



Universidad de Jaén

QUINTAS JORNADAS SOBRE INVESTIGACIÓN EN BIOTECNOLOGÍA Y BIOMEDICINA. MÁSTER UNIVERSITARIO EN BIOTECNOLOGÍA Y BIOMEDICINA POR LA UNIVERSIDAD DE JAÉN

Jueves, 14 de abril de 2016, Sala de Juntas del Edificio D-1 (Zabaleta)

Mesa Redonda 1 (9,30 h a 11,10 h):

9,30 h. Presentación.

1. 9,40 h. **María Isabel Cano Linares**, “Mecanismos de tolerancia a daños replicativos en el DNA.” Departamento de Biología Molecular. Centro Andaluz de Biología Molecular y Medicina Regenerativa (CABIMER). CSIC. Sevilla. (MR1-C1)
2. 10,00 h. **Ángel Dueñas Lechuga**, “Role of microRNAs in chick proepicardial organ cell differentiation” Departamento de Biología Experimental. Área de Biología Celular, Universidad de Jaén. (MR1-C2)
3. 10,20 h. **Antonio Fernández Suárez**, “Líneas, actividad y colaboraciones en investigación del área de biotecnología del Hospital Alto Guadalquivir” Área de Biotecnología y Aparato Digestivo, Hospital Alto Guadalquivir, Andújar. (MR1-C3)

10,40-11,10 h Debate

11,10-11,30 h Café

Mesa Redonda 2 (11,30 h a 13,10 h):

11,30 h Presentación

4. 11,40 h. **Manuel Martín Expósito**, “MIP6 interacciona con MEX67 y dirige ARNs mensajeros específicos a gránulos de estrés” Laboratorio de Expresión génica y Metabolismo de ARN, Centro de Investigación Príncipe Felipe, Valencia. (MR2-C1)
5. 12,00 h. **Daniel Vallejo Pulido**, “PITX2 en regeneración muscular patológica”. Área de Biología Celular. Departamento de Biología Experimental. Universidad de Jaén. (MR2-C2)
6. 12,20 h. **José Manuel Vilches Godoy**, “Role of microRNA in cardiomyocyte differentiation processes”. Área de Biología Celular. Departamento de Biología Experimental. Universidad de Jaén. (MR2-C3)

12,40-13,30 h Debate

Organizadas por:

Juan Peragón Sánchez

Máster Universitario en Biotecnología y Biomedicina por la Universidad de Jaén

Área de Bioquímica y Biología Molecular

Departamento de Biología Experimental

Universidad de Jaén

Tel.: 953212523, Fax: 953 211875, E-mail: jperagon@ujaen.es



MR1-C1

MECANISMOS Y REGULACIÓN DE LA RESPUESTA DE
TOLERANCIA A DAÑOS REPLICATIVOS

María Isabel CANO LINARES (maribel.cano@cabimer.es),
Félix PRADO VELASCO (felix.prado@cabimer.es)



Centro Andaluz de Biología Molecular y Medicina Regenerativa
(CABIMER) CSIC. Departamento de Biología Molecular.
Sevilla.

La respuesta a daños replicativos en el ADN (DDT, del inglés DNA Damage Tolerance) está constituida por un conjunto de mecanismos cuyo objetivo primordial es facilitar la replicación a través de lesiones que dificultan el avance de las horquillas de replicación y promover la posterior reparación del ADN de cadena sencilla (ssDNA) generado durante ese proceso. Estos procesos pueden llevarse a cabo bien mediante mecanismos mutagénicos, donde polimerasas especializadas introducen un nucleótido al azar en el sitio opuesto a la lesión (TLS, TransLesion Synthesis), o mediante mecanismos no mutagénicos que utilizan la información intacta de la cromátida hermana (TS, Template Switching). Una pieza clave en esta decisión es el factor de procesividad PCNA, el cual puede ser monoubiquitinado en la lisina 164 por el complejo Rad6/Rad18, promoviendo el reclutamiento de las polimerasas de TLS, o adicionalmente poliubiquitinado en este mismo residuo por la acción adicional del complejo Rad5/Mms2/Ubc13, promoviendo la reparación por TS. Las proteínas de recombinación homóloga (HR) Rad51 y Rad52 participan en los mecanismos de TS tanto dependientes como independientes de ubiquitinación de PCNA. El objetivo científico de mi tesis es entender, mediante técnicas genéticas y moleculares, la interdependencia de estos procesos y su regulación a lo largo del ciclo celular. Estos mecanismos son esenciales en la respuesta celular a los problemas replicativos que subyacen en los primeros estadios del desarrollo tumoral, por lo que su estudio es esencial para comprender la inestabilidad genética asociada al cáncer y otras enfermedades genéticas.



Jueves, 14 de abril de 2016

MR1-C2

ROLE OF microRNAs IN CHICK PROEPICARDIAL ORGAN CELL
DIFERENTIATION

Ángel DUEÑAS (acd10001@red.ujaen.es), Fernando BONET, Amelia
ARÁNEGA, Diego FRANCO

Área de Biología Celular. Departamento de Biología Experimental.
Universidad de Jaén.



The proepicardial organ in chick embryos is defined by a cluster of 200 cells that anchors over the inflow tract (IFT), undergoing a proliferation process which eventually will wrap the heart tube and the formation of the epicardium. At the same time takes place another differentiation process of cell migration from a proepicardial cell subpopulation through the pericardial cavity, entering in the myocardium and differentiating in smooth muscle cells and coronary endothelial cells. These cells are known as the Epicardial Derived Cells (EPDC). Classically the epicardium has been considered like a layer with no further function other than structural, but recently it has been discovered that the contribution of the epicardium is fundamental in the heart morphogenesis process, in the same way that in a heart injure situation can be activated and has an important regenerative role. It also has been described that chick proepicardial organs are able to differentiate cardiomyocytes at *in vitro* cultures as well as the rest of the mesenchymal cell lineages previously described, though the pathways modulation that control the differentiation are not completely well known yet. MicroRNAs are 18-25 nucleotides single strain RNA chains which have a key role in post-transcriptional genetic expression. It has been stated that microRNA display a fundamental role in the epicardial development and the lacking of *Dicer* enzyme needed for microRNA maturation, eventually affects negatively to the cardiac development. So, with all this information in mind, the objective, is to determine the role of a series of candidate microRNAs in order to guide the cell differentiation process towards high potential therapeutic cell lineages. The results obtained by over-expression with those microRNAs have allowed us to observe the different effects in the EMT process as well as in cardiomyocyte differentiation respectively.



Jueves, 14 de abril de 2016

MR1-C3

LÍNEAS, ACTIVIDAD Y COLABORACIONES EN INVESTIGACIÓN
DEL ÁREA DE BIOTECNOLOGÍA DEL HOSPITAL ALTO
GUADALQUIVIR.

Antonio FERNÁNDEZ SUÁREZ¹ (afernandezs@ephag.es), José Luis DOMÍNGUEZ JIMÉNEZ² (jldominguez@ephag.es), Daniel FATELA CANTILLO¹ (dfatela@ephag.es), Juan Jesús PUENTE GUTIÉRREZ² (jipuente@ephag.es) y José Miguel DÍAZ IGLESIAS¹ (jdiaz@ephag.es).



¹Área de Biotecnología y ²Aparato Digestivo, Hospital Alto Guadalquivir, Andújar (Jaén).

Introducción.

El Hospital Alto Guadalquivir es un hospital comarcal de pequeño tamaño situado en Andújar. A pesar de la elevada carga asistencial que soporta y a la baja complejidad de sus procesos, cierto número de sus profesionales llevan a cabo investigación clínica de calidad.

Objetivo.

Describir las principales actividades que en el ámbito de investigación realiza el Área de Biotecnología del Hospital Alto Guadalquivir.

Actividad Investigadora.

Las principales líneas de Investigación, tanto propias como en colaboración con otros Departamentos, que se practican en el Área de Biotecnología son:

- Diagnóstico precoz del cáncer colorrectal mediante procedimientos no invasivos.
- Cribado poblacional de celiaquía en niños.
- Caracterización de microorganismos poco frecuentes en procesos clínicos habituales.
- Marcadores Bioquímicos de Preeclampsia.
- Procesos Digestivos de Malabsorción. Intolerancia a la lactosa.

Conclusión.

La difusión de las actividades investigadoras de cualquier institución entre pares de otros departamentos y organismos contribuye a generar sinergias que potencian y desarrollan el inicio de nuevos proyectos o la colaboración en áreas comunes.



Jueves, 14 de abril de 2016

MR2-C1

MIP6 INTERACCIONA CON MEX67 Y DIRIGE ARNs
MENSAJEROS ESPECÍFICOS A GRÁNULOS DE ESTRÉS

Manuel MARTÍN-EXPÓSITO¹ (mmartin@cipf.es), María Eugenia GAS¹, Jeffrey CORDEN² y Susana RODRÍGUEZ-NAVARRO¹.

¹Laboratorio de Expresión Génica y metabolismo del ARNm,
Centro de Investigación Príncipe Felipe, Valencia, España

²Department of Molecular Biology and Genetics,
Johns Hopkins Medical School, Baltimore, Estados Unidos



El transporte del ARN desde el núcleo al citoplasma es fundamental para la expresión génica. En eucariotas, Mex67 ejerce un papel fundamental en la exportación de ARNs mensajeros a través de proteínas adaptadoras. Ensayos previos de doble-híbrido mostraron la interacción de Mex67 con una posible proteína de unión a ARN denominada Mip6 sugiriendo una interacción funcional entre Mip6 y la exportación de ARNm. Para profundizar en el rol de Mip6 en la expresión génica y metabolismo del ARN, hemos estudiado las interacciones físicas de Mip6, su localización subcelular en diferentes condiciones de crecimiento y su unión a diferentes ARNs.

Además de Mex67, Mip6 copurifica con otras proteínas que participan en el transporte de ARNm como Sac3, Sus1 y Rat8. Mip6 etiquetada con GFP se localiza entre el núcleo y el citoplasma, mientras que bajo choque térmico se acumula en gránulos citoplasmáticos similares a gránulos de estrés. Finalmente, experimentos de PAR-CLIP (Photoactivatable Ribonucleoside-Enhanced Crosslinking and Immunoprecipitation) revelaron que en condiciones no estresantes, Mip6 interacciona con un amplio rango de ARNms, aunque bajo choque térmico se muestra un mayor unión en ARNms relacionados con la respuesta a estrés.

Nuestros resultados apoyan un modelo en el cual en condiciones normales de crecimiento, Mip6 podría modular la unión de la proteína Mex67 a diferentes ARNms pero bajo condiciones de estrés, Mip6 actuaría como un RNA regulon controlando grupos de transcritos relacionados funcionalmente. De esta manera, coordinaría la exportación a gránulos citoplasmáticos de estos ARNms para controlar su expresión a nivel post-transcripcional.



Jueves, 14 de abril de 2016

MR2-C2

PITX2 EN REGENERACIÓN MUSCULAR PATOLÓGICA

Daniel VALLEJO-PULIDO¹ (dvallejo@ujaen.es) Estefanía
LOZANO-VELASCO, Diego FRANCO, Amelia ARÁNEGA²
(aaanega@ujaen.es)

Área de Biología Celular.

Departamento de Biología Experimental. Universidad de Jaén.



El proceso de regeneración muscular es llevado a cabo por las células madre musculares, llamadas células satélite, las cuales permanecen en estado de reposo en la periferia de las fibras musculares. Tras una lesión, se someten a la activación, proliferación y diferenciación para reemplazar las fibras dañadas y también se auto-renuevan para reconstituir la reserva de células madre de músculo.

En este estudio, vemos cómo Pitx2, el cual es un miembro de la familia de factores de transcripción que poseen un homedominio de unión al DNA tipo “bicoid” y que tiene un papel importante en morfogénesis, es necesario para una correcta diferenciación celular. En experimentos in vitro de ganancia de función de Pitx2 hemos visto como se produce un incremento de la diferenciación de las células musculares mientras que en pérdida de función de Pitx2 conduce a una diferenciación alterada e incompleta. Además, hemos descubierto que las células distróficas aisladas de ratones mdx muestran la diferenciación miogénica defectuosa asociada con una expresión disminuida de Pitx2. Es importante destacar que el trasplante de células distróficas que sobreexpresan Pitx2 aumenta el número de fibras musculares, reprime el miR-31 llegando a la restauración de la distrofina y, finalmente, mejora la función muscular en ratones mdx. Estos resultados ponen a Pitx2 como un nuevo participante en la biología de las células satélite musculares identificándose funciones desconocidas de Pitx2 durante la miogénesis regenerativa.



Jueves, 14 de abril de 2016

MR2-C3

ROLE OF MICRORNAS IN CARDIOMYOCYTE
DIFFERENTIATION PROCESSES

José Manuel VILCHES GODOY (jvilches@ujaen.es)

Amelia ARÁNEGA JIMÉNEZ (aaanega@ujaen.es)

Diego FRANCO JAIME (dfranco@ujaen.es)

Área de Biología Celular.

Departamento de Biología Experimental. Universidad de Jaén.



Diversos tipos de “stem cells” representan una fuente potencial de células cardíacas para el tratamiento de enfermedades cardiovasculares. Sin embargo, la mayoría de los beneficios funcionales observados en “stem cells” son debidos principalmente a efectos paracrinos. Por ello, es necesario desarrollar nuevas herramientas para mejorar la eficiencia en la diferenciación de las “stem cells” hacia líneas cardíacas.

Los microRNAs son pequeñas secuencias de RNA no codificante de cadena simple involucrados en la regulación génica a nivel post- transcripcional. Estos microRNAs desempeñan un papel importante en el control de la diferenciación celular, desarrollo y patologías.

En un estudio previo en nuestro laboratorio, con el fin de estudiar el papel de los microRNAs durante el desarrollo cardíaco, se analizaron los perfiles de expresión de microRNAs mediante microarrays en la región ventricular en tres estadios diferentes del desarrollo. Nuestros resultados demostraron que un grupo discreto de microRNAs se encuentran diferencialmente expresados durante el desarrollo cardiovascular. Posteriormente analizamos el papel de varios microRNAs candidatos en mESCs (mouse embryonic stem cells). Nuestros resultados muestran evidencias de que miR-27b podría inhibir la diferenciación cardíaca de mESCs, mientras que otros microRNAs tales como miR-23b y miR-200b regulan el fenotipo contráctil durante la diferenciación in vitro de mESCs. La identificación de estos microRNAs es un importante paso para entender los eventos involucrados en la diferenciación a cardiomiocitos de mESCs y también resaltar genes candidatos para fines terapéuticos.



Jueves, 14 de abril de 2016

ÍNDICE DE AUTORES:

ARÁNEGA JIMÉNEZ, Amelia; MR1-C2, MR2-C2, MR2-C3
BONET MARTÍNEZ, Fernando; MR1-C2
CANO LINARES, María Isabel; MR1-C1
CORDEN, Jeffry; MR2-C1
DÍAZ IGLESIAS, José Miguel; MR1-C3
DOMÍNGUEZ JIMÉNEZ, José Luis; MR1-C3
DUEÑAS LECHUGA, Ángel; MR1-C2
FATELA CANTILLO, Daniel; MR1-C3
FERNÁNDEZ SUÁREZ, Antonio, MR1-C3
FRANCO JAIME, Diego; MR1-C2, MR2-C2, MR2-C3
GAS, María Eugenia; MR2-C1
LOZANO-VELASCO, Estefanía; MR2-C2
MARTÍN-EXPÓSITO, Manuel; MR2-C1
PRADO VELASCO, Félix; MR1-C1
PUENTE GUTIÉRREZ, Juan Jesús; MR1-C3
RODRÍGUEZ-NAVARRO, Susana; MR2-C1
VALLEJO-PULIDO, Daniel; MR2-C2
VILCHES GODOY, José Manuel; MR2-C3

QUINTAS JORNADAS SOBRE INVESTIGACIÓN EN
BIOTECNOLOGÍA Y BIOMEDICINA

MÁSTER UNIVERSITARIO EN BIOTECNOLOGÍA Y BIOMEDICINA
POR LA UNIVERSIDAD DE JAÉN



Jueves, 14 de abril de 2016

ASISTENTES:

ARANDA CAÑO, Lorena
ARÁNEGA JIMÉNEZ, Amelia Eva
BARUNGI, Shivan
CANO LINARES, María Isabel
CARMONA GARCÍA, Miguel
CASTILLO CARRASCO, Amparo
COBO HUESA, Cristina
COBO PEINADO, Ángel
CUEVAS FERNÁNDEZ, Beatriz
DIOS CONDE, Cristina de
DOMÍNGUEZ MACÍAS, Jorge
DONAIRE RIVERA, Lourdes
DUEÑAS LECHUGA, Ángel
EXPÓSITO VILLÉN, Almudena
FERNÁNDEZ SUÁREZ, Antonio
FRANCO JAIME, Diego
HEREDIA MOLINA, Rosalía
HERRERA OCHOA, Diego
HERRERO DEL RÍO, M. Rocío
INIESTA SÁIZ, Alberto
JERÓNIO GÁMEZ, Ignacio
LAMELAS ALGUACIL, Luz

LEÓN RUIZ, Josefa
LÓPEZ CRUZ, José Antonio
MANCEBO PASCUAL, Fco José
MARTÍN EXPÓSITO, Manuel
MARTÍNEZ BORDAL, Soledad
MARTÍNEZ MALDONADO, Katia
Estefanía
MOLINA NIETO, Gregorio
MORAL ORTÍZ, Victoria del Alba
MOTA TRUJILLO, María Carmen
NAVARRO GÓMEZ, Fco Nicolás
NAVAS MOLINA, Antonio Jesús
PACHECO LÓPEZ, Beatriz
PEÑAS FUENTES, Juan Luis
PÉREZ CAMACHO, Inmaculada
ROLDÁN LLORET, Laura
ROSA NÚÑEZ, Elena
RUS RUS, María Catalina
SÁNCHEZ VACA, Antonio
VALENZUELA TORRES, María
VALLEJO PULIDO, Daniel
VILCHES GODOY, José Manuel

QUINTAS JORNADAS SOBRE INVESTIGACIÓN EN
BIOTECNOLOGÍA Y BIOMEDICINA
MÁSTER UNIVERSITARIO EN BIOTECNOLOGÍA Y BIOMEDICINA
POR LA UNIVERSIDAD DE JAÉN



Jueves, 14 de abril de 2016



MESA REDONDA 1



QUINTAS JORNADAS SOBRE INVESTIGACIÓN EN
BIOTECNOLOGÍA Y BIOMEDICINA
MÁSTER UNIVERSITARIO EN BIOTECNOLOGÍA Y BIOMEDICINA
POR LA UNIVERSIDAD DE JAÉN



Jueves, 14 de abril de 2016

MESA REDONDA 2

