



**Propuesta de Trabajo Fin de Máster**

Año académico 2025-2026

**MÁSTER EN CIENCIA DE DATOS PARA CIENCIAS EXPERIMENTALES**

**Proyecto Nº 28**

**Título:** Análisis de transcriptómica espacial a resolución subcelular con Visium HD: Retos y soluciones bioinformáticas para la segmentación celular.

**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:** Enric Vercher

**Correo electrónico:** evercher@unav.es

**Resumen:**

La nueva tecnología Visium HD de 10x Genomics permite explorar la expresión génica en cortes de tejido con una resolución sin precedentes, cercana a la escala celular. Sin embargo, este aumento de resolución plantea importantes retos metodológicos, especialmente en la segmentación de células individuales y en la integración de esta información con otras fuentes de datos. En este TFM se propone abordar el problema de la segmentación celular en Visium HD mediante el uso de herramientas bioinformáticas y modelos de machine learning aplicados a imágenes y datos transcriptómicos. El trabajo se organizará en dos fases: (I) Datos públicos: análisis exploratorio de datasets de Visium HD disponibles en repositorios abiertos, evaluando diferentes estrategias de segmentación y su impacto en la asignación de perfiles de expresión a nivel celular. (II) Datos propios: aplicación de los métodos seleccionados a dos tumores ginecológicos analizados en nuestro laboratorio. Para ambos pacientes se dispone de datos de scRNA-seq como referencia, y en uno de ellos también de datos de Visium FF a menor resolución, lo que permitirá comparar plataformas.

**Objetivos específicos:**

- Revisar y comparar algoritmos de segmentación celular en datos de Visium HD.
- Integrar los resultados con datos de single-cell RNA-seq, evaluando la capacidad de asignar tipos celulares.
- Explorar la complementariedad entre Visium HD y Visium FF para el mismo paciente.
- Desarrollar un pipeline reproducible de análisis aplicable a futuros proyectos de transcriptómica espacial.

**Perfil del alumno:**

Estudiantes del Máster en Ciencias de Datos interesados en bioinformática, análisis multimodal e integración de datos ómicos. Se valorará experiencia básica en programación (Python/R) y machine learning.



Universidad  
de Navarra

Facultad de Ciencias

**OPTATIVAS RECOMENDADAS**

1. machine learning.
2. Imaging