

Big omics data: análisis masivo e integral de enriquecimiento funcional en cáncer.

Fernández, Elmer Andrés dir. (2016) *Big omics data: análisis masivo e integral de enriquecimiento funcional en cáncer*. [Proyecto de Investigación]

El texto completo no está disponible en este repositorio.

Resumen

En la actualidad los sistemas biológicos pueden indagarse mediante tecnologías de alto rendimiento que generan datos en grandes cantidades y de compleja estructura. Esta complejidad se encuentra dada por la alta dimensionalidad del problema (gran número de variables) y la presencia de interacciones y correlaciones de diversos órdenes tanto entre casos como entre variables y entre fuentes de datos. Unas de las principales aplicaciones de las tecnologías de alto rendimiento como las "ómicas" se ha dado en la investigación del cáncer, debido al carácter complejo, dinámico y heterogéneo de la enfermedad. Numerosos proyectos de investigación oncológica estudian cohortes de pacientes, sobre los cuales se almacenan datos de distinto tipo y naturaleza no sólo genómicos-epigenómicos sino también, clínicos y de seguimiento de los tratamientos con el fin de mejorar el diagnóstico y la elección de la terapia. La captura, uso y aprovechamiento de estos grandes datos (Big Data), presenta desafíos conceptuales y prácticos. Entender e interpretar las relaciones existentes en los datos en función de criterios biológicos que permitan su aplicación clínica requiere investigar y desarrollar algoritmos que permitan integrar y analizar en forma masiva distintas fuentes de datos, como ser datos clínicos, genómicos y proteómicos o bien integrar distintas cohortes de pacientes que estudiadas bajo el mismo fenotipo permitan encontrar e identificar patrones que permitan una mejor caracterización de la enfermedad y de las poblaciones bajo estudio. La investigación y desarrollo vinculado con la gestión y aprovechamiento de información ómica, complementada con otros bloques de datos de la clínica en cáncer, es hoy una necesidad en pos de avanzar en los procesos de medicina traslacional en Latinoamérica. En este proyecto proponemos abordar el desarrollo de técnicas de análisis multivariado, aprendizaje maquina y de integración funcional que permitan integrar grandes datos provenientes de distinta fuentes en investigación oncológica que involucra tecnologías ómicas. Las estrategias analíticas propuestas se evaluarán utilizando, tanto repositorios libres como GEO, TCGA y/o The ICGC, como también cohortes Argentinas de cáncer de mama y recto y pacientes con cáncer oral de Brasil. Además se propone proporcionar a la comunidad científico-técnica de herramientas de software libre que implementen los métodos propuestos.

Tipología documental: Proyecto de Investigación

Información adicional: UNIDAD ASOCIADA AL CONICET – ÁREA CIENCIAS AGRARIAS, INGENIERÍA, CIENCIAS BIOLÓGICAS Y DE LA SALUD / FACULTAD DE INGENIERÍA

Palabras clave: Genómica. Cáncer. Bioinformática.

Descriptores: [R Medicina > R Medicina \(General\)](#)
[T Tecnología > T Tecnología \(General\)](#)

Unidad [Universidad Católica de Córdoba > Facultad de Ingeniería](#)
Académica: [Universidad Católica de Córdoba > Unidad Asociada a CONICET](#)