



1. DATOS BÁSICOS DEL TFG:

Título: Desarrollo de una aplicación bioinformática para filogenética y generación de dendrogramas mediante el análisis de homología estructural

Descripción general (resumen y metodología):

El control epigenético del genoma es sin duda uno de los campos que con todo pronóstico van a tener en un futuro próximo un impacto decisivo en campos tan dispares como envejecimiento, cáncer, enfermedades neurodegenerativas y nutrición, entre otros. El estudio de la metilación selectiva de sitios CpG del genoma y su significado fenotípico y hereditario es hoy, por ejemplo, un campo de investigación de enorme dinamismo en el que la obtención y análisis de metilomas completos de un individuo o el desarrollo de estrategias de edición epigenética son probablemente dos de sus vanguardias de investigación más evidentes y prometedoras en biomedicina y salud.

El TFG que aquí se propone tiene como principal objetivo el desarrollo de un prototipo de aplicación informática apto para el estudio y caracterización de metilomas a través de una interfaz visual e interactiva que permita obtener perfiles estadísticos de regiones específicas, realizar estudios comparativos y obtener mapas de distancias y homología o, eventualmente, confeccionar el “barcoding” epigenético de un individuo a través del análisis de su metiloma.

Para ello se empleará un entorno de programación basado en un compilador de tipo C++ o Free Pascal/Lazarus y, en la medida en que sea necesario, un entorno de scripting tipo Python que permita modificar la funcionalidad de este ecosistema.

Durante el desarrollo del proyecto, se implementará una versión funcional de la aplicación que se validará con datos de metilomas recogidos en The Cancer Genome Atlas Program (TCGA) del National Cancer Institute, en el MethBank del China National Center for Bioinformation y otras bases de datos internacionales similares.

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

Objetivos planteados:

El TFG que aquí se propone tiene como principal objetivo el desarrollo de un prototipo de aplicación informática apto para el estudio y caracterización de metilomas a través de una interfaz visual e interactiva que permita:

1. Gestionar y visualizar bases de datos de metilación derivadas de TCGA, MethBank y otras fuentes similares.
2. Obtener perfiles estadísticos de metilación en regiones genómicas específicas y realizar comparaciones entre diferentes muestras.
3. Generar mapas de distancias y homología epigenética, así como confeccionar el “barcoding” epigenético de un individuo.

Plan de trabajo

1. **Revisión de formatos y fuentes**
 - o Identificación y descarga de datos de metilación (TCGA, MethBank).
 - o Especificación de requerimientos para la lectura y tratamiento de ficheros estándar (BED, CSV, etc.).
2. **Procesamiento de metilación e integración de análisis**
 - o Desarrollo en C++ u Object Pascal para cargar datos de CpG y calcular porcentajes de metilación.

- o Integración con Python para análisis estadísticos (por ejemplo, clustering de regiones hipermetiladas).
 - o Cálculo de distancias epigenéticas entre muestras mediante métricas definidas.
3. **Interfaz gráfica y visualización**
- o Diseño de paneles interactivos para selección de muestras, regiones y parámetros de filtrado.
 - o Visualización dinámica de perfiles de metilación, construcción de dendrogramas, generación de gráficos comparativos y mapas de distancia epigenética.

Bibliografía básica:

1. Komaki S, Shiwa Y, Furukawa R, et al. iMETHYL: an integrative database of human DNA methylation, gene expression, and genomic variation. *Human Genome Variation*. 2018;5:18008. doi:10.1038/hgv.2018.8
2. Zhou Q, Lim JQ, Sung WK, et al. An integrated package for bisulfite DNA methylation data analysis with Indel-sensitive mapping. *BMC Bioinformatics*. 2019;20:47. doi:10.1186/s12859-018-2593-4
3. Xu C, Sun D, Wei C, Chang H. Bioinformatic analysis and experimental validation identified DNA methylation-related biomarkers and immune-cell infiltration of atherosclerosis. *Frontiers in Genetics*. 2022;13:989459. doi:10.3389/fgene.2022.989459
4. Chenarani N, Emamjomeh A, Allahverdi A, et al. Bioinformatic tools for DNA methylation and histone modification: A survey. *Computational Biology and Chemistry*. 2021;95:107573. doi:10.1016/j.compbiolchem.2021.107573
5. Volpe M, Das J. methylR: a graphical interface for comprehensive DNA methylation array data analysis. *Bioinformatics*. 2023;39(4):btad184. doi:10.1093/bioinformatics/btad184
6. The Cancer Genome Atlas Program. National Cancer Institute. Disponible en: <https://www.cancer.gov/ccg/research/genome-sequencing/tcga> (consultado 6 de junio de 2025).
7. MethBank. China National Center for Bioinformation. Disponible en: <https://ngdc.cncb.ac.cn/methbank/> (consultado 6 de junio de 2025).

Recomendaciones y orientaciones para el estudiante:

Para la realización de este proyecto es altamente recomendable que el alumno o alumna curse o haya cursado la asignatura de Ingeniería de Proteínas y/o disponer de conocimientos básicos en programación.

Plazas: 1

2. DATOS DEL TUTOR/A:

Nombre y apellidos: FERNANDO JESÚS REYES ZURITA

Ámbito de conocimiento/Departamento: BIOQUÍMICA Y BIOLOGÍA MOLECULAR I

Correo electrónico: ferjes@ugr.es

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

Nombre y apellidos: Hilario Ramírez Rodrigo

Ámbito de conocimiento/Departamento: BIOQUÍMICA Y BIOLOGÍA MOLECULAR I

Correo electrónico: hilario@ugr.es

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:

Correo electrónico: