

Trabajos Fin de Máster ofertados por el IBMCP y empresas 2025

Listado detallado

Departamento de Biotecnología y Mejora Vegetal de Especies Cultivadas

Investigadores: Aureliano Bombarely y Víctor García-Carpintero

Proyecto: Producción y destrucción de genes en especies vegetales

La mayoría de los genes que encontramos en los seres vivos se transmiten de una generación a otra evolucionando conforme evolucionan las especies. Muchos de estos genes se multiplican a través de procesos de duplicación como duplicación en tándem o a través de duplicaciones de genomas completos como procesos de poliploidización. El destino de estos genes puede ser muy variado. Puede adquirir una nueva función (neofuncionalización), cambiar sus patrones de expresión (subfuncionalización) o perder su función para convertirse en un nuevo gen. Otra fuente de producción de nuevos genes es a través de eventos de transferencia horizontal de otras especies como hongos y bacterias, o por la domesticación de “genes saltarines” comúnmente llamados transposones.

El objetivo de este proyecto es desarrollar una herramienta para identificar pseudogenes y/o genes de nueva producción, así como la aplicación de esta a distintos genomas vegetales a lo largo del árbol de la vida vegetal. Con este proyecto desarrollarás tus habilidades bioinformáticas, y trabajarás en la evolución de los genomas. Si estás interesado en especies vegetales cultivadas podrás usar esta aproximación para entender mejor el proceso de domesticación.

Palabras claves: Bioinformática, Genómica, Evolución y Domesticación.

Información de contacto: abombarely@ibmcp.upv.es

Más información en: <https://bombarelylab.com/>

Investigador: Alberto Carbonell

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

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.

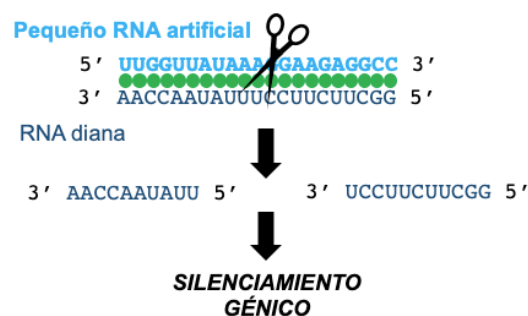


Figura. Silenciamiento génico mediado por art-sRNAs.

Información de contacto: acarbonell@ibmcp.upv.es

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

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

Investigadores: Antonio Granell, Clara Pons

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

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 Alphaphold 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

Investigadora: Meritxell Pérez- Hedo

Proyecto: Estrategias biotecnológicas y de manejo integrado para reforzar la defensa y resiliencia del cultivo de tomate

El cultivo de tomate es uno de los más importantes a nivel mundial en términos de consumo y producción agrícola. Desempeña un papel clave en la economía agraria de España y es un pilar fundamental para numerosos agricultores. Sin embargo, el contexto actual está marcado por importantes desafíos. Factores como el cambio climático, el comercio globalizado y la aparición de nuevas plagas y enfermedades amenazan seriamente la productividad de este cultivo.

En respuesta a estas amenazas, la Unión Europea promueve la implementación de soluciones basadas en la naturaleza, mediante enfoques sostenibles que mejoren la productividad agrícola al tiempo que protegen los recursos naturales y la biodiversidad. En este contexto, podrás investigar métodos biológicos de última generación, como el uso de insectos zoofitófagos (míridos), la aplicación de microorganismos beneficiosos (*Trichoderma*) y la exposición a compuestos orgánicos volátiles que "alertan" a las plantas para que activen sus defensas de forma natural. Se trata de una investigación aplicada y multidisciplinar.

El proyecto también incluye una línea de investigación puntera. Utilizaremos la tecnología de edición genética CRISPR-Cas9 para silenciar genes específicos de la familia JAZ (represores de las defensas) en plantas de tomate, con el objetivo de crear variedades con una respuesta defensiva potenciada de forma permanente. Podrás participar en la caracterización de estas plantas editadas, evaluando su resistencia a plagas y su tolerancia al estrés, así como su posible sinergia con las estrategias biológicas antes mencionadas.

Este proyecto permitirá al estudiante desarrollar habilidades prácticas en biotecnología y biología molecular vegetal, al mismo tiempo que contribuirá a un campo de investigación altamente relevante para la agricultura sostenible

Palabras clave: Cultivo de tomate, cambio climático, plagas y enfermedades, soluciones basadas en la naturaleza, hongos beneficiosos, depredador zoofitófago, defensa de la planta.

Información de contacto: mepehe@ibmcp.upv.es

Lab 0.09

Investigadores: Antonio Monforte, Maria José Gonzalo

Proyecto: Identificación de un gen implicado en el aumento del tamaño del fruto de melón.

La morfología del fruto es un carácter de interés en mejora genética ya que es una de las características que definen los cultivares. En nuestro laboratorio estamos estudiando la morfología del fruto en melón desde un enfoque genético, usando variedades exóticas que introducimos en melones españoles para alterar su morfología e identificar los genes. A partir de una accesión de melón silvestre, hemos mapeado un gen en el cromosoma 5 que aumenta el tamaño del fruto. Hemos identificado un gen candidato. El objetivo de este TFM es verificar el efecto del gen candidato en el aumento de tamaño y también su posible efecto en la acumulación de azúcares. Se llevarán a cabo dos estrategias: (1) Genética. Realización de un mapa de alta resolución con recombinantes en la región donde se encuentra el gen. Saturación con marcadores SNPs, caracterización de recombinantes para morfología y contenido en azúcares, generación de nuevos recombinantes; (2) Transcriptómica. Estudio de la expresión diferencial del gen candidato a lo largo del desarrollo del fruto. RNAseq para estudiar redes de expresión.

Información de contacto: amonforte@ibmcp.upv.es; magonpa1@upvnet.upv.es

Investigador: Vicente Moreno y Alejandro Atarés

Proyecto: Mutagénesis insercional en tomate.

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

Investigador: Manuel Rodríguez-Concepción

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

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

Investigadores: Pablo Vera y Francisco Escaray

Proyecto: Diferenciación y caracterización funcional de las células laticíferas de plantas.

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

Investigador: Fernando Andrés

Proyecto: Estabilidad y degradación de los florigenos de arroz y *Arabidopsis* en respuesta a la temperatura

El tiempo de floración es un proceso central en el ciclo de vida de las plantas, pues determina la transición a la fase reproductiva en condiciones favorables. Este proceso asegura la perpetuación de la especie y resulta clave para el rendimiento agrícola, al definir el inicio de la producción de granos y frutos y su sincronización con el ambiente.

Las proteínas PEBP similares a FLOWERING LOCUS T (FT) en *Arabidopsis thaliana* actúan como activadores florales. En esta especie, FT constituye el florigeno, mientras que en arroz (*Oryza sativa*) sus homólogos Hd3a y RFT1 cumplen funciones equivalentes. Pese a su importancia, los mecanismos bioquímicos que controlan la estabilidad y actividad de estas proteínas siguen poco esclarecidos. Se ha demostrado que FT se estabiliza a altas temperaturas, lo que favorece su acumulación y la inducción floral. En nuestro laboratorio hemos observado que FT se degrada a través del proteasoma, lo que sugiere que su mayor estabilidad a temperaturas elevadas podría deberse a la modulación de las rutas de degradación. Sin embargo, aún se desconoce el mecanismo preciso de degradación de FT y si este está conservado en arroz.

Objetivos del TFM

El proyecto se llevará a cabo en el Laboratorio de Control Ambiental de la Floración del IBMCP (CSIC-UPV, Valencia), con el objetivo de estudiar la estabilidad de los florigenos de *Arabidopsis* y arroz bajo diferentes temperaturas y definir los mecanismos de su degradación.

Actividades principales:

1. Ensayos de estabilidad de las proteínas FT, Hd3a y RFT1 tras tratamientos de temperatura, mediante western blot con anticuerpos específicos.
2. Inhibición de vías de degradación, aplicando compuestos como MG132 (proteasoma) y evaluando su impacto sobre la estabilidad de los florigenos a diferentes temperaturas.
3. Caracterización de mutantes en *Arabidopsis* alterados en genes del proteasoma y su relación con el control de la floración.

Este TFM ofrece formación en un entorno de investigación puntero, con técnicas avanzadas de biología molecular, genética y fisiología vegetal. Los resultados contribuirán al diseño de estrategias de adaptación de cultivos al cambio climático, al revelar cómo la temperatura regula la estabilidad de los florigenos.

Información de contacto: fandres@ibmcp.upv.es

Investigadores: Vicente Balanzá

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

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

Investigadores: Noel Blanco-Touriñán, Antonio Serrano-Mislata

Proyecto: Evolución de la plasticidad de las células xilemáticas en plantas vasculares

Las plantas son organismos altamente plásticos, capaces de ajustar su desarrollo en respuesta a las condiciones ambientales. Entre sus tejidos, las **células xilemáticas** —encargadas del transporte de agua— destacan por su marcada sensibilidad a estímulos externos como la salinidad, el estrés osmótico o la temperatura. Estos factores influyen en su formación, particularmente en la deposición de las paredes celulares secundarias, lo que impacta de manera directa en la eficiencia del transporte de agua y nutrientes. Las modificaciones morfológicas que experimentan estas células xilemáticas en respuesta al ambiente están reguladas, en buena medida, por rutas de señalización hormonal, entre las que sobresalen aquellas mediadas por giberelinas y ácido abscísico. La mayor parte de este conocimiento proviene de estudios en angiospermas, principalmente en *Arabidopsis*.

El **sistema radicular** representa un sistema idóneo para explorar la plasticidad del xilema, tanto por su accesibilidad al estudio como por su papel central en la percepción de las señales ambientales. La arquitectura radicular ha experimentado importantes innovaciones a lo largo de la evolución de las plantas terrestres, dando lugar a diversidad en sus patrones de desarrollo. Esta diversidad plantea una pregunta clave: **¿las plantas con arquitecturas radiculares distintas comparten mecanismos conservados de plasticidad en la vasculatura, o bien estos surgieron de manera independiente?** Para abordar esta cuestión, *Selaginella* resulta un modelo especialmente relevante ya que posee un tipo de raíz diferente al de las angiospermas y similar al de las primeras plantas vasculares de hace más de 400 millones de años, lo que permite indagar en qué momento las células del xilema adquirieron la capacidad de responder a las condiciones ambientales.

Los objetivos concretos de la investigación serán los siguientes:

1. Establecer a *Selaginella* como modelo de estudio mediante su cultivo *in vitro* en condiciones controladas de laboratorio.
2. Caracterizar la posible plasticidad del xilema en raíces de *Selaginella* en respuesta a estímulos externos.
3. Identificar posibles mecanismos hormonales y moleculares que regulen esta plasticidad, mediante análisis fenotípicos, técnicas de FISH (*Fluorescence In Situ Hybridization*) y estudios transcriptómicos.

El/la estudiante que realice este trabajo adquirirá experiencia en cultivo y manipulación de *Selaginella* y *Arabidopsis*, técnicas de microscopía óptica y confocal, análisis de imagen para cuantificar cambios en la vasculatura, abordajes moleculares para estudiar la regulación hormonal de la plasticidad, y análisis transcriptómicos a resolución celular mediante *RNA-sequencing* y FISH.

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

Investigador: Javier Brumós.

Proyecto: Local auxin biosynthesis regulates plant architecture in response to environmental cues.

Plants exhibit a remarkable capacity to integrate external environmental cues with their own internal developmental programs to always adapt their growth and development to dynamic conditions. This adaptive ability has been shaped over millions of years of evolution and increasingly underscores the key role plant hormones play in the information integration process.

Auxin is a fundamental plant hormone accountable for many aspects of plant development and its regulation in response to environmental variations. In other words, auxin modulates the adaptability of plants to different environments or conditions. Auxin morphogenic gradients govern stem cell niches and cellular differentiation, determining cell fate. The polar transport of auxin is essential for creating and maintaining the auxin gradients. However, recent discoveries highlighting the refined spatiotemporal expression patterns of auxin biosynthesis genes, such as the TAA1/TAR and YUC families, suggest that local auxin biosynthesis also has a major contribution to the formation of the auxin gradients.

Our previous studies demonstrated the cooperative role of local auxin biosynthesis and transport being individually dispensable for establishing and maintaining root meristems. Conversely, processes like flower fertility and specific root responses to environmental signals require local auxin production, as transport alone fails to entirely compensate for generating auxin gradients. The current TFM focuses on investigating the impact of local auxin biosynthesis on the plant architecture in response to environmental cues. Specifically, we explore how diverse environmental factors —such as temperature and light quality— affect a plant's capacity to develop vascular tissue, elongate its hypocotyl and grow new leaves in response to these external stimuli. This research holds crucial significance in the context of climate change and sustainable agricultural practices.

Our objective is to pinpoint key genes and their precise spatiotemporal expression patterns that drive local auxin biosynthesis responsible for vasculature development, contribute to the stem elongation, and affect plant growth in response to temperature and light. This knowledge, in the future, can be used to develop biotechnological tools with the potential to enhance agricultural systems.

Keywords: plant development; local auxin biosynthesis; polar auxin transport; auxin maxima; morphogenic gradient; plant architecture; environmental cues; climate change.

Información de contacto: jbrumos@ibmcp.upv.es

Lab 1.07

Investigador: Miguel A. Blázquez

Proyecto: Papel de la SUMOilación en plantas no vasculares

La SUMOilación es una modificación postraducciona 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: mb lazquez@ibmcp.upv.es

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

Investigador: Bruno Catarino

Proyecto: Unveiling the Evolutionary Diversity of Light and Temperature Integration in Plants.

Plants can integrate light and temperature cues into development to finely adjust to their environment. One of the key mechanisms by which these two signals are integrated has been shown to be conserved in land plants. The angiosperm *Arabidopsis thaliana* and the bryophyte *Marchantia polymorpha* use a central conserved module comprised of phytochromes, which act as light receptors and temperature sensors, and the transcription factors PIF and HY5 to regulate the responses downstream of light and temperature. However, the transcriptional and regulatory pathways operating downstream of this central module appear to have diversified massively in land plants. It remains elusive what are the lineage-specific pathways that confer this diversification in land plants, which ultimately are underlying the adaptation of plants to different ecological niches.

To answer this question, we propose the following activities: (1) to perform comparative omics analyses of light and temperature responses in land plants; (2) to identify regulatory modules that are specific of each lineage; and (3) to generate and characterize loss-of-function mutants of components of those modules.

The student would learn different methods of plant transformations, perform bioinformatic (omics) analyses, gain experience with molecular cloning and other molecular techniques. Concomitantly, the student would be part of a vibrant group with people studying different aspects of plant signalling and development. Please see our webpage for more information about the lab.

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

Investigadoras: Cristina Ferrándiz, Patricia Ballester

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

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 meristemas 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 sequía. 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, V., Martínez-Fernández, I., Sato, S. *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

Investigador: Javier Gallego Bartolomé

Proyecto: Control de la expresión génica mediado por cromatina en Arabidopsis

En nuestro laboratorio investigamos cómo las plantas controlan qué genes se activan o se silencian, desde una perspectiva epigenética. Estudiamos la estructura de la cromatina, que organiza el ADN en el núcleo y regula el acceso a la información genética. Nos centramos especialmente en los remodeladores de cromatina, complejos proteicos que actúan como verdaderas “máquinas moleculares”, desplazando los nucleosomas para facilitar o restringir la transcripción génica.

Aunque se conocen las funciones individuales de diversas familias de remodeladores, aún sabemos muy poco sobre cómo cooperan entre sí para coordinar el desarrollo y la regulación génica. En este Trabajo Final de Máster nos proponemos estudiar las interacciones funcionales entre distintas familias de remodeladores, con especial atención al complejo MAS, nuestro remodelador favorito en el laboratorio. Queremos entender cómo MAS colabora (o entra en conflicto) con otros remodeladores clave para regular genes implicados en el desarrollo vegetal.

Para ello, trabajaremos con plantas mutantes simples y dobles en diferentes remodeladores, analizaremos sus fenotipos y estudiaremos cambios en la expresión de genes diana, mediante qPCR o RNA-seq. Además, evaluaremos la organización y composición de la cromatina en estas regiones. El proyecto ofrece formación en técnicas punteras de biología molecular, genética y genómica, dentro de un entorno cercano, dinámico y con posibilidad de continuar con una tesis doctoral.

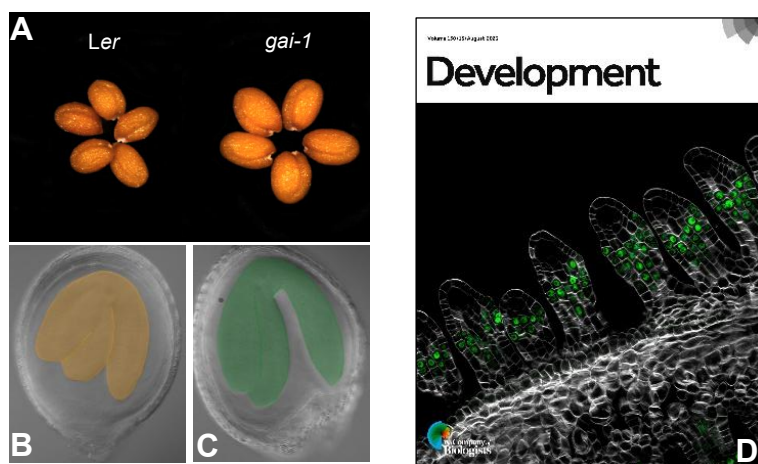
Información de contacto: jagalbar@ibmcp.upv.es
<https://jagalbar.wixsite.com/gallego-bartolome/team>

Investigadores: María Dolores Gómez, Miguel A. Pérez-Amador.

Proyecto: Estudio de la función de las proteínas DELLA en el control del tamaño de las semillas.
Diseñando semillas más grandes.

Según la FAO, uno de los mayores desafíos a los que nos enfrentamos es conseguir un aumento en el rendimiento de los cultivos agrícolas con el fin de alcanzar los requerimientos alimentarios de una población en constante crecimiento. Además, este objetivo es aún más complejo si tenemos en cuenta las variaciones producidas por el cambio climático. Para lograrlo es fundamental entender las bases moleculares que determinan **la producción y calidad de las semillas** ya que éstas son la base principal de la nutrición humana, en particular, las semillas de cereales y legumbres.

Las giberelinas (GAs) son hormonas vegetales que regulan multitud de procesos fisiológicos tales como germinación, elongación del tallo, floración, y fructificación. Estudios genéticos y moleculares han permitido identificar los elementos que participan en la cascada de percepción y señalización de GAs, siendo los más relevantes las proteínas DELLA. Las DELLA son proteínas represoras de la señalización por GAs, regulando el crecimiento y la diferenciación promovida por éstas. A nivel molecular, estas proteínas son reguladores transcripcionales que actúan como activadores o represores mediante la interacción con otros factores transcripcionales. Nuestro grupo ha demostrado la implicación de las proteínas DELLA como **reguladoras positivas del tamaño de las semillas**, de forma que mutante dominantes DELLA producen semillas de mayor tamaño. Ahora, nuestro objetivo es conocer cómo las DELLA regulan a nivel molecular el tamaño de las semillas en *Arabidopsis*, con el fin de utilizar este conocimiento para incrementar el rendimiento de especies de interés agronómico como *Camelina sativa*.



A, semillas maduras de una planta WT (Ler) y de una planta DELLA dominante (*gai-1*). **B** y **C**, semillas aclaradas WT (**B**) y *gai-1* (**C**). **D**, expresión de ANT-GFP en primordios de óvulos.

El proyecto de Trabajo Fin de Máster se integrará en estas tareas experimentales: a) identificación y caracterización de los genes dianas de las proteínas DELLA durante el desarrollo de las semillas y b) edición genética mediante CRISPR de genes reguladores del tamaño de las semillas en *Camelina sativa*.

Información de contacto: mdgomez@ibmcp.upv.es, mpereza@ibmcp.upv.es

(<https://ibmcp.webs.upv.es/grupos-investigacion/senalizacion-hormonal-del-desarrollo-de-frutos-y-semillas/>)

Investigadoras: Concha Gómez Mena y Rim Hamza

Proyecto: Desarrollo de sistemas de producción de compuestos bioactivos mediante cultivos celulares de plantas.

La creciente demanda de compuestos bioactivos de interés industrial y farmacéutico requiere alternativas a los sistemas tradicionales de producción agrícola. Los cultivos celulares vegetales se presentan como una estrategia innovadora para la obtención de estas moléculas, permitiendo superar las limitaciones asociadas a la variabilidad de los cultivos convencionales y ofreciendo un proceso escalable, controlado y libre de residuos.

Este proyecto tiene como objetivo desarrollar sistemas de cultivo celular para la producción eficiente y controlada de compuestos de interés, con especial atención a los terpenos. La metodología propuesta busca reducir el uso de suelo con fines no agrícolas, minimizar el consumo de agua y disminuir la huella de carbono.

El trabajo se estructurará en varias fases que abarcan desde la selección del material vegetal más adecuado (explantes obtenidos de hojas, tallos, yemas axilares o flores) hasta el establecimiento de cultivos en suspensión celular. En este proceso se inducirá la formación de callo friable mediante la elección del medio de cultivo, los reguladores de crecimiento y las condiciones de luz y temperatura más apropiadas. Posteriormente, se llevará a cabo un seguimiento del crecimiento celular y de la producción de metabolitos, lo que permitirá optimizar tanto los medios de cultivo como las condiciones experimentales.

A lo largo del proyecto, el estudiante adquirirá experiencia práctica en técnicas de cultivo celular vegetal y en la optimización de condiciones de producción de metabolitos. Asimismo, potenciará sus competencias de investigación en biotecnología vegetal orientada a la producción de compuestos de interés.

Información de contacto: cgomez@ibmcp.upv.es; riham@upvnet.upv.es

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

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

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.

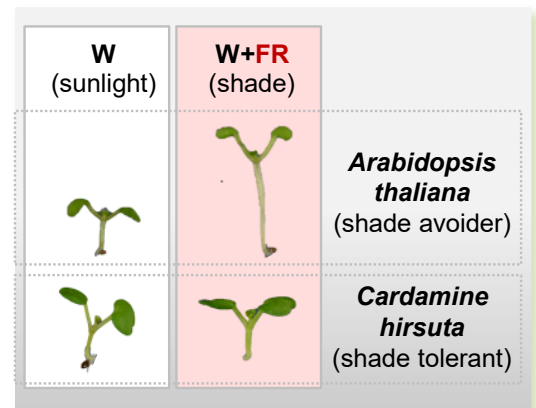
Las técnicas a utilizar en este trabajo serán las propias de la biología molecular, genética, y bioinformática.

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/>

Investigador: Jaume Martínez

Proyecto: Plant responses to vegetation proximity: elongate or resist?

In natural and agricultural ecosystems, neighboring plants often compete for light, creating shade that limits photosynthesis. To face this challenge, plants have evolved two main strategies: **shade avoidance** and **shade tolerance**. Shade-avoider species, such as *Arabidopsis thaliana*, respond to shade by elongating stems or hypocotyls, accelerating flowering, and adjusting photosynthesis to cope with low light. In contrast, shade-tolerant species, like *Cardamine hirsuta*, do not elongate but instead grow efficiently under low-light conditions.



The **regulation** of shade avoidance in *A. thaliana* is relatively well understood, but much less is known about the molecular and genetic basis of shade tolerance. Our research shows both strategies rely on shared genetic components, but with key differences in their regulation and activity such as the stronger activity of elongation-suppressing regulators in the shade avoider *C. hirsuta*. This Master's project will aim to understand how shade avoidance is regulated in *A. thaliana* and how the comparison with *C. hirsuta* helps explain why some plants "escape" shade while others are adapted to tolerate it, i.e., what specific molecular and mechanistic differences explain the divergent outcomes—whether a plant "flees" from shade or tolerates to it.

En los ecosistemas naturales y agrícolas, las plantas vecinas suelen competir por la luz, creando sombras que limitan la fotosíntesis. Para afrontar este desafío, las plantas han desarrollado dos estrategias principales: **huida y tolerancia a la sombra**. Las especies que evitan la sombra, como *Arabidopsis thaliana*, responden al sombreado alargando tallos o hipocótilos, acelerando la floración y ajustando la fotosíntesis para enfrentarse a condiciones de poca luz. En contraste, las especies tolerantes a la sombra, como *Cardamine hirsuta*, no muestran elongación, sino que crecen de manera eficiente bajo condiciones de baja intensidad de luz.

Se conoce bastante bien la **regulación de la huida de la sombra** en *A. thaliana*, pero se sabe mucho menos sobre la base molecular y genética de la tolerancia a la sombra. Nuestra investigación muestra que ambas estrategias dependen de componentes genéticos compartidos, aunque con diferencias clave en su regulación y actividad, como la mayor actividad de reguladores que suprimen la elongación en la especie tolerante *C. hirsuta*. Me dinarte el uso de análisis comparativos, este Trabajo Fin de Máster tiene como objetivo comprender qué diferencias moleculares y mecanísticas específicas explican estos resultados divergentes: si una planta "huye" de la sombra o si la tolera.

Información de contacto: jaume.martinez@ibmcp.upv.es

<https://ibmcp.upv.es/research-groups/light-and-shade-regulation-of-plant-development/>

Investigadora: Paz Merelo

Título: Regulación hormonal de la función del meristemo apical de *Arabidopsis thaliana*

El meristemo apical (o SAM, del inglés shoot apical meristem) es la fuente de células madre (o células meristemáticas) responsable de la formación de las partes aéreas de la planta, como hojas, tallos o flores. Desde un punto de vista agronómico, el correcto funcionamiento del SAM constituye una diana importante en programas de mejora de cultivos ya que determina aspectos fundamentales relacionados con la producción como la arquitectura de la planta o la tasa de formación 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 hormonal de la actividad del SAM se han centrado en las citoquininas (CKs) y auxinas. Sin embargo, se conoce poco sobre la función de otras hormonas y sólo unos cuantos trabajos han proporcionado nuevas claves sobre la interacción hormonal en el SAM. Los resultados preliminares obtenidos en el laboratorio señalan a otras hormonas como el ácido abscísico (ABA) o los brasinosteroides (BRs) como posibles nuevos reguladores de la función del SAM.

Los objetivos generales de este Trabajo Fin de Máster consistirán en (1) estudiar si, además de las CKs y auxinas, el ABA y los BRs podrían regular también la función del SAM, y (2) ampliar nuestro conocimiento sobre las rutas genéticas que actúan aguas abajo de estas hormonas. Para ello, el/la estudiante empleará técnicas de biología molecular, genética y microscopía confocal. Se generarán líneas reporteras fluorescentes relacionadas con rutas hormonales y con la regulación del SAM 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 en mutantes con la actividad del SAM afectada, en mutantes relacionados con ABA/BRs o tras tratamientos hormonales y se evaluarán diferentes marcadores fluorescentes asociados al SAM en dichos fondos mutantes o tras estos tratamientos.

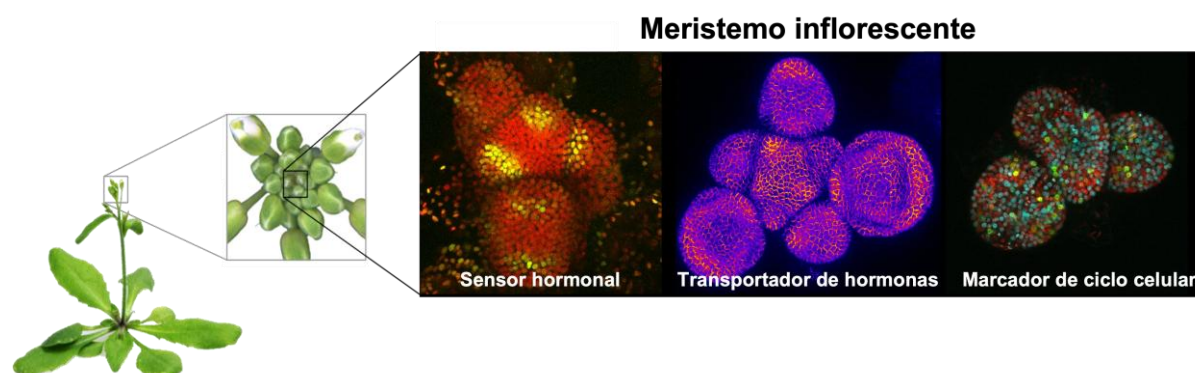


Figura. Imagen de microscopía confocal del meristemo apical (o meristemo inflorescente) de *Arabidopsis thaliana*. La señal fluorescente observada en cada panel corresponde a un sensor de hormonas (rojo y amarillo), un transportador de hormonas (magenta) y un triple marcador de distintas etapas del ciclo celular (rojo, azul y verde).

Información de contacto: pmerelo@ibmcp.upv.es; twitter @PazMerelo

Investigador: Anselm Morell

Proyecto: Estudio de la participación de enzimas aldo-ceto reductasas vegetales en interacciones proteína-proteína.

Las aldo-ceto reductasas (AKRs) son un amplio grupo de enzimas presente en casi todos los organismos y cuyo centro catalítico posee tal flexibilidad que permite acoger una enorme variedad de sustratos. Esta característica explica por qué las AKRs se implican en funciones fisiológicas tan diversas, desde la detoxificación de fármacos y otras sustancias tóxicas a la biosíntesis de hormonas sexuales en humanos, donde se han caracterizado con detalle debido a su interés farmacológico. Además, recientemente se han empezado a descubrir interacciones proteína-proteína entre AKRs humanas y receptores hormonales que condicionan la actividad transcripcional de estos últimos.

No obstante, las funciones fisiológicas de las AKRs en plantas todavía están poco caracterizadas, con algunos estudios que las implican en la respuesta frente a estreses abióticos.

El objetivo de este TFM será determinar la posible participación de AKRs vegetales en interacciones proteína-proteína con factores de transcripción, basándose en la evidencia previa con AKRs humanas. Nuestro grupo dispone de una colección de secuencias codificantes y formas recombinantes de 22 AKRs presentes en *Arabidopsis thaliana* y 5 AKRs presentes en *Marchantia polymorpha*. Estos materiales se emplearán en las siguientes líneas de trabajo:

- Cribado de interacciones con factores de transcripción mediante ensayos Yeast Two-Hybrid (Y2H) empleando levaduras.
- Análisis de afinidad entre formas recombinantes de AKRs y factores de transcripción por calorimetría de titulación isotérmica (ITC).
- Estudio de interacción y localización en planta mediante la expresión transitoria en hojas de *Nicotiana benthamiana*.

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

Investigadora: Maria A. Nohales

Proyecto: Formación de biocondensados moleculares como mecanismo de integración de señales lumínicas y circadianas en plantas

El reloj circadiano es un mecanismo endógeno de medición del tiempo que regula de forma omnipresente el comportamiento y la fisiología de los organismos en resonancia con los ciclos ambientales. Así pues, un elemento clave del sistema circadiano es su conexión con el hábitat circundante. El reloj circadiano integra la información ambiental no sólo para transmitirla a los procesos fisiológicos que regula, sino también para sincronizarse adecuadamente con el propio entorno. Se considera que esta función es clave para la salud y la supervivencia del organismo, ya que permite que procesos biológicos clave se lleven a cabo en los momentos más adecuados del día y del año. Tal es la relevancia del reloj circadiano para el desempeño de las plantas en el campo, que los genes que lo componen han sido dianas habituales en los programas de mejora tradicional de especies de cultivo a lo largo de los siglos.

El proyecto que aquí se propone pretende avanzar en nuestra comprensión de los mecanismos moleculares a través de los cuales el reloj se conecta con el entorno mediante la integración de señales luminosas. De este modo, explorará una cuestión fundamental sobre el funcionamiento de los relojes circadianos que cobra especial relevancia en el contexto actual de cambio en las condiciones climáticas. En concreto, investigaremos cómo la formación dinámica de biocondensados moleculares contribuye a estos mecanismos, una dimensión poco conocida de la regulación circadiana. Los objetivos concretos de la investigación serán los siguientes:

1. Expresar y purificar la proteína de reloj GIGANTEA (GI) e investigar su capacidad de llevar a cabo separación de fases in vitro.
2. Investigar las características y la dinámica de los biocondensados de GI in vivo y en el contexto de módulo regulador GI-PIF-phyB, clave en la transmisión de señales lumínicas al oscilador central.

A través de la consecución de este proyecto, la/el estudiante aprenderá técnicas bioquímicas y de biología molecular de plantas como clonación, expresión de proteínas recombinantes, microscopía, expresión transitoria de proteínas en plantas, análisis fenotípicos en condiciones variables de luz y temperatura, transformación de plantas, realización de cruces genéticos y genotipado.

Información de contacto: manozaf@ibmcp.upv.es

Investigadors: Pedro Rodríguez Egea

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

Desarrollo de fármacos contra la sequía utilizando la ruta del ABA y agonistas de sus receptores. 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). Por ejemplo, la generación de compuestos agroquímicos que imitan la acción del ABA y muestran una 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 generado 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 customizado y un compuesto químico diseñado racionalmente para encajar en su cavidad proporciona varias ventajas con respecto al tiempo y la modulación de la respuesta ABA. Nuestro objetivo es transferir esta tecnología al trigo y al tomate, y el estudiante tomará parte en este proyecto junto al equipo de trabajo de nuestro laboratorio. El plan de investigación implicará la expresión del receptor PYL1_5m en trigo/tomate y la caracterización fisiológica y molecular de la respuesta del trigo al déficit hídrico después de la pulverización con iSB09. Mediremos los parámetros fotosintéticos y de transpiración, también la regulación de la expresión génica y la apertura estomática inducida por iSB09. El proyecto también incluye estudios de estructura para modificar y optimizar el ligando, y la generación de nuevos perfiles farmacóforos utilizando abordajes de inteligencia artificial ("LigandScout, LigandDocking, Virtual Screening").

Información de contacto: prodriguez@ibmcp.upv.es

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

Investigadoras: Maite Sanmartín y Sonia Boscó

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

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).

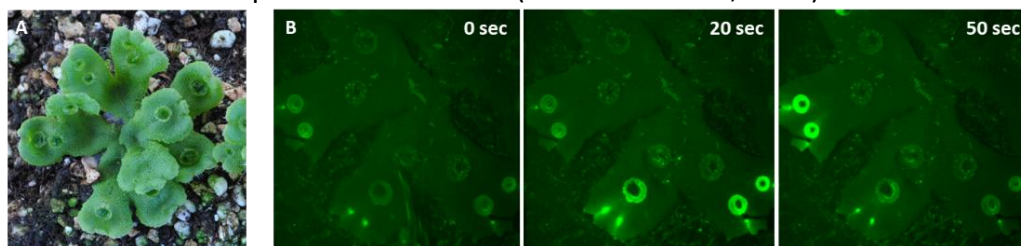


Figura 1. A) Talo de *Marchantia polymorpha*. B) Transmisión de las ondas de calcio en los tejidos distales en respuesta a una herida en *Marchantia*. Los niveles de calcio se visualizan gracias a la activación del sensor GCaMP3 que portan plantas transgénicas generadas en el laboratorio. Panel izquierdo: 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

Investigadores: Antonio Serrano Mislata, Noel Blanco-Touriñán

Proyecto: Plasticidad del meristemo apical del tallo en respuesta al estrés salino

Todos los órganos de la parte aérea de las plantas derivan de una estructura situada en el ápice de la inflorescencia denominada meristemo apical del tallo (SAM, de “*shoot apical meristem*” en inglés). El SAM proporciona un entorno apropiado para la actividad de la población apical de células madre. Como estas células se dividen, crecen y se diferencian para formar flores y frutos determina en gran medida la productividad de los cultivos.

La alta salinidad de los suelos es uno de los factores de estrés abiótico (ambiental) más devastadores para el crecimiento y desarrollo vegetal. Las respuestas de las plantas frente al estrés se han estudiado principalmente en órganos vegetativos de fácil acceso y, por ejemplo, se ha descrito que niveles elevados de sal reducen el número de divisiones celulares en hojas y raíces. Sin embargo, el impacto del estrés salino sobre la actividad celular de órganos reproductivos y más complejos de manipular como el SAM apenas se ha analizado. Además, las células del SAM muestran respuestas específicas al estrés que no pueden deducirse a partir de lo observado en otros órganos.

Nuestro trabajo previo indica que la salinidad también limita el número de divisiones celulares en el SAM, aunque este efecto varía considerablemente entre diferentes ecotipos (variedades) de la planta modelo *Arabidopsis thaliana*. Así, mientras en algunos ecotipos la actividad del SAM—y, en consecuencia, el desarrollo reproductivo—apenas se ve afectada, en otros resulta altamente sensible a la sal. Esta propuesta de TFM propone explorar la base celular y molecular de estas diferencias. Para ello, se realizarán ensayos de estrés en combinación con aproximaciones de biología celular (microscopía confocal de fluorescencia, análisis de imagen por segmentación) y estudios de expresión génica (hibridación “in situ”, análisis del transcriptoma).

Las respuestas defensivas de la población apical de células madre es un aspecto central pero poco explorado de la interacción entre plantas y ambiente, con un notable potencial biotecnológico para el desarrollo de cultivos más productivos en el contexto actual de cambio climático.

Información de contacto: antserra@ibmcp.upv.es

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

Departamento de Biología del Estrés en Plantas

Investigadoras: Nuria Andrés-Colás y Lynne Yenush

Proyecto: Nuevos mecanismos de regulación de canales de iones en plantas.

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 dos aspectos de la regulación del principal canal de entrada de K⁺ en los estomas, KAT1. Por un lado, investigamos los mecanismos de regulación de la endocitosis de este canal y, por otro lado, estamos estudiando la regulación de la expresión en células específicas de este canal, mediada por miRNAs.

En ambos proyectos, 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, qPCR y Western blot, entre otras.

Información de contacto: nuanco@btc.upv.es

Investigadores: Jesús Ángel Sánchez Navarro y Vicente Pallás

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

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

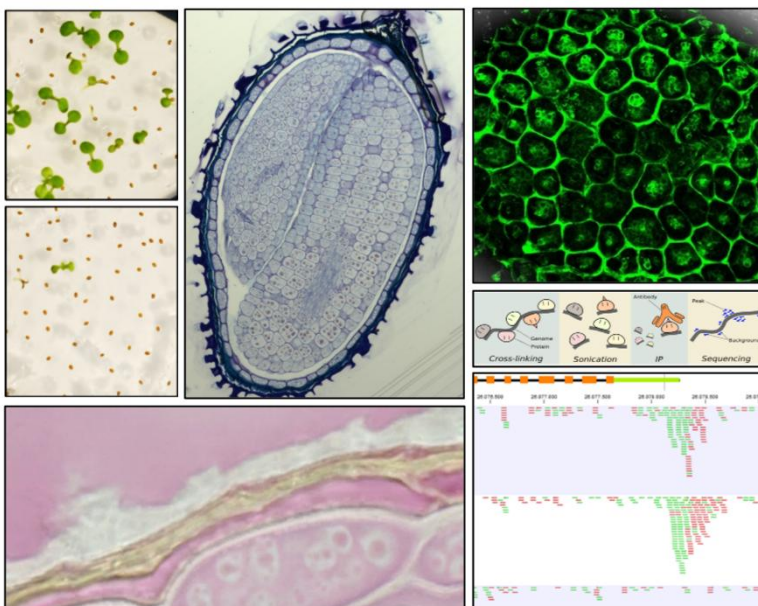
Investigador: Eduardo Bueso Ródenas

Proyecto: Estudio de las interacciones moleculares que hacen posible el desarrollo y la viabilidad de las semillas

La resistencia de las semillas al paso del tiempo viene determinada por factores genéticos y ambientales a los que se expone la semilla durante su latencia. Sin embargo, recientemente se ha demostrado que el ambiente al que se expone la planta madre también determina la longevidad de la semilla (Brunel-Muguet et al., 2025). Debido a condiciones climáticas extremas cada vez más frecuentes por el cambio climático las semillas pierden su capacidad de resistir al envejecimiento. En este contexto, es esencial comprender cómo se regulan los mecanismos moleculares involucrados para poder paliar esta pérdida de la longevidad de las semillas y asegurar así la propagación de los cultivos para garantizar la seguridad alimentaria.

Para el proyecto de investigación propuesto, disponemos de dos colecciones de mutantes en la planta modelo *Arabidopsis thaliana*: una de factores epigenéticos, y otra de factores de transcripción en sobreexpresión. Mediante el rastreo y posterior caracterización de los candidatos positivos queremos encontrar nuevos mecanismos moleculares que determinan la longevidad de la semilla, explorando la regulación transgeneracional y las redes transcripcionales que determinan las defensas antioxidantes, barreras celulares o mecanismos de reparación de la semilla, procesos claves para la protección de las semillas en condiciones extremas.

Para la caracterización de los genes candidatos, el estudiante llevará cabo distintas técnicas moleculares; entre ellas podemos destacar ChIP-seq para determinar las regiones de DNA implicadas en la regulación por los diversos factores encontrados, la obtención de mutantes mediante CRISPR-Cas9, y el uso de técnicas de microscopía confocal, óptica y electrónica para ver como se afectan las distintas estructuras de las semillas y su cubierta en los distintos mutantes y condiciones.



Información de contacto: edbuero@ibmcp.upv.es

Investigadores: Fernando Merwaiss y José-Antonio Daròs

Proyecto: Improving heritable virus-induced gene editing (VIGE): how to select the edited seeds?

CRISPR-Cas systems have become pivotal tools for precise genome editing and gene expression regulation. This technology is highly promising in crop science; enabling the creation of more productive and nutritious plant varieties that are resistant to pests and diseases, and better adapted to evolving environmental conditions. In the recent years, the use of viral vectors to facilitate CRISPR-Cas has emerged as a powerful tool for plant genome editing, with advantages, such as high efficiency and a simple DNA-free processing to generate gene-edited plants. However, germline plant cells have specific mechanisms to interfere with viral replication and avoid virus transmission to the next generation. This phenomenon prevents the possibility to obtain seeds carrying the desired edits directly from parental infected individuals. However, in the last years, some strategies have been developed towards overpassing this natural barrier. For this aim, it is important to have an easy reporting system that allows to select edited seeds. We will use plants that constitutively express a fluorescent reporter protein, dsRED. Targeting this gene with the corresponding guide RNA delivered by viral vectors can be qualitative analyzed by observing the plant tissues under a stereomicroscope, including both flowers and seed (Figure 1). In this way, the edited seeds can be selected and germinated in soil. The aim of this work is to develop a multiplexing strategy in which the genes of interest are targeted along the reporter dsRED gene to facilitate selection of edited seeds and avoid tissue culture techniques to produce the desired CRISPR-Cas edited plants.

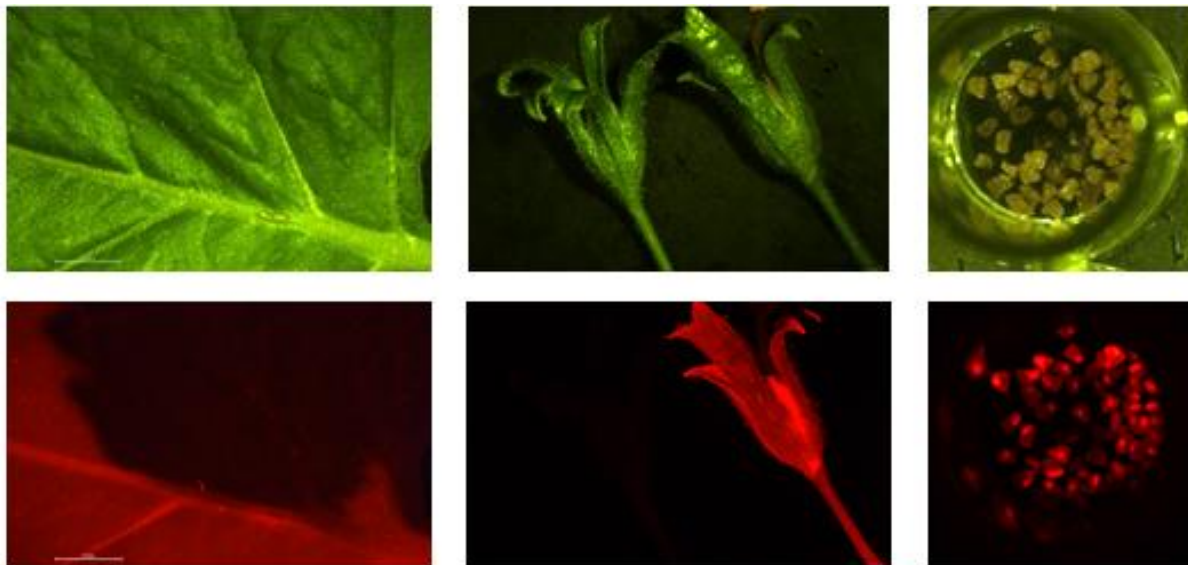


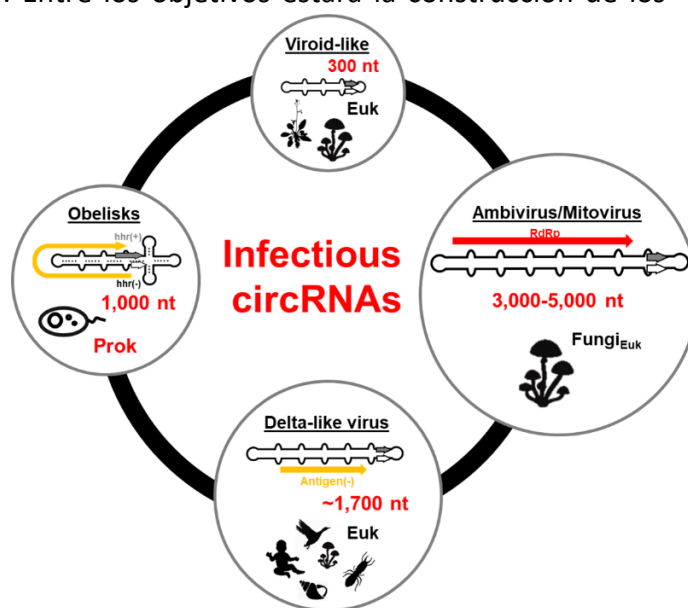
Figure 1. Leaf expressing dsRED with an edited region (left column). Flowers expressing or not dsRED (middle column). Seeds from plants constitutively expressing dsRED (right column)

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

Investigador: Marcos de la Peña Rivero

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

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

Investigador: JM Mulet y Rosa Porcel

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

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>

Investigadora: Carmen Hernández

Proyecto: Análisis de supresores virales del silenciamiento por RNA.

Los virus son parásitos intracelulares obligados que, dada su limitada capacidad codificante, necesitan utilizar numerosos recursos del hospedador para completar su ciclo infeccioso. El hospedador por su parte activa una serie de respuestas defensivas para frenar o limitar el avance de la infección viral. En plantas, una de las respuestas antivirales más eficientes está basada en el proceso de silenciamiento por RNA que es disparado por RNAs de doble cadena virales y que, en última instancia, conduce a la degradación del RNA del virus invasor. Los virus han desarrollado estrategias para contrarrestar este proceso entre las que destaca la producción de proteínas que actúan como supresores de la ruta de silenciamiento (VSRs), al interferir con distintas etapas de la misma. Estos VSRs están siendo objeto de intensa investigación, no sólo por su papel clave en el ciclo biológico de los virus, sino también porque están sirviendo como herramientas para desentrañar rutas de silenciamiento endógenas de la plantas (implicadas tanto en lucha antiviral como en regulación génica), porque constituyen dianas atractivas para el control de virosis y porque, además, presentan gran potencial biotecnológico. El objetivo del trabajo será seguir avanzando en el estudio del modo de acción de VSRs utilizando técnicas de Biología molecular y celular muy diversas, entre las que se incluyen PCR, clonación de DNA, purificación de DNA/RNA, electroforesis de ácidos nucleicos, análisis Northern y/o Western, microscopia confocal, manejo de virus, transformación de bacterias, agroinfiltración de plantas, etc.

Información de contacto: cahernan@ibmcp.upv.es

Investigadores: M^a Pilar López-Gresa y Purificación Lisón

Proyecto: Estudio de genes y metabolitos implicados en la resistencia de las plantas de tomate frente a patógenos.

A lo largo de la evolución, las plantas han ido desarrollando sistemas de defensa frente a diversas agresiones abióticas y bióticas por parte de su entorno. Estos sistemas defensivos incluyen tanto barreras constitutivas como defensas inducibles. En respuesta a las señales de estrés, las plantas sintetizan proteínas de defensa y compuestos químicos de diversa naturaleza. Estos compuestos pueden ejercer funciones defensivas directas, esto es, actuando como antioxidantes, antibacterianos o antifúngicos, o actuar como metabolitos defensivos indirectos, señalizando la respuesta defensiva. Algunos compuestos volátiles (VOCs) y otros, tales como los alcaloides y compuestos fenólicos de mayor polaridad y peso molecular, pertenecen a este grupo de compuestos defensivos. Empleando diferentes interacciones planta-patógeno tales como tomate-*Pseudomonas syringae*, tomate-*Fusarium oxysporum*, tomate-Virus del mosaico del tomate y tomate-Viroide de la Exocortis de los Cítricos, en nuestro laboratorio estamos interesados en caracterizar componentes proteicos y metabólicos que constituyen dicha respuesta de defensa en tomate. Nuestro objetivo general es contribuir al conocimiento del sistema defensivo de las plantas y obtener plantas más resistentes a las agresiones externas, así como encontrar compuestos naturales asociados a la respuesta defensiva con interés biotecnológico.

Información de contacto: mplopez@cega.upv.es; plison@ibmcp.upv.es

Investigadores: Lidia Orea Ordóñez y Jorge Lozano Juste.

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

Los PROTACs (PROteolysis Targeting Chimeras) son moléculas químicas capaces de degradar proteínas de manera dirigida usando el sistema ubiquitina-proteasoma (UPS). Estas moléculas tienen 3 partes. Una parte que se une a la proteína diana, otra parte que se une a una E3-ligasa y un linker conectando ambas partes. El tratamiento con PROTACs provoca una aproximación de la proteína diana que queremos degradar a una E3-ubiquitin ligasa, desencadenando la ubiquitinación de la proteína diana y su degradación por el proteasoma. Estas moléculas ofrecen una alternativa muy ventajosa frente a los inhibidores tradicionales. Aunque los PROTACs han supuesto una revolución en el sector farma y se conocen ampliamente en biomedicina, los PROTACs aún no se han aplicado en plantas. Nuestro laboratorio está enfocado en el diseño y desarrollo de PROTACs y de sistemas relacionados, como **dTAG** y **HaloTag** (**Fig 1**), para explorar su potencial y desarrollar una prueba de concepto del primer uso de PROTACs en biología de plantas.

En este proyecto de TFM se explorará el uso de los sistemas dTAG y HaloTag como herramientas de degradación dirigida de proteínas. Para ello, se clonaran diferentes genes para generar líneas transgénicas de *Arabidopsis thaliana* que expresen la proteína fluorescente verde (GFP) fusionada a las etiquetas dTAG (35S::GFP-FKBP^{F36V}) y HaloTag (35S::GFP-HaloTag), con el fin de inducir la degradación de GFP vía UPS utilizando PROTACs como dTAG13 y HaloPROTAC (**Fig. 1**). La expresión de **estas construcciones y la eficacia de la degradación de GFP se evaluarán mediante técnicas de biología molecular y análisis celular, como western blot, microscopía confocal, así como el uso de experimentos de proteómica cuantitativa, entre otros, sentando así las bases para futuras aplicaciones biotecnológicas en plantas.**

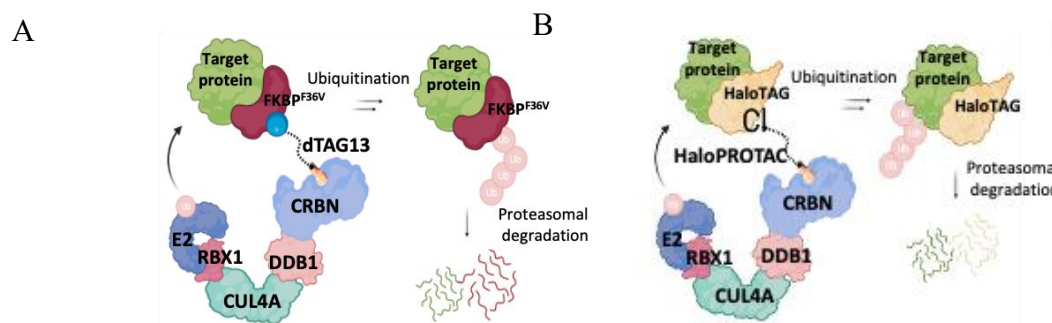


Figura 1. Representación esquemática de los sistemas de degradación dirigida de proteínas dTAG (A) (Nabet *et al.*, 2018) y HaloTag (B) (Ody *et al.*, 2023).

Información de contacto: lioror1@ibmcp.upv.es

Investigadores: Rafa Ruiz Partida y Jorge Lozano Juste

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

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 fosfatasas 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 fosfatasas 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 fosfatasas 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

Empresa: Anecoop

Proyecto: Mejora genética de especies frutales de interés agronómico

- La remuneración se ajustará al convenio de la UPV.
- Es conveniente tener un vehículo particular
- Flexibilidad de horario
- Fecha inicio: Febrero 2026

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