UNIVERSIDAD DE GRANADA

FACULTAD DE CIENCIAS

Propuesta TFG. Curso 2026/2027

GRADO: Grado en Biología

CÓDIGO DEL TFG: 200-126-2026/2027

1. DATOS BÁSICOS DEL TFG:

Título: Análisis de la diversidad y funciones microbianas en suelos mediante metagenómica shotgun

Descripción general (resumen y metodología):

ESTE TRABAJO NO ESTÁ PROPUESTO POR EL ESTUDIANTADO. ES EL TUTOR QUIEN HA IDEADO Y PLANTEADO LA PROPUESTA Y HA ACORDADO CON LA ALUMNA QUE REALIZARÁ SU TFG EN EL MARCO DE LA MISMA.

Los microorganismos del suelo constituyen uno de los reservorios de biodiversidad más ricos y complejos del planeta. Se estima que un solo gramo de suelo puede contener miles de millones de células microbianas y decenas de miles de especies diferentes, las cuales desempeñan funciones esenciales para el funcionamiento de los ecosistemas terrestres. Estos microorganismos regulan los ciclos biogeoquímicos del carbono, nitrógeno, fósforo y otros elementos, intervienen en la formación y estabilización de agregados del suelo, promueven el crecimiento vegetal a través de simbiosis y supresión de patógenos, y representan un componente clave en la mitigación del cambio climático mediante el secuestro de carbono. Su actividad determina en gran medida la fertilidad del suelo, la productividad agrícola y la resiliencia de los agroecosistemas frente a estrés abiótico y biótico.

Tradicionalmente, el estudio de estas comunidades ha enfrentado limitaciones importantes debido a que la gran mayoría de los microorganismos del suelo son recalcitrantes al cultivo en laboratorio. Las aproximaciones dependientes de cultivo capturan únicamente un pequeño porcentaje (generalmente <1-5 %) de la diversidad real, dejando sin explorar la mayor parte de la “materia oscura microbiana”. En este contexto, las aproximaciones de shotgun sequencing (metagenómica de escopeta) han revolucionado el campo de la ecología microbiana del suelo. Al secuenciar directamente todo el ADN presente en una muestra ambiental sin necesidad de amplificación previa de marcadores específicos (como el gen 16S rRNA), esta tecnología permite acceder simultáneamente a la estructura taxonómica y al potencial funcional de comunidades microbianas complejas.

Dada la crisis actual de degradación de suelos y la necesidad urgente de desarrollar sistemas agrícolas más sostenibles y resilientes, comprender la diversidad y el funcionamiento de los microbiomas edáficos mediante enfoques de shotgun sequencing no es solo una cuestión académica, sino una herramienta estratégica fundamental para la seguridad alimentaria, la restauración ecológica y la bioeconomía.

En este trabajo estudiaremos la composición de microorganismos de suelos colectados y previamente secuenciados por el grupo de investigación. Para ello, la estudiante procesará los archivos fastq crudos con fastp para obtener datos limpios, descartando lecturas con adaptadores, alto contenido de bases N o baja calidad. Además, filtraremos posibles contaminantes mediante alineamiento con Bowtie2 y usaremos MEGAHIT (con preset meta-large) para ensamblar los reads limpios de cada muestra. Predeciremos marcos de lectura abiertos usando MetaGeneMark y filtraremos las predicciones cortas. Agruparemos los genes predichos con CD-HIT y realinearemos nuevamente contra este catálogo usando Bowtie2. Finalmente calcularemos la abundancia de cada Unigene en cada muestra normalizando por el número de reads alineados y la longitud del gen. Por último haremos anotación taxonómica con el algoritmo LCA, anotación funcional con DIAMOND y análisis estadísticos para comparar entre grupos.

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

Objetivos planteados:

Evaluar la existencia de relación entre microorganismos y la salud del suelo.

Bibliografía básica:

Gao, Y., Tariq, A., Zeng, F., Li, X., Sardans, J., Al-Bakre, D. A., & Penuelas, J. (2025). Metagenomics reveals divergent functional profiles of soil carbon and nitrogen cycles in an experimental drought and phosphorus-poor desert ecosystem. Applied Soil Ecology, 207, 105946.

Halo, B. A., Aljabri, Y. A., Glick, B. R., & Yaish, M. W. (2026). Metagenomic and functional insights into root endophytic bacteria associated with drought stress in cowpea. Scientific Reports.

Gomez-Aparicio, L., Dominguez-Begines, J., Villa-Sanabria, E., García, L. V., & Munoz-Pajares, A. J. (2022). Tree decline and mortality following pathogen invasion alters the diversity, composition and network structure of the soil microbiome. Soil Biology and Biochemistry, 166, 108560.

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:

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: LUCIA ESPINO MOLINA

Correo electrónico: luciaespino05@correo.ugr.es