



UNIVERSIDAD  
DE GRANADA



Facultad de Ciencias



BIOTECNOLOGÍA  
UGR

Propuesta TFG\_BIOTEC  
Curso: 2023-24  
DEPARTAMENTO: Ciencias de la  
Computación

CÓDIGO DEL TFG: CCIA-05

## 1. DATOS DEL TFG OFERTADO:

**Título:** Implicación de “los no invitados” en proyectos ómicos. La bioinformática al rescate.

Resumen (máx 250 palabras, estructurado en Introducción, Objetivos y Plan de trabajo):

### \* **Introducción:**

Los proyectos que involucran datos ómicos, como genómicos, transcriptómicos, proteómicos y metabolómicos, pueden ser susceptibles a la contaminación de microorganismos. Esta contaminación puede introducir ruido y errores en los datos, lo cual puede conducir a interpretaciones incorrectas. La contaminación microbiana puede sesgar los resultados, por ejemplo, en un estudio de secuenciación del genoma o metagenómico, los fragmentos de ADN de los contaminantes pueden ser secuenciados junto con el ADN de interés, lo que puede llevar a una identificación errónea de las secuencias o a una sobreestimación de la diversidad genética. En los estudios de transcriptómica, la contaminación puede afectar la identificación de los genes expresados. Por ello es necesario el desarrollo de nuevas herramientas y protocolos para detectar la presencia de ADN bacteriano en las muestras de secuenciación y algoritmos para identificar y eliminar secuencias contaminantes de los conjuntos de datos.

### \* **Objetivo:**

En este proyecto, se utilizarán datos ómicos de RNASeq/Genomas y de metagenómica (Shotgun/16s) para identificar secuencias contaminantes y su implicación en la interpretación de los resultados.

### \* **Plan de trabajo:**

1. Aprendizaje del uso de Linux y de software para análisis ómicos.
2. Detección de contaminantes en base a controles negativos o software de identificación.
3. Implicación de estos contaminantes en la salud y en ellos proyectos de investigación
4. Preparación de la memoria, exposición del TFG, y posible publicación científica

Tabla de actividades y dedicación  
estimada:

Planteamiento, orientación, supervisión, y preparación de la memoria	20
Preparación de la memoria	9
Desarrollo del trabajo	120
Exposición del trabajo	1
<b>TOTAL (6 ECTS)</b>	<b>150 horas</b>

OFERTADO POR:

Profesor del Departamento

Profesor del Departamento junto con Empresa o Institución

Propuesto por alumno (\*)

(\*) En el caso de TFG propuesto por alumno, por favor completar la siguiente información sobre el mismo:

Apellidos:

Nombre:

e-mail institucional:

## **2. MODALIDAD:** 5

1. Estudio de casos, teóricos o prácticos, bibliográficos relacionados con la temática del Grado
2. Elaboración de un informe o un proyecto de naturaleza profesional
3. Elaboración de un plan de empresas
4. Simulación de encargos profesionales
5. Trabajos experimentales, de toma de datos
6. Trabajos derivados de la experiencia desarrollada en prácticas externas

## **3. COMPETENCIAS Y RESULTADOS DEL APRENDIZAJE:**

**Básicas y generales:** CG5, CB2-5

**Transversales:** CT1-5, CT8-9

**Específicas:** CE2, CE3, CE5

## **4. BIBLIOGRAFIA BÁSICA:**

\* Terrón-Camero, L.C.; Gordillo-González, F.; Salas-Espejo, E.; Andrés-León, E. Comparison of Metagenomics and Metatranscriptomics Tools: A Guide to Making the Right Choice. *Genes* 2022, *13*, 2280. <https://doi.org/10.3390/genes13122280>

\* Alberto Sola-Leyva and others, Mapping the entire functionally active endometrial microbiota, *Human Reproduction*, Volume 36, Issue 4, April 2021, Pages 1021–1031, <https://doi.org/10.1093/humrep/deaa372>

\* Davis NM, Proctor D, Holmes SP, Relman DA, Callahan BJ (2017). "Simple statistical identification and removal of contaminant sequences in marker-gene and metagenomics data." *bioRxiv*, 221499. doi:10.1101/221499.

\*microDecon: A highly accurate read-subtraction tool for the post-sequencing removal of contamination in metabarcoding studies. Donald T. McKnight, Roger Huerlimann, Deborah S. Bower, Lin Schwarzkopf, Ross A. Alford, Kyall R. Zenger

## **5. ACLARACIONES PARA EL ESTUDIANTE:**

El proyecto tendrá un fuerte componente formativo en cuanto a su carácter bioinformático. No se espera un gran conocimiento previo, pero sí un interés genuino por las Ciencias de la Salud y por formarse en el campo de la Biología Computacional. Se proveerá la infraestructura computacional necesaria, y se priorizará en todo momento el éxito del TFG del estudiante, así como la publicación científica del trabajo si fuera posible.

## **3. DATOS DEL TUTOR/A UGR:**

**Apellidos:** Del Val Muñoz

**Teléfono:** 958240468

**Nombre:** Coral

**e-mail:** delval@ugr.es

\*\*En el caso de trabajos desarrollados en Empresas u otras Instituciones ajenas a la Universidad de Granada, por favor completar la siguiente información:

## **TUTOR/A DE LA EMPRESA O INSTITUCIÓN:**

**Apellidos:** Andrés León

**Nombre:** Eduardo

**Empresa/Institución:** Instituto de Parasitología y Biomedicina López-Neyra (IPBLN-CSIC)

**Teléfono:** 958181640

**e-mail:** eduardo.andres@csic.es