UNIVERSIDAD DE GRANADA

Departamento de
Bioquímica y Biología
Molecular I

Regulación génica y nuevos biomarcadores en patologías humanas

- Código del grupo: CTS 168
- Reponsable: Pedro J. Real Luna
  - pedroreal@ugr.es

Modelo experimental celular de aterosclerosis temprana: Hemos desarrollado un modelo experimental celular para el estudio de los cambios en el estado de diferenciación y transdiferenciación de las células de músculo liso (SMC) de pollo inducidos por el colesterol de la dieta. Estudios comparados sobre la regulación génica y el control nutricional de la homeostasis del colesterol celular por SREBPs, PPARs, LXR, ABC, CD36, en cultivos SMC de pollos controles (SMC-C) y cultivos SMC de pollo hipercolesterolémico (SMC-Ch), así como en una línea celular establecida de SMC humana (A10). Transdiferenciación de las SMC: Formación de células espumosas in vivo e in vitro. Modulación génica mediada por isoprenilización proteica.

Determinación de biomarcadores en pacientes con adenocarcinoma de páncreas, expresión génica y de proteínas por microarrays. Estudio de correlación de la respuesta clínica a gemcitabina y a erlotinib: La Gemcitabina es el fármaco estándar para el tratamiento del adenocarcinoma de páncreas (PDAC) avanzado. El mecanismo de acción de la gemcitabina implica su metabolización intracelular a nucleósido difosfato y trifosfato, ambos con actividad citotóxica al inhibir la síntesis de DNA, induciendo la apoptosis. Erlotinib es un inhibidor de HER1, familia de EGFR, componentes clave de la vía de transmisión de señales alterada relacionada con la aparición y crecimiento de numerosos tipos de cáncer. Su mecanismo de acción se ejerce a nivel de la inhibición de la actividad de la tirosina quinasa de los HER1 y la transmisión de señales iniciada por activación de estos receptores, bloqueando así la proliferación de las células tumorales. Nuestro objetivo es determinar el efecto de los tratamientos con gemcitabina y erlotinib sobre la proliferación y apoptosis en células de tejido de adenocarcinoma de páncreas, de sangre periférica y de células en

Copyright© 2024 Universidad de Granada

cultivo. El perfil de expresión génica se está estudiando con bioarrays a partir de RNA total de sangre periférica obtenido con Blood RNA y purificado con kit RNAeasy de Quiagen. La validación de los resultados se realiza por medio de PCR cuantitativa a tiempo real. Se han realizado análisis de proteínas mediante western blot y arrays de anticuerpos.

- Descargar Versión en Inglés

Miembros del Grupo

- **Mª José Alejandre Pérez**
  - Doctora en Biología. Profesora Titular de Bioquímica y Biología Molecular
  - @email
- **Sonia Perales Romero**
  - Doctora en Bioquímica. Contratada Doctora de Bioquímica y Biología Molecular
  - @email
- **Carolina Torres Perales**
  - Profesora Ayudante Doctora de Bioquímica y Biología Molecular
  - @email
- **Signe Altmäe**
  - Doctora en Bioquímica. Investigadora Ramón y Cajal
  - @email
- **Mª del Mar Bonillo Lamolda**
  - Investigadora contratada
- **Miguel Martin Hernández**
  - Profesor Ayudante doctor Bioquímica y Biología Molecular
  - @email
- **Lourdes López Onieva**
  - Investigadora Programa reincorporación Plan Propio

Copyright© 2024 Universidad de Granada

    - @email
- **Alberto Sola Leyva**
    - Contratos predectorales Formación doctores FPI
    - @email
- **Nerea Molina Morales**
    - Contratos predoctorales FP
    - @email
- **Gonzalo Martínez Navajas**
    - Contratos predoctorales FPU
    - @email
- **Jorge Cerón Hernández**
    - Contratos predoctorales FP
    - @email
- **Erica Olivieri**
    - Contratos predoctorales FP
    - olivierie@ugr.es
- **Iris Simón Sáez**
    - Investigadora predoctoral
- **Inmaculada Pérez Prieto**
    - Contratos predoctorales FPU
    - Inmapprieto@ugr.es

Producción Científica

- Lineas de Investigación
- Publicaciones desde 1990
- Proyectos de Investigación
- Patentes

Copyright© 2024 Universidad de Granada

- Tesis Doctorales
- Comunicaciones a Congresos desde 1990

Copyright© 2024 Universidad de Granada