UNIVERSIDAD DE GRANADA

FACULTAD DE CIENCIAS

Propuesta TFG. Curso 2026/2027

GRADO: Grado en Biología

CÓDIGO DEL TFG: 200-130-2026/2027

1. DATOS BÁSICOS DEL TFG:

Título: Aplicación del satelitoma como herramienta genómica para el estudio de la hibridación e introgresión entre Erysimum merxmuelleri y Erysimum lagascae.

Descripción general (resumen y metodología):

Resumen general

La hibridación entre especies emparentadas constituye un proceso evolutivo de gran importancia, capaz de generar patrones complejos de intercambio genético y de contribuir tanto a la diversificación como a la erosión de la integridad genética de las especies implicadas. En este contexto, el presente Trabajo de Fin de Grado propone el análisis de la hibridación e introgresión entre Erysimum merxmuelleri y Erysimum lagascae en una zona híbrida localizada en Portugal, mediante el uso, como marcador genético, de las familias de ADN satélite que conforman el satelitoma. Para ello, se caracterizará en primer lugar el repertorio de ADN satélite de las poblaciones parentales puras, con el fin de identificar familias diferenciales entre ambas especies. Posteriormente, esta información se utilizará para evaluar la composición genómica de las poblaciones híbridas, estimar la direccionalidad del flujo génico e inferir el grado de introgresión presente en los individuos analizados. Este enfoque permitirá, además, valorar el potencial del ADN satélite como herramienta molecular en el estudio de procesos de hibridación en plantas, aportando una perspectiva novedosa sobre la dinámica evolutiva de este complejo híbrido.

Metodología

El presente trabajo tendrá un enfoque fundamentalmente bioinformático. La identificación de las familias de ADN satélite que conforman el satelitoma de cada especie se realizará mediante análisis de agrupamiento basado en grafos utilizando la pipeline RepeatExplorer2, junto con el módulo TAREAN (Nóvak et al., 2020), en el entorno del portal Galaxy. Para cada especie, se seleccionarán aleatoriamente lecturas pareadas de distintos individuos hasta alcanzar una cobertura aproximada de 0,5x.

RepeatExplorer2 agrupa las lecturas en clústeres, permitiendo identificar aquellas secuencias correspondientes a ADN satélite. Además de los clústeres clasificados automáticamente como familias de ADN satélite, se examinarán también aquellos con una topología esférica o anular, con el fin de detectar posibles familias de ADN satélite y determinar la secuencia consenso del monómero de cada una de ellas.

Una vez obtenidas las secuencias consenso de todas las familias de ADN satélite, se llevará a cabo un análisis BLAST “todos contra todos” mediante blastn, empleando un umbral de significación de E=0,001, con el objetivo de identificar similitudes entre familias dentro de cada especie y entre especies. Posteriormente, la abundancia y divergencia de cada familia se evaluará en una nueva muestra de lecturas con cobertura aproximada de 0,5x, utilizando RepeatMasker con la opción “-a” y el motor de búsqueda RMBlast, lo que permitirá alinear las lecturas con la colección de secuencias satelitales previamente caracterizadas.

Este análisis se realizará inicialmente en las especies parentales, empleando librerías específicas de cada satelitoma, y después en los híbridos, utilizando una librería combinada con las secuencias de ADN satélite de ambas especies. De este modo, será posible estimar la composición del satelitoma de los híbridos, así como su similitud relativa con cada uno de los genomas parentales.

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

Objetivos planteados:

Objetivo general

Evaluar la utilidad del satelitoma como herramienta genómica para el estudio de la hibridación e introgresión entre Erysimum merxmuelleri y Erysimum lagascae.

Objetivos específicos

1. Caracterizar el satelitoma de las poblaciones parentales puras de ambas especies.
2. Identificar familias de ADN satélite diferenciales entre E. merxmuelleri y E. lagascae.
3. Analizar la composición del ADN satélite de los individuos híbridos presentes en la zona de contacto.
4. Estimar la direccionalidad del flujo génico entre ambas especies.
5. Cuantificar el grado de introgresión en las poblaciones híbridas.
6. Valorar el potencial del satelitoma como marcador genómico en el estudio de la hibridación interespecífica en plantas.

Bibliografía básica:

Bibliografía básica

Abdelaziz, M., Muñoz-Pajares, A. J., Lorite, J., Herrador, M. B., Perfectti, F., & Gómez, J. M. (2014). Phylogenetic relationships of "Erysimum" (Brassicaceae) from the Baetic Mountains (SE Iberian Peninsula). Anales Del Jardin Botanico De Madrid, 71, 005. https://doi.org/10.3989/ajbm.2377

Abdelaziz, M., Lorite, J., Muñoz-Pajares, A. J., Herrador, M. B., Perfectti, F., & Gómez, J. (2011). Using complementary techniques to distinguish cryptic species: a new Erysimum (Brassicaceae) species from North Africa.. American journal of botany, 98 6, 1049-60. https://doi.org/10.3732/ajb.1000438

Bačák, R., Šlenker, M., Šingliarová, B., Mandáková, T., Skokanová, K., Turisová, I., Turis, P., Smatanová, J., & Zozomová-Lihová, J. (2025). Understanding early stages of speciation: Allopatric divergence, introgression and chromosomal dynamics in the Erysimum odoratum species complex.. Molecular phylogenetics and evolution, 108481. https://doi.org/10.1016/j.ympev.2025.108481

Chen, D., Huang, H., Chen, H., Gan, X., Liu, Y., Wan, S., Zhu, B., Lu, Z., Ge, X., Yang, Q., Mandáková, T., Guo, X., Tan, C., & Lysak, M. (2026). Insights into karyotype evolution and flower color variation from the genome assembly of wallflower (Erysimum cheiri). Plant Physiology, 200. https://doi.org/10.1093/plphys/kiag133

Moazzeni, H., Zarre, S., Pfeil, B., Bertrand, Y., German, D., Al-Shehbaz, I., Mummenhoff, K., & Oxelman, B. (2014). Phylogenetic perspectives on diversification and character evolution in the species-rich genus Erysimum (Erysimeae; Brassicaceae) based on a densely sampled ITS approach. Botanical Journal of the Linnean Society, 175, 497-522. https://doi.org/10.1111/boj.12184

Montiel, E. E., Panzera, F., Palomeque, T., Lorite, P., & Pita, S. (2021). Satellitome analysis of Rhodnius prolixus, one of the main chagas disease vector species. International Journal of Molecular Sciences, 22(11), 6052. https://doi.org/10.3390/ijms22116052

Montiel, E. E., Mora, P., Rico-Porras, J. M., Palomeque, T., & Lorite, P. (2022). Satellitome of the red palm weevil, Rhynchophorus ferrugineus (Coleoptera: Curculionidae), the most diverse among insects. Frontiers in Ecology and Evolution, 10, 826808. https://doi.org/10.3389/fevo.2022.826808

Novak, P., Neumann, P., & Macas, J. (2010). Graph-based clustering and characterization of repetitive sequences in next-generation sequencing data. BMC Bioinformatics, 11, 378. https://doi.org/10.1186/1471-2105-11-378

Novak, P., Neumann, P., Macas, J., & otros. (2020). Global analysis of repetitive DNA from unassembled sequence reads using RepeatExplorer2. Nature Protocols, 15(11), 3745–3776. https://doi.org/10.1038/s41596-020-0400-y

Smit, A. F. A., Hubley, R., & Green, P. (s. f.). RepeatMasker. http://www.repeatmasker.org

Recomendaciones y orientaciones para el estudiante:

Plazas: 1

2. DATOS DEL TUTOR/A:

Nombre y apellidos: EUGENIA ELISABETH MONTIEL JIMÉNEZ

Ámbito de conocimiento/Departamento: GENÉTICA

Correo electrónico: eemontiel@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: ALBA MARTINEZ GUERRA

Correo electrónico: albamguerra@correo.ugr.es