UNIVERSIDAD DE GRANADA

biología Granada

Propuesta TFGB. Curso: 2019-20

DEPARTAMENTO: Genética

CÓDIGO DEL TFG: GEN-10

1. DATOS DEL TFG OFERTADO:

Título: Impacto de las variantes genéticas identificadas en estudios de GWAS para obesidad sobre el riesgo a desarrollar mieloma múltiple y la supervivencia de los pacientes

Resumen (Introducción, Objetivos y Plan de trabajo; máx. 2.460 caracteres con espacios y fuente Arial 9):

El mieloma múltiple (MM) es una enfermedad incurable caracterizada por la presencia de células plasmáticas malignas en la médula ósea que secretan inmunoglobulinas monoclonales específicas (también llamada Proteina M) al torrente sanguíneo. Aunque en la última década se han hecho grandes avances en la identificación de los mecanismos moleculares que originan la enfermedad, todavía hoy no se han identificado factores de riesgo consistentes aparte de la edad, el género, la ancestría afroamericana, la obesidad y la historia familar de cáncer linfohematopoyético o gammapatía monoclonal de significado incierto. Entre estos factores, la obesidad ha generado gran interés, ya que constituye un factor de riesgo modificable que ha sido asociado con el desarrollo de muchos tipos de tumores sólidos y hematológicos. Aunque el análisis de datos clínicos y de laboratorio han sugerido que el vínculo existente entre la obesidad y el MM es complejo y abarca posiblemente múltiples factores, parece lógico pensar que puedan compartir, al menos parcialmente, un componente genético. Con el objetivo de comprobar esta hipótesis evaluaremos si 32 variantes genéticas asociadas con obesidad mediante estudios GWAS pueden influir sobre el riesgo a desarrollar MM y la supervivencia de los pacientes. Para ello analizaremos estas 32 variantes genéticas en una población de 638 casos de MM y 1.088 controles sanos y determinaremos si alguna de las variantes seleccionadas se asocia con el riesgo de MM o la supervivencia de los pacientes. Los datos de asociación que obtengamos serán validados mediante un meta-análisis de los datos obtenidos con aquellos obtenidos en un estudio de GWAS en 4.189 alemanes (2.121 casos de MM y 2.068 controles sanos). Finalmente, con el objetivo de identificar los mecanismos moleculares subyacentes a las asociaciones que puedan detectarse en el estudio, evaluaremos si dichas variantes correlacionan con los niveles serológicos de 7 hormonas esteroideas en una población de 500 individuos sanos (Human Functional Project). Además, analizaremos en esta misma población si alguna de las variantes de interés correlaciona con los niveles de 9 citoquinas (IL1, IL1RA, IL6, IL8, IL10, IL17, IL22, TNF e IFN) tras la estimulación *in vitro* de sangre completa, células mononucleares y macrófagos derivados de monocitos con LPS, PHA, Pam3Cys y cpG.

Tabla de actividades y dedicación estimada:

Planteamiento y desarrollo del trabajo	230
Elaboración de la memoria	60
Preparación y ejecución de la exposición	10
TOTAL (12 ECTS)	**300 horas**

2. MODALIDAD (*): Trabajo Experimental / de Investigación

(*) En el caso de trabajos experimentales, el tutor considera conveniente que el estudiante realice el taller "Prevención de riesgos y eliminación de residuos en el laboratorio" ☒

3. DATOS DEL TUTOR/A UGR (**):

Apellidos: Viseras Alarcón **Nombre**: Esther

Teléfono: 958243081 ***e-mail:*** eviseras@ugr.es

(**) En el caso de trabajos desarrollados en Empresas u otras Instituciones ajenas a la Universidad de Granada, por favor completar la siguiente información:

TUTOR/A DE LA EMPRESA O INSTITUCIÓN:

Apellidos: Sainz Pérez **Nombre:** Juan

Empresa / Institución: GENYO. Centro de Genómica e Investigación Oncológica

Teléfono: 958715500 ***e-mail:*** juan.sainz@genyo.es

4. DATOS DEL ESTUDIANTE (***):

(***) Si ha sido acordado por el estudiante y profesor/a, por favor completar la siguiente información sobre el estudiante:

Apellidos: Díaz Rosales **Nombre:** Judit

e-mail institucional: juditdiazrosales@gmail.com