



Máster en Virología
Universitat de València

Propuestas de Trabajos de Fin de Máster Curso 2024-2025

Última actualización: 28/09/2024

Trabajos de investigación experimental

TFM	Título	Director(es)
1	Disecionado la comunicación de virus y otros elementos genéticos móviles	Alberto Marina
2	Evaluación de la actividad antiviral de extractos naturales frente a virus de peces	María del Mar Ortega-Villaizán
3	Epigenetic complexes in plant immunity (EpiC-PI)	Regis Lopes Correa
4	Aislamiento y caracterización de bacteriófagos frente a bacterias multirresistentes	Sandra Sevilla Navarro
5	Virus emergentes: factores celulares implicados en la entrada viral	Jérémy Dufloo
6	Uso de fagos como herramientas biomédicas contra bacterias multirresistentes	Pilar Domingo Calap
7	Uso de fagos en combinación de probióticos para la prevención de infecciones por bacterias multirresistentes	María Carmen Collado, Pilar Domingo Calap
8	Virus oncolíticos: análisis de las resistencias celulares	Rafael Sanjuán
9	Impacto del virus de la influenza A sobre el proteoma espacio-temporal	Luis Martínez Gil, M.ª Jesús García Murria
10	Emergence of cytomegalovirus genotypic resistance in patients undergoing Letermovir prophylaxis	David Navarro Ortega, Eliseo Albert Vicent
11	Assessment of Cytomegalovirus (CMV)-specific T-cell immunity management of CMV infection in patients undergoing Letermovir prophylaxis	David Navarro Ortega, Eliseo Albert Vicent
12	Caracterización de un nuevo virus simbiote de parasitoides	Laila Gasmi, Salva Herrero
13	Estudio de la interrelación entre las islas cromosomales inducibles por fagos (PICI) y bacteriófagos, clave en virulencia y adaptación bacteriana	Laura Miguel-Romero
14	Control de la evolución del virus de alta patogenicidad Influenza A (subtipo H5N1) en áreas habitadas por aves silvestres migratorias, utilizando RT-qPCR	Guadalupe Sastre Salas
15	Overcoming host barriers by experimental evolution using highly diverse viral populations	Ron Geller
16	RNA-Driven Pathogenesis: Investigating the Intriguing Molecular Mechanisms of Viroids	Gustavo Gómez
17	Análisis Integral del Viroma en Dípteros Hematófagos de Núcleos Zoológicos en el Este de España, con Enfoque en Enfermedades Emergentes y Zoonosis	Consuelo Rubio Guerri, Beatriz Ballester Llobell
18	Papel de los genes <i>daf</i> y la respuesta intracelular a patógenos de <i>Caenorhabditis elegans</i> en la virulencia del Orsay Virus	Santiago Elena, Susana Martín
19	Análisis genético y filogenético de enterovirus en infección respiratoria grave	Beatriz Mengual Chuliá
20	Caracterización virológica de las infecciones respiratorias graves por metapneumovirus humanos	F. Xavier López-Labrador
21	Investigando la interacción entre diferentes elementos genéticos móviles: bacteriófagos, fagos satélites y elementos movilizables integrados	Alfred Fillol Salom
22	Caracterización de nuevos agentes infecciosos de RNA circular	Marcos de la Peña, Alma Bracho
23	Estudio de la glicosilación de rotavirus en la interacción virus-hospedador	Jesús Rodríguez Díaz
24	Estudio serológico de la proteína VP7 de rotavirus humano	Roberto Gozalbo Rovira

Trabajos de investigación bibliográfica

B1	¿Es posible inferir el origen u orígenes de los virus?	Alma Bracho Lapiedra
B2	Virus emergentes: ¿es posible predecir la siguiente pandemia?	Rafael Sanjuán
B3	El uso de anellovirus como potenciales biomarcadores. Perspectivas presentes y futuras	José Manuel Cuevas
B4	Uso de fagos como herramientas biomédicas	Pilar Domingo Calap

Trabajos de investigación experimental

1. Diseccionado la comunicación de virus y otros elementos genéticos móviles

Aunque nuestra visión antromórfica nos hace difícil atribuir capacidades avanzadas como la comunicación a entidades biológicas simples como los virus, en las últimas décadas van apareciendo resultados cada vez más frecuentes, entre los que se encuentra los de nuestro laboratorio, describiendo y diseccionado mecanismos complejos de comunicación entre virus, tanto de células eucariotas como procariotas, que permiten a estas entidades llevar a cabo procesos sociales complejos, implicando no solo estos virus sino también sus células hospedadoras y/u otro elementos genéticos móviles (EGMs). En el laboratorio, y trabajado con diferentes bacteriófagos (fagos), islas de patogenicidad, plásmidos, fago-plásmidos y otros EGMs de bacterias gram positivas hemos analizado las bases moleculares de varios de estos sistemas. En el laboratorio, el estudiante trabajará con diferentes sistemas de quorum sensing y/o sistemas asociados presentes en estos EGMs diseccionando las bases moleculares de su mecanismo de acción. Para ello será formado en la producción, caracterización y análisis por técnicas bioquímicas y biofísicas de proteínas clave de estos sistemas. Los mecanismos puestos de manifiesto durante el trabajo serán probados en sistemas modelo bacterianos.

Artículos recientes del grupo en el tema:

- Zamora-Caballero S, *et al.* Antagonistic interactions between phage and host factors control arbitrium lysis-lysogeny decision. *Nat Microbiol.* 2024 Jan;9(1):161-172. doi:10.1038/s41564-023-01550-4.
- Brady A, *et al.* Characterization of a unique repression system present in arbitrium phages of the SPbeta family. *Cell Host Microbe.* 2023 Dec 13;31(12):2023-2037.e8. doi: 10.1016/j.chom.2023.11.003.
- Gallego Del Sol F, *et al.* Insights into the mechanism of action of the arbitrium communication system in SPbeta phages. *Nat Commun.* 2022 Jun 24;13(1):3627. doi: 10.1038/s41467-022-31144-3.

Directores: Alberto Marina y otros miembros de su grupo

Centro de realización: Instituto de Biomedicina de Valencia (CSIC)

Breve descripción del grupo de investigación: Somos un grupo de tamaño medio-grande (10-12 integrantes) que aúna investigadores en toda la escala de formación desde postdocs experimentados a estudiantes de grado/master. Nuestra experiencia son los estudios de estructura-función para lo que empleamos aproximación multidisciplinar desde la proteína hasta la bacteria, por lo que aseguramos una formación completa. El grupo está bien financiado con ayudas nacionales e internacionales.

Web del grupo de investigación:

<http://www3.ibv.csic.es/index.php/es/investigacion/genomica/ucm>

(web obsoleta en proceso de cambio)

Información de contacto:

Email: amarina@ibv.csic.es

Teléfono: 963391754

2. Evaluación de la actividad antiviral de extractos naturales frente a virus de peces

Esta línea de investigación consiste en la búsqueda y evaluación de extractos naturales con capacidad antiviral. Para ello, nuestro grupo trabaja con modelos de estudio in vitro e in vivo, utilizando organismos como la trucha arcoiris y la lubina. Los virus objeto de investigación son el virus de la septicemia hemorrágica vírica (VHSV), el alfavirus de salmónidos (SAV2) y el virus de la necrosis nerviosa (NNV).

Director(es): María del Mar Ortega-Villaizán

Centro(s) de realización: Instituto de Investigación, Desarrollo e Innovación en Biotecnología Sanitaria de Elche (IDIBE)

Breve descripción del grupo de investigación:

El objetivo final del grupo es desarrollar herramientas de control de brotes virales de impacto en Acuicultura, tanto como profilácticos (vacunas) como terapéuticos (antivíricos).

Nuestro grupo trabaja con modelos de estudio como la trucha arcoiris y la lubina. Los virus objeto de investigación son el virus de la septicemia hemorrágica vírica (VHSV), el alfavirus de salmónidos (SAV2) y el virus de la necrosis nerviosa (NNV). Parte fundamental de nuestras investigaciones es profundizar en el conocimiento de la respuesta inmunitaria innata y adaptativa a la infección viral por parte del pez.

Web del grupo de investigación:

<https://idibe.umh.es/estrategias-antivirales/>

Información de contacto:

María del Mar Ortega-Villaizán Romo

Mortega-villaizan@umh.es

3. Epigenetic complexes in plant immunity (EpiC-PI)

It has been known for nearly a century that plants can develop immunity to viruses that they have previously encountered. Plants, however, do not have distinct mobile immune cells like animals. Understanding the process of adaptive immunity in plants is critical for translational research and applications. We combine classical virology techniques, with genetics, molecular biology and bioinformatics to identify plant immunity genes that are subjected to chromatin regulation during the infection. Those genes can usually recall previous stress events and be primed for a quicker response against subsequent environmental stimuli. The edition of chromatin marks in selected candidates may open new interesting and innovative biotechnological tools to engineer pathogen resistant plants.

Director(es): Regis Lopes Correa

Centro(s) de realización: I2SysBio

Breve descripción del grupo de investigación: We are a recently established group in I2SysBio (CSIC/UV) with good connections and collaborations worldwide. Our lab is interested in using a multidisciplinary systems biology approach for checking how virus populations evolve and interact in plants with compromised or enhanced epigenetic pathways.

Web del grupo de investigación:

bit.ly/4chfj01

Información de contacto:

r.correa@csic.es

4. Aislamiento y Caracterización de bacteriófagos frente a bacterias multirresistentes

La resistencia a los antibióticos es una grave amenaza para la salud pública a nivel global, causando más de 1.2 millones de muertes en los últimos años. El uso excesivo de antimicrobianos en medicina humana y ganadería ha agravado este problema. Esta situación ha llevado a importantes restricciones al uso de antibióticos en ganadería y a la búsqueda de nuevas alternativas a nivel de campo, como es el empleo de bacteriófagos. Los bacteriófagos o fagos son virus específicos de bacterias. Se encuentran en entornos donde crecen y se replican las bacterias, contribuyendo a limitar su sobrecrecimiento y a mantener el equilibrio adecuado en los ecosistemas. La terapia fágica es considerada una herramienta muy prometedora para el control de bacterias multirresistentes debido a la facilidad de implementación, su especificidad y sostenibilidad, haciendo que su interés a nivel de campo haya aumentado en los últimos años.

Director(es): Sandra Sevilla Navarro

Centro(s) de realización: Centro de Calidad Avícola y Alimentación Animal de la Comunidad Valenciana

Breve descripción del grupo de investigación:

El grupo de investigación, trabaja en diferentes líneas de investigación siendo la principal la terapia fágica frente a bacterias multirresistentes a antibióticos. Para ello, su trabajo está focalizado en el aislamiento y caracterización de bacteriófagos frente a bacterias multirresistentes de importancia en salud pública y sanidad animal.

Web del grupo de investigación:

[CECAV – Centro Calidad Avícola de la Comunidad Valenciana](#)

Información de contacto:

Móvil: 610253406

Email: s.sevilla@cecav.org

5. Virus emergentes: factores celulares implicados en la entrada viral

Los virus emergentes son un problema de primer orden a escala mundial. Este fenómeno se da principalmente cuando virus presentes en mamíferos o aves salvajes adquieren la capacidad de infectar a los humanos. Un paso fundamental en el salto de hospedador es la unión y entrada del virus en las células diana mediada por la interacción entre las proteínas de superficie virales y receptores celulares. Planteamos estudiar este proceso de forma experimental recreando, mediante biología sintética, proteínas de virus con potencial emergente. Partiendo de este material genético, se crearán virus quiméricos que combinen la proteína de superficie de un virus animal de interés con el armazón de un virus estándar de laboratorio. Además, introduciremos mutaciones en las células diana usando la técnica CRISPR-Cas con el fin de identificar factores del hospedador implicados en la entrada viral.

Referencias/links:

<https://erc.europa.eu/news-events/magazine/erc-2020-advanced-grants-examples>

<https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2024.01.22.576693v1>

Directores: Jérémy Dufloo

Centro de realización: Instituto de Biología Integrativa de Sistemas (I2SysBio)

Breve descripción del grupo de investigación:

El grupo de investigación de Virología Evolutiva está compuesto por miembros del Departamento de Genética de la Universitat de València y el Instituto de Biología Integrativa de Sistemas (I2SysBio, centro mixto Universitat de València – Consejo Superior de Investigaciones Científicas). El grupo se centra en el estudio de virus, con especial énfasis en la evolución y la diversidad viral, así como sus aplicaciones. El proyecto propuesto cuenta con financiación del European Research Council (ERC) y con la participación de investigadores internacionales financiados por programas como las Marie-Skłodowska-Curie Actions.

Web del grupo de investigación: www.uv.es/rsanjuan

Contacto: Jeremy.Dufloo@uv.es

6. Uso de fagos como herramientas biomédicas contra bacterias multirresistentes

La resistencia a antibióticos es considerada como uno de los principales problemas en salud pública. La emergencia de bacterias multiresistentes, causantes de altas tasas de mortalidad debido a la ausencia de tratamientos, lleva a la necesidad de nuevas terapias alternativas para luchar contra estos microorganismos. El uso de los bacteriófagos o fagos como terapia antibacteriana está cobrando interés en los últimos años, aunque su uso está restringido a pacientes en los que no existe ningún otro tratamiento posible como tratamiento compasivo. Este trabajo pretende avanzar en el campo de la fagoterapia como herramienta biomédica desde una aproximación One Health o Salud Global.

Referencias:

1. P Domingo-Calap and J Delgado-Martínez. 2018. Bacteriophages: Protagonists of a post-antibiotic era. *Antibiotics*, 7(3), 66.
<https://doi.org/10.3390/antibiotics7030066>

Director(es): Pilar Domingo Calap

Centro(s) de realización: Evolving Therapeutics SL, UV

Breve descripción del grupo de investigación (2-3 líneas): El Laboratorio de Virología Ambiental y Biomédica, dirigido por la Dra. Pilar Domingo-Calap, se encuentra en el Instituto de Biología Integrativa de Sistemas (I2SysBio, UV-CSIC). La investigación se centra en el aislamiento y la detección de virus en la naturaleza con aplicaciones biomédicas. La virología ambiental, la emergencia viral, la evolución del virus y la búsqueda de nuevos bacteriófagos en el contexto biomédico son las líneas de investigación principales.

Web del grupo de investigación: www.uv.es/enbivir

Información de contacto: pilar.domingo@uv.es

7. Uso de fagos en combinación de probióticos para la prevención de infecciones por bacterias multirresistentes

La resistencia a antibióticos es uno de los principales problemas en salud pública. El uso de probióticos para la prevención de infecciones bacterianas multirresistentes está en auge, aunque en ocasiones es insuficiente. Los fagos, virus de bacterias, también se postulan como herramientas muy prometedoras al ser muy específicos de su hospedador diana. Este trabajo pretende combinar el uso de fagos con cepas de bacterias con función probiótica demostrada, para la prevención de infecciones por superbacterias.

Referencias:

1. P Domingo-Calap and J Delgado-Martínez. 2018. Bacteriophages: Protagonists of a post-antibiotic era. *Antibiotics*, 7(3), 66.
<https://doi.org/10.3390/antibiotics7030066>
2. Salminen S, Collado MC, Endo A, Hill C, Lebeer S, Quigley EMM, Sanders ME, Shamir R, Swann JR, Szajewska H, Vinderola G. 2021. The International Scientific Association of Probiotics and Prebiotics (ISAPP) consensus statement on the definition and scope of postbiotics. *Nat Rev Gastroenterol Hepatol*. 18(9):649-667.
3. Merenstein D, Pot B, Leyer G, Ouwehand AC, Preidis GA, Elkins CA, Hill C, Lewis ZT, Shane AL, Zmora N, Petrova MI, Collado MC, Morelli L, Montoya GA, Szajewska H, Tancredi DJ, Sanders ME. 2023. Emerging issues in probiotic safety: 2023 perspectives. *Gut Microbes*. 15(1):2185034.

Director(es): María Carmen Collado, Pilar Domingo Calap

Centro(s) de realización: IATA, Evolving Therapeutics SL, UV

Breve descripción del grupo de investigación (2-3 líneas):

El laboratorio 017 del Grupo de Bacterias Lácticas y Probióticos, dirigido por la Dra. María Carmen Collado, se encuentra en el Dept. Biotecnología del Instituto de Agroquímica y Tecnología de los Alimentos (IATA-CSIC). La línea de investigación se enmarca en el establecimiento de asociaciones entre la microbiota humana, alimentación y la salud. En la actualidad, el equipo trabaja en el estudio de la microbiota, interacciones huésped-microbiota, y factores que influyen en esta interacción (alimentación, antibióticos, suplementos nutricionales de la familia de los probióticos como probióticos, prebióticos y postbióticos) y su papel en la salud humana.

El Laboratorio de Virología Ambiental y Biomédica, dirigido por la Dra. Pilar Domingo-Calap, se encuentra en el Instituto de Biología Integrativa de Sistemas (I2SysBio, UV-CSIC). La investigación se centra en el aislamiento y la detección de virus en la naturaleza con aplicaciones biomédicas. La virología ambiental, la emergencia viral, la evolución del virus y la búsqueda de nuevos bacteriófagos en el contexto biomédico son las líneas de investigación principales.

Web del grupo de investigación: <https://www.iata.csic.es/es/personal/maria-carmen-collado-amores> y <https://www.uv.es/enbivir>

Información de contacto: mcolam@iata.csic.es, pilar.domingo@uv.es

8. Virus oncolíticos: análisis de las resistencias celulares

Los virus oncolíticos están diseñados para atacar selectivamente a las células tumorales y constituyen una opción terapéutica contra algunos cánceres. Sin embargo, existen ciertas limitaciones, entre las cuales está la posible aparición de resistencias. En nuestro laboratorio, hemos estudiado este proceso y aislado células de tumores murinos resistentes a un virus oncolítico denominado VSV-D51. Planteamos extender este estudio a células tumorales humanas. Para ello, haremos uso del panel de referencia NCI60, el cual infectaremos con VSV-D51 para seleccionar células resistentes. Estas serán caracterizadas fenotípicamente mediante ensayos de crecimiento y resistencia a quimioterapéuticos usando microscopía automatizada y molecularmente mediante RNA-seq.

Referencias/links:

<https://www.cancerresearch.org/treatment-types/oncolytic-virus-therapy>

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2589004222020223>

Directores: Rafael Sanjuán

Centro de realización: Instituto de Biología Integrativa de Sistemas (I2SysBio)

Breve descripción del grupo de investigación:

El grupo de investigación en Evolución de Virus está compuesto por miembros del Departamento de Genética de la Universitat de València y el Instituto de Biología Integrativa de Sistemas (I2SysBio, centro mixto Universitat de València – Consejo Superior de Investigaciones Científicas). Rafael Sanjuán dirige este grupo y su laboratorio del I2SysBio se centra en el estudio de virus, con especial énfasis en la evolución y la diversidad viral, así como sus aplicaciones.

Web del grupo de investigación: www.uv.es/rsanjuan

Contacto: rafael.sanjuan@uv.es

9. Impacto del virus de la influenza A sobre el proteoma espacio-temporal

Investigaremos, empleando una aproximación ómica, como afecta la infección del virus de la influenza A a la localización subcelular de las proteínas celulares y virales a diferentes tiempos de infección.

Director(es): Luis Martínez Gil, M.^a Jesús García Murria

Centro(s) de realización: Dep. De Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Biología, Universidad de Valencia (Campus de Burjassot)

Web del grupo de investigación: <https://research.uv.es/membrana/>

Información de contacto: luis.martinez-gil@uv.es

10. Emergence of cytomegalovirus genotypic resistance in patients undergoing Letermovir prophylaxis

Cytomegalovirus (CMV) infection continues to be a major cause of morbidity and mortality in allogeneic hematopoietic stem cell transplant recipients (Allo-SCT). Letermovir, a drug that targeting the CMV terminase complex, has been approved for the prophylaxis of CMV infection and disease in adult CMV-seropositive allo-SCT. Detection of CMV DNAemia is relatively frequent in patients on primary LMV prophylaxis as CMV DNA may be released from abortively infected cells. There is limited data in the literature regarding the frequency of LMV resistance, we think the frequency of LMV genotypic resistance developing while patients are on LMV prophylaxis or after its interruption is higher than reported, even when faced with low CMV DNA loads. In this sense, early detection of LMV genotypic resistance may help to optimize the use of LMV and avoid the spread of clinically resistant strains.

To assess how frequently LMV resistance emerges either while patients are on LMV prophylaxis or after LMV cessation in patients that develop rebound CMV DNAemia.

Genotypic resistance testing by Next Generation Sequencing (NGS) by amplification of the UL51, UL54, UL56, UL89, and UL97 CMV genes will be performed by multiplex PCR and sequenced in a MiSeq system (Illumina).

Director(es): David Navarro Ortega, Eliseo Albert Vicent

Centro(s) de realización: Laboratorio de Microbiología. Hospital Clínico Universitario de Valencia

Breve descripción del grupo de investigación:

El grupo de Grupo de Investigación en Microbiología Molecular y Patogénesis Microbiana se dedica al estudio de los aspectos básicos de las enfermedades infecciosas, de los microorganismos causantes de patología humana así como la implementación y optimización del uso de nuevas tecnologías diagnósticas en el manejo clínico del paciente infeccioso, en particular en el contexto de una patología onco-hematológica de base

Web del grupo de investigación:

<https://microclinicovlc.es/>

Información de contacto:

david.navarro@uv.es

eliseo.al.vi@gmail.com

11. Assessment of Cytomegalovirus (CMV)-specific T-cell immunity management of CMV infection in patients undergoing Letermovir prophylaxis

Cytomegalovirus (CMV) infection continues to be a major cause of morbidity and mortality in allogeneic hematopoietic stem cell transplant recipients (Allo-SCT). Letermovir, a secure and effective drug that targeting the CMV terminase complex, has been approved for the prophylaxis of CMV infection in adult CMV-seropositive allo-SCT. Despite the use of this drug, CMV end-organ disease may still occur in high-risk patients with severely impaired CMV-specific T-cell reconstitution.

To determine whether functional CMV-specific T-cell levels at the end of regular LMV prophylaxis may reliably predict the occurrence of clinically significant CMV infection and whether a T-cell threshold for protection may be established

Assessment of CMV-specific T-cell immunity in peripheral blood mononuclear cells will be carried out using the T-SPOT®.CMV (Oxford Immunotec International, UK), a commercially available ELISpot assay

Director(es): David Navarro Ortega, Eliseo Albert Vicent

Centro(s) de realización: Laboratorio de Microbiología. Hospital Clínico Universitario de Valencia

Breve descripción del grupo de investigación:

El grupo de Grupo de Investigación en Microbiología Molecular y Patogénesis Microbiana se dedica al estudio de los aspectos básicos de las enfermedades infecciosas, de los microorganismos causantes de patología humana así como la implementación y optimización del uso de nuevas tecnologías diagnósticas en el manejo clínico del paciente infeccioso, en particular en el contexto de una patología onco-hematológica de base

Web del grupo de investigación:

<https://microclinicovlc.es/>

Información de contacto:

david.navarro@uv.es

eliseo.al.vi@gmail.com

12. Caracterización de un nuevo virus simbiote de parasitoides

El control biológico de plagas supone la utilización de patógenos y enemigos naturales para combatir de manera sostenible los insectos plagas causantes de daño en cultivos. Los insectos parasitoides desempeñan un papel fundamental en el control biológico. Los parasitoides insertan sus huevos en el cuerpo o huevo de otro insecto, desarrollándose y alimentándose hasta que cumple su ciclo de vida. Para ello, es necesario que escape de la barrera del sistema inmune del huésped. Para ello muchos parasitoides han desarrollado complejas interacciones con virus para evadir el sistema inmune de sus hospedadores y poder replicarse. En un estudio reciente del grupo ha identificado un nuevo virus de ARN en el parasitoide *Anagyrus aberiae* de la plaga invasiva de citricultura *Delotococcus aberiae* (conocida como Cochinilla algodonosa o Cotonet de Sudáfrica) que parece jugar un papel importante en el proceso de parasitación. En este proyecto se plantea purificar y caracterizar estructuralmente así como la capacidad replicativa de este virus en células de insecto con el fin de poder profundizar en el papel de este virus en la parasitación.

Referencias:

Proyecto Europeo INSECT DOCTORS en el que se enmarca la investigación:

<https://www.insectdoctors.eu/>

Director(es): Laila Gasmi, Salva Herrero

Centro(s) de realización: Departamento de Genética e Instituto BIOTECMED, Universitat de Valencia. Burjassot. España

Web del grupo de investigación: <http://cbp.uv.es/>

Información de contacto: sherrero@uv.es; laila.gasmi@uv.es

13. Estudio de la interrelación entre las islas cromosomales inducibles por fagos (PICl) y bacteriófagos, clave en virulencia y adaptación bacteriana

El trabajo se basa en el estudio molecular de los principales mecanismos en la movilización de las Islas Cromosomales Inducibles por Fagos, una familia de fagos satélite con una gran importancia en virulencia, adaptación e inmunidad bacteriana. Para ello, se trabajará en la caracterización del proceso de inducción de estas islas así como en el proceso de empaquetamiento de su genoma en las partículas víricas, ya que ambos procesos requieren de una íntima interrelación con los bacteriófagos para llevarse a cabo. Las técnicas utilizadas se centrarán tanto en la caracterización funcional de los complejos proteicos involucrados en ambos procesos (experimentos bioquímicos *in vitro*) como en su caracterización estructural mediante cristalografía y difracción de rayos X y/o microscopía electrónica de partícula única.

Referencias:

- Miguel-Romero L*, Alqasmi M*, Bacarizo J, Tan JA, Cogdell RJ, Chen J, Byron O, Christie GE, Marina A, and Penadés JR. 2022 Oct 28. "Non-canonical *Staphylococcus aureus* pathogenicity island repression". *Nucleic Acids Res.* 50(19):11109-11127. doi: 10.1093/nar/gkac855.
- Alqurainy NK*, Miguel-Romero L*, Moura de Sousa J, Rocha EPC, Fillol-Salom A and Penadés JR. 2023 Jan 11. "A widespread lineage of satellites encodes capsids and steals bacteriophage tails to spread in nature". *Cell Host Microbe.* 31(1):69-82.e5. doi: 10.1016/j.chom.2022.12.001.
- He L*, Miguel-Romero L*, Alqurainy NK, Rocha EPC, Fillol-Salom A, Penadés JR. *Accepted*. "Tail assembly interference is novel and widespread strategy in prokaryotic immune systems". *Nat Commun.*

Director(es): Laura Miguel-Romero

Centro(s) de realización: Instituto de Biomedicina de Valencia-CSIC

Breve descripción del grupo de investigación:

La propuesta se encuadra en un grupo de investigación de reciente creación que se encuentra en el Departamento de Bases Moleculares de la Enfermedad del centro formado por la investigadora principal, la Dr. Laura Miguel-Romero, y un estudiante predoctoral.

Información de contacto: lmiguel@ibv.csic.es, 963391760

14. Control de la evolución del virus de alta patogenicidad Influenza A (subtipo H5N1) en áreas habitadas por aves silvestres migratorias, utilizando RT-qPCR

La influenza aviar (gripe aviar), es una enfermedad infecciosa que principalmente afecta a las aves y que es causada por un virus de la familia Orthomyxoviridae. Según su subtipo, puede clasificarse como de alta o de baja patogenicidad, siendo los subtipos H5 y H7 del tipo A, los causantes de las enfermedades más graves. Aunque inicialmente su propagación se realizaba únicamente entre aves, existe un creciente número de detecciones en mamíferos, lo cual genera una gran preocupación por el posible riesgo asociado a la infección en humanos.

Las aves silvestres migratorias se convierten en una de las principales vías de expansión de dicho virus, convirtiéndose su vigilancia y control en un objetivo prioritario para el control de la evolución del mismo. En este sentido, se plantea realizar un estudio en una de las principales masas de agua superficial que concentra distintos tipos de aves: La Albufera de Valencia. Para la detección del virus, se hará uso de técnicas de biología molecular, concretamente mediante RT-qPCR.

Referencias:

- 1) Ahrens, A. K., Selinka, H. C., Wylezich, C., Wonnemann, H., Sindt, O., Hellmer, H. H., ... & Harder, T. C. (2023). Investigating environmental matrices for use in avian influenza virus surveillance—surface water, sediments, and avian fecal samples. *Microbiology Spectrum*, 11(2), e02664-22.
- 2) Tiwari, A., Meriläinen, P., Lindh, E., Kitajima, M., Österlund, P., Ikonen, N., ... & Pitkänen, T. (2024). Avian Influenza outbreaks: Human infection risks for beach users-One health concern and environmental surveillance implications. *Science of The Total Environment*, 173692.

Director(es): Guadalupe Sastre Salas

Centro(s) de realización: GAMASER-GOlab

Breve descripción del grupo de investigación:

GOlab es el Centro Tecnológico de Global Omnium y base operativa de los servicios del agua. Dentro de los servicios englobados, se encuentra el laboratorio GAMASER, laboratorio de referencia del grupo, acreditado por la Entidad Nacional de Acreditación (ENAC) bajo la norma ISO 17025:2017 en toma de muestra y determinación analítica, donde además se llevan a cabo diferentes proyectos de I+D+i relacionados con el ciclo integral del agua.

Web del grupo de investigación:

<https://golab.es/>

Información de contacto:

Guadalupe Sastre Salas

gsastre@globalomnium.com

963980700

15. Overcoming host barriers by experimental evolution using highly diverse viral populations

Viruses are obligate intracellular parasites and must utilize host factors for their replication. As such, targeting host factors that are critical for viral replication could provide a promising antiviral approach and reveal important host-pathogen interaction. However, the unmatched evolutionary capacity of RNA viruses could potentially even enable bypassing the inhibition of host factors necessary for their replication. In this work, the student will use viral populations harboring extreme diversity to examine if coxsackievirus B3 (CVB3) can overcome its dependency on different host factors involved in its replication. Specifically, the student will perform serial passaging of CVB3 populations in CRISPR-KO cells to attempt to isolate resistance mutants. These will be sequenced to identify the relevant mutation and the mechanism enabling reduced dependency on the cellular factor examined.

Referencias:

10.1038/s41598-021-86375-z

<https://doi.org/10.7554/eLife.64256>

<https://doi.org/10.1371/journal.pbio.3002709>

Director(es): Ron Geller

Centro(s) de realización: I2SysBio

Breve descripción del grupo de investigación:

The lab studies how mutations in RNA viruses affect viral evolution, pathogenesis and host interaction. We use both classical virology techniques and newer systems biology methods. In addition, we work on antiviral drug discovery and neutralizing antibodies.

Web del grupo de investigación:

www.uv.es/viralbiology

Información de contacto:

ron.geller@csic.es

16. RNA-Driven Pathogenesis: Investigating the Intriguing Molecular Mechanisms of Viroids

Viroids are the smallest known infectious agents, consisting of circular, non-coding RNAs that infect a wide range of plant hosts, leading to significant agricultural diseases. Despite their minimalistic genome, viroid pathogenesis involves complex mechanisms, including alterations in host gene expression, epigenetic changes, and interference with RNA silencing pathways. Viroids replicate in the nucleus or chloroplasts of host cells, hijacking the transcriptional machinery. They induce changes in cytosine methylation, shaping dynamic epigenetic landscapes throughout different infection phases. Viroids also produce small RNAs (sRNAs) that disrupt host RNA silencing, further impacting cellular functions. The infection triggers extensive reprogramming of host genes related to membrane metabolism, transport, and responses to biotic stress. Gene expression shifts from hypomethylation in early stages to hypermethylation as infection progresses, reflecting the complex interplay between viroid replication and host regulatory networks. Understanding these mechanisms offers insights into the molecular basis of viroid-induced pathogenesis and potential targets for reducing their agricultural impact. During their master's thesis project, the student will focus on identifying host factors involved in viroid infection, elucidating their mode of action, and experimentally validating their role in the pathogenesis process.

Referencias:

- 1) Márquez-Molins, J., Villalba-Bermell, P., Corell-Sierra, J., Pallás, V. & Gomez, G. (2023) Integrative time scale and multi omics analysis of host responses to Viroid infection. *Plant, Cell & Environment*, 1–19. DOI: 10.1111/pce.14647
- 2) Marquez-Molins, J., Gomez G., Pallas V. (2020) Hop stunt viroid: a polyphagous pathogenic RNA that has shed light on viroid-host interactions. *Mol. Plant. Pathology*. DOI: 10.1111/mpp.13022
- 3) Castellano, M.; Pallás, V. and Gómez, G. (2016). A pathogenic long noncoding RNA redesigns the epigenetic landscape of infected cells by subverting host Histone Deacetylase 6 activity. *New Phytologist* 211: 1311-1322. DOI: 10.1111/nph.14001

Director(es): Gustavo Gómez

Centro(s) de realización: I2SysBio

Breve descripción del grupo de investigación:

At ncRNA-lab we are interested in deciphering the regulatory pathways mediated by non coding RNAs (mainly small ncRNAs) for a better understanding of the molecular mechanisms that allow crops to respond and eventually adapt to biotic and abiotic stress conditions.

Web del grupo de investigación:

<https://www.ncrnalab.com/>

<https://x.com/GustavoGomezLab>

Información de contacto:

gustavo.gomez@csic.es

17. RNA-Driven Pathogenesis: Investigating the Intriguing Molecular Mechanisms of Viroids

Según la Organización Mundial de la Salud, las enfermedades transmitidas por vectores constituyen actualmente más del 17% de todas las enfermedades infecciosas, provocando anualmente más de 700,000 muertes. En este contexto, los mosquitos, al ser reconocidos como el principal vector de transmisión de virus, adquieren una importancia destacada en el enfoque "Una Sola Salud", el cual busca la interconexión entre la salud humana, la salud animal y el medio ambiente. Estos vectores, además, están altamente presentes en áreas habitadas por animales, por lo que la vigilancia regular del viroma de mosquitos se presenta como una herramienta esencial para comprender y anticipar la transmisión viral entre especies animales y humanos. En concordancia con todo esto, el principal objetivo de este proyecto es emplear la secuenciación metagenómica de próxima generación para determinar la abundancia, diversidad e infectividad de los virus presentes en mosquitos recolectados en diversas granjas de animales y zoológicos distribuidas a lo largo de la Comunidad Valenciana.

Referencias:

- Padilla-Blanco M, Gucciardi F, Rubio V, Lastra A, Lorenzo T, Ballester B, González-Pastor A, Veses V, Macaluso G, Sheth CC, Pascual-Ortiz M, Maiques E, Rubio-Guerri C, Purpari G, Guercio A. A SARS-CoV-2 full genome sequence of the B.1.1 lineage sheds light on viral evolution in Sicily in late 2020. *Front Public Health*. 2023 Jan 26;11:1098965.
- Padilla-Blanco M, Gucciardi F, Guercio A, Rubio V, Princiotta A, Veses V, Terrana M, Sheth CC, Pascual-Ortiz M, Maiques E, Purpari G, Rubio-Guerri C. Pilot Investigation of SARS-CoV-2 Variants in the Island of Sicily Prior to and in the Second Wave of the COVID-19 Pandemic. *Front Microbiol*. 2022 Apr 26;13:869559.

Director(es): Consuelo Rubio Guerri, Beatriz Ballester Llobell

Centro(s) de realización: Universidad Cardenal Herrera CEU

Breve descripción del grupo de investigación:

El grupo de Virología Molecular surge ante la necesidad de este tipo de grupos ante la pandemia producida por SARS-CoV2. Nuestro objetivo se basa en el diagnóstico de virus tanto humanos como animales por medio de métodos moleculares y el estudio de su epidemiología molecular.

Web del grupo de investigación:

<https://www.uchceu.es/grupos-lineas-investigacion/virologia-molecular-vir>

Información de contacto:

- Consuelo Rubio Guerri consuelo.rubio@uchceu.es
- Beatriz Ballester Llobell: beatriz.ballesterllobell@uchceu.es

18. Papel de los genes daf y la respuesta intracelular a patógenos de *Caenorhabditis elegans* en la virulencia del Orsay Virus

El proyecto que se propone se enmarca en nuestra investigación sobre el efecto que la variación en la competencia inmunitaria del huésped a lo largo de su desarrollo y envejecimiento tiene sobre la evolución de la virulencia del patógeno. Se emplearán mutantes daf de *C. elegans* que afectan a la respuesta intracelular a patógeno (IPR) y al desarrollo larvario para medir la virulencia de OrV en cada uno de ellos. Posteriormente, se evolucionará el virus en poblaciones del nemátodo con distintas estructuras de edad.

Referencias:

Castiglioni VG, Olmo-Uceda MJ, Martín S, Félix MA, González R, Elena SF. 2024. Experimental evolution of an RNA virus in *Caenorhabditis elegans*. *Infect. Genet. Evol.* **123**, 105623.

Castiglioni VG, Olmo-Uceda MJ, Villena-Giménez A, Muñoz-Sánchez JC, Legarda EG, Elena SF. 2024. Story of an infection: viral dynamics and host responses in the *Caenorhabditis elegans*-Orsay virus pathosystem. *Science Adv.* **10**, adn5945.

Melero I, Gómez-Cadenas A, González R, Elena SF. 2024. Transcriptional and hormonal profiling uncovers the interaction between plant developmental stages and RNA virus infection. *J. Gen. Virol.* **105**, 002023.

Melero I, González R, Elena SF. 2023. Host developmental stages shape the evolution of a plant RNA virus. *Philos. Trans. R. Soc. B.* **378**, 20220005.

Director(es): Santiago F. Elena Fito, Susana Martín García

Centro(s) de realización: I2SysBio

Breve descripción del grupo de investigación:

En general estamos interesados en la evolución de las poblaciones virales y cómo estas interactúan y manipulan la expresión génica y las respuestas inmunitarias de sus huéspedes. Para ello utilizamos dos patosistemas diferentes. En primer lugar, el potyvirus del mosaico del nabo (TuMV) y su huésped *Arabidopsis thaliana*. En segundo lugar, el nodavirus de Orsay (OrV), único virus conocido que infecta de manera natural al nemátodo *Caenorhabditis elegans*.

Web del grupo de investigación:

<https://sfelenalab.csic.es>

Información de contacto:

santiago.elena@csic.es

19. Análisis genético y filogenético de Enterovirus en infección respiratoria grave

La infección por Enterovirus (EV) en humanos se asocia principalmente con infecciones leves. Sin embargo, algunos serotipos son responsables de presentaciones clínicas graves, como son la poliomielitis y la parálisis flácida aguda, entre otras. Algunos de estos serotipos están casi erradicados, como es el virus de la polio, mientras que otros EV no polio, como el EV-A serotipo 71 y el EV-D serotipo 68 fueron detectados por primera vez en el siglo XX y se han visto asociados a mielitis flácida aguda a partir del siglo XXI. En el contexto de vigilancia epidemiológica de EV, la presente propuesta de TFM pretende caracterizar una serie de aislados de EV en muestras respiratorias derivadas de ingresos hospitalarios en la Comunidad Valenciana.

Referencias:

Ong KC, Wong KT. Understanding Enterovirus 71 Neuropathogenesis and Its Impact on Other Neurotropic Enteroviruses. *Brain Pathol.* 2015 Sep;25(5):614-24. doi: 10.1111/bpa.12279. PMID: 26276025; PMCID: PMC8029433.

Sun J, Hu XY, Yu XF. Current Understanding of Human Enterovirus D68. *Viruses.* 2019 May 29;11(6):490. doi: 10.3390/v11060490. PMID: 31146373; PMCID: PMC6631698.

Mengual-Chuliá B, Tamayo-Trujillo R, Mira-Iglesias A, Cano L, García-Esteban S, Ferrús ML, Puig-Barberà J, Díez-Domingo J, López-Labrador FX; VAHNSI network. Enterovirus D68 disease burden and epidemiology in hospital-admitted influenza-like illness, Valencia region of Spain, 2014-2020 influenza seasons. *J Med Virol.* 2024 Jul;96(7):e29810. doi: 10.1002/jmv.29810. PMID: 39049549.

Director(es): Beatriz Mengual Chuliá

Centro(s) de realización: Laboratorio de Virología del Área de Genómica y Salud de FISABIO-Salud Pública

Breve descripción del grupo de investigación:

<https://www.youtube.com/watch?v=n7E6lqYKBw0>

Web del grupo de investigación:

<https://fisabio.san.gva.es/es/salud-publica/genomica-y-salud/>

Información de contacto:

beatriz.mengual@fisabio.es

20. Caracterización virológica de las infecciones respiratorias graves por metapneumovirus humanos

Los metapneumovirus representan una infección relativamente poco estudiada y cuya carga de enfermedad no es bien conocida por su infradiagnóstico. En este trabajo se pretende caracterizar una serie de aislados de metapneumovirus en muestras respiratorias derivadas de ingresos hospitalarios para determinar su carga de enfermedad real, dentro de un estudio global (Respiratory Virus Global Epidemiology Network).

Referencias:

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33248481/>

Director(es): F. Xavier López-Labrador

Centro(s) de realización: Laboratorio de Virología del Área de Genómica y Salud de FISABIO-Salud Pública

Breve descripción del grupo de investigación:

<https://www.youtube.com/watch?v=n7E6lqYKBw0>

Web del grupo de investigación:

<https://fisabio.san.gva.es/es/salud-publica/genomica-y-salud/>

Información de contacto:

f.xavier.lopez@uv.es

21. Investigando la interacción entre diferentes elementos genéticos móviles: bacteriófagos, fagos satélites y elementos movilizables integrados

Los elementos movilizables integrados son una familia de elementos genéticos móviles que codifican genes de resistencia a antibióticos y sistemas inmunes. Son prevalentes en Actinobacteriota, Bacteroidota, Firmicutes, Campylobacterota, y Proteobacteria. El principal trabajo hasta ahora ha sido bioinformático, siendo solo caracterizados unos pocos elementos en detalle. En este proyecto se evaluará la interacción entre elementos movilizables integrados y otros elementos genéticos móviles, concretamente bacteriófagos y los fagos satélites.

Director(es): Alfred Fillol Salom

Centro(s) de realización: I2SysBio

Breve descripción del grupo de investigación:

El grupo se centra en el estudio de diferentes elementos genéticos móviles, incluyendo los bacteriófagos, los plásmidos conjugativos y sus parásitos, elementos movilizables integrados.

Web del grupo de investigación:

<https://i2sysbio.es/groups/28/>

Información de contacto:

alfisa@uv.es

22. Caracterización de nuevos agentes infecciosos de RNA circular

Siguiendo fundamentalmente aproximaciones bioinformáticas, en nuestro laboratorio hemos descrito recientemente multitud de nuevos virus de RNA¹ así como otros agentes con genomas mínimos de RNA circular con ribozimas². Sorprendentemente, muchos de estos genomas circulares se detectaron en muestras medioambientales de todo el planeta, incluyendo nuestro propio microbioma³, confirmando la ubicuidad de estos novedosos agentes infecciosos. Este TFM se centrará en la caracterización detallada de varios de estos nuevos genomas mínimos de RNA detectados en hongos y plantas (agentes viroidales) así como en bacterias (agentes obelisco). El objetivo principal será la construcción de los correspondientes clones infecciosos para luego determinar sus capacidades de autoprosesado y replicativas, siguiendo aproximaciones in vitro e in vivo en plantas y bacterias como sistemas modelo.

Referencias:

¹Edgar et al. (2022) "Petabase-scale sequence alignment catalyses viral discovery" [Nature, 602\(7895\):142-147](#)

²Forgia et al. (2023) "Hybrids of RNA viruses and viroid-like elements replicate in fungi" [Nature Communications, 14:2591](#)

³Zheludev et al. (2024) "Viroid-like colonists of human microbiomes" ([Cell, under final review](#))

Director(es): Marcos de la Peña (IBMCP), Alma Bracho (UV)

Centro(s) de realización: Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (IMBCP)

Breve descripción del grupo de investigación:

El laboratorio "RNA genomics" de Marcos de la Peña investiga de forma amplia las capacidades infecciosas y catalíticas del RNA siguiendo técnicas multidisciplinares que combinan aproximaciones bioinformáticas y genómicas con la biología molecular y estructural de ácidos nucleicos y proteínas.

Web del grupo de investigación:

<https://t.ly/pK2j1>

Información de contacto:

rivero@ibmcp.upv.es, alma.bracho@uv.es

23. Estudio de la glicosilación de rotavirus en la interacción virus-hospedador

La glicobiología ha emergido como una parte relevante en la infectividad de los virus entéricos rotavirus y norovirus. La mayor parte de los estudios realizados en los últimos 20 años se han centrado en el estudio de la glicobiología del hospedador (grupos sanguíneos ABO y polimorfismo del gen FUT2), donde nuestro grupo de investigación ha realizado avances relevantes. No obstante, los rotavirus humanos también son virus glicosilados lo cual también presente implicaciones en su interacción con el hospedador. La glicosilación de las proteínas virales está implicada tanto en la evasión del sistema inmune, ya que los glicanos pueden ocultar los epítomos reconocidos por anticuerpos, como en la interacción de los virus con receptores celulares de naturaleza lectina. Las lectinas se encuentran presentes tanto en las células diana como en células del sistema inmune. El trabajo propuesto consistirá en estudiar en detalle la glicosilación de las proteínas de rotavirus y establecer su función en los procesos de evasión viral del sistema inmune y del estudio de su papel en el reconocimiento de lectinas en células del sistema inmune y células susceptibles a la infección por rotavirus.

Referencias:

- 1: Gozalbo-Rovira R et al. Unraveling the role of secretor antigen in human rotavirus attachment to histo-blood group antigens. PLoS Pathog. 2019 Jun 21;15(6):e1007865.
- 2: Monedero V, Buesa J, Rodríguez-Díaz J. The Interactions between Host Glycobiology, Bacterial Microbiota, and Viruses in the Gut. Viruses. 2018 Feb 24;10(2):96.
- 3: Rodríguez-Díaz et al. Relevance of secretor status genotype and microbiota composition in susceptibility to rotavirus and norovirus infections in humans. Sci Rep. 2017 Mar 30;7:45559.
- 4: Carlsson B et al. The G428A nonsense mutation in FUT2 provides strong but not absolute protection against symptomatic GII.4 Norovirus infection. PLoS One. 2009;4(5):e5593.

Director(es): Jesús Rodríguez Díaz

Centro(s) de realización: Departamento de Microbiología y Ecología, Facultad de Medicina y Odontología, Universidad de Valencia

Breve descripción del grupo de investigación:

El grupo de investigación dirigido por el Dr. Jesús Rodríguez Díaz está formado por un profesor titular de universidad, 3 investigadores postdoctorales, 3 investigadores predoctorales y un técnico de laboratorio. El grupo se centra en el estudio de las interacciones entre los virus entéricos (rotavirus y norovirus) con el hospedador, teniendo en cuenta aspectos tales como la glicobiología del virus y del hospedador, así como la microbiota intestinal. El grupo ha publicado más de 40 artículos en los últimos 5 años, ha formado 3 doctores y más de 20 trabajos avanzados incluyendo TFGs y TFM.

Web del grupo de investigación:

<https://www.uv.es/uvweb/universidad/es/ficha-persona-1285950309813.html?p2=jerodiaz&idA=>

Información de contacto:

Email: jesus.rodriguez@uv.es

TLF: 963983316

24. Estudio serológico de la proteína VP7 de rotavirus humano

Los rotavirus son virus de RNA segmentado de doble cadena, siendo responsables de la mayoría de los episodios de diarrea entre niños menores de 6 años y representando la mayor causa de mortalidad en países en vías de desarrollo. Se clasifican en 5 especies en función de la proteína VP6 de la cápside intermedia, que a su vez se subdividen en 36 genotipos G y 51 genotipos P en función de las proteínas VP7 y VP4 respectivamente. Dichos genotipos se establecen en base a la reactividad de los anticuerpos frente a las propias proteínas VP7 y VP4. Estudios previos del grupo han puesto en evidencia que la división del genotipo p[8] (responsable del 80% de las infecciones) en diferentes linajes en base a características filogenéticas, ocasiona que los propios linajes se comportaran como serotipos. Este hecho es de elevada transcendencia ya que las vacunas actuales sólo incluyen un linaje del genotipo p[8], por lo que la eficacia de esta se ve limitada. De igual forma, la proteína VP7 se clasifica filogenéticamente en diferentes linajes, los cuales no aparecen totalmente representados en las vacunas actuales, por lo que el trabajo propuesto consistirá verificar si dichos linajes se comportan también como serotipos. Para ello, se expresarán los diferentes linajes de la proteína VP7 en un sistema de expresión eucariota, se utilizarán para inmunizar ratones y se analizará la reactividad cruzada de los sueros frente a los diferentes linajes.

Referencias:

- 1: Gozalbo-Rovira R et al. Unraveling the role of secretor antigen in human rotavirus attachment to histo-blood group antigens. PLoS Pathog. 2019 Jun 21;15(6):e1007865.
- 2: Cárcamo-Calvo R et al. The Rotavirus Vaccine Landscape, an Update. Pathogens 26;10(5):520.
- 3: Gozalbo-Rovira R et al. Microbiota Depletion Promotes Human Rotavirus Replication in an Adult Mouse Model. Biomedicines. 2021 Jul 20;9(7):846.

Director(es): Roberto Gozalbo Rovira

Centro(s) de realización: Departamento de Microbiología y Ecología, Facultad de Medicina y Odontología, Universidad de Valencia

Breve descripción del grupo de investigación:

El grupo de investigación dirigido por el Dr. Jesús Rodríguez Díaz está formado por un profesor titular de universidad, 3 investigadores postdoctorales, 3 investigadores predoctorales y un técnico de laboratorio. El grupo se centra en el estudio de las interacciones entre los virus entéricos (rotavirus y norovirus) con el hospedador, teniendo en cuenta aspectos tales como la glucobiología del virus y del hospedador, así como la microbiota intestinal. El grupo ha publicado más de 40 artículos en los últimos 5 años, ha formado 3 doctores y más de 20 trabajos avanzados incluyendo TFGs y TFMs.

Web del grupo de investigación:

<https://www.uv.es/uvweb/universidad/es/ficha-persona-1285950309813.html?p2=jerodiaz&idA=>

Información de contacto:

Email: roberto.gozalbo@uv.es

Trabajos de investigación bibliográfica

B1. ¿Es posible inferir el origen u orígenes de los virus?

Se propone desarrollar el tema de la aparición de los distintos grupos de virus desde un punto de vista crítico. Actualmente conviven varias hipótesis sobre los posibles escenarios que han conducido a la situación actual de grandes grupos virales. También conviven diversas polémicas sobre la metodología aplicada en la búsqueda de argumentos a favor o en contra de ciertas hipótesis. Algunas hipótesis se entroncan con la aparición de la vida en la tierra mientras que otras proponen como origen una derivada de las formas de vida actuales o previas a las reconocidas en la actualidad: arqueas, bacterias y eucariotas. Como ejemplo, una de las metodologías utilizadas profusamente para investigar el origen o los orígenes de los virus es la reconstrucción filogenética. Hay posiciones encontradas y debate sobre la utilidad de esta herramienta aplicada a la reconstrucción de grandes grupos de virus.

Referencias:

- Holmes EC, Duchêne S. Can Sequence Phylogenies Safely Infer the Origin of the Global Virome? *mBio*. 2019 Apr 16;10(2):e00289-19. doi: 10.1128/mBio.00289-19. PMID: 30992348; PMCID: PMC6469966.
- Wolf YI, Kazlauskas D, Iranzo J, Lucía-Sanz A, Kuhn JH, Krupovic M, Dolja VV, Koonin EV. Reply to Holmes and Duchêne, "Can Sequence Phylogenies Safely Infer the Origin of the Global Virome?": Deep Phylogenetic Analysis of RNA Viruses Is Highly Challenging but Not Meaningless. *mBio*. 2019 Apr 16;10(2):e00542-19. doi: 10.1128/mBio.00542-19. PMID: 30992352; PMCID: PMC6469970.

Director(es): Alma Bracho Lapiedra

Centro(s) de realización: Departament Genética UV

Breve descripción del grupo de investigación:

Evolución y salud: evolución experimental y epidemiología – EVOSALUD

Web del grupo de investigación:

<https://www.uv.es/uvweb/servei-investigacio/ca/ciencies-basiques-experimentals/grup-1285949713081.html?p2=GIUV2013-098>

Información de contacto:

Dr. Alma Bracho Lapiedra

alma.bracho@uv.es

Assistant Professor

Department of Genetics

University of Valencia, Spain

Phone: +34 963 543 018

Address: Doctor Moliner 50, 46100 Burjassot, Valencia Spain

B2. Virus emergentes: ¿es posible predecir la siguiente pandemia?

Se propone un análisis crítico de los factores que determinan la aparición de virus emergentes, empezando por una revisión de pandemias como las causadas por el VIH-1, gripe o SARS-CoV-2 y siguiendo con un estudio pormenorizado de los virus que actualmente se consideran amenazas de riesgo. Se analizarán los factores ecológicos, genéticos y sociales implicados y las herramientas de las que actualmente disponemos para predecir las emergencias virales y combatirlas de manera temprana.

Director(es): Rafael Sanjuán

Centro de realización: Instituto de Biología Integrativa de Sistemas (I2SysBio)

Breve descripción del grupo de investigación:

El grupo de investigación de Virología Evolutiva está compuesto por miembros del Departamento de Genética de la Universitat de València y el Instituto de Biología Integrativa de Sistemas (I2SysBio, centro mixto Universitat de València – Consejo Superior de Investigaciones Científicas). El grupo se centra en el estudio de virus, con especial énfasis en la evolución y la diversidad viral, así como sus aplicaciones. El proyecto propuesto cuenta con financiación del European Research Council (ERC) y con la participación de investigadores internacionales financiados por programas como las Marie-Skłodowska-Curie Actions.

Web del grupo de investigación: www.uv.es/rsanjuan

Contacto: rafael.sanjuan@uv.es

B3. El uso de anellovirus como potenciales biomarcadores. Perspectivas presentes y futuras.

Los anellovirus son una familia de virus de animales que en humanos se encuentra con una prevalencia cercana al 100%. Hasta la fecha, no se ha observado un carácter patogénico, pero sí se ha visto que su carga viral viene modulada por el estado del sistema inmune. Debido a esto, se está empezando a estudiar el potencial de los anellovirus como biomarcadores para monitorizar, por ejemplo, la inmunidad en pacientes trasplantados. En este contexto, resulta procedente realizar una revisión bibliográfica para actualizar los avances realizados en esta área de estudio.

Referencias sobre el tema del grupo:

- Cebriá-Mendoza et al. Deep viral blood metagenomics reveals extensive anellovirus diversity in healthy humans. *Scientific Reports*, 11: 6921 (2021).
- Cebriá-Mendoza et al. Exploring the diversity of the human blood virome. *Viruses*, 13: 2322 (2021).
- Cebriá-Mendoza et al. Human Anelloviruses: Influence of Demographic Factors, Recombination, and Worldwide Diversity. *Microbiology Spectrum*, 11: e0492822 (2023).

Director(es): José Manuel Cuevas Torrijos

Centro de realización: Instituto de Biología Integrativa de Sistemas (I2SysBio)

Breve descripción del grupo de investigación:

Nuestro grupo estudia las dinámicas de adaptación viral desde distintos ángulos, como la evolución experimental, la epidemiología molecular o, más recientemente, la metagenómica.

Contacto: cuevast@uv.es

B4. Uso de fagos como herramientas biomédicas

La resistencia a antibióticos es considerada como uno de los principales problemas en salud pública. La emergencia de bacterias multiresistentes, causantes de altas tasas de mortalidad debido a la ausencia de tratamientos, lleva a la necesidad de nuevas terapias alternativas para luchar contra estos microorganismos. El uso de los bacteriófagos o fagos como terapia antibacteriana está cobrando interés en los últimos años, aunque su uso está restringido a pacientes en los que no existe ningún otro tratamiento posible como tratamiento compasivo. Este trabajo pretende hacer una revisión bibliográfica del uso de fagos como herramienta biomédica desde una aproximación One Health o Salud Global. Se puede incluir además el uso de fagos como moduladores de la microbiota así como usos preventivos.

Referencias:

1. P Domingo-Calap and J Delgado-Martínez. 2018. Bacteriophages: Protagonists of a post-antibiotic era. *Antibiotics*, 7(3), 66.
<https://doi.org/10.3390/antibiotics7030066>

Director(es): Pilar Domingo Calap

Centro de realización: Evolving Therapeutics SL, UV

Breve descripción del grupo de investigación:

El Laboratorio de Virología Ambiental y Biomédica, dirigido por la Dra. Pilar Domingo-Calap, se encuentra en el Instituto de Biología Integrativa de Sistemas (I2SysBio, UV-CSIC). La investigación se centra en el aislamiento y la detección de virus en la naturaleza con aplicaciones biomédicas. La virología ambiental, la emergencia viral, la evolución del virus y la búsqueda de nuevos bacteriófagos en el contexto biomédico son las líneas de investigación principales.

Web del grupo de investigación: www.uv.es/enbivir

Contacto: pilar.domingo@uv.es