

MÁSTER UNIVERSITARIO EN ESTUDIOS AVANZADOS EN BOTÁNICA

ENSAMBLAJE Y ANÁLISIS DE GENOMAS DE PLANTAS	
Código	610649
Módulo	Especialización
Materia	Nuevas tendencias e investigaciones
Carácter	Asignatura optativa
Créditos ECTS	3
Curso	2º
Semestre	3º
Coordinador	Pablo Muñoz Rodríguez; pablo.munoz@ucm.es

SINOPSIS

DESCRIPTOR

Esta asignatura aborda los fundamentos del ensamblaje y análisis de genomas de plantas, desde la estructura y organización genómica hasta la aplicación de herramientas bioinformáticas para el procesamiento de datos de secuenciación. Se analizarán las diferentes tecnologías de secuenciación masiva y los tipos de datos genómicos más utilizados en los estudios evolutivos actuales. También se explorarán los distintos tipos de genomas vegetales (nuclear, plastidial y mitocondrial) junto con los principales procesos evolutivos que afectan a nivel genómico y cromosómico. Asimismo, se proporcionará formación práctica en métodos de ensamblaje y análisis de datos genómicos, con un enfoque aplicado a la interpretación de información derivada de tecnologías ómicas y su utilidad en el estudio de la biodiversidad vegetal.

CONOCIMIENTOS PREVIOS RECOMENDADOS

Para un mejor aprovechamiento de la asignatura, se recomienda contar con conocimientos básicos de genética, biología molecular y bioinformática. Es imprescindible tener familiaridad con los conceptos fundamentales de filogenia y filogeografía, así como con los métodos de inferencia filogenética, alineamiento de secuencias y modelos evolutivos, contenidos abordados en la asignatura **Técnicas Avanzadas de Filogenia y Filogeografía Vegetal**. Además, es aconsejable, pero no imprescindible, un manejo básico del sistema operativo Linux y del trabajo en línea de comandos. También resulta útil contar con experiencia en la consulta de bibliografía científica y bases de datos especializadas en biodiversidad. Por último, un nivel de inglés suficiente para leer y comprender fuentes científicas será de gran ayuda para seguir con éxito los contenidos de la asignatura.

OBJETIVOS FORMATIVOS

La asignatura capacitará al alumnado en el ensamblaje y análisis de genomas de plantas, proporcionándole los conocimientos necesarios sobre la estructura y evolución de los genomas vegetales, las principales técnicas de secuenciación masiva y los métodos de procesamiento y análisis de datos genómicos.

A nivel práctico, el estudiantado desarrollará habilidades para identificar la estructura y

componentes de los distintos genomas vegetales, seleccionar la técnica de secuenciación más adecuada para cada caso, ejecutar ensamblajes genómicos y aplicar herramientas bioinformáticas para el análisis de datos de secuenciación. Además, adquirirá competencias en la gestión e interpretación de datos genómicos, aplicando metodologías avanzadas para el estudio de la biodiversidad y la evolución de las plantas.

RESULTADOS DE APRENDIZAJE

Contenidos:

- **RA2** - Conocer y comprender los principales procesos evolutivos de los vegetales y los cambios de sus comunidades a lo largo del tiempo.
- **RA7** - Conocer los principales rasgos de la estructura genómica y cromosómica de los vegetales y las técnicas empleadas en su estudio en la actualidad.
- **RA10** - Conocer las nuevas tendencias y perspectivas de investigación en Botánica, así como los principios del método científico y sus condicionantes éticos.

Habilidades:

- **RA11** - Demostrar habilidad en el diseño de estudios altamente especializados relacionados con la morfología, evolución y usos de las plantas, así como su variabilidad ante diferentes escenarios ambientales.
- **RA12** - Demostrar destrezas en técnicas avanzadas y herramientas especializadas relacionadas con estudios morfológicos, taxonómicos, anatómicos, químicos y genéticos en el ámbito de la Botánica.
- **RA13** - Interpretar de manera crítica y fundamentada los procesos e hitos evolutivos en la evolución de las plantas, así como la dinámica de las comunidades vegetales analizando el conjunto de procesos subyacentes.
- **RA18** - Aplicar herramientas especializadas en la obtención, análisis e integración de información bibliográfica o bases de datos en el ámbito de la Botánica.
- **RA19** - Saber aplicar e integrar los conocimientos botánicos, la comprensión de estos, su fundamentación científica y su capacidad de resolución de problemas en entornos nuevos de distinto nivel de dificultad

Competencias:

- **RA21** - Capacidad para diseñar, planificar y realizar el trabajo de laboratorio y de campo en Botánica dominando el uso de herramientas y software informático para la interpretación de los datos.
- **RA22** - Capacidad para valorar y discutir de forma crítica y detallada las distintas teorías, modelos o procesos implicados en la evolución de los vegetales y sus comunidades
- **RA25** - Ser capaz de interpretar información y sustentar conclusiones sobre la variación de las plantas y sus comunidades en relación con el cambio global.
- **RA27** - Capacidad para usar un lenguaje técnico avanzado en el campo de la Botánica que le permita expresarse y comunicar los resultados procedentes de la investigación científica y tecnológica en el ámbito de la innovación más destacada.
- **RA28** - Ser capaz de integrar la Botánica en contextos de carácter multidisciplinar dentro de sus propias necesidades de desarrollo personal y entorno profesional.

METODOLOGÍA DOCENTE

La asignatura combinará actividades presenciales y trabajo autónomo del alumnado, con un enfoque aplicado. Las sesiones presenciales incluirán **lecciones magistrales**, en las que se

impartirán los fundamentos teóricos sobre la estructura, evolución y análisis de genomas vegetales, así como las principales técnicas de secuenciación y ensamblaje. También se desarrollarán **seminarios y talleres**, orientados a la resolución de casos prácticos, el uso de herramientas bioinformáticas y la interpretación de datos genómicos, haciendo uso de bases de datos y software especializados.

El trabajo autónomo será clave para la asimilación de los contenidos y el desarrollo de competencias, e incluirá la lectura de artículos científicos, la resolución de ejercicios prácticos y la preparación de trabajos asignados a lo largo de la asignatura.

CONTENIDO TEMÁTICO

BLOQUE I – Estructura y tipos de genomas en plantas.

- Organización y estructura de los genomas vegetales: nuclear, plastidial y mitocondrial.
- Componentes principales: genes codificantes y regiones intergénicas.
- Variabilidad y evolución genómica en plantas.

BLOQUE II - Técnicas de secuenciación, tipos de datos genómicos y repositorios.

- Tecnologías de secuenciación masiva.
- Protocolos de secuenciación y tipos de datos.
- Bases de datos y repositorios públicos de información genómica.
- Control de calidad y preprocesamiento de los datos.

BLOQUE III – Procesamiento de datos genómicos.

- Métodos de ensamblaje: *de novo* vs. basado en referencia.
- Herramientas bioinformáticas.
- Anotación estructural y funcional.
- Identificación de elementos repetitivos y variaciones estructurales.

BLOQUE IV - Aplicaciones de la genómica en el estudio de las plantas.

- Estudios de evolución y diversidad vegetal.
- Aplicaciones en filogenética y filogeografía.
- Integración con otras tecnologías *ómicas*.
- Retos y perspectivas en genómica vegetal.

ACTIVIDADES DOCENTES

Actividad	Número de horas	% del total de horas	Presencialidad
Lecciones magistrales	8	33 %	100 %
Seminarios-talleres	16	67 %	100 %
Trabajo autónomo	51		0 %

SISTEMA DE EVALUACIÓN

La distribución porcentual de la nota final de la asignatura será:

- Prueba escrita al terminar el programa: 10 %.
- Pruebas de ejecución de tareas reales y/o simuladas: 50 %.
- Trabajos y proyectos: 40 %.

Los trabajos se realizarán en grupo o de manera individual en función del número de alumnos, que serán supervisados durante el desarrollo de la asignatura mediante atención presencial y remota.

CRITERIOS DE EVALUACIÓN

Para superar la asignatura es imprescindible presentar la totalidad de ejercicios planteados y obtener en todas las pruebas una nota igual o superior a 5 puntos sobre 10.

RECURSOS

BIBLIOGRAFÍA RECOMENDADA

- Bleidorn, C.** 2017. *Phylogenomics: An Introduction*. Springer International Publishing. https://weblibrary.mila.edu.my/upload/ebook/science_and_research/2017_Book_Phylogenomics.pdf
- Bolger, M.E., Arsova, B., & Usadel, B.** 2017. Plant genome and transcriptome annotations: from misconceptions to simple solutions. *Brief. Bioinform.*: bbw135. <https://doi.org/10.1093/bib/bbw135>
- Brown, T.A.** 2020. *Genomes 4*. Garland Science.
- Cullis, C.A.** 2025. *Plant Genomics*. Hoboken, NJ, USA: John Wiley & Sons, Ltd.
- Eklom, R., & Wolf, J.B.W.** 2014. A field guide to whole-genome sequencing, assembly and annotation. *Evol Appl* 7: 1026–1042. <https://doi.org/10.1111/eva.12178>
- Escudero, M. et al.** 2023. Using ChromEvol to determine the mode of chromosomal evolution. In: *Plant Cytogenetics and Cytogenomics: Methods and Protocols* (pp. 529-547). New York, NY: Springer US. https://doi.org/10.1007/978-1-0716-3226-0_32
- Garg, V. et al.** 2024. Unlocking plant genetics with telomere-to-telomere genome assemblies. *Nat. Genet.* 56: 1788–1799. <https://doi.org/10.1038/s41588-024-01830-7>
- Gonçalves, D.J.P. et al.** 2020. Under the rug: abandoning persistent misconceptions that obfuscate organelle evolution. *Mol. Phyl. Evol.* 151: 106903. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2020.106903>
- Hou, M., & Pang, S.** 2024. Plant pan-genomics: opportunities, advances, and challenges. *JDSIS*. <https://doi.org/10.47852/bonviewJDSIS42023107>
- Jung, H. et al.** 2019. Tools and strategies for long-read sequencing and de novo assembly of plant genomes. *Trends Pl. Sci.* 24: 700–724. <https://doi.org/10/ggh8v5>
- Kress, W.J. et al.** 2022. Green plant genomes: What we know in an era of rapidly expanding opportunities. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 119: e2115640118. <https://doi.org/10.1073/pnas.2115640118>
- Lesk, A.** 2019. *Introduction to Bioinformatics* (5th Edition). Oxford, UK: Oxford University press.
- Li, F., & Harkess, A.** 2018. A guide to sequence your favorite plant genomes. *Appl. Plant Sci.* 6: e1030. <https://doi.org/10.1002/aps3.1030>
- Naish, M., & Henderson, I.R.** 2024. The structure, function, and evolution of plant centromeres. *Genome Res.* 34: 161-178. <https://doi.org/10.1101/gr.278409.123>
- Papolu, P.K. et al.** 2022. Retrotransposons: How the continuous evolutionary front shapes plant genomes for response to heat stress. *Front. Plant Sci.* 13:1064847. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1064847>
- Pucker, B.** 2024. Functional annotation – How to tackle the bottleneck in plant genomics. *Biology and Life Sciences*. <https://doi.org/10.20944/preprints202402.0645.v1>
- Steckenborn, S. & Marques, A.** 2025. Centromere diversity and its evolutionary impacts on plant karyotypes and plant reproduction. *New Phytol.* 245: 1879-1886. <https://doi.org/10.1111/nph.20376>
- Wajid, B., & Serpedin, E.** 2016. Do it yourself guide to genome assembly. *Brief. Funct. Genomics* 15: 1–9. <https://doi.org/10.1093/bfgp/elu042>

OTROS RECURSOS

Recursos en el campus virtual.