



1. DATOS BÁSICOS DEL TFG:

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

Descripción general (resumen y metodología):

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).

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

Objetivos planteados:

*** 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

Bibliografía 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, Litzénburger 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.

Recomendaciones y orientaciones para el estudiante:

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.

Plazas: 1

2. DATOS DEL TUTOR/A:

Nombre y apellidos: MARÍA CORAL DEL VAL MUÑOZ

Ámbito de conocimiento/Departamento: CIENCIAS DE LA COMPUTACIÓN E INTELIGENCIA ARTIFICIAL

Correo electrónico: delval@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: Jose Luis Ruiz Rodriguez

Correo electrónico: JOSELUIS.RUIZ@CSIC.ES

Nombre de la empresa o institución: INSTITUTO DE PARASITOLOGÍA Y BIOMEDICINA LÓPEZ-NEYRA (IPBLN-CSIC)

Dirección postal: Parque Tecnológico de Ciencias de la Salud Avenida del Conocimiento, 17 18016 Armilla (Granada)

Puesto del tutor en la empresa o institución: Investigador

5. DATOS DEL ESTUDIANTE:

Nombre y apellidos:

Correo electrónico: