



## 1. DATOS BÁSICOS DEL TFG:

**Título:** Diseño de herramientas moleculares para la cuantificación de las nuevas resistencias frente a los antibióticos betalactámicos

**Descripción general (resumen y metodología):**

Actualmente, una de las principales problemas en el ámbito de la salud es la aparición de nuevas resistencias frente a los antibióticos. De forma alarmante, preocupa la aparición de nuevas formas de resistencia frente a los nuevos  $\beta$ -lactámicos ya que poseen actividad antibacteriana de amplio espectro y resistentes frente a la mayoría de las  $\beta$ -lactamasas, incluyendo metalo- $\beta$ -lactamasa y  $\beta$ -lactamasas de espectro extendido, ya que este grupo de antibióticos se utilizan en diferentes infecciones graves debido a su elevada fiabilidad terapéutica. Sin embargo, la reciente aparición y propagación de resistencias a estos antibióticos ha agravado la emergencia del fenómeno de resistencias a los antibióticos. De forma particular, los sistemas de tratamiento de aguas residuales se han descrito como puntos calientes en la generación de genes de resistencia a los antibióticos; si bien, se desconoce la importancia que estos sistemas de ingeniería tienen en la diseminación de las bacterias resistentes a los carbapenemes. Por tanto, se hace necesario la cuantificación de los genes que confieren resistencia a estos antibióticos en los sistemas de tratamientos de agua residual y poder establecer los parámetros operacionales que puedan disminuir la presencia de este gen de en los efluentes generados.

La metodología a seguir consiste en el diseño de nuevos primers con un amplio margen de cobertura de los genes *blactx-M*, *blaKPD*, *blaNDM* y *blaOXA-48*. Posteriormente se realizará una puesta a punto de la técnica de qPCR para estos genes y la elaboración de un plásmido como estándar para la cuantificación. Finalmente se realizará la validación del nueva metodología en muestras medioambientales.

**Tipología:** Trabajo de investigación o desarrollo bioinformático

**Objetivos planteados:**

El objetivo principal consiste en el diseño de nuevas herramientas moleculares que permitan cuantificar de manera específica, robusta y exacta las poblaciones bacterianas que contienen genes que codifican algunas de estas nuevas betalactamasas en los en ambientes relacionados con el tratamiento de las aguas residuales.

**Bibliografía básica:**

Perez-Bou, L., Gonzalez-Martinez, A., Gonzalez-Lopez, J., & Correa-Galeote, D. (2023). Promising bioprocesses for the efficient removal of antibiotics and antibiotic-resistance genes from urban and hospital wastewaters: Potentialities of aerobic granular systems. *Environmental Pollution*, 123115.

Perez-Bou, L., Gonzalez-Martinez, A., Cabrera, J. J., Juarez-Jimenez, B., Rodelas, B., Gonzalez-Lopez, J., & Correa-Galeote, D. (2024). Design and validation of primer sets for the detection and quantification of antibiotic resistance genes in environmental samples by quantitative PCR. *Microbial Ecology*, 87(1), 1-12.

Bustin, S. A., Benes, V., Garson, J. A., Hellems, J., Huggett, J., Kubista, M., ... & Wittwer, C. T. (2009). The MIQE Guidelines: M inimum I nformation for Publication of Q uantitative Real-Time PCR E xperiments.

**Recomendaciones y orientaciones para el estudiante:**

**Plazas:** 1

**2. DATOS DEL TUTOR/A:**

**Nombre y apellidos:** DAVID CORREA GALEOTE

**Ámbito de conocimiento/Departamento:** MICROBIOLOGÍA

**Correo electrónico:** dcorrea@ugr.es

**3. COTUTOR/A DE LA UGR (en su caso):**

**Nombre y apellidos:**

**Ámbito de conocimiento/Departamento:**

**Correo electrónico:**

**4. COTUTOR/A EXTERNO/A (en su caso):**

**Nombre y apellidos:**

**Correo electrónico:**

**Nombre de la empresa o institución:**

**Dirección postal:**

**Puesto del tutor en la empresa o institución:**

**Centro de convenio Externo:**

**5. DATOS DEL ESTUDIANTE:**

**Nombre y apellidos:**

**Correo electrónico:**