

Trabajos Fin de Máster ofertados por el IBMCP y empresas 2026

DEPARTAMENTO DE BIOTECNOLOGÍA Y MEJORA VEGETAL DE ESPECIES CULTIVADAS **1**

PROYECTO: AI AGENTS FOR GENOME ARCHAEOLOGY: DETECTING RETROGENES AS MOLECULAR FOSSILS OF TRANSPOSABLE ELEMENT ACTIVITY	1
INVESTIGADOR: AURELIANO BOMBARELY	
PROYECTO: DESARROLLO DE ESTRATEGIAS DE RNAi DE ÚLTIMA GENERACIÓN BASADAS EN PEQUEÑOS RNAs ARTIFICIALES.	2
INVESTIGADOR: ALBERTO CARBONELL	
PROJECT: REGULATION OF CHLOROPLAST METABOLISM BY ENZYME BIOCONDENSATES	3
INVESTIGATOR: JORGE EL-AZAZ	
PROJECT: ENGINEERING STRATEGIES FOR FUNCTIONAL CHARACTERIZATION OF TOMATO "GOOD" FLAVOUR ALLELES	4
INVESTIGADORES: ANTONIO GRANELL, CLARA PONS	
PROYECTO: ESTRATEGIAS BIOTECNOLÓGICAS Y DE GESTIÓN INTEGRADA PARA REFORZAR LA DEFENSA Y RESILIENCIA DEL CULTIVO DE TOMATE	5
INVESTIGADORA: MERITXELL PÉREZ- HEDO	
PROYECTO: MUTAGÉNESIS INSERCIONAL EN TOMATE.	6
INVESTIGADORES: VICENTE MORENO Y ALEJANDRO ATARÉS	
PROJECT: PRECISION GENOME ENGINEERING WITH PRIME EDITING AND PROGRAMMABLE RECOMBINASES FOR THE DEVELOPMENT OF NGT-COMPATIBLE CROPS	7
INVESTIGADORES: MARTA VÁZQUEZ AND DIEGO ORZAEZ	
PROYECTO: APRENDIENDO CÓMO LAS PLANTAS ACUMULAN CAROTENOIDES PARA OBTENER CULTIVOS MEJORADOS NUTRICIONALMENTE.	8
INVESTIGADOR: MANUEL RODRÍGUEZ-CONCEPCIÓN	
PROYECTO: DIFERENCIACIÓN Y CARACTERIZACIÓN FUNCIONAL DE LAS CÉLULAS LATICÍFERAS DE PLANTAS.	9
INVESTIGADORES: PABLO VERA Y FRANCISCO ESCARAY	

DEPARTAMENTO DE DESARROLLO Y ACCIÓN HORMONAL EN PLANTAS **10**

PROYECTO: RELEVANCIA EVOLUTIVA DEL GEN AINTEGUMENTA (ANT) EN LA RESPUESTA ADAPTATIVA A ESTRÉS HÍDRICO EN <i>ARABIDOPSIS THALIANA</i>.	10
INVESTIGADORES: JAVIER AGUSTÍ; EVA GÓMEZ	
PROYECTO: EL COMPLEJO R2T EN LA ADAPTACIÓN DE LAS PLANTAS A LA TEMPERATURA: UNA PERSPECTIVA EVOLUTIVA DESDE <i>MARCHANTIA POLYMORPHA</i>	11
INVESTIGADORES: ALBERTO PALACIOS, DAVID ALABADÍ	
PROYECTO: SEMILLAS QUE MEJORAN LOS FRUTOS: CARACTERIZACIÓN DE EFECTOS DE XENIA EN TOMATE.	12
INVESTIGADORES: VICENTE BALANZÁ	
PROYECTO: REGULACIÓN DE LA FORMACIÓN DE MADERA EN RESPUESTA AL AMBIENTE	13
INVESTIGADORES: NOEL BLANCO-TOURIÑÁN, ANTONIO SERRANO-MISLATA	
PROYECTO: BIOACÚSTICA VEGETAL Y DECODIFICACIÓN DE EMISIONES ULTRASÓNICAS.	14
INVESTIGADOR: JAVIER BRUMÓS.	
PROYECTO: PAPEL DE LA SUMOILACIÓN EN PLANTAS NO VASCULARES	15
INVESTIGADOR: MIGUEL A. BLÁZQUEZ	
PROYECTO: DESVELANDO LA DIVERSIDAD EVOLUTIVA DE LA INTEGRACIÓN DE LAS SEÑALES DE LUZ Y TEMPERATURA EN PLANTAS.	16
INVESTIGADOR: BRUNO CATARINO	
PROYECTO: EL CONTROL DE LA NATALIDAD EN PLANTAS: IDENTIFICACIÓN DE FACTORES EN EL CONTROL DEL FINAL DE LA FLORACIÓN.	17
INVESTIGADORAS: CRISTINA FERRÁNDIZ, PATRICIA BALLESTER	

PROYECTO: MEMORIA DEL ESTRÉS TÉRMICO EN PLANTAS	18
INVESTIGADOR: JAVIER GALLEGO BARTOLOMÉ	
PROYECTO: IDENTIFICACIÓN DE PROTEÍNAS MÓVILES IMPLICADAS EN EL DESARROLLO REPRODUCTIVO DEL TOMATE.	19
INVESTIGADORA: CONCHA GÓMEZ MENA	
PROYECTO: GENÉTICA DEL TAMAÑO DE SEMILLA EN ARABIDOPSIS. <i>GAI</i> Y SUS INTERACCIONES.	20
INVESTIGADORES: PABLO TORNERO Y MIGUEL Á. PÉREZ-AMADOR.	
PROYECTO: TOO CLOSE FOR COMFORT: EXPLORING THE MOLECULAR AND GENETIC BASIS OF SHADE AVOIDANCE AND TOLERANCE IN PLANTS	21
INVESTIGADOR: JAUME MARTÍNEZ	
PROYECTO: REGULACIÓN GÉNÉTICA Y HORMONAL DE LA FUNCIÓN DEL MERISTEMO APICAL	22
INVESTIGADORA: PAZ MERELO	
INVESTIGADOR: ANSELM MORELL	
PROYECTO: DEGRADACIÓN DE GIGANTEA MEDIADA POR COP1: UN RELOJ MOLECULAR PARA LA TEMPORALIZACIÓN DE LAS RESPUESTAS A LA LUZ EN PLANTAS	24
INVESTIGADORA: MARIA A. NOHALES	
PROYECTO: DESARROLLO DE FÁRMACOS CONTRA LA SEQUÍA UTILIZANDO LA RUTA DEL ABA Y AGONISTAS DE SUS RECEPTORES	25
INVESTIGADOR: PEDRO RODRÍGUEZ EGEA	
PROYECTO: ESTUDIO DE LA CONSERVACIÓN EVOLUTIVA DE LA SEÑALIZACIÓN SISTÉMICA EN RESPUESTA A LAS HERIDAS EN PLANTAS	26
INVESTIGADORAS: MAITE SANMARTÍN Y SONIA BOSCA	
PROYECTO: CÉLULAS MADRE Y ESTRÉS: CONTROL DEL DESARROLLO REPRODUCTIVO BAJO SEQUÍA	27
INVESTIGADORES: ANTONIO SERRANO MISLATA, NOEL BLANCO-TOURIÑÁN	
DEPARTAMENTO DE BIOLOGÍA DEL ESTRÉS EN PLANTAS	28
PROYECTO: ANÁLISIS DE REGULADORES MOLECULARES DE LA ENDOCITOSIS DE CANALES DE POTASIO EN PLANTAS.	28
INVESTIGADORAS: NURIA ANDRÉS-COLÁS Y LYNNE YENUSH	
PROYECTO: REGULACIÓN DEL TRÁFICO DE ENDOMEMBRANAS POR FOSFORILACIÓN EN CONDICIONES DE AYUNO DE FOSFATO EN PLANTAS.	29
INVESTIGADOR: BORJA BELDA PALAZÓN	
PROYECTO: AUMENTO DEL TAMAÑO DE LAS PLANTAS EN AGRICULTURA MEDIANTE SILENCIAMIENTO GÉNICO INDUCIDO POR VIRUS (VIRUS-INDUCED GENE SILENCING, VIGS).	30
INVESTIGADORES: JESÚS ÁNGEL SÁNCHEZ NAVARRO Y VICENTE PALLÁS	
PROYECTO: CARACTERIZACIÓN Y MODIFICACIÓN GENÉTICA DE BACTERIAS IMPLICADAS EN LA SOLUBILIZACIÓN DE FÓSFORO	31
INVESTIGADOR: EDUARDO BUESO RÓDENAS	
PROYECTO: BIOTECNOLOGÍA DE VIRUS DE PLANTAS	32
INVESTIGADORES: FERNANDO MERWAISS Y JOSÉ-ANTONIO DARÒS	
PROYECTO: DESCUBRIMIENTO Y CARACTERIZACIÓN DE NUEVOS RNAs CIRCULARES Y CATALÍTICOS.	33
INVESTIGADOR: MARCOS DE LA PEÑA RIVERO	
PROYECTO: EVALUACIÓN DEL EFECTO MOLECULAR DEL BIOESTIMULANTE CALBIO EN CULTIVOS HORTÍCOLAS EN CONDICIONES DE SEQUÍA O DE BAJA FERTILIZACIÓN.	34
INVESTIGADORES: JM MULET Y ROSA PORCEL	
PROYECTO: DESARROLLO DE ESTRATEGIAS NOVEDOSAS PARA LA DEGRADACIÓN DIRIGIDA DE PROTEÍNAS EN PLANTAS MEDIANTE dTAG Y HALOTAG	35
INVESTIGADORES: LIDIA OREA ORDÓÑEZ Y JORGE LOZANO JUSTE.	
PROYECTO: ENHANCERS FOR SEED PERFORMANCE (DOPING SEEDS)	36
INVESTIGADORES: JOAN RENARD Y EDUARDO BUESO	
PROYECTO: APLICACIÓN DE LA INTELIGENCIA ARTIFICIAL EN AGRICULTURA: MEJORANDO LA TOLERANCIA A LA SEQUÍA CON PEQUEÑAS MOLÉCULAS.	37

INVESTIGADORES: RAFA RUIZ PARTIDA Y JORGE LOZANO JUSTE

EMPRESAS QUE OFERTAN TFM PARA ESTUDIANTES DEL MUBMCP **38**

PROYECTO: MEJORA GENÉTICA DE ESPECIES FRUTALES DE INTERÉS AGRONÓMICO **38**
EMPRESA: ANECOOP

Trabajos Fin de Máster ofertados por el IBMCP y empresas 2026

Listado detallado

DEPARTAMENTO DE BIOTECNOLOGÍA Y MEJORA VEGETAL DE ESPECIES CULTIVADAS

Proyecto: AI Agents for Genome Archaeology: Detecting Retrogenes as Molecular Fossils of Transposable Element Activity

Investigador: Aureliano Bombarely

The Bioinformatics and Evolutionary Genomics lab (IBMCP, CSIC–UPV) applies comparative and evolutionary genomics to understand how genomes are shaped over time. We are offering a Master's Thesis position for a student interested in transposable element biology, comparative genomics, and the use of AI agents to automate genomic analyses, at the intersection of genome evolution and agentic bioinformatics.

Most gene duplicates keep their parent's intron–exon structure, but a subset, retrogenes, do not: they arise when a spliced mRNA is reverse-transcribed and reinserted elsewhere in the genome by the enzymatic machinery of LINE-type retrotransposons, leaving an intronless copy behind. Because a retrogene can only form while its host transposable element (TE) family is active, each retrogene is indirect evidence of when that TE family was transcriptionally and enzymatically live. This project addresses whether that record can be read systematically: it will test whether the age distribution of retrogenes tracks the age distribution of the TE families capable of producing them, across genomes with contrasting TE histories.

The student will build an AI agent, using Claude as the agentic backbone, that orchestrates the full analysis: annotating and age-dating transposable elements, detecting candidate retrogenes, estimating their age, and testing the TE–retrogene age relationship across a panel of public plant genomes. Along the way, the student will learn:

- Transposable element annotation and age-dating (LTR_Retrieve, EarlGrey)
- Comparative and evolutionary genomics across species
- Retrogene detection and molecular dating methods
- Building and directing AI agents with Claude for autonomous bioinformatics pipelines
- Reproducible, script-based bioinformatics analysis

Contact information: abombarely@ibmcp.upv.es

Proyecto: Desarrollo de estrategias de RNAi de última generación basadas en pequeños RNAs artificiales.

Investigador: Alberto Carbonell

El silenciamiento génico o RNA de interferencia (RNAi) mediado por pequeños RNAs artificiales (art-sRNAs) es una valiosa herramienta biotecnológica para regular la expresión génica y que facilita la obtención de plantas mejor adaptadas a los cambios medioambientales o más resistentes a patógenos. Consiste en diseñar art-sRNAs de 21 nucleótidos, altamente específicos y con secuencia complementaria a la del transcrito del gen diana, y expresarlos en plantas para inducir el corte de dichos transcritos y silenciar el gen correspondiente (ver Figura).

Nuestro laboratorio ha desarrollado una serie de herramientas bioinformáticas y moleculares que incluyen unos nuevos vectores de expresión de última generación que permiten el clonado ultrarápido de diversos art-sRNAs, como son los microRNAs artificiales (amiRNAs) o los tasiRNAs sintéticos (syn-tasiRNAs), y su sobreexpresión de manera transitoria o en plantas transgénicas. A pesar del éxito de estas herramientas, la necesidad de integrar las secuencias precursoras de los art-sRNAs en el genoma de la planta limita su uso comercial debido a la estricta legislación europea que regula los organismos modificados genéticamente.

En este proyecto vamos a desarrollar diferentes aproximaciones “GMO-free” para suministrar art-sRNAs a las plantas, como son i) la aplicación exógena (e.g. mediante spray) de precursores de art-sRNAs producidos eficientemente en bacterias, ii) la producción de art-sRNAs a partir de vectores virales sistémicos, y iii) la expresión de art-sRNAs a partir de genes endógenos de sRNAs previamente editados con sistemas CRISPR/Cas. La eficacia de las distintas estrategias se medirá por el grado de silenciamiento inducido tanto de genes endógenos de la planta como de diversos virus vegetales. Estamos convencidos de que el desarrollo de estas nuevas metodologías no transgénicas para suministrar art-sRNAs a las plantas facilitará la obtención de cultivos más productivos en el contexto actual de cambio climático. Durante la ejecución de este proyecto el estudiante aprenderá múltiples técnicas de biología molecular, bioquímica y fenotipado de plantas, y es de esperar que el trabajo realizado pueda continuarse en el marco de una tesis doctoral.

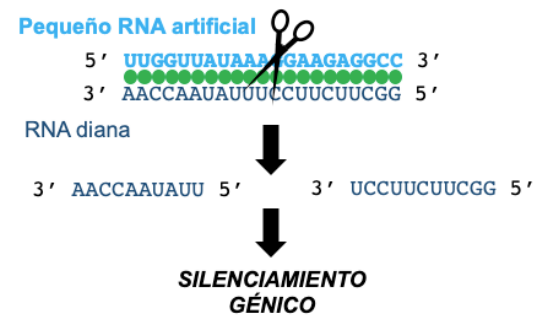


Figura. Silenciamiento génico mediado por art-sRNAs.

Información de contacto: acarbonell@ibmcp.upv.es

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

<https://ibmcp.upv.es/grupos-investigacion/biotecnologia-de-pequenos-rnas-de-planta/>

Project: Regulation of chloroplast metabolism by enzyme biocondensates

Investigator: Jorge El-Azaz

Plant chloroplasts can transform CO₂ into hundreds of essential molecules, such as amino acids, fatty acids, or vitamins. Hundreds of different enzymes coexist and work within this tiny compartment. How do plants regulate this complex metabolism to produce the molecules they need, when they need them? Although transcriptional regulation in plants has been studied quite well, we don't know that much about how plants regulate these enzymes after expressing them.

Over the last decade, many studies have investigated a new cellular mechanism called liquid phase separation, which allows proteins to separate into droplets named biocondensates. Inside these biocondensates, the activity of the proteins can change, and they can even recruit other biomolecules to regulate many cell functions. Very interestingly, many enzymes of the chloroplast seem to form biocondensates, but we don't know what they do. Could these biocondensates be a new mechanism to organize and regulate the metabolism of the chloroplast?

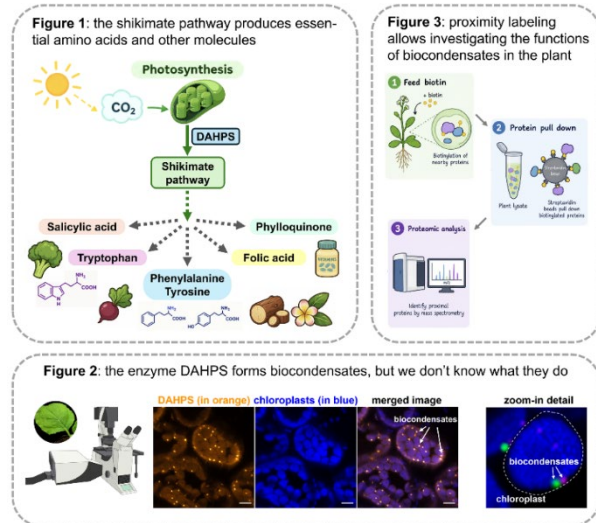
In this project, you will investigate how biocondensates regulate one of the most important pathways of plants, the shikimate pathway (Figure 1). This pathway produces the three aromatic amino acids (phenylalanine, tyrosine and tryptophan), as well as many other key molecules like folic acid, salicylic acid, or phyloquinones (Figure 1).

We will focus on the enzyme DAHPS, which forms biocondensates (Figure 2). You will apply a powerful technique known as proximity labeling to investigate how these condensates work inside of the chloroplast (Figure 3). This technique consists in fusing a biotin ligase domain to the DAHPS enzyme. After adding biotin, the biotin ligase domain will mark other proteins that are next to the DAHPS. Then, we will purify these marked proteins from the plant, and we will analyze them by proteomics (Figure 3). This will reveal a list of proteins that were around the DAHPS, which we will then study in more detail to understand how the biocondensates regulate plant metabolism.

You will work with *Arabidopsis thaliana* and *Nicotiana benthamiana* plants and will learn a comprehensive set of tools, related to making and handling transgenic plants, molecular biology (DNA genotyping, RNA extraction, and quantitative PCR), laser confocal microscopy, and various protein and proteomic techniques (biotin feeding, purification of proteins, and preparation of samples for mass spectrometry).

Keywords: plant metabolism, chloroplasts, enzymes, biocondensates, proteomics

Contact email: jorge.el-azaz@upv.es



Project: Engineering strategies for functional characterization of tomato “good” flavour alleles

Investigadores: Antonio Granell, Clara Pons

Tomato (*Solanum lycopersicum*) is one of the world's most widely consumed fruits, valued for its culinary uses, nutritional content, and characteristic flavour. Tomato contain a wide array of compounds, some of them such sugars, organic acids, polyphenols and volatile compounds (VOCs) play a pivotal role in creating the distinctive taste and aroma. The balance and interaction of these compounds determine the overall flavour of tomatoes. In the last 40 years, however, a growing number of consumers express dissatisfaction with the flavour of modern commercial tomatoes. This decline in flavour is largely the result of modern breeding as well harvesting and post-harvest handling techniques, which have prioritized traits important to growers and distributors—such as productivity, disease resistance, shelf life, and external appearance—neglecting qualities that consumers value, such as flavour and nutritional quality. Over the last thirty years, emphasis has increased on identifying genetic and molecular factors responsible for traits like fruit size, shape, ripening, flavour, and nutritional composition, all of which are crucial for addressing both consumer and agronomic priorities.

The development of varieties with improved traits, such as increased brix and/or favourable VOCs, requires the use of natural variations and the identification of stable genetic segments carrying traits of interest. In a previous research in our lab we have identified an introgression line (IL9-2) derived from *S. pimpinellifolium* cv TO397 x *S. lycopersicum* cv Moneymaker (MM) cross that significantly qualified as better tasting than MM in sensory analyses and contains a region of ~95 Kb that increased the levels of °Brix (sugars) and the VOC benzylalcohol, associated to floral, fruity and sweet flavour. Within this region, there are ten annotated genes among with *Lycopersicum* Invertase5 (LIN5), which encodes a cell wall invertase, controls total soluble solids content in tomato, and a NAD(P)-dependent SDR alcohol dehydrogenase are the most promising candidate genes for Brix and benzyl alcohol, respectively. In previous studies, using a *S. pennellii* IL derived population, revealed that the wild species allele of LIN5 was more efficient than the cultivated allele, due to a single nucleotide substitution that coded for an amino acid residue close to the near the catalytic site of the invertase crystal, affecting enzyme kinetics and fruit sink strength. To further understand molecular and biochemical basis of the changes in Brix and benzyl alcohol produced by TO397 alleles in the IL9-2, in this project we propose the heterologous overexpression of TO397 LIN5 and NAD(P)-dependent SDR alcohol dehydrogenase proteins in the wine yeast *Saccharomyces cerevisiae* to assay both Invertase activity and benzyl alcohol dehydrogenase activities. Results of these experiment will reveal details on the specificity and kinetic properties of the enzymes that may explain the observed phenotypes in the fruit. In addition docking studies will be done using protein modelling Alphafold and Rosetta that will allows to understand those differences at the molecular /mechanicistic level

During the course of the project the student will learn multiple techniques of molecular biology, biochemistry and biotechnology techniques

Contacto: agranell@ibmcp.upv.es, cpons@upvnet.upv.es

Proyecto: Estrategias biotecnológicas y de gestión integrada para reforzar la defensa y resiliencia del cultivo de tomate

Investigadora: Meritxell Pérez- Hedo

El cultivo del tomate es uno de los más relevantes a nivel mundial por su consumo y producción, y desempeña un papel clave en la economía agraria española. Sin embargo, el cambio climático, el comercio globalizado y la aparición de nuevas plagas y enfermedades amenazan seriamente su productividad.

En respuesta, la Unión Europea impulsa soluciones basadas en la naturaleza que mejoren la productividad agrícola protegiendo los recursos naturales y la biodiversidad. En este contexto, el/la estudiante podrá investigar métodos biológicos de última generación, como el uso de insectos zoofitófagos (míridos), la aplicación de microorganismos beneficiosos (*Trichoderma*), el empleo de pequeñas moléculas y nanoemulsiones, y la exposición a compuestos orgánicos volátiles que activan las defensas naturales de las plantas. Se trata de una investigación aplicada y multidisciplinar.

El proyecto incluye además una aproximación basada en la edición genética mediante CRISPR-Cas9 para editar genes específicos de la familia JAZ (represores de las defensas) en tomate, con el objetivo de desarrollar variedades con una respuesta defensiva potenciada. Se podrá participar en la caracterización de estas plantas editadas, evaluando su resistencia a plagas, su tolerancia al estrés y su posible sinergia con las estrategias biológicas mencionadas.

Esta propuesta permitirá adquirir habilidades prácticas en biotecnología y biología molecular vegetal, contribuyendo a un campo de investigación altamente relevante para la agricultura sostenible.

Palabras clave: Cultivo de tomate, cambio climático, plagas y enfermedades, defensa de la planta.

Información de contacto: mepehe@ibmcp.upv.es

Lab 0.09

Proyecto: Mutagénesis insercional en tomate.**Investigadores: Vicente Moreno y Alejandro Atarés**

En este trabajo utilizaremos la mutagénesis insercional como herramienta para la identificación de genes clave implicados en el desarrollo del fruto de tomate, así como alguno de los genes que determinan la tolerancia al estrés salino e hídrico, tanto en tomate (moderadamente tolerante a la sal) como en diversas especies silvestres relacionadas (accesiones muy tolerantes al estrés hídrico y salino). Con esta estrategia, los genes quedan etiquetados por el T-DNA, lo que facilita considerablemente el proceso de clonación. En nuestro grupo disponemos de una amplia colección de líneas de inserción y de mutantes previamente identificados con los que poder abordar el trabajo planteado.

Información de contacto: vmoreno@ibmcp.upv.es; aatares@ibmcp.upv.es

Project: Precision Genome Engineering with Prime Editing and Programmable Recombinases for the Development of NGT-Compatible Crops

Investigadores: Marta Vázquez and Diego Orzaez

The Plant Genomics and Biotechnology lab applies synthetic biology, genomics, and biotechnology to engineer new functions in plants. We are offering a Master's Thesis position for a student interested in plant synthetic biology and precision genome engineering, at the intersection of molecular design and the new European regulatory framework for New Genomic Techniques (NGTs).

Two of the most promising tools for generating NGT-compatible crops, Prime Editing and programmable recombinases, share a practical limitation: assessing their performance typically relies on sequencing, which is accurate but slow and costly, limiting how many designs can be compared. This project addresses that bottleneck by developing luminescent reporter systems in which a successful editing or recombination event switches a bioluminescent signal on or off, giving a fast, quantitative and scalable readout. These reporters will then be used to screen multiple editing and recombination designs in parallel, identifying the best-performing variants ahead of validation in regenerable plants.

The student will work across the full pipeline, from reporter design and molecular cloning to transient expression assays, luminescence-based screening, and confirmatory molecular analysis, gaining hands-on experience in modular DNA assembly, Prime Editing and recombinase systems, alongside an applied understanding of the current NGT regulatory landscape.

Contact information: dorzaez@ibmcp.upv.es; marvazvi@ibmcp.upv.es

Proyecto: Aprendiendo cómo las plantas acumulan carotenoides para obtener cultivos mejorados nutricionalmente.

Investigador: Manuel Rodríguez-Concepción

Las plantas usan carotenoides como fotoprotectores en hojas y como pigmentos en flores y frutos. Aunque los animales no producen carotenoides, necesitan ingerirlos para producir pigmentos visuales y vitamina A. Una dieta rica en carotenoides aporta también beneficios para la salud de la piel, el sistema immune, la actividad cardiovascular, y la capacidad cognitiva. Una forma de mejorar nuestra ingesta de carotenoides es mediante la biofortificación de cultivos, es decir, aumentando el contenido de estos compuestos saludables en frutas y verduras. En nuestro laboratorio usamos varias especies de cultivo como modelos para la biofortificación, incluyendo la lechuga (que acumula sus carotenoides en las hojas) y el tomate (que los acumula en el fruto maduro, lo que le aporta el típico color rojo). El TFM consistirá en estudio de procesos básicos como el papel de factores de transcripción en la regulación de las redes genéticas implicadas en la síntesis y almacenamiento de carotenoides, o el control de la actividad los enzimas biosintéticos por interacción con otras proteínas, con el objetivo último de mejorar el contenido de carotenoides en tejidos verdes como las hojas y no fotosintéticos como los frutos maduros.



Información de contacto: manuelrc@ibmcp.upv.es

Proyecto: Diferenciación y caracterización funcional de las células laticíferas de plantas.**Investigadores: Pablo Vera y Francisco Escaray**

Las laticíferas son células vegetales especializadas en la síntesis y acumulación de látex. Dichas células laticíferas tienen un origen polifilético y están presentes en al menos 12,500 especies vegetales (ca. 10% de las plantas con flores) pertenecientes a taxones tan dispares como los helechos y las gimnospermas, además de las angiospermas. La amplia presencia y la distribución de las células laticíferas es un reflejo de su importancia para los distintos procesos de adaptación de las plantas a una gran variedad de entornos medioambientales. No obstante, aun a pesar de su presencia generalizada en el reino vegetal y de la importancia económica del látex como fuente de una gran variedad de productos industriales y farmacéuticos de alto valor añadido, los estudios relacionados con la caracterización de la célula laticífera han quedado rezagados en comparación con los enormes avances realizados en los últimos años en el entendimiento de otros tipos de células vegetales. Por ello, queda todavía por aclarar y dar respuesta a muchas preguntas sobre la ontogenia, la diferenciación, el crecimiento o el metabolismo especializado de las células laticíferas. También queda por entender qué implicaciones funcionales ha tenido la adquisición de células laticíferas a lo largo de la evolución para conferir una mejor adaptación eco-fisiológicas de las plantas a diferentes entornos ecológicos. La presente propuesta de investigación intenta contribuir al conocimiento sobre la diferenciación celular, el crecimiento, la organización y el patrón de distribución, así como del papel funcional de las células laticíferas, mediante la utilización de especies del género *Euphorbia*; particularmente *E. lathyris* L., que ha emergido como un sistema modelo para el estudio del sistema laticífero. Dicha propuesta implica la aplicación de estrategias de biología molecular (utilización de marcadores moleculares asociados a laticíferas) técnicas bioquímicas (aplicación de tratamientos, cuantificación de metabolitos secundarios, etc.) y de microscopía (tinciones específicas, visualización y fotografía), así como el estudio del patrón de laticíferas (índices celulares, segmentación y mediciones a partir de imágenes); favoreciendo la formación en técnicas de laboratorio del candidato.

Información de contacto: vera@ibmcp.upv.es; fjescmaz@ibmcp.upv.es

DEPARTAMENTO DE DESARROLLO Y ACCIÓN HORMONAL EN PLANTAS

Proyecto: Relevancia evolutiva del gen AINTEGUMENTA (ANT) en la respuesta adaptativa a estrés hídrico en *Arabidopsis thaliana*.

Investigadores: Javier Agustí; Eva Gómez

¿Qué mecanismos genéticos ha seleccionado la naturaleza para la adaptación evolutiva al medio en el que viven? Esta es una pregunta fundamental en biología que, a su vez, tiene gran potencial biotecnológico en un contexto de cambio climático como el actual.

El desarrollo adecuado del sistema vascular en plantas es determinante para el transporte eficiente de agua y fotoasimilados e influye en la capacidad de aclimatación de la planta frente a estreses abióticos tales como la sequía. Resultados obtenidos en nuestro laboratorio indican correlaciones significativas entre la variación alélica natural de genes reguladores del desarrollo vascular y variables bioclimáticas relacionadas con los niveles de precipitación (en otras palabras, disponibilidad de agua). Esto sugiere que la presencia de variaciones genéticas naturales concretas para un gen determinado en una localización específica dependería en gran medida de la pluviometría en dicha localización, lo cual sugiere a su vez que dicho gen podría haber sido clave para la adaptación evolutiva a la sequía. Uno de éstos genes es AINTEGUMENTA (ANT), un gen implicado en la regulación de la proliferación celular en el cambium vascular, el meristemo que produce el tejido vascular en las plantas. En este marco contextual, el objetivo de este Trabajo Fin de Máster es caracterizar la implicación de ANT en la respuesta a la sequía, su impacto en la plasticidad del desarrollo vascular como respuesta a este factor estresante y su valor adaptativo durante la evolución. Para alcanzar este objetivo, la persona seleccionada pondrá en práctica técnicas genéticas, moleculares, fisiológicas, histológicas y bioinformáticas tales como clonaje, obtención de plantas mutantes (utilizando CRISPR,) generación de plantas transgénicas marcadoras y de expresión ectópica, análisis de expresión génica, transcriptómica, preparación de muestras para observación microscópica, manejo de colecciones de ecotipos de la planta *Arabidopsis thaliana*, gestión bioinformática de datos genómicos o aplicación de modelos de IA para fenotipado a gran escala. Asimismo, se llevarán a cabo aproximaciones de ecología molecular, fundamentalmente a través de análisis de asociación entre variación genética natural y variación de factores climáticos relacionados con la sequía. En conjunto, el proyecto busca establecer una conexión funcional entre la variabilidad genómica poblacional, la arquitectura del tejido vascular y la capacidad adaptativa que las plantas han adquirido durante la evolución para hacer frente a la escasez de agua.

Información de contacto: jagusti@ibmcp.upv.es; evgoal@ibmcp.upv.es

Proyecto: El complejo R2T en la adaptación de las plantas a la temperatura: una perspectiva evolutiva desde *Marchantia polymorpha*.

Investigadores: Alberto Palacios, David Alabadí

¿Cómo reorganizan las plantas su maquinaria celular cuando aumenta la temperatura? El calor afecta al plegamiento, al ensamblaje y al funcionamiento de las proteínas y obliga a las células a adaptar rápidamente sus sistemas de proteostasis. Nuestro grupo estudia uno de estos sistemas, el complejo cochaperona R2T, formado por las ATPasas RuvBL1/RuvBL2 y RPAP3, y ha descubierto que, en *Arabidopsis thaliana*, este complejo presenta una respuesta dinámica a la temperatura: el calor aumenta la interacción entre RPAP3 y RuvBL2 y favorece la asociación del complejo R2T con gránulos de estrés y con polisomas.

Este TFM abordará una pregunta aún sin explorar: ¿es esta respuesta una innovación de las plantas con semilla o constituye un mecanismo ancestral de adaptación al estrés? Para responderla utilizaremos *Marchantia polymorpha*, una hepática perteneciente a uno de los primeros linajes de plantas terrestres. *Marchantia* ofrece, además, una oportunidad especialmente interesante desde el punto de vista evolutivo: conserva PIH1D1, un componente del complejo ancestral R2TP que se perdió durante la evolución de las plantas — está ausente en las plantas con semilla— y que podría modificar su arquitectura y su especialización funcional.

El proyecto combinará la biología estructural computacional con la experimentación. Partiendo de la estructura experimental del R2T de *Arabidopsis*¹, se utilizarán herramientas actuales de predicción estructural para reconstruir los complejos R2T y R2TP de *Marchantia* y analizar cómo la incorporación de PIH1D1 modifica su organización e interacciones. Estas predicciones servirán para diseñar experimentos de interacción proteína-proteína mediante doble híbrido en levadura y co-inmunoprecipitación.

Una segunda parte del proyecto permitirá observar directamente la respuesta del complejo en la planta. Utilizando líneas de *Marchantia* que expresan componentes de R2T fusionados a proteínas fluorescentes, estudiaremos mediante microscopía confocal si los cambios de temperatura inducen su relocalización y la formación de condensados celulares, comparándolas con las de marcadores de gránulos de estrés. Mutantes CRISPR/Cas9 y líneas de sobreexpresión permitirán, además, explorar la importancia de estos componentes para el crecimiento y la tolerancia a la temperatura. También se investigará, de forma exploratoria, su posible asociación con los polisomas.

El estudiante participará así en un proyecto en desarrollo en el que podrá integrar predicción estructural, genética, biología molecular, bioquímica y microscopía para investigar cómo un sistema de proteostasis, conservado a lo largo de la evolución, contribuye a la adaptación de las plantas a un ambiente cambiante.

1. Palacios-Abella A, López-Perrote A, Boskovic J, Fonseca S, Úrbez C, Rubio V, Llorca O*, Alabadí D* (2025) The structure of the R2T complex reveals a different architecture from the related HSP90 cochaperone R2TP. Structure 33:988.

Información de contacto: dalabadi@ibmcp.upv.es; alpaab1@upvnet.upv.es
<https://plasticity.webs.upv.es/>

Proyecto: Semillas que mejoran los frutos: Caracterización de efectos de xenia en tomate.

Investigadores: Vicente Balanzá

España es uno de los mayores productores y exportadores de frutas y hortalizas de Europa. La calidad de los estas influyen de manera diferencial en las preferencias del consumidor y su comercialización, por lo que se han destinado importantes inversiones a mejorarlas. Aspectos claves de mejora, por ejemplo, en tomate, incluyen el sabor (equilibrio de azúcares y ácidos), el tamaño y forma, coloración, vida útil y resistencia a plagas. Estos objetivos suelen ser interdependientes, contribuyendo al valor comercial general del cultivo y garantizando la satisfacción del consumidor.

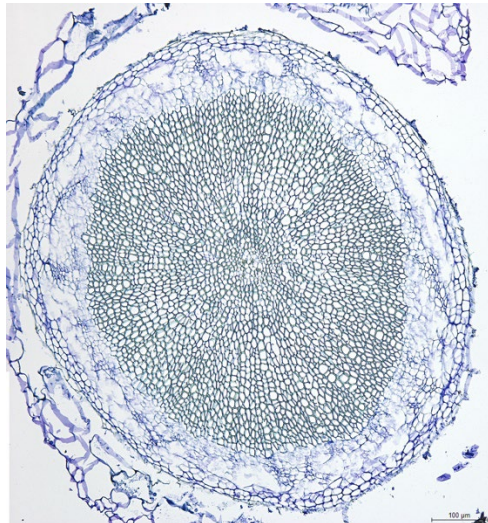
La mejora de estas características puede lograrse mediante prácticas de mejora genética clásica y técnicas agronómicas, así como métodos de manejo postcosecha, y en los últimos años la edición génica también ha contribuido a la mejora de algunos cultivos a pesar de la legislación vigente en la Unión Europea. Una de las prácticas agronómicas prometedoras para mejorar la calidad del fruto consiste en explotar el fenómeno genético conocido como xenia, un proceso mediante el cual el polen influye directamente en el desarrollo de características del fruto, como el tamaño, el color y la textura, independientemente de la contribución genética del progenitor materno. En otras palabras, la formación de semillas con diferente dotación genética (diferente fuente de polen) puede modificar el desarrollo de los tejidos maternos. Sorprendentemente, a pesar de la relevancia que la xenia puede tener en la agricultura, no se ha realizado ningún estudio sistemático sobre este proceso, desconociéndose los posibles mecanismos y señales moleculares que la controlan

En el TFM que os proponemos está orientado a comprender los mecanismos y señales mediante los cuales las semillas pueden modificar los tejidos de las plantas madre, centrándonos en algunos de los fenómenos de xenia observados previamente en el laboratorio en frutos de tomate. Para ello, en paralelo o tras la caracterización detalladas del fenómeno de xenia elegido (desarrollo de tricomas glandulares en pericarpo, coloración del pericarpo, tamaño del fruto,...) se realizarán análisis transcriptómicos de los frutos polinizados con diferentes parentales y se identificarán genes candidatos que puedan explicar el efecto observado. Estos resultados se comprobarán mediante técnicas de hibridación in situ (RNAscore) y Q-PCR así como por la generación de mutantes (CRISPR/Cas9) y líneas de sobreexpresión de los candidatos seleccionados.

Información de contacto: vbalanza@ibmcp.upv.es

Proyecto: Regulación de la formación de madera en respuesta al ambiente**Investigadores: Noel Blanco-Touriñán, Antonio Serrano-Mislata**

La madera es un recurso renovable de enorme importancia económica y uno de los principales reservorios de carbono de la biosfera. Entender cómo las plantas regulan su producción es especialmente relevante en un contexto de cambio climático. Datos previos de nuestro laboratorio muestran que las altas temperaturas aumentan la producción de xilema secundario, principal componente de la madera, en *Arabidopsis thaliana*. Sin embargo, esta respuesta varía entre distintos ecotipos, proporcionando una oportunidad para identificar mediante variación natural nuevos reguladores de la formación de xilema. Este TFM investigará a nivel celular y molecular cómo actúan estos reguladores y su potencial para modular la producción de madera, combinando microscopía confocal, análisis de imagen asistido por inteligencia artificial, transcriptómica, bioquímica y edición genética mediante CRISPR-Cas9 específico de tejido. Para estudiantes interesados en evolución, el proyecto también podrá orientarse al estudio comparativo de cómo estas redes reguladoras se han ensamblado durante la evolución de las plantas terrestres.



Información de contacto: noelblanco@ibmcp.upv.es
<http://plasticity.ibmcp.csic.es/>

Proyecto: Bioacústica vegetal y decodificación de emisiones ultrasónicas.

Investigador: Javier Brumós.

Durante más de un siglo, la interacción planta-entorno se ha analizado principalmente a través de señales visuales y químicas. Sin embargo, la bioacústica vegetal ha emergido como una dimensión revolucionaria al demostrar que las plantas vasculares emiten ondas acústicas en el rango ultrasónico (20–150 kHz) en respuesta a diversas perturbaciones ambientales.

El mecanismo biofísico fundamental tras estas emisiones ultrasónicas es la cavitación del xilema. Durante episodios de déficit hídrico, la fractura de las columnas de agua en el xilema produce pulsos elásticos transitorios que se registran como emisiones ultrasónicas. La monitorización sin contacto mediante micrófonos de ultrasonidos de alta sensibilidad ha demostrado que estas emisiones son transmitidas por el aire y contienen información sobre el tipo de estrés y la especie vegetal. Mediante el procesamiento de señales y la extracción de parámetros acústicos es posible emplear algoritmos de aprendizaje (machine learning) para identificar fenotipos acústicos y detectar el estrés hídrico de forma temprana antes de que aparezcan síntomas visibles.

En nuestro laboratorio, somos pioneros en el análisis de las emisiones ultrasónicas aéreas. Hemos desarrollado metodologías avanzadas de aislamiento acústico y sistemas de monitorización sin contacto integrados con modelos de inteligencia artificial para clasificar la dinámica del estrés en tiempo real. Nuestro grupo ofrece un entorno multidisciplinar donde se combina la fisiología vegetal, la biofísica, la biología molecular y la bioinformática.

Durante el TFM, la estudiante participará en un proyecto enfocado en la caracterización del fenotipo acústico y la respuesta fisiológica de cultivos bajo condiciones de estrés. Las tareas a desarrollar incluirán el diseño de ensayos controlados de estrés, la captura y filtrado de señales ultrasónicas mediante sensorización avanzada, y el entrenamiento de modelos de clasificación por machine learning. Dependiendo de los intereses del estudiante, el trabajo podrá profundizar en la caracterización anatómica de los tejidos responsables de la generación de las emisiones acústicas o en la evaluación de respuestas moleculares a estas emisiones.

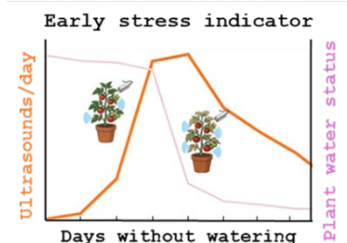
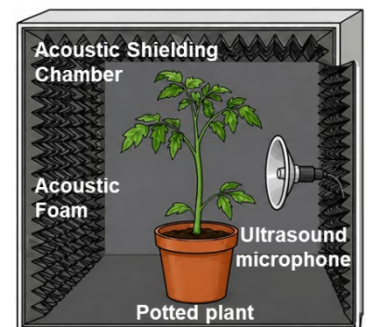
Este proyecto cuenta con un elevado potencial de transferencia tecnológica en el ámbito de la agricultura de precisión. La implementación de estos sensores “continuos no invasivos” sienta las bases del llamado Internet de las Plantas (Internet of Plants), con aplicación directa en el desarrollo de sensores autónomos de campo, el control inteligente de riegos y, por tanto, la optimización del uso de recursos hídricos.

Palabras clave: Bioacústica, ultrasonidos, estrés, agricultura personalizada, machine learning.

Más información: Font Bordera P, *et al.* Plant bioacoustics: decoding ultrasonic emissions. Journal of Experimental Botany. 2026. <https://doi.org/10.1093/jxb/erag398>

Información de contacto: jbrumos@ibmcp.upv.es

Podéis encontrarnos en el Laboratorio 1.07



Proyecto: Papel de la SUMOilación en plantas no vasculares

Investigador: Miguel A. Blázquez

La SUMOilación es una modificación postraduccional que regula la actividad de cientos de proteínas en todos los organismos eucariotas. A veces, la incorporación de SUMO a una proteína le permite interaccionar mejor con otras proteínas, y otras veces lo contrario. En plantas, se ha propuesto que la SUMOilación sirve para integrar información ambiental, en particular en procesos relacionados con la respuesta a situaciones de **estrés**. Sin embargo, esta propuesta se basa en estudios realizados únicamente con angiospermas como *Arabidopsis* o arroz. Las plantas de otros linajes como las **briófitas** (plantas no vasculares como musgos o hepáticas) también poseen todos los componentes del sistema de SUMOilación, pero en éstas no se sabe nada acerca de su función biológica.

El **objetivo** de este TFM es encontrar los procesos principales que están regulados por SUMOilación en plantas no vasculares. Para ello se propone la combinación de dos abordajes:

- Generar mediante CRISPR/Cas9 mutaciones en las enzimas que regulan la SUMOilación (o la des-SUMOilación) en la hepática *Marchantia polymorpha* de proteínas, para estudiar su fenotipo en distintas condiciones ambientales.
- Confeccionar un catálogo de proteínas SUMOiladas de *M. polymorpha* mediante su aislamiento empleando técnicas de inmunoprecipitación y su identificación mediante espectroscopía de masas (MS), para lo que contamos con el Servicio de Proteómica de la U. de Valencia.

Con estos dos abordajes esperamos obtener suficientes indicios sobre el grado de conservación funcional de la SUMOilación en el conjunto de las plantas terrestres, y sobre posibles procesos específicos de briófitas que también requieran esta modificación para su correcto funcionamiento.

Más información aquí:

- Ghosh S, Mellado Sanchez M, Sue-Ob K, Roy D, Jones A, Blazquez MA, Sadanandom A. (2024)

Charting the evolutionary path of the SUMO modification system in plants reveals molecular hardwiring of development to stress adaptation.

Plant Cell 36:3131-3144.

- Sang T, Xu Y, Qin G, Zhao S, Hsu CC, Wang P. (2024)

Highly sensitive site-specific SUMOylation proteomics in *Arabidopsis*.

Nat Plants 10:1330-1342.

Información de contacto: mblazquez@ibmcp.upv.es

<http://plasticity.ibmcp.csic.es/>

Proyecto: Desvelando la diversidad evolutiva de la integración de las señales de luz y temperatura en plantas.

Investigador: Bruno Catarino

Las plantas son capaces de integrar las señales de luz y temperatura en su desarrollo para ajustarse con precisión a su entorno. Se ha demostrado que uno de los mecanismos clave por los que se integran ambas señales está conservado en las plantas terrestres. La angiosperma *Arabidopsis thaliana* y la briófito *Marchantia polymorpha* emplean un módulo central conservado, formado por los fitocromos, que actúan como receptores de luz y sensores de temperatura, y por los factores de transcripción PIF y HY5, para regular las respuestas que se desencadenan aguas abajo de la luz y la temperatura. Sin embargo, las rutas transcripcionales y reguladoras que operan aguas abajo de este módulo central parecen haberse diversificado enormemente en las plantas terrestres. Aún se desconoce cuáles son las rutas específicas de cada linaje que confieren esta diversificación en las plantas terrestres y que, en último término, subyacen a la adaptación de las plantas a distintos nichos ecológicos.

Para responder a esta pregunta, proponemos las siguientes actividades: (1) realizar análisis ómicos comparativos de las respuestas a la luz y a la temperatura en plantas terrestres; (2) identificar módulos reguladores específicos de cada linaje; y (3) generar y caracterizar mutantes de pérdida de función de componentes de dichos módulos.

El/la estudiante aprenderá distintos métodos de transformación vegetal, llevará a cabo análisis bioinformáticos (ómicos) y adquirirá experiencia en clonaje molecular y en otras técnicas de biología molecular. Al mismo tiempo, se integrará en un grupo dinámico en el que se estudian distintos aspectos de la señalización y el desarrollo en plantas. Para más información sobre el laboratorio, puede consultarse nuestra página web.

Información de contacto: bcatari@ibmcp.upv.es
<https://plasticity.webs.upv.es/>

Proyecto: El control de la natalidad en plantas: Identificación de factores en el control del final de la floración.

Investigadoras: Cristina Ferrándiz, Patricia Ballester

Todos sabemos que la población mundial crece a un ritmo que pone en peligro la seguridad alimentaria, ya que la superficie cultivable en el planeta es limitada, y las consecuencias del cambio climático (aumento de la temperatura, sequía, erosión, ...) están ya provocando la pérdida de miles de hectáreas cultivables. Ante este escenario, el desarrollo de plantas mas productivas y mejor adaptadas a las nuevas condiciones climáticas son una prioridad para la comunidad científica.

La producción de frutos y semillas depende en gran medida de la actividad de los meristemos inflorescentes que las plantas desarrollan durante la etapa reproductiva, y en consecuencia, del tiempo que dura esta actividad. A diferencia de otros procesos en plantas, se conoce bastante poco sobre su regulación. Uno de los objetivos principales de nuestro laboratorio es la identificación y caracterización de los mecanismos moleculares que controlan este proceso teniendo como propósito final la mejora de plantas de interés agronómico: retrasar el final de la floración supone aumentar el numero de flores/frutos/semillas producidos, y puede ayudarnos a prolongar las temporadas de la fruta y a incrementar el rendimiento de las explotaciones agrarias.

En plantas, el final de la etapa reproductiva esta controlado principalmente por dos mecanismos. Uno de ellos ha sido recientemente descrito por nuestro grupo, identificando una ruta génica dependiente de la edad que controla la actividad del meristemo inflorescente al final de la floración: La ruta FRUITFULL-APETALA2 (FUL-AP2) (Balanà et al. 2018). El otro mecanismo está controlado y depende del número de semillas (las hijas) que la planta produce. Aunque este mecanismo se conoce desde hace mas de un siglo, las bases moleculares que lo gobiernan todavía son desconocidas. Se ha propuesto que el control del final de la floración ejercido por las semillas dependería, entre otros factores, a la existencia de una posible una señal móvil generada en las semillas que afectaría al funcionamiento del meristemo inflorescente y que una vez alcanzados unos niveles determinados desencadenaría el final de la floración suprimiendo la actividad meristemática y cesando el periodo reproductivo, una especie de “menopausia vegetal”.

Una hipótesis que barajamos en el laboratorio es que la producción o la actividad de esta señal podría estar fuertemente influenciada por factores ambientales como la sequía, la luz o la temperatura, y que se prevé que cambiaran considerablemente en los próximos años. Actualmente hemos identificado diferentes candidatos que podrían formar parte de esta señal generada por las semillas, entre los que se encuentran pequeñas proteínas móviles y miRNAs, o de sus mecanismos de recepción. El TFM que proponemos consiste en la caracterización fenotípica y molecular de mutantes para estos candidatos en diferentes condiciones de crecimiento, como en presencia o ausencia de semillas, en respuesta a diferentes rangos de temperatura o diferentes grados de sequia. Estos análisis se combinarán con el estudio de sus patrones de expresión mediante hibridación *in situ* y análisis por microscopia confocal de reporteros fluorescentes, etc. Por último, se analizará como estos posibles candidatos interaccionan o se integran a nivel de la ruta FUL-AP2, mediante la generación de combinaciones de mutantes y el análisis de líneas marcadoras.

Balanà et al. Genetic control of meristem arrest and life span in *Arabidopsis* by a FRUITFULL-APETALA pathway. *Nat Commun* 9, 565 (2018).

Información de contacto: cferrandiz@ibmcp.upv.es, pballester@ibmcp.upv.es

Proyecto: Memoria del estrés térmico en plantas

Investigador: Javier Gallego Bartolomé

Las plantas pueden “recordar” experiencias previas de estrés y responder de forma más rápida o intensa cuando vuelven a enfrentarse a condiciones similares. Este fenómeno, conocido como memoria del estrés, implica cambios duraderos en la expresión génica y en el estado de la cromatina.

¿Por qué es importante?

La memoria del estrés puede ayudar a las plantas a adaptarse mejor a episodios repetidos de altas temperaturas. Sin embargo, todavía conocemos poco sobre los mecanismos moleculares que permiten mantener determinados genes preparados para ser reactivados.

En nuestro laboratorio estudiamos el complejo MAS, un remodelador de cromatina que regula la accesibilidad al ADN. Nuestra hipótesis es que MAS podría permanecer asociado a genes de memoria después de un primer episodio de calor, manteniendo una cromatina favorable para su rápida reactivación. Además, analizaremos si marcas epigenéticas como H3K4me3 contribuyen al reclutamiento de MAS a estos genes.

¿Qué investigarás?

Si te unes a este proyecto:

- Analizarás si mutantes de MAS presentan defectos en la memoria del estrés térmico.
- Estudiarás la activación y reactivación de genes de memoria mediante RT-qPCR y, potencialmente, RNA-seq.
- Analizarás cambios en cromatina y en la asociación de MAS con genes de memoria mediante ChIP-qPCR y MNase-qPCR.
- Participarás en la generación y caracterización de nuevos mutantes mediante CRISPR/Cas9 de proteínas implicadas en el reconocimiento de señales epigenéticas.

¿Qué aprenderás?

Este proyecto te permitirá adquirir experiencia en genética y biología molecular de plantas, respuesta a estrés, edición génica mediante CRISPR/Cas9 y técnicas para estudiar regulación génica y cromatina.

Existe la posibilidad de continuar esta línea de investigación posteriormente mediante una tesis doctoral.

Información de contacto: jagalbar@ibmcp.upv.es

Más información sobre nuestro equipo y líneas de investigación:

<https://epigenetic.webs.upv.es/>

Proyecto: Identificación de proteínas móviles implicadas en el desarrollo reproductivo del tomate.

Investigadora: Concha Gómez Mena

En las plantas de tomate, los estambres (generalmente seis) están fusionados lateralmente, formando un cono hueco que rodea un gineceo compuesto por dos o más carpelos. Los diferentes tejidos que componen las anteras se desarrollan secuencialmente en función de su posición relativa, lo que sugiere que la comunicación célula a célula es fundamental para coordinar su crecimiento y desarrollo. Por otra parte, la conexión entre la esterilidad masculina y la formación de frutos sin semillas también sugiere otro nivel de comunicación entre órganos adyacentes: los estambres y el ovario.

En plantas, se han descrito diferentes señales móviles que participan en la comunicación entre órganos distantes, las cuales incluyen miRNAs, hormonas, compuestos volátiles, proteínas y péptidos. En particular, las proteínas móviles en plantas son moléculas que desempeñan un papel crucial en la comunicación intracelular y a larga distancia, participando en procesos de desarrollo y en la respuesta de las plantas a las condiciones ambientales. Estas proteínas pueden desplazarse a distancias cortas a través del simplasto (conexiones entre células vecinas mediante los plasmodesmos) o del apoplasto (espacio extracelular), y a menudo, recorren distancias medias y largas a través del floema.

El proyecto del TFM conlleva la identificación de proteínas móviles candidatas a participar en la regulación del ovario mediante el análisis de exudados floemáticos de estambres. Para los mejores candidatos, se generarán construcciones para llevar a cabo edición genética con la tecnología CRISPR/Cas9. Finalmente, se estudiará el fenotipo de las plantas mutantes de tomate, con especial atención a su desarrollo reproductivo.

La participación en este proyecto implica la utilización de técnicas de biología molecular, genética, microscopía y transformación de plantas.

Información de contacto: cgomez@ibmcp.upv.es

Proyecto: Genética del tamaño de semilla en Arabidopsis. *GAI* y sus interacciones.

Investigadores: Pablo Tornero y Miguel Á. Pérez-Amador.

Como se menciona en el otro TFM ofertado por nuestro laboratorio, el mutante de ganancia de función *gai-1* tiene un mayor tamaño de semilla que la línea silvestre. Además, las plantas que contienen esta mutación son más resistentes a sequía. Pero en su parte negativa, las plantas *gai-1* son más pequeñas y crecen lentamente. El objetivo de este trabajo es la identificación de las interacciones genéticas entre *gai-1* y otros mutantes de tamaño de semilla de Arabidopsis.

Por un lado, estamos construyendo dobles mutantes entre *gai-1* y mutantes descritos para medir el tamaño de las semillas resultantes. De esta forma podremos describir interacciones genéticas que posicionen a GAI dentro del mapa de señalización en el tamaño de semilla. Por otra parte, estamos rastreando mutaciones en un fondo *gai-1*. Al buscar semillas más grandes que el propio *gai-1* esperamos poner de manifiesto los genes que ejecutan la señal de *gai-1*. Como hemos mencionado, las plantas *gai-1* son más pequeñas, así que también estamos buscando mutaciones que reviertan este fenotipo, pero sin afectar al tamaño de semilla. Es decir, queremos conocer cómo se producen semillas más grandes, y si es posible separar este fenotipo del que produce plantas pequeñas. Por tanto, planteamos un objetivo puramente científico que a la vez tiene una aplicación marcadamente biotecnológica.

Las técnicas a utilizar en este trabajo serán las propias de la biología molecular, genética, y bioinformática.

Información de contacto: ptornero@ibmcp.upv.es, mpereza@ibmcp.upv.es
<https://ibmcp.webs.upv.es/grupos-investigacion/senalizacion-hormonal-del-desarrollo-de-frutos-y-semillas/>

Proyecto: Too close for comfort: exploring the molecular and genetic basis of shade avoidance and tolerance in plants

Investigador: Jaume Martínez

In many plant ecosystems, including forests and agricultural communities, **vegetation proximity** reduces the amount and quality of light available for photosynthesis. Plants have evolved two alternative strategies to cope with this condition: **shade avoidance** and **shade tolerance**. Shade-avoiding species, such as *Arabidopsis thaliana*, respond to shade by promoting stem or hypocotyl elongation, accelerating flowering, and adjusting photosynthetic activity. In contrast, **shade-tolerant species**, such as the close relative *Cardamine hirsuta*, lack the characteristic elongation response and are better adapted to growth under low-light conditions.



→ Although the regulation of shade avoidance is relatively well understood, much less is known about shade tolerance. Our work has shown that **(1)** both strategies involve the same core genetic components, **(2)** but that these components exhibit distinct activities in *Arabidopsis* and *Cardamine*.

→ We are now investigating **(i)** how these components function in *A. thaliana* and **(ii)** which molecular and mechanistic differences between the two species account for their divergent responses to vegetation shade. Understanding these mechanisms could ultimately contribute to the development of crops that maintain high yields under high-density planting, including **regenerative agricultural systems** based on intercropping and increased crop biodiversity.

→ The proposed TFM will use comparative genetic, molecular, and mechanistic approaches in *Arabidopsis* and *Cardamine* to investigate how evolution has shaped divergent responses to the same environmental stimulus and to identify the mechanisms underlying shade avoidance versus shade tolerance.

REFERENCES of the group: DOI, 10.1093/plphys/kiag602, 10.1111/nph.70384, doi.org/10.3390/plants13223212, 10.1093/plphys/kiac417, 10.1111/nph.19047, 10.15252/embj.2019104273

Información de contacto: jaume.martinez@ibmcp.upv.es
<https://ibmcp.upv.es/research-groups/light-and-shade-regulation-of-plant-development/>

Proyecto: Regulación génica y hormonal de la función del meristemo apical

Investigadora: Paz Merelo

El meristemo apical (o SAM, del inglés shoot apical meristem) es la fuente de células madre responsable de la formación de las partes aéreas de la planta, como hojas, tallos o flores. El correcto funcionamiento del SAM constituye una diana importante en programas de mejora de cultivos ya que determina la tasa de producción de flores y, en consecuencia, de frutos y semillas. Por tanto, entender las bases moleculares de la regulación de la actividad del meristemo es crucial para modular la cosecha final.

Gran parte de los estudios sobre el control de la actividad del SAM se han centrado en las fitohormonas citoquininas y auxinas. Sin embargo, se conoce poco sobre la función de otras hormonas en el SAM. Los resultados preliminares obtenidos en el laboratorio señalan al ácido abscísico (ABA) y los brasinosteroides (BRs) como posibles nuevos reguladores de la actividad del SAM. Además, genes clave del meristemo como *WUSCHEL* (*WUS*), *CLAVATA3* (*CLV3*) y *SHOOT MERISTEMLESS* (*STM*) podrían actuar aguas abajo del ABA y los BRs.

Los objetivos específicos de este Trabajo Fin de Máster son **(1)** estudiar si el ABA participa en la función del SAM de manera directa y **(2)** detectar qué factores de señalización del ABA controlan transcripcionalmente o post-transcripcionalmente a los reguladores clave del meristemo (*WUS*, *CLV3* y *STM*). Para ello, el/la estudiante empleará técnicas de biología molecular, genética y microscopía confocal. Se generarán líneas reporteras fluorescentes de los genes de interés y se monitorizará el SAM de las líneas resultantes mediante “live imaging” (Figura). Además, el/la estudiante aprenderá a procesar imágenes 3D utilizando softwares que permiten cuantificar expresión génica y otros parámetros morfodinámicos del SAM. También, se llevarán a cabo análisis fenotípicos de mutantes o tras tratamientos hormonales y se evaluarán diferentes marcadores fluorescentes asociados al SAM.

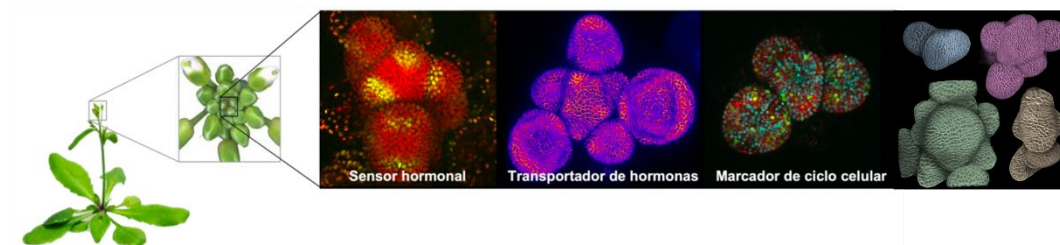


Figura. Imágenes de microscopía confocal del meristemo apical de *Arabidopsis* tomadas en el laboratorio.

Información de contacto: pmerelo@ibmcp.upv.es.

https://ibmcp.upv.es/grupos_investigacion/dinamica-del-meristemo-apical/

Proyecto: Ingeniería de proteínas en aldo-ceto reductasas (AKRs) vegetales: diseño computacional y optimización catalítica para la mejora de la resiliencia al estrés y el flujo metabólico.

Investigador: Anselm Morell

Las aldo-ceto reductasas (AKRs) vegetales participan de forma clave en la detoxificación celular frente al estrés oxidativo y en la homeostasis de intermediarios metabólicos. Este proyecto combina diseño racional de proteínas y validación funcional *in planta* para optimizar la eficiencia catalítica de miembros clave de esta superfamilia.

Inicialmente, se emplearán herramientas bioinformáticas de modelado estructural y acoplamiento molecular para identificar residuos determinantes en el bolsillo catalítico y modular la afinidad hacia carbonilos reactivos derivados del estrés oxidativo y precursores biosintéticos. Las variantes candidatas se obtendrán mediante mutagénesis dirigida y se expresarán de forma heteróloga en *Escherichia coli* para su purificación. La funcionalidad de las isoformas optimizadas se validará mediante caracterización bioquímica, determinando sus parámetros cinéticos en estado estacionario (K_m , K_{cat} , K_{cat}/K_m) frente a un panel de sustratos diana. Finalmente, las variantes con mayor eficiencia catalítica se expresarán en un modelo vegetal (*Marchantia polymorpha*) mediante transformación mediada por *Agrobacterium tumefaciens*, con el fin de evaluar la adquisición de resiliencia a estreses abióticos y la modulación del perfil metabólico.

Información de contacto: anmog15@ibmcp.upv.es
<http://plasticity.ibmcp.csic.es/>

Proyecto: Degradación de GIGANTEA mediada por COP1: un reloj molecular para la temporalización de las respuestas a la luz en plantas

Investigadora: María A. Nohales

Las plantas, como organismos fotosintéticos sésiles, dependen de una interpretación precisa de la luz para sincronizar su desarrollo con el ambiente: cuándo florecer, cómo medir la duración del día o cómo ajustar su crecimiento. Una proteína cuya función es clave en esta sincronización es GIGANTEA (GI), un componente central del reloj circadiano y de la señalización lumínica cuya abundancia debe controlarse con exactitud temporal. En este contexto, el presente TFM investiga un mecanismo clave de dicho control: la degradación de GI por la E3 ubiquitina ligasa COP1 en el núcleo. A través de su ejecución, el TFM dará respuesta a cuestiones fundamentales de dicha regulación: ¿cómo, cuándo y dónde COP1 marca a GIGANTEA para su degradación, y qué consecuencias tiene esto sobre la temporalización de los procesos regulados por luz?

El proyecto es de naturaleza molecular y fundamental, pero conecta directamente con retos aplicados de notable actualidad, tales como la interacción de las plantas con el ambiente en el actual contexto de cambio climático.

Objetivos y metodología:

- Caracterizar la interacción física COP1–GI y su regulación por luz mediante ensayos de interacción proteína–proteína y localización subcelular.
- Analizar la estabilidad y dinámica de GI (ensayos de degradación y ubiquitinación) bajo distintas condiciones lumínicas.
- Evaluar el impacto funcional sobre procesos regulados por el reloj (floración, elongación del hipocotilo, expresión génica rítmica) en Arabidopsis, mediante herramientas genéticas y de biología molecular.

Relevancia: Comprender cómo el reloj molecular temporaliza las respuestas de las plantas al ambiente constituye la base para el diseño de cultivos mejor adaptados. Los genes del tipo GIGANTEA controlan la floración, la tolerancia al estrés y la eficiencia en el uso del agua, rasgos determinantes para una agricultura resiliente frente al cambio climático. Descifrar la regulación de su degradación abre la puerta a estrategias biotecnológicas — para el ajuste de los tiempos de floración o la adaptación a nuevas latitudes o estaciones— con potencial real para la mejora vegetal.

Qué ofrecemos: formación sólida en técnicas de bioquímica, biología molecular y genética vegetal, en un entorno estimulante, con acompañamiento cercano y proyección hacia una tesis doctoral.

Para saber más sobre nosotros: <https://plasticity.webs.upv.es/index.html>
https://ibmcp.upv.es/grupos_investigacion/regulacion-circadiana-interacciones-plantas-ambiente/

Información de contacto: manozaf@ibmcp.upv.es

Proyecto: Desarrollo de fármacos contra la sequía utilizando la ruta del ABA y agonistas de sus receptores

Investigador: Pedro Rodríguez Egea

La hormona ácido abscísico (ABA) coordina las respuestas adaptativas a la sequía para mejorar la supervivencia y la productividad de las plantas en situaciones de estrés hídrico. En nuestro grupo se han implementado varias estrategias para mejorar la resistencia a la sequía basadas en la activación de los receptores del ABA (Jiménez-Arias et al., 2023; Sánchez-Olvera et al., 2024; Bono et al., 2024, 2025, 2026 en prensa). Por ejemplo, la generación de compuestos agroquímicos que imitan la acción del ABA y presentan mayor persistencia, así como enfoques genéticos destinados a reforzar la respuesta de la planta mediante la sobreexpresión de los receptores. Recientemente, utilizando enfoques basados en la estructura atómica de los receptores, el rastreo de pequeñas moléculas y la síntesis mediante química orgánica, hemos inducido de manera eficiente la señalización de ABA en la planta modelo *A. thaliana* (Lozano-Juste et al., 2023; Bono et al., 2025). Hemos desarrollado un receptor de ABA personalizado y una nueva molécula agonista (iSB09), cuya combinación podría mejorar la eficiencia del uso del agua en la agricultura. La combinación de un receptor de ABA personalizado y un compuesto químico diseñado racionalmente para encajar en su cavidad ofrece varias ventajas en términos de tiempo y de modulación de la respuesta a ABA. Nuestro objetivo es transferir esta tecnología al trigo y al tomate, y el estudiante participará en este proyecto junto con el equipo de trabajo de nuestro laboratorio. El plan de investigación implicará la expresión del receptor PYL1_5m en trigo y tomate, así como la caracterización fisiológica y molecular de la respuesta del trigo al déficit hídrico tras la pulverización con iSB09. Mediremos los parámetros fotosintéticos y de transpiración, así como la regulación de la expresión génica y la apertura estomática inducida por iSB09. El proyecto también incluye estudios estructurales para modificar y optimizar el ligando.

Información de contacto: prodriguez@ibmcp.upv.es

<https://www.scopus.com/authid/detail.uri?authorId=57208812924>

Proyecto: Estudio de la conservación evolutiva de la señalización sistémica en respuesta a las heridas en plantas

Investigadoras: Maite Sanmartín y Sonia Boscó

Las plantas han desarrollado complejas rutas de señalización para responder a los ataques externos y asegurar su supervivencia. En plantas vasculares, estas respuestas se activan no solo de manera local, sino también en tejidos distales para poder defenderse frente a ataques posteriores. Para establecer estas respuestas sistémicas se ha demostrado que son esenciales los cambios en los potenciales de membrana y los incrementos en los niveles de calcio, que van acompañados de la producción de señales químicas que se transmiten a los tejidos distales para activar las respuestas al daño. La generación de estas señales sistémicas depende de la actividad de los canales iónicos de tipo Receptor de Glutamato (GLR), que se expresan en el sistema vascular, y es por ello, que la transmisión de las señales sistémicas en respuesta a heridas ocurre principalmente a través de tejidos vasculares. Sin embargo, **se desconoce cómo responden las plantas no vasculares a las heridas y si activan respuestas sistémicas**.

Para abordar estas preguntas, estamos utilizando la hepática *Marchantia polymorpha*, una especie no vascular, modelo para estudios evolutivos (Fig. 1A). El trabajo que estamos llevando a cabo en el laboratorio ha permitido demostrar que, en *Marchantia*, se generan señales eléctricas e incrementos en los niveles de calcio en respuesta a las heridas, que se propagan desde los tejidos dañados a los tejidos no dañados (Fig. 1B). Además, el análisis funcional de *MpGLR*, el único GLR codificado en el genoma de *Marchantia* indica que la actividad de este canal es necesaria para modular los cambios en los niveles de calcio en respuesta a las heridas (Sanmartin et al., 2024).

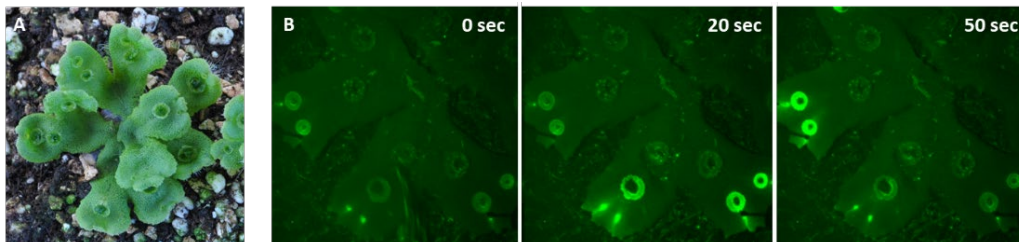


Figura 1. A) Talo de *Marchantia polymorpha*. B) Transmisión de las ondas de calcio en los tejidos distales en respuesta a una herida en *Marchantia*. Los niveles de calcio se visualizan gracias a la activación del sensor GCaMP3 que portan plantas transgénicas generadas en el laboratorio. Panel izquierdo: planta herida; panel central: onda de calcio local a los 20 segundos en los tejidos próximos a la herida; panel derecho: activación del sensor en tejidos sistémicos.

Este Trabajo de Fin de Master tiene como objetivo **continuar la caracterización de la respuesta a las heridas en plantas no vasculares**. Para ello, se analizará la respuesta génica en respuesta a herida en tejidos dañados y sistémicos y se determinará su conservación evolutiva. Además, se definirán los factores que regulan la actividad de los canales GLR y se investigarán las interrelaciones con otros factores implicados en la activación de las rutas de señalización sistémica en respuesta a las heridas, lo que permitirá comprender de manera global la evolución de la señalización a las heridas y determinar si la adquisición del sistema vascular fue una innovación evolutiva esencial para articular una transmisión sistémica eficaz. Con este proyecto se pretende que el estudiante adquiera una sólida formación en biología molecular y celular, gracias a las distintas aproximaciones propuestas, y desarrolle un pensamiento científico crítico que le será de gran ayuda en su futuro profesional.

Contacto: maite.sanmartin@ibmcp.upv.es; sboscasj@ibmcp.upv.es

Proyecto: Células madre y estrés: control del desarrollo reproductivo bajo sequía

Investigadores: Antonio Serrano Mislata, Noel Blanco-Touriñán

Las plantas no pueden escapar de situaciones de estrés como la sequía, las temperaturas extremas o los patógenos. Para sobrevivir y reproducirse, deben ajustar continuamente su desarrollo a las condiciones ambientales, una capacidad conocida como plasticidad.

El crecimiento reproductivo de las plantas depende de la actividad de un pequeño grupo de células madre situado en el ápice de la inflorescencia, dentro de una estructura denominada meristemo apical del tallo (SAM, de “shoot apical meristem” en inglés). Cuando las condiciones ambientales son favorables, estas células se dividen continuamente para dar lugar a nuevas flores y frutos. Bajo estrés, dejan de dividirse y el desarrollo reproductivo se detiene temporalmente. Estudiar la base celular y molecular de esta respuesta es, por tanto, fundamental para entender la plasticidad vegetal.

Nuestro trabajo previo indica que, en condiciones de sequía, se activa en las células del SAM la señalización mediada por ácido abscísico (ABA). Esta activación reduce los niveles del factor transcripcional STM, un regulador clave de la división celular en el SAM, y desencadena la parada del desarrollo reproductivo. Sin embargo, todavía desconocemos de dónde procede el ABA que transmite la señal de estrés al SAM, cómo se conecta la señalización por ABA con STM, y cómo STM controla cuándo deben dividirse las células del SAM.

El TFM abordará algunas de estas preguntas mediante la combinación de análisis fisiológicos y fenotípicos con técnicas de vanguardia en biología celular y molecular, como microscopía confocal de fluorescencia, co-inmunoprecipitación de proteínas, RNA-seq y CHIP-seq. El objetivo final es comprender cómo las células madre vegetales perciben y responden al estrés y explorar nuevas estrategias para mantener la actividad reproductiva de las plantas en condiciones ambientales adversas.

Información de contacto: antserra@ibmcp.upv.es
<http://plasticity.ibmcp.csic.es/>

DEPARTAMENTO DE BIOLOGÍA DEL ESTRÉS EN PLANTAS

Proyecto: Análisis de reguladores moleculares de la endocitosis de canales de potasio en plantas.

Investigadoras: Nuria Andrés-Colás y Lynne Yenush

En nuestro grupo, investigamos estrategias biotecnológicas para optimizar la eficiencia del uso del agua de las plantas, basadas en la identificación y caracterización de nuevos mecanismos reguladores de canales de K⁺. La escasez de agua es un desafío importante para la agricultura mundial, ya que causa grandes pérdidas económicas y amenaza el suministro mundial de alimentos. En este contexto, nuestra investigación se encuentra justificada dentro de los Objetivos de Desarrollo Sostenible de las Naciones Unidas en su agenda 2030.

En condiciones de sequía, las plantas cierran los estomas (poros microscópicos en la epidermis de las hojas a través de los cuales las plantas pierden gran parte de su contenido en agua). Para el cierre y apertura de los estomas, los flujos de K⁺ son determinantes centrales y, por lo tanto, objetivos prometedores para diseñar la tolerancia de las plantas a la sequía. En concreto, este proyecto se centra en la regulación del principal canal de entrada de K⁺ en los estomas, KAT1. Por un lado, investigamos los mecanismos de regulación de la endocitosis en general y específicamente de este canal. Por otro lado, estamos estudiando la regulación de la expresión en células específicas de este canal, mediada por miRNAs.

En este proyecto, emplearemos varios sistemas modelo, incluida la expresión transitoria y estable en plantas. Además, se usarán múltiples técnicas de biología molecular y fenotipado de plantas, como la agroinfiltración de plantas, floral dipping, microscopía confocal de fluorescencia y análisis de imagen, co-IP, qPCR y Western blot, entre otras.

Información de contacto: nuanco@btc.upv.es

Proyecto: Regulación del tráfico de endomembranas por fosforilación en condiciones de ayuno de fosfato en plantas.

Investigador: Borja Belda Palazón

La investigación de nuestro laboratorio busca descubrir cómo las plantas reorganizan su maquinaria celular para adaptarse a la deficiencia de fosfato (Pi), uno de los nutrientes más limitantes para la productividad vegetal. En particular, nos centramos en el sistema de tráfico de endomembranas, una red esencial que controla el transporte y la distribución de proteínas y otros componentes dentro de la célula. Aunque existen evidencias de que este sistema desempeña un papel relevante en la respuesta al estrés nutricional, los mecanismos que regulan su ajuste aún son poco conocidos.

Este proyecto, que se desarrollará en la planta modelo *Arabidopsis thaliana*, estudiará la fosforilación como posible mecanismo de conexión entre el tráfico de endomembranas y la respuesta a la deficiencia de Pi. Se prestará especial atención a la quinasa SnRK1, un sensor central del estado energético celular que se activa cuando los recursos son limitados. Mediante aproximaciones celulares, moleculares y bioquímicas, el/la estudiante investigará cómo SnRK1 puede modular componentes del sistema de tráfico de endomembranas y las consecuencias de esta regulación para la adaptación de la planta. El trabajo permitirá adquirir experiencia en biología celular, molecular y bioquímica vegetal, contribuyendo a un conocimiento con potencial aplicación en el desarrollo de cultivos más eficientes en el uso de nutrientes.

Información de contacto: bbelda@ibmcp.upv.es

Proyecto: Aumento del tamaño de las plantas en agricultura mediante silenciamiento génico inducido por virus (Virus-induced gene silencing, VIGS).

Investigadores: Jesús Ángel Sánchez Navarro y Vicente Pallás

El aumento del tamaño de las plantas constituye un objetivo prioritario en agricultura, dado que una mayor biomasa se asocia generalmente con una mayor capacidad fotosintética, mejor cobertura vegetal y, en consecuencia, con un incremento en la producción de tejidos de interés económico, como hojas, tallos, frutos o semillas. En un contexto de cambio climático y creciente demanda alimentaria global, desarrollar estrategias que favorezcan un crecimiento más vigoroso y sostenible resulta de gran relevancia.

El tamaño vegetal está regulado por una compleja red de rutas hormonales, factores de transcripción y genes de desarrollo. Entre los reguladores clave se encuentran la señalización de giberelinas (GA), las respuestas a brassinosteroides y la acción de proteínas represoras como las DELLA o las quinasas tipo GSK3, entre ellas BIN2. La modulación negativa de estos reguladores, o el silenciamiento de genes que restringen la expansión y elongación celular, puede traducirse en un aumento significativo del desarrollo vegetativo.

En este sentido, el **silenciamiento génico inducido por virus (VIGS, por sus siglas en inglés)** representa una herramienta prometedora tanto para el estudio funcional como para la manipulación de estos procesos. El sistema VIGS aprovecha vectores virales capaces de activar la maquinaria de interferencia de RNA de la planta, lo que permite inhibir transitoriamente la expresión de genes específicos. Entre sus ventajas destacan la rapidez, la no necesidad de transformación estable y su aplicabilidad en múltiples especies cultivadas, incluidas aquellas recalcitrantes a la ingeniería genética convencional.

En el presente proyecto Fin de Máster se propone ensayar distintos **genes candidatos asociados a la restricción del crecimiento** utilizando vectores VIGS basados en el **virus del mosaico del pepino (cucumber mosaic virus, CMV)** o el **virus del mosaico de la alfalfa (alfalfa mosaic virus, AMV)**, recientemente desarrollados en nuestro laboratorio mediante la ingeniería de proteínas de movimiento de la familia 30K (Villar-Álvarez et al., 2024). Estos sistemas permiten el silenciamiento total o parcial de genes de interés utilizando secuencias relativamente pequeñas (21-48 nucleótidos), abriendo nuevas posibilidades para explorar la manipulación de la arquitectura vegetal con fines de mejora agrícola. Para ello se utilizarán tanto plantas de *Nicotiana benthamiana* como de *Arabidopsis thaliana*. Los resultados de este estudio podrían proporcionar un marco teórico y práctico para la aplicación de VIGS en una amplia gama de cultivos de importancia agrícola mediante el uso de herramientas biotecnológicas.

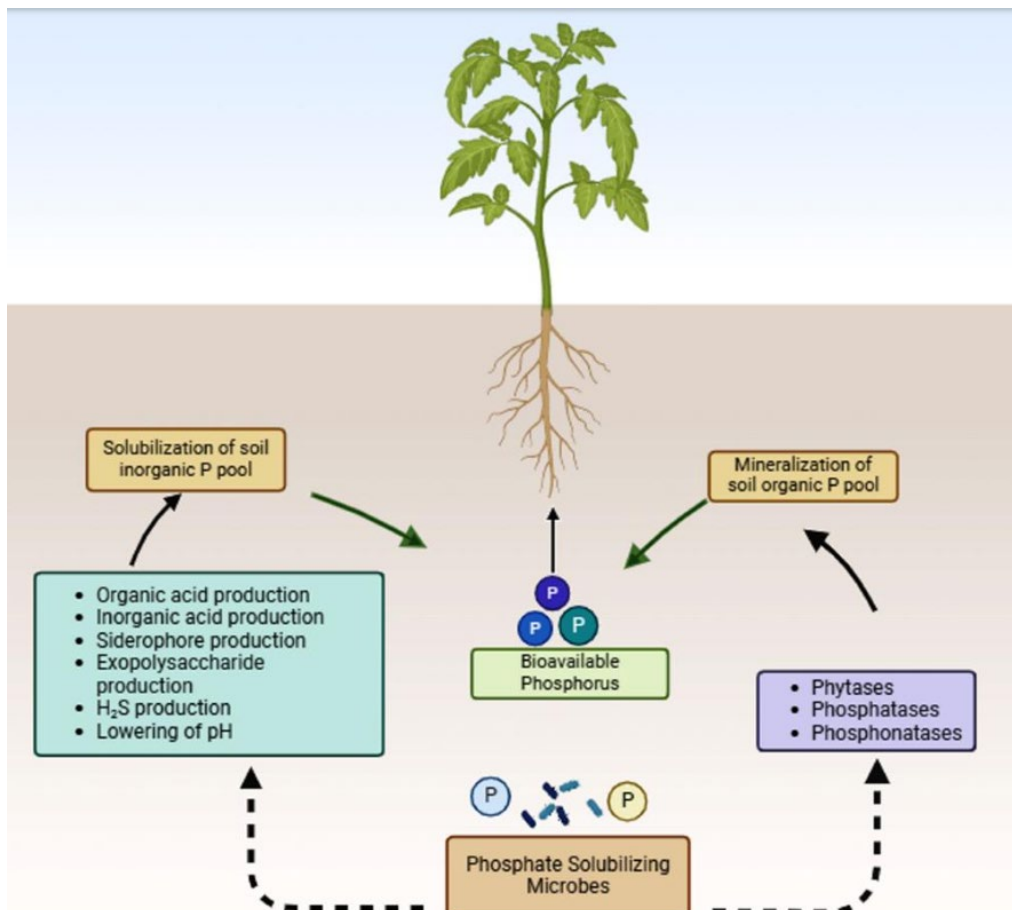
Información de contacto: jesanche@ibmcp.upv.es / vpallas@ibmcp.upv.es

Proyecto: Caracterización y modificación genética de bacterias implicadas en la solubilización de fósforo

Investigador: Eduardo Bueso Ródenas

El proyecto se centra en el estudio de bacterias PGPR (promotoras del crecimiento vegetal) aisladas de la rizosfera y de su potencial para mejorar la disponibilidad de fósforo en el suelo. En particular, se estudian los mecanismos relacionados con la producción de compuestos acidificantes, como el ácido glucónico, y los genes implicados en esta capacidad, con especial interés en la ruta de biosíntesis de PQQ. Actualmente, a partir de estas bacterias naturales se están desarrollando diferentes estrategias de ingeniería genética para estudiar y potenciar esta función mediante clonación por Gibson.

Asimismo, se estudia la transferencia de estas capacidades entre bacterias mediante conjugación, como aproximación hacia el desarrollo de un bioestimulante microbiano capaz de favorecer la solubilización de fósforo en el suelo. El objetivo final del proyecto es contribuir al desarrollo de alternativas biotecnológicas que permitan mejorar el aprovechamiento del fósforo y reducir la dependencia de fuentes de fósforo mineral utilizadas actualmente en fertilizantes.

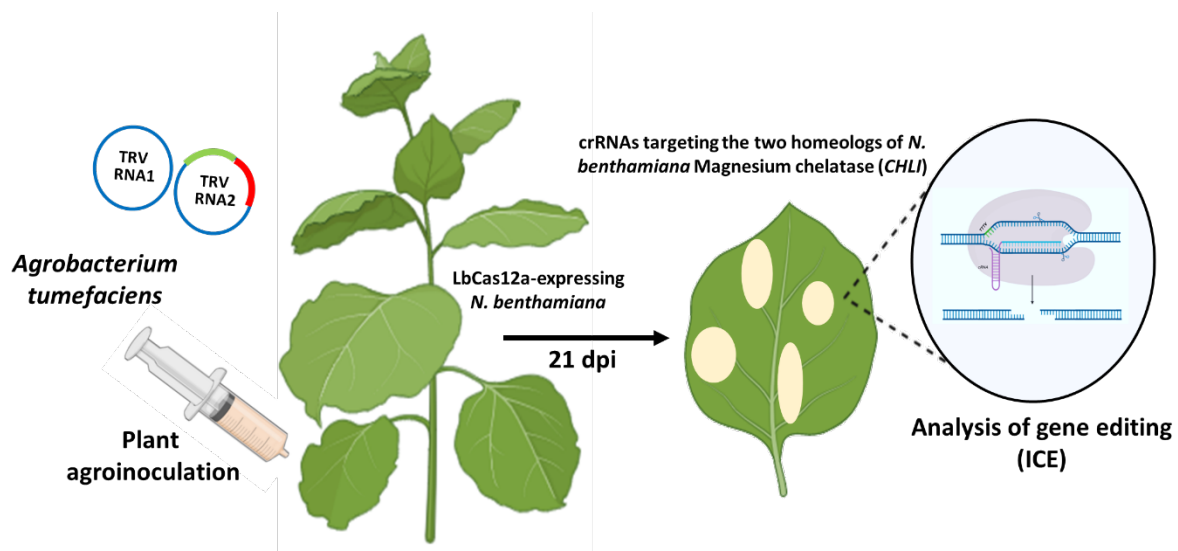


Información de contacto: edbuero@ibmcp.upv.es

Proyecto: Biotecnología de virus de plantas

Investigadores: Fernando Merwaiss y José-Antonio Daròs

Sin olvidar su importancia como causantes de enfermedades, los virus de plantas presentan algunas características que los hacen muy atractivos desde el punto de vista de la biotecnología. Se pueden administrar en los tejidos de la planta con mucha facilidad, en forma de viriones o mediante agroinoculación a través de la bacteria *Agrobacterium tumefaciens* (agroinoculación); poseen una asombrosa capacidad de multiplicar rápidamente su genoma; son capaces de moverse muy eficientemente por la planta célula a célula a través de los plasmodesmos y a larga distancia a través del tejido vascular; e interfieren la regulación genética de la planta favoreciendo la expresión de sus propios genes. Por ello, convenientemente ingenierizados, los virus de plantas pueden transformarse en excelentes vectores para muchas aplicaciones biotecnológicas. Nuestro grupo ha hecho progresos en los últimos años en el diseño y utilización de vectores derivados de virus de plantas en distintas aplicaciones como la expresión de proteínas recombinantes, la ingeniería metabólica, la producción de RNA recombinante o la generación de nanopartículas derivadas decoradas con proteínas de interés biomédico. Un aspecto particularmente relevante en el que hemos conseguido recientes avances es facilitar la expresión en plantas de los componentes de la reacción de edición genómica CRISPR-Cas. A pesar de todos estos progresos, todavía son muchos los retos a los que nos enfrentamos. El objetivo de este trabajo de fin de máster será refinar el diseño de vectores de expresión derivados de virus de plantas para conseguir construcciones más estables y producciones más eficientes en un contexto de mayor bioseguridad.

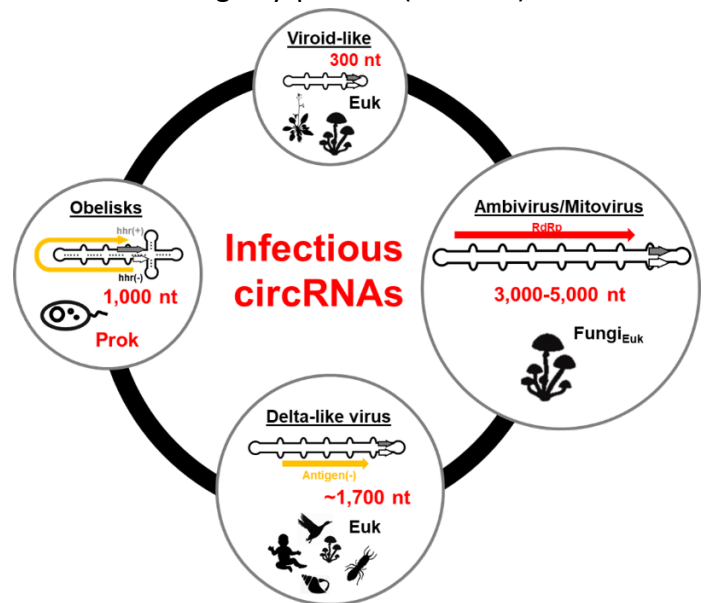


Información de contacto: fmerwaiss@upv.es or jadaros@ibmcp.upv.es

Proyecto: Descubrimiento y caracterización de nuevos RNAs circulares y catalíticos.

Investigador: Marcos de la Peña Rivero

Los RNAs circulares o circRNAs, a diferencia de lo observado con el DNA, han sido históricamente considerados como ácidos nucleicos tremendamente inusuales en Biología. En los últimos años sin embargo, en nuestro laboratorio hemos descrito que plantas y animales expresan abundantes circRNAs con ribozimas que forman parte de diversos retrotransposones (Cervera *et al.* NAR 2020). Mediante aproximaciones computacionales, también hemos descubierto novedosos virus mínimos (Edgar *et al.* Nature 2022) y otros agentes subvirales con genomas de circRNA (Forgia *et al.* Nature Comm 2023) distribuidos por todo el planeta, incluyendo los Obeliscos de RNA que habitan en nuestro propio microbioma (Zheludev *et al.* Cell 2024), lo que confirma la ubicuidad de estos intrigantes agentes infecciosos mínimos. Este TFM se centrará en la caracterización de varios de estos nuevos genomas de circRNA con ribozimas detectados en hongos y plantas (Viroides) así como en bacterias (Obeliscos). Entre los objetivos estará la construcción de los correspondientes clones infecciosos para luego determinar sus capacidades de autoprosesado y replicativas, todo ello siguiendo aproximaciones *in vitro* e *in vivo* y usando plantas y bacterias como sistemas modelo. También se continuará con el descubrimiento y caracterización bioinformática de nuevos agentes con genomas de circRNA. Todos estos trabajos, además de su interés básico y aplicado, permitirán al estudiante llegar a dominar las técnicas multidisciplinares empleadas en nuestro laboratorio, en las que se combinan las aproximaciones bioinformáticas y genómicas con la biología molecular y estructural de ácidos nucleicos y proteínas.



Información de contacto: rivero@ibmcp.upv.es

Proyecto: Evaluación del efecto molecular del bioestimulante Calbio en cultivos hortícolas en condiciones de sequía o de baja fertilización.

Investigadores: JM Mulet y Rosa Porcel

Los bioestimulantes son sustancias de origen natural que aumentan la productividad de la planta o la tolerancia a diferentes tipos de estrés. Trabajo previo del laboratorio, en colaboración con la empresa Caldic ha desarrollado un bioestimulante a partir de la combinación de 4 extractos naturales que es capaz de aumentar la tolerancia en condiciones de crecimiento normal y de salinidad. Una investigación previa del mecanismo molecular ha determinado que la presencia del bioestimulante, en combinación con bacterias promotoras del crecimiento (PGPR) es capaz de activar la señalización por citoquininas, y que esto aumenta la tolerancia a estrés. Este efecto ha sido confirmado en condiciones de invernadero en tomate y lechuga y de campo en brócoli. En estos momentos tenemos varios ensayos en marcha en la finca Sinyent (Polinyà de Xúquer) para evaluar la eficiencia de Calbio en condiciones de sequía y baja fertilización, en condiciones de campo, en tomate, pimiento y cebolla.

En el presente trabajo vamos a hacer un análisis fisiológico y bioquímico de las muestras de los diferentes ensayos que están en desarrollo. Como parte del proyecto realizaremos ensayos de actividad antioxidante, medidas de azúcares, osmolitos, determinación de hormonas, etc..., para evaluar el efecto del bioestimulante en las condiciones probadas y tratar de resolver cuál es su mecanismo de acción.

Información de contacto: roporrol@upv.es

<https://www.csic.es/es/actualidad-del-csic/un-metodo-rapido-y-economico-facilita-la-evaluacion-de-productos-naturales-como-bioestimulantes-en-plantas>

<https://www.csic.es/es/actualidad-del-csic/crean-un-producto-con-extractos-naturales-que-aumenta-el-rendimiento-de-lechugas-y-brocoli-en-terrenos-con-salinidad-y-sequia>

Proyecto: Desarrollo de estrategias novedosas para la degradación dirigida de proteínas en plantas mediante dTAG y HaloTag.

Investigadores: Lidia Orea Ordóñez y Jorge Lozano Juste.

Los PROTACs (PROteolysis TARGETing Chimeras) son moléculas químicas capaces de degradar proteínas de manera dirigida. Constan de 3 partes: una que se une a la proteína diana, otra que se une a una E3-ligasa y un linker conectando ambas partes. Los PROTACs aproximan la proteína diana a la E3-ligasa, desencadenando su ubiquitinación y degradación por el proteasoma. Estas moléculas ofrecen una alternativa muy ventajosa frente a los inhibidores tradicionales y aunque se conocen ampliamente en biomedicina, los PROTACs aún no se han aplicado en plantas.

En este proyecto de TFM se explorarán los sistemas **dTAG** y **HaloTag** (Fig. 1) como herramientas de degradación dirigida de proteínas en plantas. El sistema **dTAG** se basa en la fusión de la proteína diana a una variante de la proteína FKBP12 (**FKBP12^{F36V}**). El compuesto químico AP1867, presenta afinidad nanomolar por FKBP12^{F36V} y se ha combinado con pomalidomida para generar dTAG13, un PROTAC comercial. Este induce la formación del complejo ternario **proteína diana-FKBP12^{F36V} + dTAG13 + E3-ligasa (CRBN)** (Fig. 1A) y la posterior ubiquitinación y degradación de la proteína de fusión en modelos animales. Hemos obtenido resultados preliminares en protoplastos de *Arabidopsis* que muestran que la proteína de fusión **GFP-FKBP12^{F36V}** se degrada en un plazo de 4 horas tras el tratamiento con 50 nM de dTAG13, en colaboración con el Prof. Marco Trujillo (Hamburgo, Alemania).

Por otro lado, el sistema **HaloTag** es la segunda plataforma basada en etiquetas más utilizada para el desarrollo de PROTACs. HaloTag es una proteína que se une de manera muy eficiente e irreversible a compuestos con cloroalcanos. Estos compuestos se han combinado con pomalidomida para generar **HaloPROTACs**, que inducen la degradación de proteínas fusionadas a HaloTag (Fig. 1B).

En este TFM se utilizarán líneas transgénicas de *Arabidopsis thaliana* que expresan GFP fusionada a las etiquetas dTAG (**35S::GFP-FKBP12^{F36V}**) y HaloTag (**35S::GFP-HaloTag**) para analizar la degradación de GFP (Fig. 1). Los niveles de GFP se analizarán mediante western-blot con anticuerpos específicos y microscopía confocal, tras el tratamiento con dTAG13 y HaloPROTAC. El uso de mutantes y tratamientos con inhibidores del proteasoma ayudará a confirmar los resultados. Además, se llevará a cabo el clonaje y validación de nuevas fusiones con las etiquetas dTAG y HaloTag y se estudiará su producción como proteínas recombinantes.

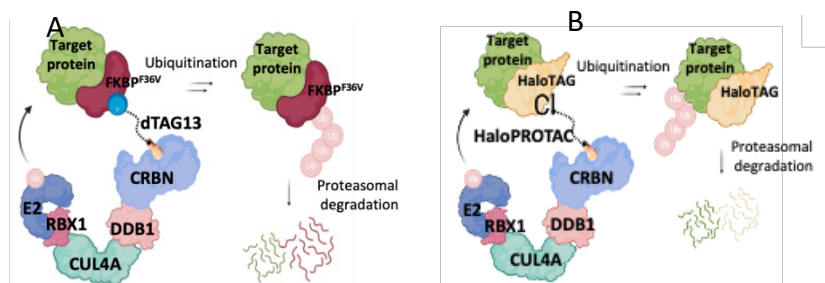


Figura 1. Representación de los sistemas de degradación dirigida de proteínas dTAG (A) (Nabet *et al.*, 2018) y HaloTag (B) (Ody *et al.*, 2023).

Información de contacto: lioror1@ibmcp.upv.es

Proyecto: Enhancers for seed performance (Doping Seeds)

Investigadores: Joan Renard y Eduardo Bueso

El cambio climático afecta directamente a la economía mundial, siendo la agricultura uno de los sectores más vulnerables. Los cultivos sufren un estrés biótico y abiótico creciente. Un efecto perjudicial es la pérdida de producción derivada del impacto de las altas temperaturas en la maduración y el almacenamiento de las semillas, lo que reduce su viabilidad. Para contrarrestar esto, las empresas semilleras recurren al *quimiopriming* (tratamiento químico de semillas). Sin embargo, la lista de compuestos eficaces es limitada y los mecanismos fisiológicos de su acción no se comprenden bien. Este proyecto aborda esta limitación con el objetivo de identificar nuevos compuestos que refuercen el vigor de semillas de baja calidad. Se llevará a cabo un cribado de 11.550 compuestos utilizando la planta modelo *Arabidopsis*, aunque la prioridad será seleccionar aquellos que demuestren tener efecto en múltiples cultivos. Los objetivos del proyecto son:

- 1) Proponemos identificar nuevas moléculas químicas capaces de mejorar el vigor de las semillas mediante el cribado de colecciones de compuestos químicos.
- 2) Verificación del rendimiento de los cultivos germinados a partir de semillas envejecidas tras el tratamiento de *priming* con los compuestos seleccionados.
- 3) Investigaremos los cambios metabolómicos y transcriptómicos en semillas germinadas tras el tratamiento con los compuestos, empleando técnicas avanzadas como RNA-seq, RMN, LC-HRMS y MALDI-MSI. El análisis de este extenso conjunto de datos es fundamental para obtener una comprensión profunda y mecanicista de los cambios fisiológicos que contribuyen a mejorar el comportamiento de las semillas.
- 4) Investigaremos nuevos genes relevantes relacionados con el punto 3) dentro de rutas de germinación de semillas —ya sean novedosas o previamente caracterizadas—, evaluando mutantes de *Arabidopsis* generados mediante la tecnología CRISPR-Cas9.

Información de contacto: edbuero@ibmcp.upv.es joareme@ibmcp.upv.es

Proyecto: Aplicación de la inteligencia artificial en agricultura: Mejorando la tolerancia a la sequía con pequeñas moléculas.

Investigadores: Rafa Ruiz Partida y Jorge Lozano Juste

El agua es un recurso necesario que sostiene la vida en el planeta. Desafortunadamente, una de las consecuencias del cambio climático es el aumento en la incidencia de las sequías lo que tiene un impacto significativo en el sector agrícola. Por lo tanto, las soluciones para mejorar la eficiencia en el uso del agua en los cultivos se están volviendo cruciales para contribuir a la seguridad alimentaria.

Bajo estrés por sequía, la regulación de la actividad de la subfamilia de fosfatasa tipo-2C (PP2Cs) modula la transpiración de las plantas. De hecho, ya se ha publicado ampliamente que la inactivación genética de las PP2Cs genera plantas mutantes más tolerantes a la sequía y, en consecuencia, más productivas en condiciones limitantes de agua. Sin embargo, este enfoque genético a menudo conduce a plantas con una penalización en el crecimiento y consecuentemente en la producción final. Una alternativa a este enfoque genético es el desarrollo de compuestos químicos que modulen la actividad de las fosfatasa PP2C y así de esta manera incrementar la eficiencia del uso del agua, exclusivamente en condiciones limitantes. En los últimos años, la inteligencia artificial (IA) ha surgido como una herramienta poderosa en el descubrimiento de fármacos, pero hasta ahora no se ha utilizado para mejorar la resistencia a la sequía en la agricultura. En este proyecto, proponemos diseñar compuestos químicos que inhiban directamente la actividad de PP2Cs usando IA, gracias a la precisión de los modelos de “machine learning” desarrollados por nuestros colaboradores de la empresa Belga Kantify.

La candidata o candidato ideal para este proyecto sería una persona con intereses específicos en los mecanismos moleculares de respuesta a estrés de sequía en plantas y con intereses más generales en bioquímica y estructura de proteínas. La persona seleccionada analizará la capacidad de compuestos diseñados con IA para inhibir la actividad de diferentes fosfatasa procedentes *Arabidopsis thaliana* y otras plantas de cosecha como maíz o trigo. Para ello aprenderá a purificar y trabajar con proteínas analizando su estado de oligomerización, capacidad de formación de complejos (proteína-ligando y proteína-proteína) y su actividad enzimática. Esto combinado con ensayos in vivo que nos permitan relacionar la información obtenida in vitro con un efecto significativo en la planta (ensayos de germinación, medida de conductancia estomática, activación de la respuesta génica (luminiscencia, RNAseq y qPCR) y ensayos de sequía, entre otros).

Información de contacto: raruipar@ibmcp.upv.es

EMPRESAS QUE OFERTAN TFM PARA ESTUDIANTES DEL MUBMCP

Proyecto: Mejora genética de especies frutales de interés agronómico

Empresa: Anecoop

La remuneración se ajustará al convenio de la UPV.

Es conveniente tener un vehículo particular

Flexibilidad de horario

Fecha inicio: Febrero 2027.

Información de contacto: Andres Cayuela Salas andrescayuela@anecoop.com