



1. DATOS BÁSICOS DEL TFG:

Título: Identificación de microARNs tejido específicos en condiciones fisiológicas y patológicas

Descripción general (resumen y metodología):

Los microARNs (miRNAs) son pequeños RNAs no codificantes que desempeñan un papel fundamental en la regulación de la expresión génica y participan en numerosos procesos biológicos y patológicos. Muchos miRNAs presentan patrones de expresión específicos de determinados tejidos y condiciones biológicas, lo que los convierte en elementos clave para el estudio de la identidad celular, la homeostasis tisular, la diferenciación y la aparición de enfermedades.

Este proyecto tiene como objetivo identificar y caracterizar miRNAs diferencialmente expresados entre tejidos sanos y enfermos mediante el análisis bioinformático de datos públicos de secuenciación de pequeños RNAs (miRNA-seq) procedentes de diferentes estudios. Se evaluarán los perfiles de expresión para detectar firmas moleculares asociadas a estados biológicos específicos y explorar posibles miRNAs relevantes en procesos patológicos.

Metodología

El estudiante se formará en el análisis bioinformático de datos de secuenciación de pequeños RNAs (miRNA-seq), incluyendo:

- Obtención y gestión de datos públicos procedentes de repositorios públicos.
- Control de calidad y preprocesamiento de datos de secuenciación.
- Normalización de datos de expresión.
- Análisis diferencial de expresión entre tejidos y condiciones biológicas.
- Identificación de miRNAs con alta especificidad tisular mediante métricas estadísticas y análisis comparativos.
- Visualización e interpretación de resultados utilizando los lenguajes R y Python.

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

Objetivos planteados:

CG 7. Conocimientos de informática relativos al ámbito de estudio

CE 33. Obtener información, diseñar experimentos e interpretar los resultados

CE 34. Realizar servicios y procesos relacionados con la biología

CE 35. Dirigir, redactar y ejecutar proyectos en Biología

CE 40. Planificar e interpretar los resultados de los análisis experimentales desde el punto de vista de la significación estadística

CE 41. Manejar las bases de datos y programas informáticos que pueden emplearse en el ámbito de Ciencias de la Vida

CE 77. Saber Informática aplicada a la Biología

Bibliografía básica:

1. Gebert L.F.R., MacRae I.J. Regulation of microRNA function in animals. Nat. Rev. Mol. Cell Biol. 2018; 20:21-37.
2. Keller A., Leidinger P., Vogel B., Backes C., ElSharawy A., Galata V., Mueller S.C., Marquart S., Schrauder M.G., Strick R. et al. . miRNAs can be generally associated with human pathologies as exemplified for miR-144. BMC Med. 2014; 12:224.

3. Landgraf P., Rusu M., Sheridan R., Sewer A., Iovino N., Aravin A., Pfeffer S., Rice A., Kamphorst A.O., Landthaler M. et al. . A mammalian microRNA expression atlas based on small RNA library sequencing. Cell. 2007; 129:1401-1414.
4. Patil A.H., Baran A., Brehm Z.P., McCall M.N., Halushka M.K. A curated human cellular microRNAome based on 196 primary cell types. Gigascience. 2022;

Recomendaciones y orientaciones para el estudiante:

Plazas: 1

2. DATOS DEL TUTOR/A:

Nombre y apellidos: CRISTINA ADORACIÓN GÓMEZ MARTÍN

Ámbito de conocimiento/Departamento: GENÉTICA

Correo electrónico: cgomezm@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:

Correo electrónico: