



1. DATOS BÁSICOS DEL TFG:

Título: Análisis de datos ómicos y reposicionamiento farmacológico en enfermedades complejas.

Descripción general (resumen y metodología):

En el panorama actual de la medicina traslacional, las enfermedades complejas representan uno de los desafíos más significativos debido a su intrincada etiología multifactorial y su marcada heterogeneidad molecular. Este Trabajo de Fin de Grado se adentra en la convergencia entre la genómica funcional y la farmacología computacional, explorando meticulosamente los perfiles transcriptómicos característicos de diversas patologías complejas con el propósito de descifrar firmas moleculares alteradas. Mediante el análisis exhaustivo de datos ómicos disponibles en repositorios públicos, se identificarán genes diferencialmente expresados que constituyen nodos críticos en las redes de interacción molecular subyacentes a estas enfermedades. La innovación metodológica de este trabajo reside en la aplicación de estrategias de reposicionamiento farmacológico asistidas por algoritmos computacionales, permitiendo identificar compuestos terapéuticos ya aprobados que potencialmente podrían revertir las alteraciones transcriptómicas observadas, acelerando así el desarrollo de intervenciones terapéuticas personalizadas y ofreciendo nuevas perspectivas para el tratamiento de patologías actualmente refractarias a las terapias convencionales.

Tipología: Estudio de casos, teóricos o prácticos, relacionados con la temática del Grado.

Objetivos planteados:

Seleccionar y analizar conjuntos de datos transcriptómicos de enfermedades complejas disponibles en bases de datos públicas, con especial énfasis en perfiles de expresión génica asociados a distintos subtipos de cáncer y otras patologías de elevada complejidad molecular.

Identificar genes diferencialmente expresados entre muestras patológicas y controles sanos mediante la aplicación de métodos estadísticos robustos, estableciendo firmas moleculares específicas de cada enfermedad estudiada.

Realizar análisis funcional y de enriquecimiento para determinar las vías de señalización y procesos biológicos alterados en cada patología, contextualizando los hallazgos dentro del marco fisiopatológico de la enfermedad.

Aplicar herramientas bioinformáticas de reposicionamiento farmacológico para:

- Identificar fármacos ya aprobados cuya firma transcriptómica sea inversa a la observada en la enfermedad
- Predecir posibles mecanismos de acción de los compuestos candidatos
- Priorizar moléculas con potencial terapéutico basándose en diversos parámetros farmacológicos

Desarrollar un flujo de trabajo computacional reproducible que integre los distintos niveles de análisis, desde la obtención de datos ómicos hasta la propuesta final de candidatos farmacológicos.

Bibliografía básica:

1) Pinheiro-Yanez, E., Reboiro-Jato, M., Gomez-Lopez, G. et al. PanDrugs: a novel method to prioritize anticancer drug treatments according to individual genomic data. *Genome Med* 10, 41 (2018). <https://doi.org/10.1186/s13073-018-0546-1>.

- 2) Tanoli, Z., Fern?ndez-Torras, A., O?zcan, U.O. et al. Computational drug repurposing: approaches, evaluation of in silico resources and case studies. Nat Rev Drug Discov (2025). <https://doi.org/10.1038/s41573-025-01164-x>.
- 3) Xia, Y., Sun, M., Huang, H. et al. Drug repurposing for cancer therapy. Sig Transduct Target Ther 9, 92 (2024). <https://doi.org/10.1038/s41392-024-01808-1>.

Recomendaciones y orientaciones para el estudiante:

El proyecto tendr? un fuerte componente formativo en cuanto a su car?cter bioinform?tico. No se espera un gran conocimiento previo, pero s? un inter?s genuino por las Ciencias de la Salud y por formarse en el campo de la Biolog?a Computacional.

Plazas: 1

2. DATOS DEL TUTOR/A:

Nombre y apellidos: MAR?A CORAL DEL VAL MU?OZ

?mbito de conocimiento/Departamento: CIENCIAS DE LA COMPUTACI?N E INTELIGENCIA ARTIFICIAL

Correo electr?nico: delval@ugr.es

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

Nombre y apellidos:

?mbito de conocimiento/Departamento:

Correo electr?nico:

4. COTUTOR/A EXTERNO/A (en su caso):

Nombre y apellidos: daniel jes?s Garc?a Garc?a

Correo electr?nico: daniel.garcia@ipb.csic.es

Nombre de la empresa o instituci?n: INSTITUTO DE PARASITOLOG?A Y BIOMEDICINA L?PEZ-NEYRA (IPBLN-CSIC)

Direcci?n postal: Parque Tecnol?gico de Ciencias de la Salud Avenida del Conocimiento, 17 18016 Armilla (Granada)

Puesto del tutor en la empresa o instituci?n: Investigador

Centro de convenio Externo:

5. DATOS DEL ESTUDIANTE:

Nombre y apellidos: ANA ALAMEDA VALENZUELA

Correo electr?nico: anaalameda@correo.ugr.es