UNIVERSIDAD DE GRANADA

FACULTAD DE CIENCIAS

Propuesta TFG. Curso 2026/2027

GRADO: Grado en Biología

CÓDIGO DEL TFG: 200-003-2026/2027

1. DATOS BÁSICOS DEL TFG:

Título: Caracterización bioinformática del microbioma mediante secuenciación 16S rRNA

Descripción general (resumen y metodología):

El término microbiota hace referencia al conjunto de microorganismos presentes en una muestra o ambiente concreto. El concepto de microbioma puede emplearse de forma más amplia para incluir no solo los microorganismos, sino también sus genes, interacciones y contexto ecológico.

El microbioma se ha consolidado como un área transversal de interés en biología, biomedicina, ecología microbiana, nutrición, inmunología y medicina traslacional. La posibilidad de estudiar comunidades microbianas complejas sin necesidad de cultivo ha transformado la forma de abordar preguntas relacionadas con salud, enfermedad, ambiente e interacción huésped-microorganismo.

La secuenciación del gen 16S rRNA sigue siendo una estrategia ampliamente utilizada para caracterizar comunidades bacterianas y arqueanas. Aunque no permite una caracterización funcional directa comparable a la metagenómica shotgun, constituye una aproximación robusta, asequible y especialmente útil para estudios exploratorios, comparativos y formativos. L El análisis mediante 16S rRNA se basa en la amplificación y secuenciación de regiones variables del gen ribosomal 16S, presente en bacterias y arqueas. Estas regiones permiten inferir la composición taxonómica de una comunidad microbiana con una resolución que depende de la región amplificada, la longitud de lectura, la calidad de las bases, los cebadores y la base de datos de referencia utilizada.

El resultado del experimento suele ser un conjunto de archivos FASTQ, que contienen las lecturas de secuenciación y la calidad asociada a cada base. Esta información de calidad es esencial para decidir los pasos de filtrado, recorte y corrección de errores.

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

Objetivos planteados:

Desarrollar un Trabajo Fin de Grado orientado a la caracterización bioinformática del microbioma mediante datos públicos de secuenciación 16S rRNA, aplicando un flujo reproducible de análisis que integre revisión bibliográfica, control de calidad, inferencia de ASVs, asignación taxonómica, análisis de diversidad, construcción filogenética e interpretación biológica prudente.

1. Comprender los fundamentos biológicos y técnicos del análisis del microbioma mediante secuenciación 16S rRNA.
2. Realizar una búsqueda bibliográfica crítica sobre métodos de análisis de microbioma, comparando 16S rRNA con shotgun metagenomics y otras aproximaciones ómicas.
3. Identificar y seleccionar datasets públicos adecuados, evaluando metadatos, región amplificada, plataforma de secuenciación, disponibilidad de FASTQ y pertinencia biológica.
4. Ejecutar un flujo bioinformático reproducible desde FASTQ hasta tabla de ASVs, utilizando DADA2 como metodología principal.
5. Asignar taxonomía a las ASVs mediante bases de datos de referencia adecuadas, como SILVA, documentando siempre la versión empleada.
6. Integrar tabla de abundancias, taxonomía y metadatos en un objeto phyloseq para análisis exploratorios y visualizaciones.
7. Construir, si procede, un árbol filogenético de ASVs para métricas que requieran relaciones evolutivas, como UniFrac o Faith PD.
8. Explorar QIIME2 como entorno complementario para comprender artefactos QZA, visualizaciones QZV y procedencia computacional.

9. Realizar una interpretación funcional exploratoria, dejando claro el carácter inferencial de cualquier predicción basada en 16S.
10. Documentar el flujo de trabajo, parámetros, versiones de software, salidas generadas y criterios de decisión para favorecer la reproducibilidad.

Bibliografía básica:

- Bolyen E. et al. Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2. Nature Biotechnology, 2019. https://www.nature.com/articles/s41587-019-0209-9
- Callahan B.J. et al. DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data. Nature Methods, 2016. https://www.nature.com/articles/nmeth.3869
- McMurdie P.J. & Holmes S. phyloseq: an R package for reproducible interactive analysis and graphics of microbiome census data. PLoS ONE, 2013. https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0061217
- Douglas G.M. et al. PICRUSt2 for prediction of metagenome functions. Nature Biotechnology, 2020. https://www.nature.com/articles/s41587-020-0548-6
- SILVA rRNA database. Recurso de referencia para secuencias ribosomales alineadas y curadas. https://www.arb-silva.de/
- European Nucleotide Archive, EMBL-EBI. Repositorio europeo de datos de secuenciación. https://www.ebi.ac.uk/ena/browser/
- MGnify, EMBL-EBI. Recurso para análisis y descubrimiento de microbiomas secuenciados. https://www.ebi.ac.uk/metagenomics
- Andrews S. FastQC: A quality control tool for high throughput sequence data. Babraham Bioinformatics. https://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/
- Ewels P. et al. MultiQC: summarize analysis results for multiple tools and samples in a single report. Bioinformatics, 2016. https://academic.oup.com/bioinformatics/article/32/19/3047/2196507
- Genomic Standards Consortium. MIxS: Minimum Information about any Sequence. https://www.gensc.org/pages/standards-intro.html

Recomendaciones y orientaciones para el estudiante:

Plazas: 1

2. DATOS DEL TUTOR/A:

Nombre y apellidos: VERÓNICA PILAR AYLLÓN CASES

Ámbito de conocimiento/Departamento: BIOLOGÍA CELULAR

Correo electrónico: vayllon@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: Cristina García Fontana

Correo electrónico: cgfontana@fibao.es

Nombre de la empresa o institución: Instituto de Investigación Biosanitaria de Granada (ibs.GRANADA)

Dirección postal: Avda Madrid 15, 18012 Granada

Puesto del tutor en la empresa o institución: Científica senior

Centro de convenio Externo: IBS.granada

5. DATOS DEL ESTUDIANTE:

Nombre y apellidos: LUCIA JUAREZ RAMOS

Correo electrónico: luciaaj@correo.ugr.es