



Propuesta de Trabajo Fin de Máster

Año académico 2025-2026

MÁSTER EN CIENCIA DE DATOS PARA CIENCIAS EXPERIMENTALES

Proyecto Nº 27

Título: Cartografía del microambiente tumoral mediante transcriptómica espacial, *single-cell* y repertorio TCR

Departamento/ Laboratorio: Laboratorio de Terapia celular adoptiva. Programa de Inmunología e Inmunoterapia. División Cáncer. CIMA

Director: Sandra Hervás Stubbs

Correo electrónico: mshervas@unav.es

Codirector: Ángel Mario Martínez Montes

Correo electrónico: amartinezmon@unav.es

Resumen:

Las tecnologías de transcriptómica espacial permiten caracterizar la expresión génica en el contexto nativo del tejido, abriendo nuevas posibilidades para estudiar la organización funcional del microambiente tumoral (TME). La combinación de estas técnicas con el análisis del repertorio de receptores de células T (TCR) constituye una estrategia poderosa para desentrañar la relación entre la heterogeneidad tumoral y la vigilancia inmunitaria local.

Este TFM tiene como objetivo aplicar herramientas bioinformáticas establecidas para:

- identificar dominios espaciales transcripcionalmente distintos en muestras tumorales de pacientes con cáncer de ovario mediante algoritmos de clustering espacial;
- estimar la composición celular local a través de métodos de deconvolución de datos de transcriptómica espacial utilizando atlas de referencia de scRNA-seq;
- analizar la distribución espacial de clones TCR, evaluando diversidad y clonotipia en distintas regiones del tumor;
- integrar la información espacial y clonal con datos de secuenciación single-cell de linfocitos T de los mismos pacientes, con el fin de caracterizar nichos inmunitarios en el TME y detectar clonotipos con potencial actividad antitumoral.

Este proyecto permitirá avanzar en la comprensión de la organización de los nichos inmunitarios en cáncer de ovario y explorar la posibilidad de identificar receptores T candidatos para el desarrollo futuro de inmunoterapias basadas en TCR.

Competencias que adquirirá el estudiante

- Manejo avanzado de datos de transcriptómica espacial, scRNA-seq y repertorio TCR.
- Uso experto de librerías y frameworks de análisis bioinformático (Seurat, Scanpy, RCTD, MiXCR).
- Habilidades de evaluación comparativa de algoritmos y validación de resultados en datasets públicos y propios.
- Capacidad para integrar datos multimodales (expresión génica, coordenadas espaciales, histología, clonotipia).
- Competencias transversales en redacción científica, gestión de datos experimentales y comunicación de resultados.



Universidad
de Navarra

Facultad de Ciencias

OPTATIVAS RECOMENDADAS

1. machine learning.
2. Imaging