

LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN:

Human Translational Genomics

Investigador Principal: Juan Sainz Pérez (juan.sainz@genyo.es / jsainz@ugr.es)

Centro de Trabajo: GENYO. Centro de Genómica e Investigación Oncológica / Universidad de Granada

Teléfono: 615391669

Resumen de líneas de investigación

- Aproximaciones multi-ÓMICAS para enfermedades hematológicas (Consortio InterLymph).
- Genómica y farmacogenómica de la Leucemia Linfática Crónica (Consortio CRuCIAL).
- Genómica de las Gammapatías Monoclonales (MM y MBL; Consortio IMMEnSE)
- Genómica y Farmacogenómica de la Leucemia Mieloide Aguda (Consortio NuCLEAR)
- Genómica de la Aspergilosis Invasiva (Consortio aspBIOMics)
- Genética de los síndromes mielodisplásicos (Consortio MIRACLE)
- Genética de los síndromes mieloproliferativos (Consortios IMPuLSE)
- Genética y farmacogenómica de las enfermedades autoinmunes (Artritis Reumatoide y Espondilitis Anquilosante; Consortio REPAIR).
- Identificación de nuevos antivirales y estratificación basada en ÓMICAS de pacientes con COVID-19: Consortio INTENSIVE.
- Genética del cáncer colorrectal (Consortios GECCO, DACHS, CRCGEN, GENRISK).
- Genética del cáncer de páncreas (Consortio PANDORA)
- Genética del cáncer de próstata (Consortio PRACTICAL)

La medicina de precisión en el área del cáncer se ha centrado históricamente en el uso de datos del mundo real generados por los sistemas de atención sanitaria con el objetivo de identificar a individuos a riesgo de desarrollar cáncer o incluso para caracterizar a aquellos pacientes con el mayor riesgo de progresión durante el curso de la enfermedad que padecen. Esta estrategia permite intervenciones clínicas que reducen el riesgo de aparición de cáncer, el fracaso del tratamiento y la recaída.

En esta línea, nuestro grupo tiene como objetivo establecer estrategias de prevención primaria y secundaria en cáncer y la prevención del fracaso terapéutico y la progresión de las enfermedades neoplásicas. Basamos nuestras estrategias en la creación de perfiles de riesgo o pronóstico que integran biomarcadores identificados en los campos de la genómica/farmacogenómica, la epigenómica y la proteómica, en combinación con factores del microbioma y factores ambientales y de estilos de vida a lo largo de la historia natural de cada neoplasia. Aunque es evidente que el entorno juega un papel importante en el desarrollo de cáncer, como lo ejemplifica el marcado aumento de la incidencia de la mayor parte de los tumores sólidos y hematológicos en las últimas décadas, hasta la fecha se han identificado pocos factores de riesgo ambientales, lo que dificulta la prevención primaria. Esto también significa que actualmente no es posible estratificar a los pacientes según características etiológicas y clínicas relevantes. Una integración completa de datos multi-ÓMICOS con el microbioma, los factores ambientales y de estilos de vida en los perfiles de riesgo y pronóstico tiene el potencial de abordar esta brecha de conocimiento. Además, este enfoque podría proporcionar herramientas individualizadas para la prevención y estratificación del riesgo y pronóstico, mejorar el diagnóstico temprano de las neoplasias e individualizar el tratamiento, lo que resulta particularmente importante en subtipos agresivos con rápida progresión de la enfermedad.

PUBLICACIONES RECIENTES (últimos 5 años)

1. **Artículo científico.** AJ. Cabrera-Serrano, JM. Sánchez-Maldonado, JJ. Rodríguez-Sevilla, *et al.* **J. Sainz (46/46)**. Identification and functional characterization of genetic variants within the CDKN2A and Bcl2 genes as new susceptibility biomarkers for chronic lymphocytic leukemia risk. *Blood Cancer Journal* **2024** (En prensa). WOS (1), SCOPUS (1), **FI-Hematology (12,8)**. Decil: 1.
2. **Artículo científico.** F. Gálvez-Montosa, G. Peduzzi, JM Sánchez-Maldonado, *et al.* **J. Sainz (72/72)**. Polymorphisms within autophagy-related genes as susceptibility biomarkers for pancreatic cancer: a meta-analysis of three large European cohorts and functional characterization. *International Journal of Cancer* **2024** (En prensa). ISSN 1097-0215. **IF-Oncología (5,7)**. Cuartil: 1.
3. **Artículo científico.** F. Jannus, **J. Sainz (2/3)** and FJ. Reyes-Zurita. Principal Bioactive Properties of Oleanolic Acid, Its Derivatives, and Analogues. *Biomolecules* **2024** (En prensa). **IF-Oncología (4,2)**, Cuartil: 2.
4. **Artículo científico.** A. García-García, M. Medina-O'donnell, S. Rojas, M. Cano-Morenilla, J. Morales, MM. Quesada-Moreno, **J. Sainz (7/11)**, IJ. Vitorica-Yrezabal, A. Rodríguez-Diéguez, A. Navarro, FJ. Reyes-Zurita. Modulating anti-inflammatory and anticancer properties by designing a family of metal-complexes based on 5-nitropicolinic acid. *Dalton Transactions* **2024**; 53: 8988-9000. **IF-Oncología (4,5)**, Cuartil: 1; DOI: [10.1039/d4dt00265b](https://doi.org/10.1039/d4dt00265b)
5. **Artículo científico.** C. González-Olmedo; FJ García-Verdejo; A Reguera-Teba; *et al*; **J. Sainz (13/19)**. Metabolomics signature as a survival predictor in patients with resectable colorectal liver metastasis. *Clinical and Translational Medicine* **2024**; 14: e1541. **IF-Oncología (7,9)**; Decil: 1; DOI: <https://doi.org/10.1002/ctm2.1541>
6. **Artículo científico.** E. Clavero; JM. Sánchez-Maldonado; A. Macaуда; *et al*; **J. Sainz (72/72)**. Polymorphisms within Autophagy-Related Genes as Susceptibility Biomarkers for Multiple Myeloma: A Meta-Analysis of Three Large Cohorts and Functional Characterization. *International Journal of Molecular Sciences* **2023**; 24-10. WOS (2), SCOPUS (4), **IF-Biochemistry & Molecular Biology (5,6)**; Cuartil: 1; DOI: <https://doi.org/10.3390/ijms24108500>
7. **Artículo científico.** A.J. Cabrera-Serrano; (2/42) J.M. Sánchez-Maldonado; R. ter Horst; *et al*; **J. Sainz (0)**. Do GWAS-Identified Risk Variants for Chronic Lymphocytic Leukemia Influence Overall Patient Survival and Disease Progression? *International Journal of Molecular Sciences* **2023** 24-9. **IF-Biochemistry & Molecular Biology Chemistry (5,6)**; Cuartil: 1; DOI: <https://doi.org/10.3390/ijms240980054>
8. **Artículo científico.** JM. Sánchez-Maldonado; AJ. Cabrera-Serrano; S. Chattopadhyay; *et al*; **J. Sainz (14/14)**. GWAS-Identified Variants for Obesity Do Not Influence the Risk of Developing Multiple Myeloma: A Population-Based Study and Meta-Analysis. *International Journal of Molecular Sciences* **2023**; 24-7. SCOPUS (0), **IF-Biochemistry & Molecular (5,6)**; DOI: <https://doi.org/10.3390/ijms24076029>
9. **Artículo científico.** A. Macaуда; K. Briem; A. Clay-Gilmour; *et al*; **J. Sainz (8/62)**; Identification of novel genetic loci for risk of multiple myeloma by functional annotation. *Leukemia* **2023** WOS (1), SCOPUS (1), **FI-Hematology (11,4)**; DOI: <https://doi.org/10.1038/s41375-023-02022-8>
10. **Artículo científico.** MA El Had, H. Zentar, B. Ruiz-Muñoz, **J. Sainz (4/10)**. Evaluation of Anticancer and Anti-Inflammatory Activities of Some Synthetic Rearranged Abietanes. *International Journal of Molecular Sciences* **2023** ISSN1422-0067. **IF-Oncología (4,9)**, Cuartil: 1; DOI: <https://doi.org/10.3390/ijms241713583>
11. **Artículo científico.** D. Campa, M. Gentiluomo, A. Stein, *et al.*, **J. Sainz (24/94)**. The PANcreatic Disease ReseArch (PANDoRA) consortium: ten years' experience of association studies to understand the genetic architecture of pancreatic cancer. *Critical Reviews in Oncology Hematology* **2023**; Jun; 186: 104020. **IF-Oncología (5,5)**, Cuartil: 1; DOI: <https://doi.org/10.1016/j.critrevonc.2023.104020>
12. **Artículo científico.** M. Dicanio, M. Giaccherini, A. Clay-Gilmour, *et al.*, **J. Sainz (5/62)**. A pleiotropic variant in DNAJB4 is associated with multiple myeloma risk. *International Journal of Cancer*. **2023 IF-Oncology (5,7)**, Cuartil: 1; Wiley. ISSN 0020-7136; DOI: <https://doi.org/10.1002/ijc.34278>
13. **Artículo científico.** F. Canzian, C. Piredda; A. Macaуда; D. Zawirska; *et al*; **J. Sainz (12/40)**. A polygenic risk score for multiple myeloma risk prediction. *European Journal of Human Genetics* **2022** Nature Publishing Group. **IF-Genetics (3,7)**, Cuartil: 1; DOI: <https://doi.org/10.1038/s41431-021-00986-8>
14. **Artículo científico.** A. Macaуда; A. Clay-Gilmour; T. Hielscher; *et al*; **J. Sainz (34/52)**. Does a Multiple Myeloma Polygenic Risk Score Predict Overall Survival of Myeloma Patients? *Cancer Epidemiol Biomarkers Prev* **2022**; 1-13. **IF-Public, Environmental & Occupational Health (5,7)**, Cuartil: 1; DOI: <https://doi.org/10.1158/1055-9965.EPI-22-0043>

15. **Artículo científico.** P. García-Martín; A. Moniz-Díez; J.M. Sánchez-Maldonado; *et al*; **J. Sainz (46/46)**. Validation and functional characterization of GWAS- identified variants for chronic lymphocytic leukemia: a CRuCIAL study. *Blood Cancer Journal* **2022**. 12-79. WOS (1), SCOPUS (1), **FI-Hematology (12,8)**. Decil: 1; DOI: <https://doi.org/10.1038/s41408-022-00676-83>
16. **Artículo científico.** JM. Sánchez Maldonado; R. Collado; A.J. Cabrera-Serrano; *et al*; **J. Sainz (23/23)**. Type 2 Diabetes-Related Variants Influence the Risk of Developing Prostate Cancer: A Population-Based Case-Control Study and Meta-Analysis. *Cancers* **2022** WOS (3), SCOPUS (3), **FI-Oncology (5,2)**. Cuartil: 1; DOI: <https://doi.org/10.3390/cancers14102376>
17. **Artículo científico.** A. Macaуда; C. Piredda; AI. Clay-Gilmour; **J. Sainz (4/54)** *et al*. Expression quantitative trait loci of genes predicting outcome are associated with survival of multiple myeloma patients. *International Journal of Cancer*. ISSN 1097-0215. **FI-Oncology (7,8)**. Cuartil: 1; DOI: <https://doi.org/10.1002/ijc.33547>
18. **Artículo científico.** M. Giaccherini; A. Macaуда; E. Orciuolo; *et al*; **J. Sainz (47/49)**. Genetically determined telomere length and multiple myeloma risk and outcome. *Blood Cancer Journal* **2021** ISSN 2044-5385. WOS (1), SCOPUS (1), **FI-Hematology (12,8)**. Decil: 1; DOI: <https://doi.org/10.1038/s41408-021-00462-y>
19. **Artículo científico.** JM. Sánchez-Maldonado; A. Moñiz-Díez; R. ter Horst; *et al*; **J. Sainz (37/37)**. Polymorphisms within the TNFSF4 and MAPKAPK2 Loci Influence the Risk of Developing Invasive Aspergillosis: A Two-Stage Case Control Study in the Context of the aspBIOmics Consortium. *Journal of Fungi*. **2020** WOS (3), SCOPUS (4), **IF-Microbiology (4,7)**; <https://doi.org/10.3390/jof7010004>
20. **Artículo científico.** A. Macaуда; M. Giaccherini; **J. Sainz (3/20)**; *et al*; Do myeloproliferative neoplasms and multiple myeloma share the same genetic susceptibility loci? *International Journal of Cancer* **2020** WOS (5), SCOPUS (4), **FI-Oncology (6,4)**; Cuartil: 1; DOI: <https://doi.org/10.1002/ijc.33337>
21. **Artículo científico.** M. Giaccherini; A. Macaуда; N. Sgherza; **J. Sainz (4/19)**, *et al*. Genetic polymorphisms associated with telomere length and risk of developing myeloproliferative neoplasms. *Blood Cancer Journal* **2020** WOS (20), SCOPUS (4), **FI-Hematology (11,04)**; DOI: <https://doi.org/10.1038/s41408-020-00356-5>
22. **Artículo científico.** M. Pertesi; M. Vallée; X. Wei; *et al*; **J. Sainz (69/92)**. Exome sequencing identifies germline variants in DIS3 in familial multiple myeloma. *Leukemia*. 2019; Sep;33(9):2324-2330. **FI-Hematology (12,8)**; Decil: 1; ISSN 0887-6924. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41375-019-0452-6>
23. **Revisión bibliográfica.** O García Ruiz; JM. Sánchez-Maldonado; M^Á López-Nevot, *et al*; **Sainz J (15/15)**. Autophagy in Hematological Malignancies. *Cancers* **2022**. WOS (3), SCOPUS (4), **IF-Oncology (5,2)**; Cuartil: 2; DOI: <https://doi.org/10.3390/cancers14205072>
24. **Artículo científico.** JJ. Rodríguez-Sevilla, C. Fernández-Rodríguez, L. Bento, *et al.*, **J. Sainz (12/18)**. Evaluation of 4 prognostic indices in follicular lymphoma treated in first line with immunochemotherapy. *Blood Advances* **2023**; 7(8): 1606-1614. ISSN: 2473-9537. **FI-Hematology (7,4)**; Cuartil: 1; DOI: <https://doi.org/10.1182/bloodadvances.2022007949>
25. **Artículo científico.** JM. Sánchez Maldonado; R. Cáliz; M^Á. López Nevot; *et al*; **J. Sainz (29/29)**. Validation of GWAS-identified variants for anti-TNF drug response in rheumatoid arthritis: a meta-analysis of two large cohorts. *Frontiers in Immunology* **2022** **FI-Immunology (8,78)**; Cuartil: 1; ISSN 1664-3224. DOI: <https://doi.org/10.3389/fimmu.2021.672255>
26. **Artículo científico.** O. Melaiu; A. Macaуда; **J. Sainz (3/53)**; *et al*; Common gene variants within 3'-untranslated regions as modulators of multiple myeloma risk and survival. *International Journal of Cancer* **2021** 1966-1984: Genève: International Union Against Cancer. **FI-Oncology (6,4)**; Cuartil: 1; ISSN 0020-7136. DOI: <https://doi.org/10.1002/ijc.33377>
27. **Artículo científico.** I. Castro; B. Sampaio-Marques; A.C. Areias; *et al*; P. Ludovico; J.M. Sánchez-Maldonado. 2021. Functional Genetic Variants in ATG10 are Associated with Acute Myeloid Leukemia. *Cancers* **2021** Journals. WOS (6), SCOPUS (4), **FI-Oncology (5,2)**; Cuartil: 1; DOI: <https://doi.org/10.3390/cancers13061344>
28. **Artículo científico.** **J. Sainz (1/26)**; FJ. García-Verdejo; M. Martínez-Bueno; *et al*; Polymorphisms within autophagy-related genes influence the risk of developing colorectal cancer: a meta-analysis of four large cohorts. *Cancers* **2021** WOS (2), SCOPUS (4), **FI-Oncology (5,2)**; Cuartil: 1; DOI: <https://doi.org/10.3390/cancers13061258>
29. **Artículo científico.** JM. Sánchez-Maldonado; C. Campa; J. Springer; *et al*; **J. Sainz (39/39)**. Host immune genetic variations influence the risk of developing acute myeloid leukaemia: results from the NuCLEAR consortium. *Blood Cancer Journal* **2020** WOS (3), **FI-Hematology (11,04)**; Decil: 1. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41408-020-00341-y>

30. **Artículo científico.** CB. Lupiáñez; M. Martínez-Bueno; JM. Sánchez-Maldonado; *et al*; **J. Sainz (35/35)**. Polymorphisms within the ARNT2 and CX3CR1 Genes Are Associated with the Risk of Developing Invasive Aspergillosis. *Infection and Immunity*. 2020 AMER SOC MICROBIOLOGY. 88-4. ISSN 1098-5522. WOS (8), SCOPUS (4), **IF-Infectious Diseases (3,1)**; Cuartil: 2; DOI: <https://doi.org/10.1128/IAI.00882-19>
31. **Artículo científico.** JM. Sánchez-Maldonado; M. Martínez-Bueno; H. Canhao; *et al*; **J. Sainz (30/30)**. NFKB2 polymorphisms associate with the risk of developing rheumatoid arthritis and response to TNF inhibitors: Results from the REPAIR consortium. *Scientific reports* 2020; 10-1, pp.4316. ISSN 2045-2322. WOS (8), SCOPUS (4), **IF-Multidisciplinary Sciences (4,6)**; Cuartil: 1; DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-020-61331-55>
32. **Artículo científico.** JM. Sánchez-Maldonado; R. Caliz; L. Canet; *et al*; **J. Sainz (26/26)**. Steroid hormone-related polymorphisms associate with the development of bone erosions in rheumatoid arthritis and help to predict disease progression: Results from the REPAIR consortium. *Scientific Reports*. 2019 NATURE PUBLISHING GROUP. 9. ISSN 2045-2322. WOS (9), SCOPUS (4), **IF-Multidisciplinary Sciences (4,6)**; Cuartil: 1; DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-019-51255-0>
33. **Artículo científico.** D. Campa; A. Martino; A. Macaуда; *et al*; **J. Sainz (11/47)**. Genetic polymorphisms in genes of class switch recombination and multiple myeloma risk and survival: an IMMEnSE study. *Leukemia and Lymphoma* 2019 ISSN 1029-2403. DOI: <https://doi.org/10.1080/10428194.2018.1551536>
34. **Artículo científico.** LM. Canet; JM. Sánchez-Maldonado; R. Caliz; *et al*; **J. Sainz (30/30)**. Polymorphisms at phase I-metabolizing enzyme and hormone receptor loci influence the response to anti-TNF therapy in rheumatoid arthritis patients. *Pharmacogenomics Journal* 2019 NATURE PUBLISHING GROUP. 19-1, pp.83-96. ISSN 1473-1150. WOS (13), SCOPUS (4), **IF-Genetics & Heredity (2,91)**; Cuartil: 2; DOI: <https://doi.org/10.1038/s41397-018-0057-x>

TESIS DIRIGIDAS RECIENTEMENTE

1. **Tesis 1: Título:** Genómica y Farmacogenética de la Artritis Reumatoide: Resultados en el contexto del Consorcio REpAIR; **Año de lectura:** 2021; **Entidad:** Universidad de Granada; **Doctorando:** Sánchez Maldonado, José Manuel; **Calificación:** Sobresaliente Cum Laude.
2. **Tesis 2: Título:** Biomarcadores genéticos de la aspergilosis invasiva: análisis masivo de polimorfismos en genes del sistema inmune; **Año de lectura:** 2017; **Entidad:** Universidad de Granada; **Doctoranda:** Lupiáñez Muñoz, Carmen Belén; **Calificación:** Sobresaliente Cum Laude.
3. **Tesis 3: Título:** Factores pronósticos consolidados y emergentes en el mieloma múltiple; **Año de lectura:** 2016; **Entidad:** Universidad de Granada; **Doctorando:** Ríos Tamayo, Rafael; **Calificación:** Sobresaliente Cum Laude.
4. **Tesis 4: Título:** Genómica estructural y funcional de la artritis reumatoide: A la búsqueda de nuevos marcadores de susceptibilidad y dianas terapéuticas; **Año de lectura:** 2016; **Entidad:** Universidad de Granada; **Doctoranda:** Canet Antequera, Luz María; **Calificación:** Sobresaliente Cum Laude.
5. **Tesis 5: Título:** Papel de los mediadores endoteliales y del estrés oxidativo en las alteraciones cardiovasculares de la disfunción tiroidea; **Año de lectura:** 2005; **Entidad:** Universidad de Granada; **Doctorando:** Moreno Ayuso, Juan Manuel. **Calificación:** Sobresaliente Cum Laude.

PROYECTOS Y AYUDAS DE INVESTIGACIÓN

PROYECTO 1: Aproximación multi-OMICA para la caracterización de la leucemia mieloide aguda de novo y secundaria: estudio en el contexto del consorcio NuCLEAR

Entidad Financiadora: Proyecto Generación del conocimiento FRONTERA (Consejería de Salud y Familias)

Financiación: 202.500,00 €

Código del Proyecto: P20_01282

Duración: 2021-2024

IP: Juan Sainz

PROYECTO 2: Aproximación multi-OMICA para la caracterización de la leucemia mieloide aguda de novo y secundaria: estudio en el contexto del consorcio NuCLEAR y el Grupo Español de Síndromes Mielodisplásicos (GESMD)

Entidad Financiadora: Instituto de Salud Carlos III

Financiación: 147.620,00 €

Código del Proyecto: PI20/01845

Duración: 01/01/2021 - 31/12/2023

IP: Juan Sainz y Manuel Jurado

PROYECTO 3: Integración de datos genéticos y epigenéticos masivos para la identificación de marcadores de riesgo, respuesta terapéutica y pronóstico en leucemia mieloide aguda: Consorcio NuCLEAR

Entidad Financiadora: Instituto de Salud Carlos III

Financiación: 147.620,00 €

Código del Proyecto: PI17/02276

Duración: 2020-2022

IP: Juan Sainz y Manuel Jurado

PROYECTO 4: Integración de datos genéticos y epigenéticos masivos para la identificación de marcadores de riesgo, respuesta terapéutica y pronóstico en leucemia mieloide aguda: Consorcio NuCLEAR

Entidad Financiadora: Consejería de Economía, Innovación y Ciencia

Financiación: 27.400,00 €

Código del Proyecto: A-CTS-448-UGR18

Duración: 2020-2021

IP: Juan Sainz y Miguel Ángel López Nevot

TRABAJOS FIN DE MÁSTER DIRIGIDOS

He dirigido un total de 16 TFMs entre los años 2019 y 2024.

<i>Curso Académico</i>	2016 /2017
<i>Alumno</i>	(Exp. 70047) ANA R. R.
<i>Programa</i>	Máster Universitario en Biomedicina Regenerativa
<i>Título del trabajo</i>	Influencia de polimorfismos genéticos en genes relacionados con las hormonas esteroideas sobre el riesgo a desarrollar AR y la respuesta terapéutica frente a fármacos anti-TNF (24 créditos)
<i>Calificación</i>	Sobresaliente (9,5)
<i>Número tutores</i>	2

<i>Curso Académico</i>	2018 /2019
<i>Alumno</i>	(Exp. 85847) SONIA M. P.
<i>Programa</i>	Máster Universitario en Genética y Evolución
<i>Título del trabajo</i>	Variantes genéticas en las rutas del NF-kB y el inflammasoma influyen sobre el riesgo a desarrollar artritis reumatoide y la respuesta a fármacos anti-TNF (20 créditos)
<i>Calificación</i>	Sobresaliente (9,5)
<i>Número tutores</i>	1

<i>Curso Académico</i>	2018 /2019
<i>Alumno</i>	(Exp. 86184) ANA MARÍA M. D.
<i>Programa</i>	Máster Universitario en Genética y Evolución
<i>Título del trabajo</i>	Estudio de asociación entre polimorfismos de los genes ARNT2 y CX3CR1 y el riesgo de aspergilosis invasiva en una cohorte de pacientes hematológicos (20 créditos)
<i>Calificación</i>	Sobresaliente (9,5)
<i>Número tutores</i>	1

<i>Curso Académico</i>	2019 /2020
<i>Alumno</i>	(Exp. 92139) OLGA G. R.
<i>Programa</i>	Máster Universitario en Biomedicina Regenerativa
<i>Título del trabajo</i>	Autofagia y neoplasias hematológicas (24 créditos)
<i>Calificación</i>	Sobresaliente (9,5)
<i>Número tutores</i>	2

<i>Curso Académico</i>	2019 /2020
<i>Alumno</i>	(Exp. 93326) ANTONIO JOSÉ C. S.
<i>Programa</i>	Máster Universitario en Genética y Evolución
<i>Título del trabajo</i>	Estudio de asociación para la validación de los polimorfismos genéticos identificados por GWAS para la leucemia linfocítica crónica (20 créditos)
<i>Calificación</i>	Sobresaliente (9,8)
<i>Número tutores</i>	1

<i>Curso Académico</i>	2020 /2021
<i>Alumno</i>	(Exp. 96890) ANA B. G.
<i>Programa</i>	Máster Universitario en Genética y Evolución
<i>Título del trabajo</i>	Estudio de validación de la asociación de variantes identificadas mediante GWAS con respuesta a fármacos anti-TNF en la Artritis Reumatoide. (20 créditos)
<i>Calificación</i>	Sobresaliente (9,0)
<i>Número tutores</i>	1

<i>Curso Académico</i>	2020 /2021
<i>Alumno</i>	(Exp. 97826) ISABEL L. C.
<i>Programa</i>	Máster Universitario en Genética y Evolución
<i>Título del trabajo</i>	Influencia de variantes relacionadas con la Diabetes mellitus tipo 2 (DM2) en el riesgo de desarrollar cáncer de próstata. (20 créditos)
<i>Calificación</i>	Matricula Honor (9,2)

Número tutores	1
----------------	---

Curso Académico	2021 /2022
Alumno	(Exp. 105981) MARÍA MAGDALENA D. L.
Programa	Máster Universitario en Genética y Evolución
Título del trabajo	Identificación de variantes genéticas asociadas con el riesgo a desarrollar aspergelosis pulmonar invasiva en pacientes con hematopatías malignas. (20 créditos)
Calificación	Notable (7)
Número tutores	1

Curso Académico	2021 /2022
Alumno	(Exp. 104540) MARTA S. G.
Programa	Máster Universitario en Genética y Evolución
Título del trabajo	Impacto de los polimorfismos en genes de la vía de la autofagia en el riesgo a desarrollar leucemia linfocítica crónica. (20 créditos)
Calificación	Notable (8.5)
Número tutores	1

Curso Académico	2022 /2023
Alumno	(Exp. 110636) ANGELS S. F.
Programa	Máster Universitario en Genética y Evolución
Título del trabajo	Variantes genéticas en genes de la autofagia como marcadores de susceptibilidad para leucemia mieloide aguda: un estudio en el contexto del consorcio NuCLEAR. (20 créditos)
Calificación	Sobresaliente (9,5)
Número tutores	1

Curso Académico	2022 /2023
Alumno	(Exp. 112520) MARÍA JOSÉ T. L.
Programa	Máster Universitario en Genética y Evolución
Título del trabajo	Polimorfismos en genes relacionados con la autofagia asociados a la supervivencia de pacientes con cáncer colorrectal. (20 créditos)
Calificación	Notable (8,7)
Número tutores	1

Curso Académico	2022 /2023
Alumno	(Exp. 110525) LAURA DE LA CARIDAD B. R.
Programa	Máster Universitario en Genética y Evolución

<i>Título del trabajo</i>	Influencia de variantes genéticas en genes de la autofagia sobre el riesgo a desarrollar Mieloma Múltiple. (20 créditos)
<i>Calificación</i>	Notable (7.6)
<i>Número tutores</i>	1

<i>Curso Académico</i>	2022 /2023
<i>Alumno</i>	(Exp. 112890) ANA P. F.
<i>Programa</i>	Máster Universitario en Genética y Evolución
<i>Título del trabajo</i>	Identificación de marcadores genéticos solapantes en Artritis Reumatoide y Espondilitis Anquilosante: meta-análisis de 3 grandes poblaciones europeas. (20 créditos)
<i>Calificación</i>	Sobresaliente (9)
<i>Número tutores</i>	1

<i>Curso Académico</i>	2023 /2024
<i>Alumno</i>	Cristina C. G.
<i>Programa</i>	Máster Universitario en Genética y Evolución
<i>Título del trabajo</i>	Identificación de nuevos factores de riesgo genéticos solapantes y específicos de enfermedad para la artritis reumatoide y la espondilitis anquilosante: un meta-análisis de tres grandes poblaciones europeas y caracterización funcional
<i>Calificación</i>	Notable (8,0)
<i>Número tutores</i>	1

<i>Curso Académico</i>	2023 /2024
<i>Alumno</i>	Judit P. C
<i>Programa</i>	Máster Universitario en Genética y Evolución
<i>Título del trabajo</i>	Diseño de un ensayo de flujo lateral para la detección de un biomarcador proteico en orina
<i>Calificación</i>	Sobresaliente (9)
<i>Número tutores</i>	2

<i>Curso Académico</i>	2023 /2024
<i>Alumno</i>	Sergio G.
<i>Programa</i>	Máster Universitario en Genética y Evolución
<i>Título del trabajo</i>	Por determinar.
<i>Calificación</i>	Por determinar. Convocatoria Extraordinaria – septiembre de 2024.
<i>Número tutores</i>	2