



1. DATOS BÁSICOS DEL TFG:

Título: Perfil transcriptómico de las poblaciones celulares del testículo en oligoastenoteratozoospermia

Descripción general (resumen y metodología):

Introducción

La oligoastenoteratozoospermia (OAT) es una patología frecuente entre hombres infértiles, caracterizada por una combinación de baja concentración, movilidad reducida y morfología anómala de los espermatozoides. A pesar de su prevalencia, los mecanismos celulares y moleculares responsables de este fenotipo son poco conocidos. La transcriptómica unicelular (scRNA-seq) ofrece una herramienta poderosa para examinar la complejidad celular del testículo, más allá de la línea germinal, incluyendo células de soporte y del entorno testicular. Este enfoque permite detectar desregulaciones en los distintos tipos celulares que podrían estar involucradas en la disfunción espermatogénica observada en OAT.

Plan de trabajo y metodología

1. Reunión inicial con el tutor para establecer el enfoque y los recursos bibliográficos.
2. Revisión sistemática de estudios recientes sobre transcriptómica unicelular del testículo en humanos.
3. Obtención de conjuntos de datos scRNA-seq de testículo de pacientes con OAT y controles desde repositorios públicos.
4. Análisis del transcriptoma unicelular mediante herramientas bioinformáticas y elaboración de hipótesis sobre mecanismos implicados.
5. Reuniones de seguimiento con el tutor.
6. Elaboración de la memoria del TFG y revisión por parte del tutor.
7. Preparación de la presentación oral y defensa pública.

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

Objetivos planteados:

1. Definir la composición celular del testículo en pacientes con OAT mediante análisis de datos scRNA-seq obtenidos a partir de biopsias testiculares.
2. Identificar perfiles de expresión alterados en la línea germinal y somática del testículo de pacientes con OAT.
3. Proponer posibles rutas celulares y moleculares implicadas en el desarrollo del fenotipo OAT.

Bibliografía básica:

Agarwal, et al. Male infertility. Lancet (London, England). 2021; 397(10271):319-333.
Cui L, et al. Single-cell transcriptomic atlas of the human testis across the reproductive lifespan. Nat Aging. 2025; 5(4):658-674.
Guo J, et al. The adult human testis transcriptional cell atlas. Cell Res. 2018; 28(12):1141-1157.
Guzmán-Jiménez A, et al. A comprehensive study of common and rare genetic variants in spermatogenesis-related loci identifies new risk factors for idiopathic severe spermatogenic failure. Hum Reprod Open. 2024; hoae069.

Krausz, C., & Riera-Escamilla, A. Genetics of male infertility. Nature reviews. Urology. 2018; 15(6);369-384.

Wang S, et al. scRNA-seq and scATAC-seq reveal that Sertoli cell mediates spermatogenesis disorders through stage-specific communications in non-obstructive azoospermia. Elife. 2025; 13:RP97958.

Xia K, et al. Single-cell RNA sequencing reveals transcriptomic landscape and potential targets for human testicular ageing. Hum Reprod. 2024; 39(10):2189-2209.

Recomendaciones y orientaciones para el estudiante:

Los artículos recomendados proporcionarán una visión general del tema muy completa que facilitará la obtención del resto de información necesaria para llevar a cabo este trabajo. El estudio se realizará en el Centro de Investigación Biomédica (CIBM) de la Universidad de Granada.

Plazas: 1

2. DATOS DEL TUTOR/A:

Nombre y apellidos: FRANCISCO DAVID CARMONA LÓPEZ

Ámbito de conocimiento/Departamento: GENÉTICA

Correo electrónico: dcarmona@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: CARMEN MORENO CUADRADO

Correo electrónico: carmenmore@correo.ugr.es