UNIVERSIDAD DE GRANADA

FACULTAD DE CIENCIAS

Propuesta TFG. Curso 2025/2026

GRADO: Grado en Biología

CÓDIGO DEL TFG: 200-104-2025/2026

1. DATOS BÁSICOS DEL TFG:

Título: Evaluación del metabarcoding de ADN ambiental (eDNA) para el monitoreo de la ictiofauna en el Mar de Alborán

Descripción general (resumen y metodología):

Resumen

La biodiversidad de la ictiofauna marina en el Mar de Alborán se encuentra en un preocupante declive, con un 30% de las especies de peces mediterráneos clasificadas como amenazadas debido a la sobrepesca, contaminación y calentamiento global (IUCN, 2025). Este enclave concentra el 78% de la fauna íctica mediterránea, incluyendo más de 200 especies y varios endemismos (Báez et al., 2023). Ante este contexto, el metabarcoding de ADN ambiental (eDNA) se presenta como una herramienta innovadora, no invasiva y altamente sensible para la identificación y monitoreo de especies marinas, permitiendo detectar especies crípticas y monitorizar invasoras con una sensibilidad hasta 1.000 veces mayor que los métodos tradicionales (Thomsen et al., 2016). Este estudio evaluará su eficacia en la Costa Tropical de Granada (Mar de Alborán), un hotspot de biodiversidad que alberga más de 200 especies de peces y conexiones críticas entre el Atlántico y el Mediterráneo.

Metodología

1. Muestreo innovador y extracción de ADN

Se emplearán esponjas Axinella spp. como biofiltros naturales, capaces de retener partículas de 0,1–1 µm y procesar hasta 100 L/día de agua, lo que facilita la captura eficiente de eDNA en la columna de agua (Morganti et al., 2021).

Las esponjas se recolectarán a profundidades desde 5 a 50 metros para analizar gradientes verticales de biodiversidad.

La extracción de eDNA se realizará mediante kits comerciales validados para muestras marinas, implementando controles negativos y blanks de campo para minimizar la contaminación cruzada.

2. Caracterización de marcadores

Se amplificarán regiones génicas mitocondriales (12S, 16S, citocromo b y COI) y nucleares (18S), seleccionando primers validados para peces y eucariotas marinos, lo que permite una identificación taxonómica precisa a nivel de especie, género y familia.

La amplificación se llevará a cabo mediante PCR convencional para cuantificar la abundancia relativa de los taxones detectados.

Las bibliotecas se prepararán para secuenciación masiva usando plataformas Illumina (MiSeq o NovaSeq), optimizando la cobertura y profundidad de lectura.

3. Análisis bioinformático

El procesamiento de secuencias se realizará con un pipeline reproducible y documentado, empleando herramientas de código abierto recomendadas internacionalmente como DADA2, para la corrección de errores y generación de variantes de secuencia de amplicón y SWARM o VSEARCH, para clustering de secuencias y detección de OTUs (unidades taxonómicas operativas).

La asignación taxonómica se realizará comparando las secuencias con bases de datos de referencia como SILVA, GenBank, BOLD y UNITE, asegurando una cobertura amplia y actualizada.

Los datos se analizarán en R para modelar patrones espaciales de diversidad y distribución, y se emplearán herramientas como phyloseq y vegan para análisis estadísticos avanzados.

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

Objetivos planteados:

- Analizar la composición de la ictiofauna a diferentes profundidades (5, 25 y 50 metros) y en distintos periodos de tiempo.

- Comprobar qué marcadores moleculares son los más eficientes en amplificación y resolución taxonómica.
- Identificar los taxones más abundantes y relevantes para la conservación y gestión pesquera.

Bibliografía básica:

1. Thomsen, P.F. et al. (2016). Environmental DNA from seawater samples correlate with trawl catches of subarctic, deepwater fishes. PLoS ONE 11(11).
2. Mariani, S. et al. (2020). Let's get physical: comparing metabarcoding and morphological analyses for marine biodiversity surveys. Frontiers in Marine Science.
3. Morganti, T. et al. (2021). The giant sponge Axinella as a reservoir of dissolved organic matter. Marine Genomics.
4. Báez, J.C. et al. (2023). Atlas íctico del Mar de Alborán. Instituto Español de Oceanografía.
5. García-Moreno, P. et al. (2024). Nuevos registros de elasmobranquios mediante eDNA en el Mar de Alborán. Revista de Biología Marina.
6. Stat, M. et al. (2020). Sponge microbiomes are a reservoir of environmental DNA for fish biodiversity monitoring. Molecular Ecology Resources.

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: David Testón Laguna

Correo electrónico: davidtesla@correo.ugr.es