

OFERTA DE TRABAJOS FIN DE GRADO EN EL GRADO EN BIOTECNOLOGÍA. CURSO 2014/2015

OFERTAS DE DEPARTAMENTOS

DEPARTAMENTO DE BIOMEDICINA, BIOTECNOLOGÍA Y SALUD PÚBLICA			
CÓDIGO	CARÁCTER	TÍTULO Y DESCRIPCIÓN	TUTOR/ES
BT-BBSP-1	Trabajo de Introducción a la Investigación	Aislamiento, identificación y caracterización de bacterias provenientes de un extracto vegetal de <i>Dracena draco</i> implicadas en la obtención de nanopartículas de oro de interés en biotecnología. La síntesis biológica de nanopartículas surge como un proceso adecuado, ya que requiere menos energía, es ambientalmente seguro, tiene bajos costes de fabricación de escalabilidad y mejor estabilización de las nanopartículas, en comparación con las nanopartículas sintetizadas químicamente. Las nanopartículas de metales nobles y, más específicamente, las de oro (AuNPs), exhiben unas excelentes propiedades físicas, químicas y biológicas, que son intrínsecas a su tamaño nanométrico. Las AuNPs pueden ser producidas con distintos tamaños y formas y ser fácilmente funcionalizadas con un amplio abanico de ligandos. Por todo ello, las AuNPs despiertan un gran interés en el campo de la biomedicina donde tienen múltiples aplicaciones en la administración de fármacos, la transferencia de genes, como biosondas en las células y tejidos para su análisis en la visualización de micro y nano-objetos, para la observación de los procesos biológicos a escala nanométrica, para mejorar la electroluminiscencia, etc. La biosíntesis de las nanopartículas de oro ha sido descrita en diferentes organismos procariotas como <i>Bacillus subtilis</i>, <i>Escherichia coli</i>, <i>Lactobacillus</i>, <i>Pseudomonas aeruginosa</i> y <i>Rhodopseudomonas capsulata</i>. Los extractos vegetales poseen propiedades tanto físico-químicas como biológicas, que les hacen ser una materia prima muy interesante y de gran utilidad para muchas aplicaciones en el campo de la biotecnología. Además de la propia naturaleza del extracto, al ser un material proveniente del medio natural, posee una microbiota propia la cual suele ser específica tanto del ambiente en el que la planta se desarrolla como de la especie vegetal en sí. En el presente trabajo se plantea como objetivo fundamental el aislamiento de aquellas bacterias existentes en un extracto vegetal de <i>Dracena draco</i>, las cuales están implicadas en la biosíntesis de nanopartículas de oro. Una vez obtenido una muestra representativa de las bacterias responsables de esta síntesis, se procederá a la identificación de las mismas mediante la secuenciación del ADN ribosómico 16S, así como a la caracterización microbiológica de todos los aislados realizados. La metodología que se desarrollará en el presente trabajo engloba un proceso de aislamiento y selección de microorganismos mediante técnicas microbiológicas y posteriormente un estudio molecular de caracterización de los mismos, lo que nos permitirá clasificar las bacterias presentes en el extracto de un drago y que tienen una implicación en el proceso de síntesis de partículas de oro. Este trabajo consta de diferentes periodos de aprendizaje en el que se desarrollan temáticas de diferentes áreas de conocimiento que se entrelazan entre sí en el trabajo global, incluyendo, la microbiología, la genética y la biología molecular. Con el desarrollo de este trabajo por parte del alumno, incluyendo su parte experimental y su posterior desarrollo de la memoria de trabajo, el alumno adquirirá todas las competencias que básicas, específicas y transversales que se contemplan en la memoria del Grado en Biotecnología, siendo una parte fundamental de la formación del alumno.	MARÍA CARBÚ ESPINOSA DE LOS MONTEROS CARLOS GARRIDO CRESPO

CÓDIGO	CARÁCTER	TÍTULO Y DESCRIPCIÓN	TUTOR/ES
BT-BBSP-2	Trabajo de Introducción a la Investigación	Diseño y Optimización de un protocolo de detección e identificación de bacterias acéticas mediante PCR a Tiempo Real causante de alteraciones en el vinagre El vinagre es un producto obtenido a partir de materias primas ricas en azúcares. Su elaboración es un proceso biotecnológico en el que participan diferentes géneros y especies de microorganismos, ya que consta de dos tipos de fermentaciones, la fermentación alcohólica y la fermentación acética. En concreto durante la fermentación acética pueden participar varias especies del género <i>Acetobacter</i>, siendo las principales, <i>A. aceti</i>, <i>A. rarnsens</i> y <i>A. oxydans</i>. El vinagre puede considerarse un producto “vivo”, en el que además del proceso de elaboración, también sufre un proceso de envejecimiento y posterior almacenaje en el que pueden desarrollarse tanto especies beneficiosas, como especies de microorganismos que producen algún tipo de defecto en el producto final. Entre los microorganismos que pueden causar alteraciones en el vinagre se encuentran también algunas especies del género <i>Acetobacter</i>. Dada esta circunstancia, es importante y útil, disponer de una metodología y protocolo que nos permita una rápida identificación y detección de especies que puedan deteriorar nuestro producto final. El presente trabajo se propone como objetivo el diseño y optimización de un protocolo de detección de bacterias acéticas causantes de alteraciones en el vinagre mediante el uso de técnicas microbiológicas y moleculares, basado en la técnica de PCR a tiempo real. El presente trabajo consta de diferentes periodos de aprendizaje en el que se desarrollan temáticas de diferentes áreas de conocimiento que se entrelazan entre sí en el trabajo global, incluyendo, la microbiología, la genética y la biología molecular. Con el desarrollo de este trabajo por parte del alumno, incluyendo su parte experimental y su posterior desarrollo de la memoria de trabajo, el alumno adquiriría todas las competencias que básicas, específicas y transversales que se contemplan en la memoria del Grado en Biotecnología, siendo una parte fundamental de la formación del alumno.	MARÍA CARBÚ ESPINOSA DE LOS MONTEROS CARLOS GARRIDO CRESPO
BT-BBSP-3	Trabajo de Introducción a la Investigación	Aplicación de técnicas moleculares al seguimiento de la fermentación alcohólica. Análisis comparativo entre fermentación espontánea e inoculación secuencial de diferentes géneros de levaduras. Durante los últimos años se ha conseguido una eficiente transferencia de conocimiento desde el laboratorio de investigación al laboratorio de análisis y seguimiento en muchos campos de la biotecnología y más en concreto en Agroalimentación. De este modo, es posible la aplicación y combinación de estudios microbiológicos y técnicas de biología molecular que permiten una identificación rápida y fiable de microorganismos, llegando incluso al nivel de cepa. En el presente trabajo se plantea un estudio comparativo llevado a cabo en una fermentación alcohólica a partir de mosto de la variedad de uva Chardonnay. Este mosto ha sido fermentado mediante diferentes estrategias de fermentación, por una lado mediante la inoculación de una levadura del género <i>Saccharomyces cerevisiae</i>, por otro lado una inoculación secuencial que combina la utilización de varios géneros de levaduras y por último una fermentación espontánea. La metodología que se desarrollará en el presente trabajo engloba un proceso de aislamiento y selección de microorganismos mediante técnicas microbiológicas y posteriormente un estudio molecular de caracterización de los mismos que nos permitirá determinar el grado de implantación de las levaduras en cada una de las fermentaciones. Este trabajo consta de diferentes periodos de aprendizaje en el que se desarrollan temáticas de diferentes áreas de conocimiento que se entrelazan entre sí en el trabajo global, incluyendo, la microbiología, la genética y la biología molecular. Con el desarrollo de este trabajo por parte del alumno, incluyendo su parte experimental y su posterior desarrollo de la memoria de trabajo, el alumno adquiriría todas las competencias que básicas, específicas y transversales que se contemplan en la memoria del Grado en Biotecnología, siendo una parte fundamental de la formación del alumno.	MARÍA CARBÚ ESPINOSA DE LOS MONTEROS JESUS MANUEL CANTORAL FERNÁNDEZ

BT-BBSP-4	Trabajo de Introducción a la Investigación	Abundancia y distribución de genes de resistencia a antibióticos en sedimentos marinos: el efecto de la acuicultura y tendencias históricas. Las actividades humanas y la acuicultura en particular tienen un impacto grande sobre el medio marino a través de la liberación de grandes cantidades de productos químicos, incluyendo entre otros los antibióticos. Está bien documentado que el mal uso de antibióticos ha resultado en un incremento en el número de bacterias no solo resistentes a los antibióticos sino también a varios medicamentos. Por esa razón los genes de resistencia a antibióticos (GRA) están considerados actualmente como contaminantes emergentes. La interacción ente la bacteria aloctona y potencialmente patógena (que pueden provenir de depuradoras o otros efluentes de industria, agricultura o acuicultura) y la bacteria autóctona favorece el intercambio de genes y la recombinación de ellos, resultando al desarrollo de nuevos tipos de bacteria resistentes a los antibióticos. Además, la emisión de antibióticos o de sus metabolitos aumenta directamente la presión selectiva sobre la bacteria, favoreciendo la aparición y propagación de resistencia a antibióticos. Estudios previos han documentado cambios claros en la abundancia de GRA a lo largo de gradientes desde vertederos de depuradoras o de industrias farmacéuticas. Sin embargo, a día de hoy, no se ha estudiado la distribución y abundancia de GRA a lo largo de un gradiente vertical. Los sedimentos marinos están caracterizados por una estratificación vertical tanto a nivel geoquímico como a nivel de la comunidad microbiana. En sedimentos poco perturbados por actividades de la in-fauna o humanas la distribución vertical de los varios contaminantes está relacionada con la datación sedimentaria. De ese modo el estudio de los GRA en el sedimento nos permitiría reconstruir la evolución histórica de contaminación y la respuesta de los microorganismos de sedimento a ella. El presente trabajo se propone como objetivo el desarrollo de un protocolo de detección y cuantificación de genes resistentes a antibióticos de bacterias marinas del sedimento mediante el uso de técnicas microbiológicas y moleculares, basado en la técnica de PCR a tiempo real. El protocolo se utilizará para cuantificar los GRA en el medio ambiente. Esos resultados acoplados con datos de tipo geoquímico nos van a permitir obtener no solo su distribución vertical y horizontal sino también obtener un registro sedimentario de la evolución de la contaminación por antibióticos. El presente trabajo consta de diferentes periodos de aprendizaje en el que se desarrollan temáticas de diferentes áreas de conocimiento que se entrelazan entre sí en el trabajo global, incluyendo, la microbiología, la biogeoquímica y la biología molecular. Con el desarrollo de este trabajo por parte del alumno, incluyendo su parte experimental y su posterior desarrollo de la memoria de trabajo, el alumno adquirirá todas las competencias básicas, específicas y transversales que se contemplan en la memoria del Grado en Biotecnología, siendo una parte fundamental de la formación del alumno.	SOKRATIS PAPASPYROU JESUS MANUEL CANTORAL FERNÁNDEZ
BT-BBSP-5	Trabajo de Introducción a la Investigación	Aislamiento de cromosomas del lenguado senegalés (<i>Solea senegalensis</i>, Kaup 1858) mediante técnicas de microdissección láser La microdissección cromosómica ofrece un enfoque directo para aislar cualquier cromosoma o el ADN de cualquier región citogenéticamente reconocible de un cromosoma. El ADN aislado se puede utilizar para completar mapas genéticos y para generar sondas de pintado cromosómico. El alumno tendrá como objetivo poner a punto las condiciones de microdissección láser para aislar cromosomas de la especie de pez plano <i>Solea senegalensis</i> (Kaup, 1858). Dicha puesta a punto conlleva abordar los siguientes objetivos: - Recolección y tratamiento de larvas de <i>S. senegalensis</i> para realizar preparaciones cromosómicas. - Obtención de preparaciones cromosómicas sobre portaobjetos especiales para microdissección de 0.17 mm con membrana PET. - Realización de técnicas de tinción o de Hibridación <i>in situ</i> de Fluorescencia (FISH) sobre preparaciones cromosómicas. - Aprendizaje y manejo del microdisector láser <i>Zeiss Axio Observer Z1 Palm MicroBeam LCM</i> para aislar cromosomas individuales de <i>S. senegalensis</i>. - Validación de la microdissección mediante utilización de la técnica DOP-PCR y cuantificación de ADN	LAUREANA REBORDINOS GONZÁLEZ MANUEL ALEJANDRO MERLO TORRES

BT-BBSP-6	Trabajo de Introducción a la Investigación	Análisis de secuencias de genes anónimos a partir de una genoteca BAC del lenguado senegalés <i>Solea senegalensis</i> El lenguado senegalés, <i>Solea senegalensis</i>, es una especie de gran importancia comercial en el sur de Europa y de gran interés en acuicultura. La producción de esta especie en cautividad presenta diversos problemas relacionados con: (i) la baja tasa de crecimiento de las larvas, (ii) el desarrollo larvario durante la metamorfosis, (iii) infecciones virales o de patógenos, y (iv) el control de la reproducción. Por lo tanto es necesario establecer las bases moleculares de procesos biológicos como la reproducción, resistencia a enfermedades, etc. Previamente a partir de una librería BAC del lenguado se han analizado y secuenciado más de 30 clones conteniendo genes relacionados con la determinación sexual, metamorfosis, reproducción y sistema inmune. Además, se ha utilizado la técnica FISH (<i>Fluorescence in Situ Hybridization</i>) para localizar estos genes en el genoma del lenguado. Así, se ha conseguido establecer mapas físicos y citogenéticos que pueden ser usados en programas de mejora genética. El objetivo de este trabajo será completar el trabajo anterior con el análisis de un total de 10 clones anónimos, no estudiados hasta ahora, a partir de la genoteca BAC del lenguado para analizar posibles nuevos genes de interés. Se realizará una extracción del DNA-BAC mediante la utilización de kits. Se llevará a cabo la comprobación del DNA-BAC purificado mediante digestión y electroforesis en gel de agarosa, y posterior cuantificación. Posteriormente se hará la secuenciación de los BACs mediante la técnica de secuenciación masiva (NGS, <i>Next Generation Sequencing</i>) utilizando la tecnología 454 de Roche, y análisis de las secuencias mediante programas bioinformáticos.	LAUREANA REBORDINOS MARÍA ESTHER RODRÍGUEZ
BT-BBSP-7	Actividades de otro tipo (Revisión Bibliográfica)	UTILIZACIÓN DE TRANSGÉNICOS EN LA AGRICULTURA: TRANSGÉNESIS EN EL MAÍZ. Situación actual y evolución biotecnológica: antecedentes, transgenes y métodos de transformación utilizados, rasgos modificados, mejoras en el valor nutritivo, riesgos para la salud, cuestiones de seguridad, efectos sobre el medio ambiente y soluciones propuestas. El Servicio Internacional para la Adquisición de Aplicaciones Agrobiotecnológicas (ISAAA) ha publicado un informe donde se indica que más de 18 millones de agricultores en 27 países plantaron cultivos transgénicos en el 2013, lo cual refleja un incremento del tres por ciento o de cinco millones más de hectáreas con cultivos transgénicos a nivel global. También en el 2013 en los Estados Unidos se realizaron los primeros cultivos comerciales de maíz transgénico resistente a la sequía. Los cultivos transgénicos a nivel global han aumentado de 1,7 millones de hectáreas en 1996 a más de 175 millones de hectáreas en el 2013. En este periodo de 18 años se ha reportado que la cantidad de hectáreas con cultivos comerciales transgénicos se ha centuplicado. Los Estados Unidos continúan siendo el líder global de plantaciones transgénicas con 70,1 millones de hectáreas de plantaciones representando un 40 por ciento del total de hectáreas a nivel global. El importante aumento de los plantaciones transgénicas, ha tenido un comportamiento desigual en Europa, con crecimiento estancado, respecto a los países en desarrollo, donde el crecimiento no ha cesado de aumentar. En esta revisión se resume la historia de los cereales transgénicos, principalmente el maíz y se centra en la literatura científica publicada en los últimos años. En ella se va a describir la producción de cereales transgénicos con rasgos modificados, divididas en dos categorías: La primera categoría incluye la tolerancia a herbicidas y resistencia a insectos, y la resistencia a estreses abióticos y bióticos; la segunda incluye las modificaciones realizadas en el almidón, proteínas o el valor nutricional, la utilización de cereales para la producción de productos de alto valor médico o de otro tipo, y la generación de plantas con una mayor eficiencia de la producción de biocombustibles. Se revisan los diferentes métodos de transformación, desde el método original ideado para la producción de las plantas modificadas genéticamente primero en 1983 con <i>Agrobacterium tumefaciens</i>, los métodos de transferencia génica directa o tecnología Biolística así como la evolución de las nuevas tecnologías que incluyen nuevos métodos para el diseño de construcciones. El cultivo de vegetales modificados genéticamente y su comercialización para el consumo humano siempre ha estado rodeado de polémica.	EMILIO GARCIA SUAREZ

		Por ello, también se analiza la diferente respuesta a los productos modificados genéticamente en varios países y se describe la base de la variada aceptación pública de este tipo de productos. Se revisan las bases de datos, las patentes y se considera la diversidad de líneas de OMG que se están probando actualmente para su posible desarrollo futuro. Mediante este trabajo el alumno adquirirá las competencias correspondientes, de acuerdo con lo establecido en la Memoria del Grado	
BT-BBSP-8	Actividades de otro tipo (Revisión Bibliográfica)	UTILIZACIÓN DE TRANSGÉNICOS EN LA AGRICULTURA: TRANSGÉNESIS EN EL ALGODÓN. Situación actual y evolución biotecnológica: antecedentes, transgenes y métodos de transformación utilizados, rasgos modificados, cuestiones de seguridad, efectos sobre el medio ambiente y soluciones propuestas Desde hace muchos años, la ingeniería genética se está aplicando para obtener plantas de algodón genéticamente modificadas (GM), resistentes a insectos y tolerantes a herbicidas existiendo un gran potencial para introducir otras características deseables en la planta. Esta nueva tecnología es considerada como un instrumento alternativo para modificar y mejorar los cultivos, particularmente en el caso del algodón donde las pérdidas por insectos y malezas son altamente significativas. Los cultivos transgénicos a nivel global han aumentado de 1,7 millones de hectáreas en 1996 a más de 175 millones de hectáreas en el 2013. En este periodo de 18 años se ha reportado que la cantidad de hectáreas con cultivos comerciales transgénicos se ha centuplicado. Los Estados Unidos continúan siendo el líder global de plantaciones transgénicas con 70,1 millones de hectáreas de plantaciones representando un 40 por ciento del total de hectáreas a nivel global. En esta revisión se resume la historia de los cereales transgénicos, y sobre todo se centra en la literatura científica publicada en los últimos años sobre el algodón. En ella se va a describir la producción de transgénicos con rasgos modificados sobre todo en lo referente a la tolerancia a herbicidas y resistencia a insectos. Se revisan los diferentes métodos de transformación, desde el método original ideado para la producción de las plantas modificadas genéticamente primero en 1983 con <i>Agrobacterium tumefaciens</i>, los métodos de transferencia génica directa o tecnología Biolística así como la evolución de las nuevas tecnologías que incluyen nuevos métodos para el diseño de construcciones. El cultivo de vegetales modificados genéticamente y su comercialización siempre ha estado rodeado de polémica. Por ello, también se analiza la diferente respuesta a los productos modificados genéticamente en varios países y se describe la base de la variada aceptación pública de este tipo de productos. Se revisan las bases de datos, las patentes y se considera la diversidad de líneas de OMG que se están probando actualmente para su posible desarrollo futuro. Mediante este trabajo el alumno adquirirá las competencias correspondientes, de acuerdo con lo establecido en la Memoria del Grado.	EMILIO GARCIA SUAREZ
BT-BBSP-9	Trabajo de Introducción a la Investigación	Clonación y Caracterización Molecular y funcional del ADNc de la enzima hepática SCD 1a de <i>Dicentrarchus labrax</i>. Una de las líneas de investigación que se desarrollan actualmente en el Departamento de Biomedicina Biotecnología y Salud Pública, bajo la dirección del profesor Carlos Pendón, se centra en la caracterización de la enzima SCD-1b ($\Delta 9$ FAD-1b) de la lubina (<i>Dicentrarchus labrax</i>). Durante el transcurso de este proyecto se ha hecho necesario el estudio y análisis de una variante de ésta enzima, la SCD-1a ($\Delta 9$ FAD-1a). En este contexto, el Trabajo Fin de Grado en Biotecnología que se propone cubrirá los siguientes aspectos/puntos: - Obtención del ADNc de la enzima hepática SCD 1a de lubina (<i>D. labrax</i>). - Caracterización Bioinformática del ADNc obtenido y de la proteína deducida. - Caracterización funcional del ADNc obtenido mediante expresión heteróloga en levadura	CARLOS PENDÓN MELÉNDEZ

BT-BBSP-10	Trabajo de Introducción a la Investigación	Caracterización funcional del ADNc de la SCD1b y la Elovl 5 de mediante expresión transitoria en la línea celular embrionaria de <i>Dicentrarchus labrax</i> DLEC: Localización subcelular Las enzimas SCD1b y Elovl5 juegan un papel esencial en la biosíntesis de ácidos grasos poliinsaturados (PUFAs). La importancia de estos tipos de ácidos grasos radica en que poseen numerosas funciones dentro del organismo desde funciones de reserva energética hasta funciones antiinflamatorias pasando por funciones estructurales, señalización molecular y térmica. Los cDNAs de estas enzimas se han obtenido en el laboratorio del Profesor Carlos Pendón. En la actualidad se están caracterizando funcionalmente ambos siendo la localización subcelular uno de los aspectos funcionales que se quieren abordar. Una proteína para ejercer su función debe localizarse en el lugar adecuado en el momento adecuado. En este contexto el TGF que se plantea persigue los siguientes objetivos: • Diseño y obtención de una construcción plasmídica en la que el ORF de la SCD1b o la Elovl5 estén fusionadas con un gen reportero, como el de una proteína fluorescente. • Obtención de un plásmido que contenga un marcado subcelular de un orgánulo específico. • Cotransfección del marcador subcelular específico de orgánulo con cada uno de las construcciones de SCD1b o Elovl5 en células DLEC de Lubina. • Captura y análisis de imágenes.	CARLOS PENDÓN MELÉNDEZ
BT-BBSP-11	Trabajo de Introducción a la Investigación	Caracterización funcional de la actividad ácido graso elongasa (Elovl 5) de <i>Dicentrarchus labrax</i>, mediante expresión heteróloga en la cepa de levadura INVSc 1. Una de las líneas de investigación que se desarrollan actualmente en el Departamento de Biomedicina Biotecnología y Salud Pública, bajo la dirección del profesor Carlos Pendón, se centra en la caracterización de la enzima SCD-1b ($\Delta 9$ FAD-1b) de la lubina (<i>Dicentrarchus labrax</i>). Durante el transcurso de este proyecto se ha hecho necesario el estudio y análisis de una variante de ésta enzima, la SCD-1a ($\Delta 9$ FAD-1a). En este contexto, el Trabajo Fin de Grado en Biotecnología que se propone cubriría los siguientes objetivos: - Inducción de la expresión del ORF de la enzima Elovl 5 (EC 2.3.1.16) de <i>D.Labrax</i> en la cepa de levadura INVSc, para analizar: - o la capacidad de elongación de ácidos grasos esenciales C18. - o la capacidad de elongación de ácidos grasos C20. - o La capacidad de elongación de ácidos grasos C22 - Análisis del perfil de ácidos grasos obtenidos tras la inducción. - Evaluación de la actividad SCD específica.	CARLOS PENDÓN MELÉNDEZ
BT-BBSP-12	Trabajo de Introducción a la Investigación	Análisis conjunto de las actividades $\Delta 6$ FAD y Elovl 5 mediante expresión heteróloga en la cepa de levadura INVSc1. Hasta ahora se ha considerado establecido que la biosíntesis de ácidos grasos poliinsaturados (PUFAs) a partir de ácidos grasos esenciales requiere un primer paso de desaturación en $\Delta 6$ seguido de un paso de elongación del ácido graso. Sin embargo en recientes publicaciones se ha puesto de manifiesto que la enzima $\Delta 6$ FAD muestra una fuerte actividad $\Delta 8$ FAD. Esto abre la puerta a que el primer paso de la biosíntesis de PUFAs sea una elongación seguido de una desaturación en $\Delta 6$. En el área de Bioquímica y Biología Molecular el grupo de Bioquímica y Biología Molecular de Peces trabaja en una línea de investigación centrada en la caracterización molecular de las enzimas implicadas en la biosíntesis de PUFAs en peces. En este contexto, el trabajo que se propone tratará de determinar cómo se producen los primeros pasos de transformación de los ácidos grasos Linoleico y α-Linolénico (cuál es el orden de actuación enzimática entre las enzimas Elovl 5 y $\Delta 6$ desaturasa) en la vía de síntesis de ácidos grasos poliinsaturados ω-6 y ω-3. Así se proponen como objetivos:	CARLOS PENDÓN MELÉNDEZ

		1. Clonación del ORF de las enzimas $\Delta 6$ desaturasa y Elovl 5 en el vector pESCLeu bajo el promotor pGAL1 y GAL10. 2. Coexpresión heteróloga simultánea de ambas enzimas en la cepa de levadura INVSc1 en presencia de los ácidos grasos Linoleico y α-Linolénico como sustratos. 3. Determinación del perfil de ácidos grasos de las levaduras tras la inducción e identificación de los productos de la transformación de los ácidos grasos Linoleico y α-Linolénico.	
BT-BBSP-13	Trabajo de Introducción a la Investigación	Análisis del procesamiento alternativo del gen de la $\Delta 6$ FAD de <i>Dicentrarchus labrax</i> El procesamiento alternativo es un mecanismo ampliamente extendido en la mayoría de los eucariotas, que contribuye a la diversidad genética, proteica y a la evolución. Así a partir de un mismo gen pueden generarse distintas formas de mRNA (isoformas), cada una de las cuales puede dar lugar por traducción, a la síntesis de proteínas distintas (isoformas), con igual, distinta o incluso una función contraria a la que presenta la proteína original no truncada. Algunas pueden no presentar función o servir como mecanismo regulador de la función de alguna de sus isoformas, teniendo por tanto un papel de inhibidor dominante negativo natural. Queremos analizar la influencia del procesamiento alternativo del gen de la delta 6 desaturasa sobre la capacidad de biosíntesis de PUFAs, a través de distintas aproximaciones; analizar el efecto de la región 5' no codificante del mRNA de la desaturasa delta-6 sobre el metabolismo de PUFAs y determinar si la presencia de ambas isoformas de la enzima delta-6 desaturasa modulan el flujo de la síntesis de PUFAs. Los objetivos que perseguimos son: - Determinar si se da procesamiento alternativo del RNA de la $\Delta 6$ FAD de lubina en la línea celular DLEC. - Determinar cuál de las isoformas de procesamiento del RNA de la $\Delta 6$ FAD de lubina es mayoritaria en distintos tejidos. - Análisis del efecto de la Temperatura sobre el procesamiento alternativo del RNA de la $\Delta 6$ FAD.	CARLOS PENDÓN MELÉNDEZ
BT-BBSP-14	Trabajo de Introducción a la Investigación	Clonación y caracterizar funcionalmente el cDNA de la enzima 15-S-lipoxigenasa (EC 1.13.11.33). Los ácidos grasos poliinsaturados ácido araquidónico (20:4n-6) (AA), ácido eicosapentenoico (20:5n-3) (EPA) y ácido docosahexenoico (22:6n-3) (DHA) tienen un papel importante en el organismo. Así, forman parte de las membranas y de ellos derivan una serie de compuestos que median en la respuesta inflamatoria, entre otras, como son las prostaglandinas, prostaciclina, tromboxanos y leucotrienos, en general denominados eicosanoides. Una de las enzimas implicadas en la Biosíntesis de leucotrienos a partir de estos ácidos grasos es la 15-S-Lipoxigenasa. En este TFG nos planteamos los siguientes objetivos: - Obtención del cDNA completo de la Lipoxigenasa hepática de Lubina - Caracterización Bioinformática del ADNc obtenido y de la proteína deducida. - Caracterización funcional del ADNc obtenido mediante expresión heteróloga en levadura.	CARLOS PENDÓN MELÉNDEZ
BT-BBSP-15	Trabajo de Introducción a la Investigación	Análisis de la función de NOA36 mediante el estudio de su interacción con otras proteínas NOA36 es una proteína nucleolar humana muy conservada a lo largo de la evolución que está asociada a procesos apoptóticos a nivel celular. En un trabajo previo se identificaron una serie de proteínas que podrían estar interaccionando con NOA36. El objetivo del presente trabajo será validar una o varias de estas posibles interacciones mediante diferentes técnicas de biología molecular y celular en células Hela, un modelo celular ampliamente utilizado en investigación biomédica. El presente trabajo consta de diferentes periodos de aprendizaje en el que el alumno aplicará y desarrollará diversas técnicas experimentales para la consecución de los resultados que se esperan obtener. Con el desarrollo de este trabajo, incluyendo su parte experimental y posterior desarrollo de la memoria de trabajo, el alumno adquirirá todas las competencias básicas, específicas y transversales que se contemplan en la memoria del Grado en Biotecnología, siendo una parte	JORGE BOLIVAR PÉREZ M ^a CARMEN DURAN RUÍZ

		fundamental de la formación del alumno.	
BT-BBSP-16	Trabajo de Introducción a la Investigación	Clonaje y sobreexpresión de enzimas en <i>E. coli</i> con el fin de redirigir su metabolismo para la optimización de la biosíntesis de biocombustible Los combustibles fósiles están generando en las últimas décadas un gran impacto negativo en el medio ambiente, y para mitigar este efecto se está potenciando la investigación y desarrollo de energías renovables. Entre las distintas fuentes de energías renovables, se destaca el uso de los biocombustibles (biohidrógeno, bioetanol, etc...) y que son generados mediante microorganismos. De entre los distintos microorganismos que son ampliamente utilizados en la industria biotecnológica, se encuentra la bacteria <i>Escherichia coli</i> que es capaz de sintetizar, en condiciones anaerobias, hidrógeno y etanol, entre otros productos finales de fermentación. Sin embargo, los rendimientos de producción no son suficientes para que el proceso sea económicamente viable a nivel industrial. Con el fin de optimizar este proceso, uno de los factores a tener en cuenta sería la optimización de la biosíntesis mediante modificación genética, y que permita de esta forma, redirigir su metabolismo hacia los productos de interés. Una estrategia sería aumentar la dosis de enzimas que puedan favorecer la eficiencia catalítica de las reacciones metabólicas implicadas en la síntesis de los precursores del hidrógeno y el etanol. Para ello será necesario clonar el/los gen/es que expresan dicha/s enzima/s y sobreexpresarlas de forma constitutiva en un vector de expresión inducible. Los datos de producción de hidrógeno y etanol obtenidos en las cepas de <i>E. coli</i> con la sobreexpresión de la/s enzima/s, se medirán mediante técnicas analíticas como son: la cromatografía gaseosa (GC) para el hidrógeno y la cromatografía líquida de alta eficacia (HPLC) para el etanol	JORGE BOLIVAR PÉREZ
BT-BBSP-17	Trabajo de Introducción a la Investigación	Mutagénesis dirigida en <i>E. coli</i> para la mejora genética en la producción de biocombustibles. En la actualidad el uso de los combustibles fósiles está generando un gran impacto negativo en el medio ambiente, por lo que en las últimas décadas se está potenciando la investigación en la producción de biocombustibles como por ejemplo biodiésel, bioetanol, biohidrógeno, etc. Uno de los microorganismos utilizados en la investigación y producción de productos de interés industrial es la bacteria <i>E. coli</i>. En el presente proyecto se plantea la mutagénesis dirigida mediante recombinación homóloga utilizando la técnica descrita por Datsenko & Wanner (PNAS, 2000) para obtener uno o varios mutantes múltiples con el objetivo de mejorar la producción de biohidrógeno y bioetanol con respecto a la cepa silvestre. Una vez obtenido el mutante múltiple se comprobará la producción de estos compuestos mediante cromatografía líquida de alta eficacia (HPLC) en el caso del etanol y mediante cromatografía gaseosa (GC) en el caso del hidrógeno.	JORGE BOLIVAR PÉREZ
BT-BBSP-18	Trabajo de Introducción a la Investigación	Aplicación de herramientas bioinformáticas para el estudio e integración marcadores proteicos asociados a la enfermedad aterosclerótica La espectrometría de masas se ha convertido en una tecnología altamente sensible, capaz de identificar miles de proteínas a partir de cantidades de muestras relativamente pequeñas (ejemplo, lisados celulares). Ello a la vez que ventajoso también supone un incremento notable de la complejidad de los datos a analizar. Por ello son necesarias herramientas bioinformáticas que permitan la integración de dichos datos y que permitan dar una visión global, a la par que fácilmente accesible de los resultados. El proyecto que se presenta constituye una parte fundamental en todo trabajo de investigación, consistente en conocer y saber aplicar diversas técnicas bioinformáticas para la integración de datos, en este caso derivados de un estudio proteómico. De este modo, el alumno será responsable de analizar un listado de proteínas derivado de un estudio comparativo en el que se pretenden encontrar marcadores implicados en aterosclerosis humana. El alumno se encargará de clasificar dichas proteínas de acuerdo con su localización celular, su función y las posibles vías de señalización en las que participen y sobre todo aquellas que pudieran tener un significado en el desarrollo del proceso aterosclerótico. Una vez analizados los datos, el alumno será responsable de decidir qué proteínas podrían ser potenciales candidatos proteicos para su posterior seguimiento como biomarcadores en aterosclerosis. Con el desarrollo de este trabajo, incluyendo su parte informática, estadística y su posterior desarrollo de la memoria de trabajo, el alumno adquirirá todas las competencias básicas, específicas y transversales que se contemplan en la memoria del Grado en Biotecnología	JORGE BOLIVAR PÉREZ M ^a CARMEN DURAN RUÍZ
BT-BBSP-19	Trabajo de	Diseño de cebadores degenerados para la amplificación del gen de prolactina en peces perciformes.	ANTONIO ASTOLA GONZÁLEZ

	Introducción a la Investigación	El desarrollo del presente proyecto, pretende obtener un diseño general de cebadores degenerados que nos permita la amplificación y el clonaje del gen de la prolactina en peces perciformes. La prolactina es un gen de especial interés para estas especies pues está asociado a fenómenos de especial relevancia como la adaptación a distintas salinidades o la gestión del estrés. La posibilidad de cuantificar los niveles circulantes de prolactina, que nos permitiría el clonaje de su secuencia en perciformes a través de la puesta a punto de una RT-PCR específica para cada especie, nos permitiría conocer la respuesta animal a determinados estímulos externos. Dada la especial incidencia que en nuestro entorno tiene el cultivo intensivo de especies marinas de la familia de los perciformes (dorada, lubina, etc) proponemos en este proyecto intentar dotar a la empresa y a los numerosos grupos de investigación dedicados a optimizar los rendimientos de estas instalaciones de una herramienta molecular adicional que nos permita un mejor conocimiento del comportamiento fisiológico de estos peces. Proponemos como objetivos del presente trabajo: 1. Diseño de los cebadores degenerados necesarios para la amplificación del gen de prolactina en perciformes. 2. Amplificación, clonaje y secuenciación del gen de prolactina en varios perciformes. Diseño de cebadores específicos de RT-PCR para la cuantificación del ARNm de prolactina en las secuencias clonadas.	ALMUDENA GONZÁLEZ ROVIRA
BT-BBSP-20	Trabajo de Introducción a la Investigación	Implementación de un sistema de expresión lentiviral bicistrónica para el análisis de la interacción entre las proteínas LAT y Lck Tras el reconocimiento de antígenos por parte de linfocitos T a través de su TCR se desencadena una cascada de señalización intracelular que implica la activación de la kinasa Lck, lo que conduce al reclutamiento y activación de la kinasa ZAP-70; ésta última, una vez activada, fosforila las tirosinas del adaptador de membrana LAT, lo que a su vez recluta a otras proteínas para su activación. Sin embargo, LAT tiene también funciones de regulación negativa cuya base molecular no se conoce totalmente, y que se manifiesta en dos cepas de ratones mutantes para LAT con un fenotipo patológico de tipo alérgico, con secreción masiva de citoquinas de tipo TH2. Nuestro grupo ha analizado la importancia de otros mecanismos moleculares independientes de tirosina, y hemos encontrado que la rotura proteolítica de esta molécula puede constituir un importante mecanismo regulador de sus funciones. Tras estudios de mutagénesis hemos encontrado los tres puntos de corte de LAT, y que un mutante en el que esos tres residuos de aspartato han sido mutados a alanina (LAT^{3DA}) no puede ser cortado proteolíticamente. Recientemente se ha descrito que LAT se une a la isoforma activa de la kinasa Lck (LckY505F), provocando la inhibición de su actividad enzimática, y que la interacción entre LAT y Lck depende de una secuencia de aminoácidos de carácter ácido entre los aminoácidos 112 y 126. En consecuencia, la ruptura de LAT a nivel del residuo Asp126 produce un fragmento de LAT sin capacidad de señalización, pero todavía capaz de unirse a Lck, lo que podría constituir un nuevo mecanismo de regulación negativa de la activación a través del complejo TCR/CD3. Además, formas truncadas de LAT tienen mayor tendencia a unirse a Lck que la forma intacta. Por lo tanto, las formas truncadas de LAT que se generan tras activación de la vía Fas podrían constituir un mecanismo para establecer la regulación fina de la actividad de linfocitos T y otras células inmunes. Sin embargo, actualmente no se conoce cómo ocurre la interacción entre LAT y Lck. Probablemente haya alguna proteína que haga de "puente" entre ellas, ya que parece que la interacción no es directa. Por tanto si es cierto que la ruptura de LAT aumenta su unión a Lck, entonces la estimulación vía Fas podría aumentar esa unión, pero no ocurriría con el mutante de LAT^{3DA} en el que está bloqueada esa rotura proteolítica. Además, de ser cierto que la generación de formas truncadas de LAT se unen mejor a Lck, entonces es posible que la vía de Fas constituya un mecanismo fisiológico de regulación negativa de la activación de células T. En ese caso, la sobre-expresión en células T de una forma truncada de LAT debería regular negativamente la activación de Lck y quizá otras señales intracelulares. Este proyecto plantea por tanto la generación de un vector lentiviral para la expresión simultánea y estequiométrica de las proteínas LAT y Lck en células JCaM2 (deficientes en LAT) y JCaM1.6 (deficientes en Lck). Este tipo de vectores nos permitirían posteriormente estudios que analizaran la importancia de esta interacción, la búsqueda del "puente molecular" entre ambas (la interacción no es directa), así como la relevancia de la vía de Fas para la regulación de la activación de los linfocitos T.	ENRIQUE AGUADO VIDAL

BT-BBSP-21	Trabajo de Introducción a la Investigación	Análisis molecular de los mecanismos implicados en la cronicación de la infección por el Virus de la Hepatitis C La inmunidad adaptativa mediada por células T es crítica en la eliminación del Virus de la Hepatitis C (VHC). En pacientes que presentan una infección crónica por el VHC, se ha evidenciado un aumento en el número y la función de Linfocitos T reguladores, por lo que estos linfocitos podrían tener un papel importante en la fisiopatología de la cronicación de la infección. Diferentes proteínas virales han sido relacionadas con la supresión de la respuesta inmunológica del huésped. En nuestro grupo de investigación, entre otros, hemos evidenciado en Linfocitos T CD4+ y en células tumorales CD4+ transducidas con la proteína Core del VHC, un fenotipo anérgico, acompañado de la secreción de citocinas anti-inflamatorias y de la expresión de receptores reguladores o característicos de células T exhaustas. Debido al alto porcentaje de cronicidad del VHC en pacientes infectados, como también los limitados beneficios de las terapias actuales, es necesario desarrollar nuevas estrategias antivirales más eficaces en la prevención y control de la infección. Uno de los pilares que nos permitirían alcanzar este objetivo es el estudio y el análisis de los mecanismos empleados por el virus para evadir la respuesta inmune. En este trabajo nosotros pretendemos identificar los mecanismos que utiliza la proteína Core del Virus de la Hepatitis C en la generación en la periferia de Linfocitos T CD4+ reguladores.	CECILIA MATILDE FERNÁNDEZ PONCE FRANCISCO J. GARCÍA CÓZAR
BT-BBSP-22	Trabajo de Introducción a la Investigación	Construcción de receptores quiméricos (CAR) que reconozcan antígenos tumorales El sistema inmune tiene la capacidad de reconocer y atacar tumores que expresen antígenos tumorales específicos. Sin embargo, el sistema inmune frecuentemente expresa receptores que no reconocen adecuadamente el antígeno tumoral o dicho antígeno tumoral es presentado en ausencia de costimulación causando tolerancia y permitiendo la persistencia del tumor. Sin embargo mediante la utilización de técnicas de DNA recombinante y conociendo la señalización de las células del sistema inmune, existen medios para diseñar receptores constituidos por los fragmentos de interés de diferentes proteínas, dando lugar a los llamados receptores quiméricos para antígeno (CAR -Chimeric Antigen Receptors-), que pueden reconocer el antígeno de elección a través de una secuencia de reconocimiento extracelular constituida generalmente por regiones variables de anticuerpos y transmitir las señales adecuadas en función de los fragmentos que añadamos en el tallo citoplásmico. Los CAR pueden ser expresado mediante transducción lentiviral en la célula que consideremos mejor preparada para destruir el antígeno (CD8+ o NK). Por lo tanto los CARs son proteínas híbridas que consisten en una región extracelular procedente de un anticuerpo (habitualmente una single chain fragment of variable region (scFv)), fusionada a un dominio de señalización que transmita señales que fisiológicamente procederían del receptor T para el antígeno -TcR-(se utiliza un dominio de CD3ζ) y señales costimuladoras [CD28 or 4-1BB (CD137)] para evitar la anergia. A pesar de la potencialidad de este abordaje en muchos casos coexiste con terapias más asentadas como es el caso de los anticuerpos sin que exista en la literatura trabajos experimentales donde se comparen adecuadamente estos dos abordajes.	FRANCISCO J. GARCÍA CÓZAR CECILIA FERNANDEZ PONCE
DEPARTAMENTO DE INGENIERÍA QUÍMICA Y TECNOLOGÍA DE ALIMENTOS			
CÓDIGO	CARÁCTER	TÍTULO Y DESCRIPCIÓN	TUTOR/ES
BT-IQTA-23	Trabajo de Introducción a la Investigación	Estudio del efecto del rango de temperatura sobre la producción de bio-hidrógeno por digestión anaerobia a partir de residuos orgánicos. La digestión anaerobia de residuos orgánicos es un proceso ampliamente utilizado y que tiene como principal ventaja la posibilidad de conseguir una depuración del residuo a la vez que se produce biogás susceptible de valorización energética (bio-hidrógeno y/o el bio-metano). La temperatura es una variable fundamental y se distinguen dos rangos de operación: mesofílico (35°C) y termofílico (55°C). No obstante, las etapas iniciales de la digestión anaerobia (hidrólisis y acidogénesis) en las que se puede producir el bio-hidrógeno, se ven muy favorecidas cuando se utilizan elevadas temperaturas de operación en el denominado rango hipertermofílico (65°C – 75°C). Por ello, el objeto del presente TFG es el estudio experimental de las ventajas que pueden alcanzarse en la producción de bio-hidrógeno operando a temperaturas en el rango hipertermofílico. Como residuos orgánicos se utilizarán la fracción orgánica de residuos sólidos urbanos y la	LUIS I. ROMERO GARCÍA CARLOS J. ÁLVAREZ GALLEG0

		fracción orgánica, separada en origen, de residuos orgánicos de alimentos de la cafeterías/restaurantes del Campus de Puerto Real. Los ensayos se realizarán utilizando inóculos activos de microorganismos productores de bio-hidrógeno adaptados a los residuos y se aplicará la técnica denominada test de producción de bio-hidrógeno (TPH) para seleccionar las mejores condiciones de pretratamiento.	
BT-IQTA-24	Trabajo de Introducción a la Investigación	Optimización de la producción biotecnológica de DDIBOA con cepas modificadas de <i>Escherichia coli</i>. Se profundizará en el estudio de la biotransformación realizada por una cepa de <i>E. coli</i> modificada genéticamente para la obtención de DDIBOA (producto natural con actividad fitotóxica), mediante la adaptación de la bacteria al precursor de la reacción sin purificar y la optimización de la condiciones de cultivo (momento de la adición de precursor, concentración de precursor, composición del medio de cultivo, temperatura, concentración de biomasa inicial), con el fin avanzar en el escalado del proceso.	GEMA CABRERA REVUELTA JOSE MANUEL GÓMEZ MONTES DE OCA
BT-IQTA-25	Trabajo de Introducción a la Investigación	Investigación del proceso de impregnación de productos alimentarios de IV gama utilizando fluidos supercríticos Realización de un trabajo de investigación en el que se analizará la deposición/impregnación de una sustancia antioxidante en productos alimentarios de IV gama con el objetivo de aumentar su vida media. El objetivo principal del trabajo será analizar la influencia de las variables de presión, temperatura y tiempo de impregnación en la calidad del producto final. No obstante, es necesario analizar los tiempos de presurización y despresurización para garantizar la muestra. Este análisis tendrá que realizarse previamente al de análisis de las variables de operación. La calidad del producto se determinará por análisis químico del producto final y la determinación de su capacidad antioxidante. Para ello se realizará un diseño de experimentos 33 y se analizará los resultados estadísticos del mismo.	LOURDES CASAS CARDOSO CASIMIRO MANTELL SERRANO
DEPARTAMENTO DE QUÍMICA ORGÁNICA			
CÓDIGO	CARÁCTER	TÍTULO Y DESCRIPCIÓN	TUTOR/ES
BT-QO-26	Trabajo de Introducción a la Investigación	Estudio de la biotransformación del 5-cloroindan-1-ol mediante el hongo fitopatógeno <i>Botrytis cinerea</i> Las estrategias de control del hongo fitopatógeno <i>Botrytis cinerea</i> basadas en el empleo de fungicidas clásicos producen graves efectos colaterales, principalmente relacionados con la contaminación ambiental y el desarrollo de multirresistencias, por lo que, teniendo como base la experiencia acumulada por nuestro grupo de investigación sobre dicho hongo, el presente proyecto pretende, como objetivo general, abordar la búsqueda de nuevas sustancias con actividad antifúngica a partir de sustratos con estructuras semejantes a las de fitoalexinas producidas por cultivos infectados por <i>Botrytis cinerea</i>. La incubación de estas sustancias con <i>Botrytis cinerea</i> permitiría descubrir posibles nuevas dianas sobre las que actuar para controlar su patogenicidad, además de estudiar la potencialidad de dicho hongo para funcionar como biocatalizador en síntesis orgánica. En concreto, se plantea obtener de manera enantioselectiva, mediante métodos biocatalíticos, el sustrato 5-cloroindan-1-ol y estudiar su biotransformación mediante el fitopatógeno <i>Botrytis cinerea</i>. Se llevarán también a cabo los correspondientes ensayos de actividad antifúngica con el fin de determinar los posibles mejores candidatos a futuros fungicidas racionales contra dicho hongo.	JOSEFINA ALEU CASATEJADA
BT-QO-27	Trabajo de Introducción a la Investigación	Estudio de la biotransformación del acetato de 1-(4'-clorofenil)propilo mediante el fitopatógeno <i>Botrytis cinerea</i> El proyecto pretende abordar la búsqueda de nuevas sustancias fungicidas con estructuras semejantes a las de ciertas fitoalexinas producidas por cultivos infectados por el hongo fitopatógeno <i>Botrytis cinerea</i>. La incubación de estas sustancias con el fitopatógeno permitiría descubrir posibles nuevas dianas sobre las que actuar para controlar su patogenicidad, además de estudiar la potencialidad de dicho hongo para funcionar como biocatalizador en síntesis orgánica, poniendo de manifiesto la capacidad de este microorganismo para realizar determinadas reacciones estereoselectivamente. En concreto, se llevarán a cabo ensayos de actividad antifúngica de determinados sustratos derivados del 1-(4'-clorofenil)propanol, además de la incubación mediante <i>Botrytis cinerea</i> de su derivado acetilado, tanto racémico como de su enantiómero <i>R</i>. Los sustratos	JOSEFINA ALEU CASATEJADA

		enantioméricamente puros serán obtenidos mediante reacciones biocatalizadas por enzimas, tal como la transesterificación mediante lipasas.	
BT-QO-28	Trabajo de Introducción a la Investigación	Biotransformación de 1,4-naftoquinonas por <i>Penicillium crustosum</i>. Las naftoquinonas son compuestos ampliamente distribuidos en la naturaleza, procedentes de hongos, bacterias y plantas. Este tipo de productos posee diversas actividades farmacológicas, tales como antifúngica, antiinflamatoria, anticancerígena, antibacteriana o antipirética, entre otras muchas. Sin embargo, estos compuestos son generalmente muy tóxicos, lo cual hace extremadamente importante encontrar nuevos derivados que conserven la actividad biológica sin ser tóxicos. En este trabajo de fin de grado se pretende llevar a cabo la biotransformación de una o varias 1,4-naftoquinonas comerciales por el hongo endofítico <i>Penicillium crustosum</i>, siguiendo la técnica de cultivo <i>resting cell</i>. Este proceso, haciendo uso de todo el arsenal de enzimas fúngicos, nos permitirá transformar el sustrato inicial a diferentes derivados, que serán separados y purificados mediante cromatografía en columna y HPLC. Los productos de biotransformación obtenidos serán identificados y se evaluará su actividad biológica.	ROSA MARÍA DURÁN PATRÓN
BT-QO-29	Trabajo de Introducción a la Investigación	Síntesis y biotransformación de 2-metilamino-1,4-naftoquinona por <i>Penicillium crustosum</i> Las naftoquinonas pertenecen a uno de los grupos de metabolitos secundarios más dispersos en la naturaleza. El gran interés de estos compuestos se debe a su amplia gama de actividades biológicas, tales como antibacteriana, fungicida, antitumoral y anti-VIH. Sin embargo, muestran una alta toxicidad, lo que hace necesario la búsqueda de nuevos derivados no tóxicos con actividad biológica. En este trabajo de fin de grado se pretende llevar a cabo la síntesis de 2-metilamino-1,4-naftoquinona a partir de 2-bromo-1,4-naftoquinona por tratamiento con metilamina. El producto sintetizado será biotransformado por el hongo endofítico <i>Penicillium crustosum</i>, siguiendo la técnica de cultivo <i>resting cell</i>. Esta técnica, que hace uso de todo el arsenal de enzimas fúngico, nos permitirá transformar el sustrato inicial a diferentes derivados, que serán separados y purificados mediante cromatografía en columna y HPLC. Los productos de biotransformación obtenidos serán identificados y se evaluará su actividad biológica.	ROSA MARÍA DURÁN PATRÓN
BT-QO-30	Trabajo de Introducción a la Investigación	Aproximación a la caracterización de sesquiterpeno ciclasas del hongo fitopatógeno <i>Botrytis cinerea</i>. Estudio de STC2 El conocimiento del genoma del hongo fitopatógeno <i>Botrytis cinerea</i> ha permitido conocer el número y tipos de sesquiterpenos ciclasas presentes en su sistema metabólico. Los estudiantes realizarán fermentaciones de determinadas cepas del hongo y mutantes nulos en sesquiterpenos ciclasas. Aislarán y caracterizarán los metabolitos producidos. El trabajo estará orientado a caracterizar potenciales sesquiterpenos ciclasas presentes en su sistema enzimático. Especialmente la conocida como STC2.	ISIDRO GONZÁLEZ COLLADO
BT-QO-31	Trabajo de Introducción a la Investigación	Aproximación a la caracterización de sesquiterpeno ciclasas del hongo fitopatógeno <i>Botrytis cinerea</i>. Estudio de STC4 El conocimiento del genoma del hongo fitopatógeno <i>Botrytis cinerea</i> ha permitido conocer el número y tipos de sesquiterpenos ciclasas presentes en su sistema metabólico. Los estudiantes realizarán fermentaciones de determinadas cepas del hongo y mutantes nulos en sesquiterpenos ciclasas. Aislarán y caracterizarán los metabolitos producidos. El trabajo estará orientado a caracterizar potenciales sesquiterpenos ciclasas presentes en su sistema enzimático. Especialmente la conocida como STC4.	ISIDRO GONZÁLEZ COLLADO