



Propuesta de Trabajo Fin de Máster

Año académico 2022-2023

MÁSTER EN MÉTODOS COMPUTACIONALES EN CIENCIAS

Proyecto Nº 10

Título: Uso de datos masivos de hepatocarcinoma para desarrollar nuevas estrategias terapéuticas

Departamento/ Laboratorio: 406 CIMA/UNAV

Director: Puri Fortes

Correo electrónico: pfortes@unav.es

Resumen:

El carcinoma hepatocelular es el principal tumor de hígado y la cuarta causa de muerte por cáncer en el mundo. Durante los últimos años se han realizado enormes esfuerzos destinados a comprender la genética del tumor. Esto ha permitido estratificar a los pacientes en grupos de distinto pronóstico, pero ha tenido poca aplicabilidad clínica y no ha servido para desarrollar tratamientos eficaces. En estadios avanzados, solo la inmunoterapia ha conseguido mejorar drásticamente la supervivencia en algunos de los pacientes, pero no existen marcadores que permitan identificarlos. Estos son los principales problemas que se pretenden abordar con este proyecto de máster.

En el laboratorio hemos estudiado el transcriptoma no codificante del hepatocarcinoma y nuestros resultados sugieren que este podría ser una fuente para predecir nuevos tratamientos que se utilicen solos o en combinación con los de inmunoterapia que se utilizan en la actualidad. Para ello contamos con datos transcriptómicos de tres cohortes de pacientes (n=450, n=116 y n=62), una colección curada de los genes deregulados en estas cohortes y un análisis de la expresión de estos candidatos en tejido sano. A lo largo del curso, enriqueceremos estas colecciones con datos de ligandoma y de RiboSeq. Además del enorme interés clínico de nuestro estudio, este trabajo permitirá que el estudiante adquiera una gran experiencia en el análisis masivo de datos y en la integración multiómica. Las predicciones finales servirán de base para diseñar experimentos concretos que realizarán los demás miembros del laboratorio. Nuestro objetivo final es la traslación a la clínica de los resultados obtenidos.

OPTATIVAS RECOMENDADAS

1. Análisis e interpretación de datos de alto rendimiento.
2. Machine learning I
3. Análisis de secuencias y bioinformática estructural
4. Machine learning II