



1. DATOS BÁSICOS DEL TFG:

Título: Identificación de los microRNAs asociados con el riesgo a desarrollar leucemia linfática crónica y con la respuesta terapéutica y la supervivencia global de los pacientes

Descripción general (resumen y metodología):

La leucemia linfática crónica (LLC) es el tipo más común de leucemia (20-40% de las leucemias) y su impacto sobre los sistemas de salud ha crecido incesantemente durante los últimos 30 años. El desarrollo de LLC se ha asociado a la presencia de alteraciones genéticas que incluyen mutaciones puntuales, aberraciones cromosómicas y cambios epigenéticos, transcriptómicos y de microRNAs. Sin embargo, a pesar del avance en el conocimiento de los mecanismos moleculares de la LLC y la clasificación de los pacientes en grupos de riesgo en base a esas alteraciones genéticas, existe todavía poca información sobre cómo se desencadena la enfermedad y cuáles son los procesos biológicos responsables de la resistencia a la terapia y la recaída de los pacientes (15-20% tras 2 años). Las razones que explican estos desalentadores resultados incluyen la disfunción del sistema inmune, la activación de mecanismos inmunosupresores intrínsecos, la evasión del sistema inmune, la pérdida de expresión de antígenos tumorales y la adquisición por parte de las células tumorales de ventajas de supervivencia.

Considerando el elevado número de afectados, la limitada utilidad de los tratamientos actuales y el envejecimiento constante de la población, existe una creciente necesidad de identificar nuevos marcadores asociados al desarrollo de LLC, a la respuesta terapéutica y la progresión. Una mejor identificación de alteraciones genéticas asociadas con el proceso de leucemogénesis, así como la caracterización genética y genómica de la respuesta al tratamiento y la progresión podría facilitar el desarrollo de tratamientos más eficaces y la mejora en el manejo de los pacientes con LLC.

Tipología: Trabajos experimentales, de toma de datos de campo o de laboratorio.

Objetivos planteados:

En este contexto, los objetivos del presente TFG son:

- 1) Identificar los microRNAs asociados con el desarrollo de LLC.
- 2) Identificar los microRNAs asociados con el tiempo hasta el primer tratamiento (como factor de pronóstico)
- 3) Identificar los microRNAs asociados con la respuesta a los tratamientos y la supervivencia global.
- 4) Validar los resultados obtenidos en una cohorte independiente de pacientes.

Bibliografía básica:

Recomendaciones y orientaciones para el estudiante:

Familiarizarse con los conceptos básicos sobre los microRNAs

Plazas: 1

2. DATOS DEL TUTOR/A:

Nombre y apellidos: JUAN SAINZ PÉREZ

Ámbito de conocimiento/Departamento: BIOQUÍMICA Y BIOLOGÍA MOLECULAR I

Correo electrónico: jsainz@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: GENYO

5. DATOS DEL ESTUDIANTE:

Nombre y apellidos: PAULA FERNANDEZ NUEVO

Correo electrónico: paula2708@correo.ugr.es