UNIVERSIDAD DE GRANADA

FACULTAD DE CIENCIAS

Propuesta TFG. Curso 2026/2027

GRADO: Grado en Biología

CÓDIGO DEL TFG: 200-175-2026/2027

1. DATOS BÁSICOS DEL TFG:

Título: Diseño de cebadores para PCR basados en ADN satélite para la detección específica de nematodos del género Angiostrongylus

Descripción general (resumen y metodología):

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

Objetivos planteados:

Bibliografía básica:

Recomendaciones y orientaciones para el estudiante:

Plazas: 1

2. DATOS DEL TUTOR/A:

Nombre y apellidos: MARÍA MERCEDES GÓMEZ SAMBLÁS

Ámbito de conocimiento/Departamento: PARASITOLOGÍA

Correo electrónico: msambla@ugr.es

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

Nombre y apellidos: BEATRIZ MARÍA NAVARRO DOMÍNGUEZ

Ámbito de conocimiento/Departamento: GENÉTICA

Correo electrónico: bnavarro@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: SILVIA LOPEZ ALVAREZ

Correo electrónico: lopezsilvia@correo.ugr.es

Título (propuestas):

Diseño de cebadores para PCR basados en ADN satélite para la detección específica de nematodos del género *Angiostrongylus*

Descripción general (Resumen y metodología)

Angiostrongylus cantonensis es un nematodo parásito zoonótico, conocido como el gusano pulmonar de la rata. Su hospedador definitivo son las ratas, y los hospedadores intermediarios son caracoles y babosas. En caso de infección accidental en humanos, puede migrar al sistema nervioso central y provocar meningoencefalitis.

A. cantonensis es originario de China continental, pero se ha extendido a múltiples países y continentes. El momento exacto de su migración fuera de Asia es desconocido, pero puede relacionarse con grandes eventos históricos o movimientos migratorios. Se detectó por primera vez en Europa continental recientemente, en la ciudad de Valencia. La mayor prevalencia de infección (20%) se observó en ratas capturadas en las huertas que rodean la ciudad, dedicadas a la producción de hortalizas para consumo local y exportación. Este es un entorno favorable para el parásito, debido a la abundancia de caracoles y babosas. La presencia del parásito en las ratas no implica necesariamente un riesgo significativo para la salud pública, ya que si se siguen las medidas preventivas adecuadas, el riesgo de contraer neuroangiostrongiliasis es muy bajo.

El objetivo de este proyecto es diseñar cebadores específicos para la detección mediante PCR de nematodos pertenecientes al género *Angiostrongylus*, destinados a facilitar la vigilancia epidemiológica y el control de enfermedades zoonóticas. Los cebadores se diseñarán sobre secuencias de ADN satélite, que estudiaremos en el genoma de varias especies de *Angiostrongylus*. Los satélites son secuencias repetitivas de ADN de evolución rápida, lo que permite identificar regiones específicas de especie, y por tanto, constituyen una herramienta valiosa para el desarrollo de métodos de detección.

Metodología:

1. Recolección y curación de datos genómicos de especies del género *Angiostrongylus* (*A. cantonensis*, *A. costaricensis*, *A. malaysiensis* y *A. mackerrasae*) disponibles en bases de datos públicas.

2. Identificación bioinformática de secuencias de ADN satélite, usando los softwares RepeatExplorer2 y TAREAN.

3. Análisis de la presencia y abundancia de estas secuencias en los genomas de las cuatro especies analizadas, para identificar marcadores específicos de especie.
4. Diseño de cebadores PCR específicos a partir de estas secuencias.
5. Validación experimental mediante PCR en muestras control positivas y negativas, para evaluar la especificidad de los cebadores.

Objetivos planteados

Diseñar y validar cebadores específicos basados en secuencias de ADN satélite para la detección por PCR de nematodos del género *Angiostrongylus*.

Bibliografía básica

Gómez-Samblás, M., Navarro-Dominguez, B., Sáez-Durán, S., Osuna, A., Bueno-Marí, R., Galán-Puchades, M. T., & Fuentes, M. V. (2024). Analysis of the mitochondrial genome to determine the origins and pathways of entry of *Angiostrongylus cantonensis* in continental Europe (Valencia, Spain). *Parasitology*, 1-7.

Gonzálvez, M., & Ruiz de Ybanez, R. (2022). What do we know about Angiostrongylus cantonensis in Spain? Current knowledge and future perspectives in a globalized world. *Transboundary and emerging diseases*, *69*(5), 3115-3120.

Fuentes, M. V., Gomez‐Samblas, M., Richter, O., Sáez‐Durán, S., Bueno‐Marí, R., Osuna, A., & Galán‐Puchades, M. T. (2024). Local terrestrial snails as natural intermediate hosts of the zoonotic parasite Angiostrongylus cantonensis in the new European endemic area of Valencia, Spain. *Zoonoses and Public Health*, *71*(4), 451-456

Novák, P., Neumann, P., & Macas, J. (2020). Global analysis of repetitive DNA from unassembled sequence reads using RepeatExplorer2. *Nature Protocols*, *15*(11), 3745-3776.

Novák, P., Ávila Robledillo, L., Koblížková, A., Vrbová, I., Neumann, P., & Macas, J. (2017). TAREAN: a computational tool for identification and characterization of satellite DNA from unassembled short reads. *Nucleic acids research*, *45*(12), e111-e111.