

Propuesta TFM



El Máster Universitario en: Estudios Avanzados en Botánica

Profesor/es (E mail)	Pablo Muñoz Rodríguez, pablo.munoz@ucm.es
Título	Transferencia horizontal de <i>Agrobacterium</i> en el complejo <i>Ipomoea batatas</i> : análisis comparativo de genomas
Resumen	<p>Durante un estudio de secuenciación de ARN, unos investigadores descubrieron que una región específica del genoma de una variedad de batata (<i>Ipomoea batatas</i>) es homóloga a una región de ADN de transferencia (T-DNA) presente en <i>Agrobacterium</i>, una bacteria conocida por transferir ADN a las plantas mediante transferencia horizontal. Este hallazgo reveló que fragmentos del genoma de <i>Agrobacterium</i> se encuentran insertados de forma estable en la batata cultivada. El estudio posterior de otras variedades cultivadas, formas silvestres tetraploides de <i>I. batatas</i> y especies afines diploides confirmó la existencia de dos regiones de inserción, denominadas <i>IbT-DNA1</i> e <i>IbT-DNA2</i>. <i>IbT-DNA1</i> está presente en todas las variedades cultivadas analizadas, pero ausente en los parientes silvestres, mientras que <i>IbT-DNA2</i> aparece solo en un subconjunto reducido de cultivares y en algunos individuos silvestres.</p> <p>El impacto funcional de estas inserciones no está completamente aclarado: <i>IbT-DNA1</i> interrumpe un gen <i>F-box</i> endógeno, aunque la presencia de copias adicionales del mismo gen sugiere una posible compensación funcional.</p> <p>Actualmente disponemos de datos de genomas completos de todas las especies del clado de la batata, lo que permite abordar esta cuestión con una resolución sin precedentes. El proyecto propone rastrear la presencia, estructura y variación de las regiones <i>IbT-DNA</i> en el conjunto de genomas disponibles, con el fin de determinar si la adquisición del <i>T-DNA</i> bacteriano fue un evento único —indicativo de un origen geográfico único de la batata— o si hubo múltiples inserciones independientes asociadas a distintos linajes o regiones.</p> <p>El análisis combinará búsquedas por homología y alineamientos de secuencias para detectar y caracterizar las inserciones, junto con reconstrucciones filogenéticas destinadas a esclarecer su origen y relaciones evolutivas. Asimismo, el/la estudiante aplicará enfoques comparativos de genómica estructural y análisis de sintenia para evaluar la copia, organización y localización de las regiones <i>IbT-DNA</i> en los distintos genomas.</p> <p>Este estudio permitirá esclarecer el papel de <i>Agrobacterium</i> en la evolución de la batata y aportar nueva evidencia sobre su origen y domesticación.</p>

