PROPUESTA DE TRABAJO FIN DE MÁSTER

*__Título del TFM__ (propuesta inicial, podrá modificarse en la versión final)__: Estudio del rendimiento de algoritmos de novo para detección de quimeras en plataformas de secuenciación de lecturas largas: implicaciones para el análisis de microbiomas__

*__Línea de investigación__ (consultar líneas disponibles en https://masteres.ugr.es/microbiologia/investigacion/lineas)__: Microbiología Ambiental__

*__Resumen de la propuesta__ (máximo 250 palabras)__:__

Las nuevas tecnologías de secuenciación, como la secuenciación Oxford Nanopore o PacBio SMRT, pueden proporcionar millones de lecturas con longitudes significativamente superiores a las obtenidas mediante las tecnologías convencionales de secuenciación de lecturas cortas, como las plataformas Illumina. Sin embargo, estas tecnologías también son propensas a la formación de secuencias quiméricas durante el proceso de secuenciación. Estas secuencias constituyen artefactos que pueden alterar de forma considerable la composición del microbioma estudiado, al provocar una sobreestimación de la diversidad, una desviación de las distancias entre muestras o clasificaciones taxonómicas aberrantes de determinados componentes ecológicos, entre otros efectos. Todo ello compromete notablemente el uso de estas herramientas para la exploración eficaz de microbiomas en contextos ambientales, industriales y clínicos.

En la práctica, los programas informáticos utilizados para detectar secuencias quiméricas en tecnologías de secuenciación de lecturas largas son los mismos que se emplean para tecnologías de lecturas cortas. Sin embargo, su precisión y el efecto de su rendimiento sobre la ecología del microbioma estudiado aún no están claros. Los resultados obtenidos por este grupo de investigación han puesto de manifiesto importantes imprecisiones de los programas de detección de quimeras desarrollados para secuenciación de lecturas cortas a la hora de identificar quimeras en muestras de este tipo y, por tanto, planteamos la hipótesis de que este problema será aún más acusado en las tecnologías de lecturas largas.

Por este motivo, este TFM propone un análisis novedoso de la eficacia de distintos programas de detección de quimeras de uso extendido aplicados a muestras in silico de secuenciación de lecturas largas, con el fin de analizar las diferencias en su rendimiento y el efecto que sus deficiencias tienen sobre la ecología del ecosistema resultante. El objetivo es contribuir a la primera evaluación sistemática de la formación de quimeras en plataformas de secuenciación de lecturas largas y desarrollar protocolos que mejoren la precisión del análisis de microbiomas, con el fin de establecer los estándares de referencia actuales para la investigación en microbiomas.

*__Tutor/a: Alejandro Rodriguez Sanchez__

__Cotutor/a: Alejandro Gonzalez Martinez__

El criterio de la selección de los estudiantes se basará en una entrevista personal donde se valorará el nivel de motivación del alumnado, el expediente académico y la formación en el área.

-Entrevista personal: 5 sobre 10
-Expediente académico: 2,5 sobre 10
-Formación en el área.: 2,5 sobre 10

*__Modo de contacto: email to Alejandro Rodriguez Sanchez (arod@ugr.es)__

*Campo obligatorio