UNIVERSIDAD DE GRANADA

FACULTAD DE CIENCIAS

Propuesta TFG. Curso 2026/2027

GRADO: Grado en Biología

CÓDIGO DEL TFG: 200-135-2026/2027

1. DATOS BÁSICOS DEL TFG:

Título: Marcadores moleculares en el análisis evolutivo de plantas

Descripción general (resumen y metodología):

Resumen

El genoma de los eucariotas, incluyendo las plantas, está compuesto no solo por genes codificantes, sino también por una gran cantidad de secuencias repetidas y no génicas que desempeñan un papel fundamental en la evolución y organización genómica. Estas secuencias se dividen en dos grandes grupos: aquellas organizadas en tándem, como microsatélites, minisatélites y ADN satélite, y aquellas dispersas, como elementos transponibles (SINEs, LINEs) y familias multigénicas, incluyendo genes ribosómicos y ARN transferentes. Las secuencias repetidas, en particular el ADN satélite y los espaciadores de los genes ribosómicos, evolucionan a un ritmo mucho más rápido que otras regiones genómicas y suelen seguir un patrón de evolución concertada, donde las copias dentro de un genoma se homogenizan más rápidamente que entre especies. Esta dinámica las convierte en marcadores moleculares ideales para estudiar procesos evolutivos recientes, relaciones filogenéticas cercanas y mecanismos de especiación. En paralelo, los genomas de los orgánulos (mitocondrial y cloroplastidial) aportan información complementaria. El ADN cloroplastidial, con su herencia generalmente materna y baja tasa de recombinación, es ampliamente utilizado para reconstruir filogenias y estudiar la evolución a nivel de género y familia. El ADN mitocondrial, aunque menos variable en plantas que en animales, es útil para rastrear eventos de hibridación y poliploidía, fenómenos frecuentes en plantas liliáceas. El presente estudio propone una aproximación integrada que combina marcadores nucleares, mitocondriales y cloroplastidiales para analizar la evolución de las plantas, principalmente liliáceas, aprovechando las ventajas de cada tipo de marcador y las tecnologías de secuenciación masiva para obtener datos genómicos completos y de alta resolución.

Metodología

1. Extracción de ADN Se emplearán tejidos foliares jóvenes, procesados bajo condiciones de asepsia y macerados en nitrógeno líquido para preservar la integridad del ADN. Para la extracción se utilizará preferentemente kits comerciales (por ejemplo, DNeasy Plant Mini Kit, QIAGEN) con purificación en columnas de sílice para obtener ADN de alta calidad. La calidad y cantidad del ADN se verifican mediante espectrofotometría y electroforesis en gel de agarosa.

2. Amplificación de regiones génicas Se seleccionarán marcadores nucleares (microsatélites, ITS, espaciadores ribosómicos), cloroplastidiales (matK, rbcL, trnL-F, psbA-trnH) y mitocondriales (nad1, cox1). La amplificación se realizará mediante PCR convencional, optimizando las condiciones para cada tipo de marcador y especie.

3. Secuenciación y ensamblaje genómico El ADN de los orgánulos secuenciará mediante tecnologías de secuenciación masiva (NGS), preferiblemente en plataformas Illumina (MiSeq, NovaSeq) para obtener datos de alta cobertura. Para el ensamblaje de los genomas mitocondrial y cloroplastidial completos, se emplearán softwares como NOVOPlasty, GetOrganelle, y SPAdes, que permiten reconstruir genomas circulares a partir de lecturas NGS.El análisis bioinformático incluirá la limpieza de secuencias (Trimmomatic), alineamiento (MAFFT, Clustal Omega), detección de variantes (GATK, FreeBayes) y análisis filogenético (RAxML, IQ-TREE).

4. Análisis de datos y aplicaciones evolutivas Se realizarán análisis de diversidad genética (Arlequin, GenAlEx), estructura poblacional (STRUCTURE, ADMIXTURE) y filogenia comparada (BEAST, MrBayes). Los resultados permitirán inferir relaciones evolutivas, eventos de hibridación, poliploidía y dispersión geográfica.

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

Objetivos planteados:

1. Caracterizar la diversidad genética y las relaciones evolutivas en plantas mediante marcadores nucleares, mitocondriales y cloroplastidiales.
2. Evaluar la utilidad de diferentes secuencias repetidas (microsatélites, ADN satélite, espaciadores ribosómicos) y los genomas de orgánulos en la resolución de linajes y eventos de especiación.
3.Comparar patrones de evolución concertada y divergente en los distintos compartimentos genómicos.
4. Aplicar estos marcadores a estudios de taxonomía, filogenia, hibridación y poliploidía en las especies analizadas.

Bibliografía básica:

1. Soltis, P. S., Marchant, D. B., Van de Peer, Y., & Soltis, D. E. (2015). Polyploidy and genome evolution in plants. Current Opinion in Genetics & Development, 35, 119-125.
2. Bennett, M. D., & Leitch, I. J. (2005). Genome Size Evolution in Plants. En: T. Ryan Gregory (Ed.), The Evolution of the Genome, Academic Press, pp. 89-162.
3. Shaw, J., Lickey, E. B., Beck, J. T., et al. (2007). Comparative analysis of complete chloroplast genome sequences and insights into the evolution of the Liliaceae. American Journal of Botany, 94(8), 1321-1332.
4. Palmer, J. D., Adams, K. L., Cho, Y., et al. (2000). Dynamic evolution of plant mitochondrial genomes: mobile genes and introns and highly variable mutation rates. PNAS, 97(13), 6960-6966. Protocolo de extracción de ADN para Aloe barbadensis Mill. Rev. Fac. Agron. (LUZ). 2015, 32: 231251. 5. Estandarización de un protocolo de obtención de ADN genómico. Revista Biotecnología Vegetal, 21(2): 121-128.

Recomendaciones y orientaciones para el estudiante:

Plazas: 1

2. DATOS DEL TUTOR/A:

Nombre y apellidos: ROBERTO DE LA HERRÁN MORENO

Ámbito de conocimiento/Departamento: GENÉTICA

Correo electrónico: rherran@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: MARIA TERESA MAYORDOMO HERNANDEZ

Correo electrónico: maytemayordomo@correo.ugr.es