

| Tema propuesto | Tutor / Tutores | Información sobre el tema |
|---|--|---|
| Participación de las organelas celulares en el control del metabolismo tumoral | <p>Vanesa Martín Fernández (ORCID: 0000-0001-6923-2529)</p> <p>Dpto. Morfología y Biología Celular. Facultad de Medicina. martinvanesa@uniovi.es</p> | <p>El grupo de investigación (estrés oxidativo, EO), con sede en el Departamento de Morfología y Biología Celular de la Facultad de Medicina e integrante tanto del IUOPA como del ISPA, posee una sólida trayectoria de más de 20 años de investigación en cáncer, trabajando sobre varios tipos tumorales. En la actualidad estamos centrados en el estudio del metabolismo glucolítico "especial" de los tumores, centrándonos en cómo las diferentes organelas celulares participan en su regulación, con el objetivo de establecer potenciales puntos "débiles" que permitan el diseño de nuevas terapias antitumorales.</p> |
| Ensayos funcionales para estudiar la eficacia y mecanismo de acción de inhibidores específicos en modelos in vitro de tumores de cáncer nasosinusal | <p>José Luis Llorente Pendás. Servicio de Otorrinolaringología, HUCA. e-mail: jllorentep@uniovi.es</p> <p>M^a del Rocío García Marín. Cáncer de Cabeza y Cuello, ISPA. e-mail: rgarmar@ispasturias.es Telf.: +34 985652500</p> | <p>El objetivo del estudio es analizar el efecto de distintos inhibidores en líneas celulares derivadas de biopsia de cáncer nasosinusal aplicando las herramientas moleculares y de biología celular que permiten el análisis de proteínas y ácidos nucleicos, así como ensayos funcionales.</p> <ul style="list-style-type: none"> - Ensayos funcionales: crecimiento, proliferación, invasión y viabilidad celular. Se aplicarán técnicas de contaje celular, proliferación por EdU y viabilidad por MTS. - Análisis de ácidos nucleicos: extracción, cuantificación, PCR, RT-PCR. - Análisis de proteínas: Inmunofluorescencia, Western blot. <p>https://www.linkedin.com/in/sinonasal-team-887521260 https://twitter.com/SinonasalTeam</p> |
| Caracterización de modelos condicionales de progeria específicos de páncreas | <p>Víctor Quesada Fernández Magda Rita Hamczyk</p> <p>Dpto. de Bioquímica y Biología Molecular quesadavictor@uniovi.es</p> | <p>El síndrome de Hutchinson-Gilford se caracteriza por un fenotipo de envejecimiento acelerado asociado a la expresión de progerina, una proteína aberrante. Para explorar el papel del intestino y del páncreas en la aparición de las alteraciones metabólicas asociadas al envejecimiento prematuro, generaremos y caracterizaremos modelos condicionales con expresión de progerina limitada a dichos órganos.</p> |
| Morbilidad y mortalidad por enfermedades relacionadas con la calidad del aire en Asturias | <p>Ana Fernández Somoano</p> <p>Área de Medicina Preventiva y Salud Pública Universidad de Oviedo fernandezsana@uniovi.es</p> | <p>La mala calidad del aire es un problema que repercute en la salud de la población, especialmente en la más vulnerable. En Asturias, el sistema de vigilancia epidemiológica que monitoriza las enfermedades relacionadas con la contaminación atmosférica muestra que los días con mayores niveles de contaminación, se producen más ingresos hospitalarios por patologías respiratorias y circulatorias, y que existe un marcado patrón geográfico en la distribución de la incidencia. Por otra parte, la literatura científica evidencia una relación entre la contaminación del aire y la distribución geográfica de la mortalidad. https://www.astursalud.es/noticias/-/noticias/calidad-del-aire-y-salud-en-asturias-informe-epidemiologico-2018</p> |

| Tema propuesto | Tutor / Tutores | Información sobre el tema |
|--|---|---|
| <p>Mecanismos de resistencia a quimioterapia y radioterapia en cáncer de cabeza y cuello</p> | <p>Juan Pablo Rodrigo Tapia (Catedrático de Otorrinolaringología de la Universidad de Oviedo, Jefe del grupo de Cáncer de Cabeza y Cuello del IUOPA-ISPA, Jefe de sección de Oncología en Otorrinolaringología del HUCA)</p> <p>Mónica Álvarez Fernández monica.alvarez@ispasturias.es jprodrigo@uniovi.es</p> | <p>El carcinoma epidermoide de cabeza y cuello (CECC) se origina en las células epiteliales de la cavidad oral, faringe o laringe. La mayoría de pacientes con CECC avanzado reciben tratamiento de radioterapia y/o quimioterapia, pero más de un 40% no responden a este tratamiento.</p> <p>El objetivo global de este proyecto es identificar determinantes de sensibilidad y resistencia a quimioterapia y radioterapia, mediante <i>screenings</i> basados en la tecnología CRISPR/Cas9 en líneas celulares derivadas de CECC, como fuente de nuevas dianas y estrategias terapéuticas, y/o biomarcadores con utilidad pronóstica/predictiva.</p> <p>https://www.ispasturias.es/investigacion/cancer/cancer-de-cabeza-y-cuello/monica-alvarez/</p> |
| <p>Análisis de las funciones de la autofagia en el envejecimiento mediante el estudio de modelos deficientes en proteasas ATG4</p> | <p>Guillermo Mariño García ORCID: 0000-0003-1960-1677</p> <p>Laboratorio de Autofagia y Metabolismo Departamento de Biología Funcional, Univ.de Oviedo ISPA https://autofagia.org/project/guillermo-marino/ https://www.ispasturias.es/investigacion/metabolismo/autofagia-y-metabolismo/</p> <p>Phone: (+34) 646554011 gmg.marino@gmail.com marinoguillermo@uniovi.es</p> | <p>La autofagia es un proceso esencial necesario para el mantenimiento de la salud de células, tejidos y organismos. En diversos modelos animales, un aumento en la actividad de la autofagia prolonga la longevidad, mientras que su reducción promueve la aparición de diversas patologías, como enfermedades metabólicas, neurodegeneración o cáncer.</p> <p>El estudio propuesto se centra en el análisis de modelos celulares y animales deficientes en componentes moleculares de la ruta de autofagia. Debido a que dichos modelos presentan también alteraciones en características asociadas al envejecimiento, se estudiarán los mecanismos moleculares mediante los cuales el proceso de autofagia contribuye a prolongar la longevidad. Para ello, se emplearán ensayos bioquímicos, fisiológicos y de biología celular/molecular, tanto en células en cultivo como en ratones modificados genéticamente. Se analizarán también las funciones de la autofagia como mecanismo protector frente la neurodegeneración y el cáncer, continuando trabajos previos del grupo.</p> <p>Un resumen sobre la trayectoria del grupo, publicaciones y del proceso de autofagia puede encontrarse en el siguiente link:</p> <p>https://linktr.ee/autofagia</p> |

| Tema propuesto | Tutor / Tutores | Información sobre el tema |
|---|--|--|
| <p>Efecto de mutaciones en genes de splicing en el desarrollo y evolución de leucemia linfática crónica</p> | <p>Ana Gutiérrez Fernández Dpto. Bioquímica y Biología Molecular anaguti@uniovi.es</p> | <p>Estudio del mecanismo molecular a través de cual mutaciones en genes implicados en splicing contribuyen al proceso de transformación tumoral, y análisis de cómo las alteraciones en splicing pueden provocar la generación de neoepítomos, alterando el microambiente tumoral y la respuesta inmune. El estudio se centrará principalmente en leucemia linfática crónica. Para llevar a cabo la caracterización fenotípica se utilizarán líneas celulares y/o modelos animales, se realizarán experimentos de secuenciación de célula única (single cell), citometría de flujo, y técnicas básicas de biología molecular y celular.</p> <p>Bibliografía: - Shuai et al. (2019). The U1 spliceosomal RNA is recurrently mutated in multiple cancers. Nature 574: 712-716. - Bousquets-Muñoz et al. (2022) PanCancer analysis of somatic mutations in repetitive regions reveals recurrent mutations in snRNA U2. NPJGenom. Med. 7:19.</p> |
| <p>Estudio del impacto de mutaciones conductoras en leucemia linfática crónica sobre el microambiente tumoral</p> | <p>Xose S. Puente Dpto. Bioquímica y Biología Molecular xspuente@uniovi.es</p> | <p>Análisis de la complejidad del microambiente tumoral en leucemia linfática crónica mediante el empleo de técnicas de secuenciación de célula única y análisis bioinformático de los datos obtenidos. Se emplearán muestras de tumores primarios humanos, así como de modelos animales y/o celulares de esta patología, para tratar de establecer la relación existente entre las mutaciones presentes en el tumor y su influencia en la composición del microambiente tumoral. Se emplearán técnicas de secuenciación de célula única y análisis bioinformáticos en Python y R.</p> <p>Bibliografía: - Knisbacher et al. (2022). Molecular map of chronic lymphocytic leukemia and its impact on outcome. Nat. Genet. 54: 1664-1674. - Puente et al. (2018) Chronic lymphocytic leukemia and mantle cell lymphoma: crossroads of genetic and microenvironment interactions. Blood 131: 2283-2296.</p> |
| <p>Cribados genéticos de genes de reversión de la senescencia celular</p> | <p>Alejandro Piñeiro Ugalde Orcid: 0000-0003-2522-0627 Gabriel Bretones Sánchez Orcid: 0000-0002-1521-5544 Dpto. Bioquímica y Biología Molecular pineiroalejandro@uniovi.es Teléfono: 985105039</p> | <p>El objetivo de este proyecto es la búsqueda de nuevos genes conductores del envejecimiento mediante la realización de cribados genéticos de genes que puedan revertir el proceso de senescencia celular. Para ello se aplicará la tecnología CRISPR-Cas9 en modelos celulares humanos de senescencia replicativa y se utilizarán diversas técnicas de biología molecular y celular para caracterizar el papel los genes identificados en el proceso de senescencia celular. Metodología: Western-blot, inmunofluorescencia, qPCR, cultivos celulares, CRISPR-Cas9, transducción lentiviral, RNASeq, clonación, etc.</p> |

| Tema propuesto | Tutor / Tutores | Información sobre el tema |
|--|--|--|
| <p>Búsqueda de potenciales dianas terapéuticas frente a la infección por SARS-CoV-2</p> | <p>David Rodríguez Martínez, Orcid: 0000-0002-7530-2770</p> <p>Gabriel Bretones Sánchez, Orcid: 0000-0002-1521-5544 Dpto. Bioquímica y Biología Molecular</p> <p>rodriguez david@uniovi.es</p> <p>Teléfono: 985106231</p> | <p>El objetivo de este estudio es la búsqueda de genes o procesos celulares susceptibles de ser modulados farmacológicamente para inhibir el proceso de entrada del virus SARS-CoV-2. Para ello se realizará un cribado de drogas moduladoras de la autofagia utilizando variantes no infecciosas del virus sobre modelos celulares humanos. Además, se utilizará técnicas proteómicas para identificar proteínas de unión a PLAC8, un factor clave en el proceso de entrada del virus. Metodología: espectrometría de masas, inmunoprecipitación de proteínas, Western-blot, inmunofluorescencia, cribado de drogas, citometría de flujo, cultivos celulares, transducción lentiviral, CRISPR-Cas9, clonación, etc.</p> |
| <p>Estudio del efecto sobre los linfocitos T de los fármacos inmuno-quimioterápicos utilizados en el tratamiento de los linfomas B</p> | <p>Rosa M^a Sainz Menéndez</p> <p>Rebeca Alonso Arias</p> <p>Servicio de Inmunología AGC Laboratorio de Medicina Hospital Universitario Central de Asturias 33011-Oviedo</p> <p>ralonsoarias@hotmail.es</p> | <p>El tratamiento de los linfomas B afecta significativamente al compartimento linfocitario lo que resulta lógico teniendo en cuenta que la célula tumoral se origina en él. El tipo de linfoma, pero principalmente el esquema de tratamiento o el estado basal del paciente al diagnóstico son factores que pueden estar condicionando la recuperación de los linfocitos T, células claves en el desarrollo de la respuesta inmune adaptativa. El riesgo de recidiva, la susceptibilidad a infecciones graves y la reducida o nula respuesta a la vacunación pueden ser consecuencia de una ineficaz reconstitución del compartimento de linfocitos T en los pacientes. El objetivo del trabajo propuesto es profundizar en el conocimiento de las alteraciones que los distintos fármacos inmuno-quimioterápicos ejerce sobre las diferentes poblaciones de linfocitos T, para identificar parámetros que permitan ajustes y optimizar el manejo de estos pacientes (vacunación, profilaxis secundarias...) y mejorar su calidad de vida y supervivencia.</p> |
| <p>Papel de la señalización redox mediada por cisteína en cáncer</p> | <p>David Hevia Sánchez</p> <p>Juan C. Mayo</p> <p>heviadavid@uniovi.es, 985102730</p> | <p>Los procesos redox celulares están altamente interconectados, pero en patologías, como el cáncer, no están en equilibrio y se rigen por una amplia gama de estímulos celulares/parámetros bioquímicos. Los avances tecnológicos permiten ir refinando cómo se regulan los procesos redox específicos, pero el mapa de la interconectividad dinámica entre los diferentes sistemas redox aún es una incógnita. El redoxoma de cisteína es un punto central importante que aúna todos los aspectos relevantes de la biología redox. Esta investigación del redoxoma de cisteína irá orientada a obtener nuevos conocimientos sobre los mecanismos celulares involucrados en la iniciación y la progresión tumoral.</p> |

| Tema propuesto | Tutor / Tutores | Información sobre el tema |
|--|--|--|
| Relación entre la regulación redox y el metabolismo energético en la eritropoyesis | Pedro González Menéndez Rosa M. Sainz gonzaleszmpedro@uniovi.es 985103610 | La anemia es un trastorno sanguíneo común en diabetes. Sin embargo, la relación molecular entre la eritropoyesis y la diabetes no está claramente establecida. La proteína TXNIP, además de un papel crítico en el control redox, actúa como principal regulador del metabolismo mitocondrial. La ausencia de TXNIP protege de la diabetes y es una de las proteínas que están bajo el control de la señalización dependiente de EPO, pudiendo ser la conexión molecular entre diabetes y eritropoyesis. Por lo tanto, el objetivo de este TFM será investigar el papel que tiene TXNIP en la diferenciación eritroide. |
| Análisis genómicos y genéticos de la hematopoyesis clonal y su relación con tumores hematológicos y no hematológicos | José María Pérez Freije Dpto. Bioquímica y Biología Molecular Pedro Moral Quiros ISPA-FINBA pmquiros@ispasturias.es | El trabajo se centrará en el análisis genómico de individuos con hematopoyesis clonal con el fin de identificar nuevos factores genéticos asociados al desarrollo de tumores sanguíneos y sólidos. El trabajo será puramente computacional y podrá implicar entre otras técnicas análisis de genomas o exomas, estudios de asociación del genoma completo (GWAS) y estudios de asociación de fenotipos relacionados con la salud. |
| Influencia de la señalización hormonal en el desarrollo de hematopoyesis clonal asociada a la edad | Clea Bárcena Fernández Dpto. Bioquímica y Biología Molecular barcenaclea@uniovi.es | Se estudiará la influencia de la señalización hormonal en el desarrollo de hematopoyesis clonal asociada a la edad (ARCH) mediante ensayos in vitro con células portadoras de mutaciones en drivers de ARCH, análisis computacional utilizando bases de datos biomédicos humanos y validaciones in vivo con modelos murinos. |
| Estrategias analgésicas derivadas del bloqueo del eje Interleucina-16/CD4 | Sara González Rodríguez Área de Farmacología. Dpto. Medicina. gonzalezsara@uniovi.es | El trabajo propuesto se encuadra en la línea de estudio de nuestro grupo, relacionada con la participación de diversas quimiocinas en la sensibilidad dolorosa en ratones. La modulación farmacológica de los efectos hipernociceptivos producidos por la administración de la interleucina IL-16 supone una diana novedosa para obtener analgesia, no explorada hasta el momento presente. Se basa en abordajes iniciales en ensayos de comportamiento en animal entero a partir de los cuales se realizarán estudios in vitro (ELISA, PCR, western blot, inmunohistoquímica) para determinar las modificaciones moleculares que sustentan los efectos. |