estos ensamblajes en busca de genes relacionados con la dehiscencia, se refinará su anotación y se llevarán a cabo estudios de expresión utilizando los transcriptomas disponibles. Además, se realizarán estudios comparativos con otras especies de frutos secos relevantes.

Tipología: Trabajos experimentales, de toma de datos de campo o de laboratorio.

Objetivos planteados:

- Búsqueda bibliográfica sobre los genes más relevantes relacionados con la dehiscencia.
- Obtención de las secuencias de estos genes a partir del genoma de la especie modelo *A. thaliana*.
- Identificación y caracterización de genes candidatos en todos los ensamblajes del pistacho.
- Análisis de la expresión de dichos genes en distintos momentos del desarrollo del fruto de pistacho.

- Análisis comparativo de los genes candidatos entre Arabidopsis, pistacho y otras especies de frutos secos con genomas secuenciados.
- Análisis de todos los datos obtenidos.
- Redacción y defensa del proyecto en la Universidad de Granada.

Bibliografía básica:

Adaskaveg et al., 2025. In a nutshell: pistachio genome and kernel development. *New Phytologist*, 246:1032-1048.

Kafkas et al., 2023. The Pistachio Genomes Provide Insights into Nut Tree Domestication and ZW Sex Chromosome Evolution. *Plant Communications*, 4(3):100497

Zeng et al., 2019. Whole genomes and transcriptomes reveal adaptation and domestication of pistachio. *Genome Biol.*, 20(1):79.

Recomendaciones y orientaciones para el estudiante:

Leer la bibliografía recomendada.

Familiarizarse con los softwares de análisis de secuencias más habituales (ver, por ejemplo, las herramientas integradas en Geneious).

Plazas: 1

2. DATOS DEL TUTOR/A:

Nombre y apellidos: RAFAEL NAVAJAS PÉREZ

Ámbito de conocimiento/Departamento: GENÉTICA

Correo electrónico: rnavajas@ugr.es

3. COTUTOR/A DE LA UGR (en su caso):

Nombre y apellidos:

Ámbito de conocimiento/Departamento:

Correo electrónico:

4. COTUTOR/A EXTERNO/A (en su caso):

Nombre y apellidos:

Correo electrónico:

Nombre de la empresa o institución:

Dirección postal:

Puesto del tutor en la empresa o institución:

Centro de convenio Externo:

5. DATOS DEL ESTUDIANTE:

Nombre y apellidos: ALICIA PASTOR HAZAÑAS

Correo electrónico: aliciaph@correo.ugr.es