



Universidad de Valladolid



Propuesta de Trabajo de Fin de Grado

Datos del Trabajo de Fin de Grado
Título: HERENCIA TRANSMITIDA EN LA APNEA OBSTRUCTIVA DEL SUEÑO: ANALISIS BIOINFORMATICO
Tutor: Prof. MARTA HERNANDEZ Y ESTHER VALVERDE
Departamento UVa: Área de Microbiología Departamento de Anatomía Patológica, Microbiología, Medicina Preventiva y Salud Pública, Medicina Legal y Forense /Bioquímica y Biología Molecular y Fisiología.
Directores externos (si procede):
Institución o empresa externa a la UVa (si procede):
Breve descripción: <p>Se trata de un TFG de investigación en datos realizado mediante el análisis de los datos previamente obtenidos en el laboratorio utilizando animales de experimentación (ratas).</p> <p>La apnea obstructiva del sueño (AOS) es un trastorno respiratorio del sueño, muy prevalente en la población y especialmente en mujeres embarazadas. Se caracteriza por episodios de obstrucción de las vías respiratorias superiores, que conducen a hipoxemia y fragmentación del sueño. Recientemente, algunos estudios han descrito cambios en la composición de la microbiota intestinal, tanto en pacientes que sufren AOS como en modelos animales. La modificación de la composición y función de la microbiota intestinal puede alterar la permeabilidad intestinal y el metabolismo, así como las respuestas inmunitarias. Dado que la AOS puede modificar la microbiota de la madre y a su vez la microbiota de la descendencia puede estar influenciada por la de la madre en el momento del parto, el objetivo de este trabajo es analizar el efecto que la AOS durante el embarazo puede tener en la descendencia a corto y largo plazo.</p> <p>Las muestras de microbiota intestinal de la descendencia de un modelo murino de AOS han sido secuenciadas mediante la técnica de amplificación del gen 16S r RNA. Teniendo en cuenta que la microbiota intestinal es muy diversa y alberga billones de microorganismos, su estudio requiere de un análisis informático y estadístico exhaustivo, utilizando lenguajes de programación bash, R y Phyton. En este TFG se pretende analizar la diversidad de la microbiota mediante el cálculo de diferentes índices (Shannon, Chao1, Simpson, Jaccard, etc), así como la abundancia diferencial mediante las herramientas bioinformáticas adecuadas.</p> <p>Para el desarrollo de este trabajo, se requiere conocimientos previos en programación y análisis estadístico y mucho interés en los procedimientos de análisis informático de parámetros biológicos.</p>
Asociado a Prácticas Externas (SI o NO): SI . Prof. Marta Hernandez
Nombre del estudiante preasignado (si procede):

SR. COORDINADOR DEL GRADO EN BIOMEDICINA Y TERAPIAS AVANZADAS

Debe remitirse al Coordinador del Grado (grado.biomedicina@uva.es).