UNIVERSIDAD DE GRANADA

FACULTAD DE CIENCIAS

Propuesta TFG. Curso 2024/2025

GRADO: Grado en Biología

CÓDIGO DEL TFG: 200-095-2024/2025

1. DATOS BÁSICOS DEL TFG:

Título: Demostrando la existencia de los códigos de barras de diversidad genética

Descripción general (resumen y metodología):

El Código de Barras de ADN (o DNA Barcoding, en inglés) es una técnica de identificación molecular que permite identificar cualquier especie mediante la comparación de una pequeña región de ADN en una base de datos previamente establecida. Esta aproximación se basa en la idea de que cada especie tiene su propio código de barras genético (barcode), tal y como cada persona tiene su propia huella dactilar. Esta técnica ha sido utilizada con éxito para multitud de aplicaciones prácticas que incluyen el control de plagas y enfermedades, la producción y seguridad de alimentos, la gestión de recursos y la conservación de la biodiversidad. Precisamente la conservación de la biodiversidad ha sido identificada como uno de los grandes desafíos que el ser humano deberá afrontar en las próximas décadas y es de vital importancia obtener herramientas que permitan monitorizar dicha diversidad antes de que sea demasiado tarde. En este trabajo queremos identificar regiones cortas de ADN que proporcionen estimas precisas de la diversidad genética y que puedan llegar a usarse como códigos de barras de diversidad. Como primer paso para evaluar la existencia de dichas regiones, realizaremos un estudio in silico utilizando secuencias de ADN mitocondrial de 1666 especies (incluyendo 73 géneros pertenecientes a los Reinos Protoctista, Animal, Vegetal y Fungi)

En primer lugar, descargaremos todas las secuencias de ADN del genoma mitocondrial disponibles en la base de datos pública GenBank y las agruparemos por géneros y posteriormente las alinearemos con la herramienta MAFFT server. Una vez realizado el alineamiento y su correspondiente revisión, estimaremos la diversidad genética utilizando distintos paquetes del programa R. Dichas estimas incluirán el cálculo de la diversidad genética de los individuos de cada género usando todo su ADN mitocondrial.

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

Objetivos planteados:

El principal objetivo de este trabajo es cuantificar la precisión con la que secuencias cortas de ADN mitocondrial pueden proporcionar valores de diversidad genética similares a los calculados usando el genoma mitocondrial completo. Para tener una estima de la universalidad de los resultados obtenidos, centraremos nuestro estudio en diferentes especies de varios géneros de todo el árbol de la vida.

Bibliografía básica:

Hollingsworth, P. M., Graham, S. W., & Little, D. P. (2011). Choosing and using a plant DNAbarcode.vPloS one, 6(5), e19254.

Hebert, P. D., Cywinska, A., Ball, S. L., & DeWaard, J. R. (2003). Biological identifications through DNAbarcodes. Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences, 270(1512), 313-321.

Kress, W. J. (2017). Plant DNA barcodes: Applications today and in the future. Journal of systematics and evolution, 55(4), 291-307.

Recomendaciones y orientaciones para el estudiante:

Plazas: 1

2. DATOS DEL TUTOR/A:

Nombre y apellidos: ANTONIO JESÚS MUÑOZ PAJARES

Ámbito de conocimiento/Departamento: GENÉTICA

Correo electrónico: ajesusmp@ugr.es

3. COTUTOR/A DE LA UGR (en su caso):

Nombre y apellidos: MOHAMED ABDELAZIZ MOHAMED

Ámbito de conocimiento/Departamento: GENÉTICA

Correo electrónico: mabdelazizm@ugr.es

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: CRISTINA MONTOYA DE HARO

Correo electrónico: crismdh@correo.ugr.es