



UNIVERSIDAD
DE GRANADA



Facultad de Ciencias



Propuesta TFG_BIOTEC
Curso: 2023-24
DEPARTAMENTO: Ciencias de la
Computación

CÓDIGO DEL TFG: CCIA-04

1. DATOS DEL TFG OFERTADO:

Título: Revisitando datos ómicos a nivel *bulk* en la nueva ola de conocimiento *single-cell*.

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

* **Introducción:**

Actualmente, multitud de técnicas de secuenciación masiva (NGS) producen “datos ómicos” que permiten investigar diferentes niveles de cualquier sistema biológico (ej. transcriptómica-expresión génica o epigenómica-regulación transcripcional). Tradicionalmente, estas aproximaciones se han basado en la agrupación de muestras (*bulk*), como poblaciones celulares, secciones de tejido o biopsias, con el objetivo de obtener suficiente material biológico.

Los avances tecnológicos son constantes, y recientemente han emergido técnicas de secuenciación a nivel de célula única (*single-cell/spatial*), capaces de aumentar la resolución para caracterizar y secuenciar el material genético de células individuales, en lugar de obtener medias a partir de las miles o millones de células incluidas a nivel *bulk*. Pese a la potencia *single-cell*, estas técnicas aún tienen un alcance limitado, debido a consideraciones como su precio o las habilidades bioinformáticas necesarias. Así, los estudios a nivel *bulk* siguen siendo más populares que su contrapartida *single-cell*, ej. *RNA-seq* en lugar de *scRNA-seq* (esto es, cuantificación de transcripción a nivel de muestra o tejido completo, y no de tipos celulares).

* **Objetivo:**

En este proyecto, se utilizarán datos ómicos ya publicados (RNA-seq/ATAC-seq) y se implementarán soluciones basadas en “deconvolución digital” para, a partir de “firmas” de estudios *single-cell*, predecir el porcentaje de tipos celulares y sus patrones en muestras de estudios a nivel *bulk*.

* **Plan de trabajo:**

1. Búsqueda bibliográfica de herramientas y *datasets* disponibles
2. Diseño experimental para el análisis de los datos y *benchmarking* de las herramientas
3. Ejecución del flujo de trabajo y generación de resultados
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
TOTAL (6 ECTS)	150 horas

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:

*Wang, Z., Gerstein, M. & Snyder, M. RNA-Seq: a revolutionary tool for transcriptomics. Nature Reviews Genetics 2008 10:1 10, 57–63 (2009).

*Buenrostro, Jason D., et al. "ATAC-seq: a method for assaying chromatin accessibility genome-wide." Current protocols in molecular biology 109.1 (2015): 21-29.

*Kharchenko, Peter V. "The triumphs and limitations of computational methods for scRNA-seq." Nature Methods 18.7 (2021): 723-732.

*Buenrostro JD, Wu B, Litzenburger UM, Ruff D, Gonzales ML, Snyder MP, Chang HY, Greenleaf WJ. Single-cell chromatin accessibility reveals principles of regulatory variation. Nature. 2015; 523(7561):486–90.

*Newman, A.M., Steen, C.B., Liu, C.L. et al. Determining cell type abundance and expression from bulk tissues with digital cytometry. Nat Biotechnol 37, 773–782 (2019).

*Torroja C, Sanchez-Cabo F. DigitalDlSorter: Deep-Learning on scRNA-Seq to Deconvolute Gene Expression Data. Front Genet. 2020 Feb 6;10:1373. doi: 10.3389/fgene.2019.01373. Erratum for: Front Genet. 2019 Oct 25;10:978. PMID: 32117421; PMCID: PMC7016485.

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: RUIZ RODRÍGUEZ

Nombre: JOSÉ LUIS

Empresa/Institución: INSTITUTO DE PARASITOLOGÍA Y BIOMEDICINA LÓPEZ-NEYRA (IPBLN-CSIC)

Teléfono: 958181640

e-mail: JOSELUIS.RUIZ@CSIC.ES