

GENÓMICA, PROTEÓMICA Y METABOLÓMICA

Breve descripción de la asignatura incluyendo las practicas

El desarrollo e implementación de las tecnologías “ómicas”, como son la genómica, proteómica y metabolómica, está aportando herramientas claves y complementarias para el estudio global de los organismos. Estas tecnologías permiten estudiar diferentes aspectos del organismo como son su secuencia genómica, los cambios globales en la expresión génica y contenido proteico, y los perfiles metabólicos. Por otro lado, la integración de todos estos datos permite establecer modelos que explican de manera global e integrada el sistema bajo estudio.

Esta asignatura tiene como objetivo introducir y profundizar en las diferentes técnicas ómicas existentes en la actualidad. Se le dará especial atención a las aplicaciones de las mismas mediante la exposición de múltiples trabajos actuales en las que se llevan a cabo este tipo de aproximaciones ómicas.

Las prácticas de esta asignatura se llevarán a cabo tanto en el aula de informática, en la que se llevará a cabo un ejemplo práctico de uso de base de datos, como en el laboratorio, en el cual se realizará una identificación de variedades de fresa mediante el uso de marcadores moleculares.

Conocimiento previo necesario

Esta asignatura requiere conocimientos básicos previos de biología molecular, bioquímica, genética y biotecnología.

Programa actualizado de la asignatura

TEORÍA

Tema 1. Introducción a la Genómica. Historia de los avances en Genómica

Tema 2. Nuevas tecnologías de secuenciación masiva (NGS).

Tema 3. Aplicaciones de la Genómica

Tema 4. Marcadores moleculares. Aplicaciones (Mapeo posicional, QTLs, Association mapping, GWAS).

Tema 5. Introducción a la Proteómica. Métodos de detección e identificación de proteínas.

Tema 6. Aplicaciones de Proteómica.

Tema 7. Introducción a la Metabolómica. Métodos de detección e identificación de metabolitos.

Tema 8. Interpretación y procesamiento de datos, análisis estadístico, análisis multivariable.

Tema 9. Aplicaciones de la Metabolómica.

Tema 10. Aplicación de Biología de Sistemas para el estudio de Sistemas Biológicos.

PRÁCTICAS

Práctica 1. Ejemplo práctico de uso de bases de datos y de diseño in silico de vectores para edición genómica por el sistema CRISPR/Cas.

Práctica 2. Aplicación de marcadores SSR a la identificación varietal en fresa.

Especialidad del profesorado

David Posé Padilla (D. Posé)

<http://www.ihsm.uma-csic.es/person.php?id=187>

Doctorado en octubre de 2008, actualmente trabaja como investigador y docente Ramón y Cajal en el Departamento de Biología Molecular y Bioquímica de la Universidad de Málaga. Su carrera investigadora se ha centrado en entender la respuesta de las plantas a señales medioambientales, estudiando en concreto dos tipos de interacción planta-ambiente: (1) la identificación y caracterización de genes involucrados en la tolerancia a estrés hídrico, y (2) el estudio de factores de transcripción implicados en la regulación de la transición floral en respuesta a cambios en la temperatura.

En la actualidad es investigador principal de un proyecto europeo Starting Grant de la European Research Council. Su interés actual es entender los procesos moleculares que intervienen en el desarrollo y maduración del fruto de fresa, centrándose para ello en la identificación y caracterización de factores de transcripción. Además, el proyecto tiene como objetivo la búsqueda de nuevos alelos asociados a características de interés agronómico (contenido de azúcares, metabolitos secundarios incluyendo volátiles, dureza, etc.) mediante un estudio de asociación en genoma completo (GWAS) en una colección de variedades de la especie silvestre de fresa *Fragaria vesca*.

Ha publicado un total de 15 publicaciones científicas, en revistas de alto impacto como *Nature*, *Science*, *Nature Communications*, *Plant Cell*, *Plos Genetics*, etc. Ha dirigido un trabajo de máster y dirige en la actualidad una tesis doctoral. Fue elegido como ganador del premio “Andaluces del Futuro” en la categoría de Ciencia, organizado por Bankia y el grupo Joly.

Sonia Osorio Algar (S. Osorio)

Profesor e investigador Ramón y Cajal del Departamento de Biología Molecular y Bioquímica de la Universidad de Málaga. Su línea prioritaria de investigación es el estudio de los procesos regulatorios subyacentes de la maduración, calidad organoléptica y vida post-cosecha de frutos. Del mismo modo, se enfoca en el desarrollo de herramientas biotecnológicas que ayuden en la detección de metabolitos y/o genes ligados/asociados a estos procesos y que aporten mejoras cualitativas y cuantitativas a los procesos de desarrollo y mejora vegetal actualmente. El principal foco es el trabajo en frutos de tomate y fresa, cultivos de alta importancia económica en España y el mundo, que a su vez son fácilmente transformables y categorizados como modelos de frutos climatérico y no-climatérico, respectivamente. Esto presenta la oportunidad para el estudio en paralelo de

los procesos involucrados en nuestras líneas prioritarias de investigación desde un punto de vista global de “sistema biológico”. A pesar de haber obtenido su grado de doctor en el año 2006, su record de publicaciones científicas y su impacto en calidad como en Science, Nature, Plant Cell, Plant Physiology entre otros. Al mismo tiempo que sus colaboraciones en manuscritos de extensión del conocimiento (libros, reportajes, etc) abalan su participación como miembro activo de investigaciones colaborativas nacionales e internacionales. Desde su incorporación en la Universidad de Málaga, la Dra. Osorio ha participado activamente en docencia y redes colaborativas de investigación dentro de la misma Universidad, como con grupos de investigación nacional (IFAPA, CSIC, INIA, empresas privadas), así como con grupos internacionales (USA, Argentina, Francia, Italia, UK, Alemania, Israel, Noruega, Brasil, Chile). Al respecto y desde su incorporación, han sido financiadas parte de las iniciativas presentadas por su grupo en formación; Investigador principal (IP) Plan Nacional MINECO, IP Plan Nacional Infraestructura MINECO, y coordinadora de un Proyecto de 5 millones de euros de la convocatoria de proyectos Europeos H2020; GoodBerry.

Su actividad docente ha sido llevada a cabo en el ámbito nacional; Universidad de Málaga, Universidad de Granada, e internacional; Universidad de Leiden Holanda, Universidad de Potsdam Alemania. Su activa participación la ha llevado a coordinar un proyecto de innovación docente coordinado con académicos de la Universidad de Málaga y Universidad de Sevilla y sus resultados han sido presentados en congreso internacional de docencia universitaria. Del mismo modo, la Dra. Osorio ha dirigido tesis doctorales tanto en la Universidad de Málaga como en la Universidad de Potsdam (Alemania) así como tesis de Máster. En la actualidad es directora de tesis de doctorado de la Facultad de Ciencias UMA, y participa activamente en comisiones evaluadoras de tesis a nivel nacional.

Iraida Amaya Saavedra (I. Amaya)

Inició su actividad científica estudiando el papel de 2 peroxidasas de tomate en relación con el estrés salino. En esta etapa las líneas de investigación se basaron en la bioquímica, biología molecular y transformación de plantas de tomate y tabaco. La tesis doctoral (2000) fue realizada en el John Innes Centre, UK, y se centró en el estudio del control de la identidad de los meristemas durante la inducción floral. Se usaron aproximaciones genéticas y moleculares (como la hibridación in situ) y transformación genética de Arabidopsis y tabaco. En 2001 se reincorporó al dept. de Biología Molecular y Bioquímica de la UMA con líneas de investigación relacionadas con la mejora de la calidad de la fresa, ya sea desde una aproximación biotecnológica o genética. Desde finales del 2004 es investigadora en el área de Mejora y biotecnología del Instituto Andaluz de Investigación y Formación Agraria y Pesquera (IFAPA) en Málaga y su línea de investigación actual se ha centrado en el desarrollo de marcadores moleculares ligados a caracteres de calidad de la fresa. Primero desarrollamos una amplia colección de marcadores microsatélites (6, 7, 8) que hemos usado en la identificación de genes que controlan la variación en caracteres de calidad del fruto como su contenido en azúcares, acidez, firmeza, color, contenido en vitamina C (5). Hemos contribuido de manera muy importante a la identificación de genes claves que controlan importantes compuestos volátiles del fruto: los responsables del olor y sabor de las fresas (3, 4). Mantenemos

colaboraciones con importantes grupos nacionales e internacionales en relación con la implantación del uso de marcadores moleculares en la mejora de la fresa. En este sentido destaca nuestra participación en varios proyectos de la EU (actualmente participamos en un nuevo proyecto dentro del H2020: GoodBerry). Otra colaboración relevante es dentro del macroproyecto norteamericano ROSBREED para el desarrollo y aplicación de tests de DNA para el desarrollo de nuevos cultivares con superior calidad y resistencia dentro de la familia de las Rosáceas. En este último ejemplo hemos participado en el desarrollo del primer chip de marcadores SNP para la fresa (2). Además, hemos desarrollado otra plataforma DArTseq para el genotipado eficiente de SNPs en la fresa cultivada (1).

1. Sánchez-Sevilla, J. F., Hovath, A., Botella, M. A., Gaston, A., Folta, K., Kilian, A., Denoyes, B., Amaya, I. Diversity Arrays Technology (DArT) marker platforms for diversity analysis and linkage mapping in a complex crop, the octoploid cultivated strawberry (*Fragaria × ananassa*). PLOS One (2015) 10: e0144960.
2. N. V. Bassil, T. M. Davis, H. Zhang, S. Ficklin, M. Mittmann, T. Webster, L. Mahoney, D. Wood, E. S. Alperin, U. R. Rosyara, H. Koehorst-van Putten, A. Monfort, I. Amaya, B. Denoyes, D. J. Sargent, L. Bianco, T. van Dijk, A. Pirani, A. Iezzoni, D. Main, C. Peace, Y. Yang, V. Whitaker, S. Verma, L. Bellon, F. Brew, R. Herrera, E. van de Weg. Development and Preliminary Evaluation of a 90K Axiom® SNP Array for the Allo-octoploid Cultivated Strawberry *Fragaria x ananassa*. BMC Genomics (2015) 16:155.
3. Sánchez-Sevilla, J.F., Cruz-Rus, E., Valpuesta, V., Botella, M.A., Amaya, I. Deciphering gamma-decalactone biosynthesis in strawberry fruit using a combination of genetic mapping, RNA-Seq and eQTL analyses. BMC Genomics (2014) 15: 218.
4. Zorrilla-Fontanesi, Y., Rambla, J.L., Cabeza, A., Medina, J.J., Sánchez-Sevilla, J.F., Valpuesta, V., Botella, M.A., Granell, A., Amaya, I. Genetic analysis of Strawberry fruit aroma and identification of O-methyltransferase FaOMT as the locus controlling natural variation in mesifurane content. Plant Physiology (2012). 159: 851-870.
5. Zorrilla-Fontanesi, Y., Cabeza, A., Dominguez, P., Medina-Minguez, J.J., Valpuesta, Denoyes-Rothan, B., Sánchez-Sevilla, J. F. and Amaya, I. Quantitative trait loci and underlying candidate genes controlling agronomical and fruit quality traits in octoploid strawberry (*Fragaria × ananassa*). Theoretical and Applied Genetics. (2011) 123: 755-778.
6. Zorrilla-Fontanesi, Y., Cabeza, A., Torres, A.M., Botella, M. A., Valpuesta, V., Monfort, A., Sánchez-Sevilla, J. F. and Amaya, I. Development and bin mapping of strawberry genic-SSRs in diploid *Fragaria* and their transferability across the Rosoideae subfamily. Molecular Breeding. (2011). 27: 137-156.
7. Gil-Ariza, D. J., Amaya, I., Botella, M. A., López-Aranda, J. M., Valpuesta, V. and Sánchez-Sevilla, J. F (2009) Impact of Plant Breeding on the Genetic Diversity of Cultivated Strawberry as Revealed by Expressed Sequence Tag (EST)-Derived SSR Markers. J. Amer. Soc. Hort. Sci. 134 (3): 337-347.
8. D. J Gil-Ariza, Amaya I, Botella MA, Muñoz-Blanco J, Caballero JL, Valpuesta V,

Sánchez-Sevilla JF. (2006). EST-derived polymorphic microsatellites from cultivated strawberry (*Fragaria x ananassa*) are useful for diversity studies and varietal identification among *Fragaria* species. *Molecular Ecology Notes*. 6: 1195-1197.