

**MEMÒRIA DEL TREBALL DE FI DE GRAU DEL GRAU  
(ESCI-UPF)**

**NON-CODING DETERMINANTS OF B-PRECURSOR  
ACUTE LYMPHOBLASTIC LEUKEMIA:  
DISCOVERING NEW THERAPEUTIC TARGETS**

**AUTOR/A:** Andrea Nieto-Aliseda Sutton

**NIA:** 103028

**GRAU:** Bachelors Degree in Bioinformatics

**CURS ACADÈMIC:** 2019-2020

**DATA:** 21/06/2020

**TUTOR/S:** Mireia Olivella, Biola M. Javierre

**FULL DE RESUM DEL TREBALL DE FI DE GRAU DEL BDBI (ESCI-UPF)**

**TÍTOL DEL PROJECTE:** Non-coding determinants of B-precursor acute lymphoblastic leukemia: discovering new therapeutic targets

**AUTOR/A:** Andrea Nieto-Aliseda Sutton

**NIA:** 103028

**CURS ACADÈMIC:** 2019-2020

**DATA:** 21/06/2020

**TUTOR/S:** Mireia Olivella, Biola M. Javierre

**PARAULES CLAU (mínim 3)**

- Català:  
metilació, estructura de cromatina, leucèmia, element regulador
- Castellà:  
metilación, estructura de cromatina, leucemia, elemento regulador
- Anglès:  
methylation, chromatin structure, leukemia, regulatory elements

**RESUM DEL PROJECTE (extensió màxima: 100 paraules per llengua)**

- Català: L'objectiu d'aquest projecte és augmentar la comprensió de la oncogènesi de la leucèmia limfoblàstica aguda de cèl·lules B, identificant gens desregulats mitjançant l'estudi de mutacions epigenètiques observades en els seus elements reguladors, particularment potenciadors de llarg abast que poden estudiar-se amb l'estudi 3D de el genoma
- Castellà: El objetivo de este proyecto es aumentar la comprensión de la oncogénesis de la leucemia linfoblástica aguda de células B, identificando genes desregulados mediante el estudio de mutaciones epigenéticas observadas en sus elementos reguladores, particularmente potenciadores de largo alcance que pueden identificarse con el estudio 3D del genoma.
- Anglès: The objective of this project is to add towards the understanding of B-cell Acute Lymphoblastic Leukemia oncogenesis, identifying deregulated genes by studying epigenetic mutations observed at their regulatory elements, particularly long-range enhancers which can be studied through the 3D analysis of the genome's architecture.

