

Fecha del CVA

22/05/2020

Parte A. DATOS PERSONALES

Nombre y Apellidos	María Abáigar Alvarado		
DNI/NIE/Pasaporte		Edad	34
Núm. identificación del investigador	Researcher ID	V-9309-2017	
	Scopus Author ID	55037335600	
	Código ORCID	0000-0002-5716-6242	

A.1. Situación profesional actual

Organismo	Charité - Universitätsmedizin Berlin		
Dpto. / Centro	Hematología, Oncología e Inmunología tumoral / Edificio de Investigación Forum 4, R.1.0301, Campus Virchow Klinikum		
Dirección			
Teléfono		Correo electrónico	
Categoría profesional	Investigador Postdoctoral (Junior)	Fecha inicio	2019
Espec. cód. UNESCO			
Palabras clave			

A.2. Formación académica (título, institución, fecha)

Licenciatura/Grado/Doctorado	Universidad	Año
Biología y clínica del cáncer	Universidad de Salamanca	2015
Licenciado en Biología Especialidad Biología Fundamental	Universidad de Salamanca	2008

A.3. Indicadores generales de calidad de la producción científica

Parte B. RESUMEN LIBRE DEL CURRÍCULUM

Licenciada en Biología (2008) y **Doctora** por la Univ. de Salamanca (2015), habiendo desarrollado su tesis doctoral (Cum laude "Doctor Europeus") en **genética molecular del cáncer hematológico**, en el Centro de Investigación del Cáncer y bajo la dirección del Prof. Jesús M^a Hernández Rivas y la Dra. Rocío Benito Sánchez (programa de doctorado: Biología y Clínica del Cáncer, de la Univ. De Salamanca).

Su actividad investigadora se enmarca en área de la **hematología**, concretamente en la **caracterización molecular** de los síndromes mielodisplásicos (incluido el tratamiento con 5-azacitidina y progresión a leucemia aguda mieloblástica), mediante la aplicación de las técnicas de análisis masivo como arrays genómicos (aCGH), microarrays de expresión, secuenciación masiva (DNaseq, RNAseq con 454-Roche e illumina) y metilación, su análisis bioinformático, así como la **correlación de los hallazgos biológicos con la evolución clínica** de estos pacientes, con el objetivo de establecer un genotipo específico para un fenotipo clínico y pronóstico.

Desde 2016, su actividad como investigadora postdoctoral se ha centrado en el desarrollo del consorcio **HARMONY** (IMI, BD4BO), primera iniciativa público-privada de Big Data en Salud, con 53 instituciones europeas involucradas y un presupuesto de 40M €, participando en el establecimiento del proceso de anonimización y la configuración de la plataforma Big Data para el proyecto piloto.

En 2019 se ha unido como investigadora postdoctoral al grupo dirigido por el Prof. Lars Bullinger en Charité-Universitätsmedizin Berlin (Berlín, Alemania), Dpto. de Hematología, Oncología e Inmunología Tumoral. Su investigación se enmarca en el estudio de los cambios genómicos y transcriptómicos que conducen a la **leucemia aguda mieloblástica**, participando en proyectos como **SyTASC** y **DRAMA**. Además, está desarrollando un proyecto

para el estudio y caracterización del perfil de **RNAs circulares**, mediante secuenciación con la tecnología **Oxford Nanopore**, así como estudio de medicina de precisión funcional mediante el **análisis in-vitro de la respuesta a quimioterapia** (plataforma Cellply) en LAM.

Su participación en proyectos Europeos continúa, siendo **HARMONY** el pilar, aunque se ha unido como miembro activo de iniciativas como **onNGS**, para la realización de un panel de secuenciación para su empleo en la rutina clínica para tumores sólidos y linfomas, y **NEMHESYS**, una plataforma de enseñanza de las tecnologías de secuenciación masiva, promovida por el programa Erasmus+.

Estancias en centros extranjeros: 2012: Dpto. Secuenciación, **MLL-Münchner Leukämie Labor GmbH** (Munich, Alemania). Supervisores: Dr. A Kohlmann, Prof. Dr. T Haferlach. Bolsa de viaje del Programa JAE, CSIC.

Becas

- * 2007-2008: **Colaboración Universitaria** - MEC
- * 2008-2009: **Beca Predoctoral** - FICUS
- * 2009-2013: **Beca Predoctoral** - Programa JAE, CSIC
- * 2012: **Bolsa de viaje** - Programa JAE, CSIC
- * 2016-2018: **Beca de Investigación FEHH 2015** – FEHH

Publicaciones: 18 artículos científicos, 2 capítulos de libro

Participación en Congresos: 111 - Internacionales: 14 comunicaciones orales, 36 pósters; Nacionales: 42 comunicaciones orales, 19 pósters

Participación en proyectos/redes de cooperación internacional: EuGESMA; ELN; IRON; NGS-PTL; MDS-RIGHT; HARMONY; SYNtherapy; oncNGS; NEMHESYS

Parte C. MÉRITOS MÁS RELEVANTES (ordenados por tipología)

C.1. Publicaciones

- 1 **Artículo científico.** JM Hernández-Sánchez; et al. 2020. Genome-wide transcriptomics leads to the identification of deregulated genes after deferasirox therapy in low-risk MDS patients. *Pharmacogenomics Journal*.
- 2 **Artículo científico.** L Palomo; et al. 2019. Spanish Guidelines for the use of targeted deep sequencing in myelodysplastic syndromes and chronic myelomonocytic leukaemia. *British Journal of Haematology*. 188-5, pp.605-622.
- 3 **Artículo científico.** JC Caballero; et al. 2019. Chronic graft-versus-host disease could ameliorate the impact of adverse somatic mutations in patients with myelodysplastic syndromes and hematopoietic stem cell transplantation. *Annals of Hematology*. 98-9, pp.2151-2162.
- 4 **Artículo científico.** M Hernández-Sánchez; et al. 2018. CLL cells cumulate genetic aberrations prior to the first therapy even in outwardly inactive disease phase *Leukemia*.
- 5 **Artículo científico.** MT Cedena; et al. 2017. Mutations in the DNA methylation pathway and number of driver mutations predict response to azacitidine in myelodysplastic syndromes *Oncotarget*. 8-63, pp.106948-106961.
- 6 **Artículo científico.** M Forero-Castro; et al. 2017. Mutations in TP53 and JAK2 are independent prognostic biomarkers in B-cell precursor acute lymphoblastic leukaemia *Br J Cancer*. 117-2, pp.256-265.
- 7 **Artículo científico.** K Janusz; et al. 2017. A two-step approach for sequencing spliceosome-related genes as a complementary diagnostic assay in MDS patients with ringed sideroblasts *Leuk Res*. 56, pp.82-87.
- 8 **Artículo científico.** S Aibar; et al. 2016. Identification of expression patterns in the progression of disease stages by integration of transcriptomic data *BMC Bioinformatics*. 17-Suppl 155, pp.432.
- 9 **Artículo científico.** M Abáigar; et al. 2016. Chromothripsis Is a Recurrent Genomic Abnormality in High-Risk Myelodysplastic Syndromes *PLoS One*. 11-10, pp.e0164370.

- 10 **Artículo científico.** M Forero-Castro; et al. 2016. Genome-Wide DNA Copy Number Analysis of Acute Lymphoblastic Leukemia Identifies New Genetic Markers Associated with Clinical Outcome PLoS One. 11-2, pp.e0148972.
- 11 **Artículo científico.** M del Rey; et al. 2015. Dereglulation of genes related to iron and mitochondrial metabolism in refractory anemia with ring sideroblasts PLoS One. 10-5, pp.e0126555.
- 12 **Artículo científico.** JF De Paz; et al. 2015. aCGH-MAS: analysis of aCGH by means of multiagent system Biomed Res Int. 2015, pp.194624.
- 13 **Artículo científico.** S Saumell; et al. 2014. Fluorescence in situ hybridization analysis does not increase detection rate for trisomy 8 in chronic myelomonocytic leukemia Leuk Lymphoma. 56-1, pp.242-243.
- 14 **Artículo científico.** L Arenillas; et al. 2013. Single nucleotide polymorphism array karyotyping: a diagnostic and prognostic tool in myelodysplastic syndromes with unsuccessful conventional cytogenetic testing Genes Chromosomes Cancer. 52-12, pp.1167-1177.
- 15 **Artículo científico.** S Weissmann; et al. 2013. Prognostic impact and landscape of NOTCH1 mutations in chronic lymphocytic leukemia (CLL): a study on 852 patients Leukemia. 27-12, pp.2393-2396.
- 16 **Artículo científico.** M Abáigar; et al. 2013. Prognostic impact of the number of methylated genes in myelodysplastic syndromes and acute myeloid leukemias treated with azacytidine Ann Hematol. 92-11, pp.1543-1552.
- 17 **Capítulo de libro.** Grupo Español de SMD (GESMD). 2017. Guía de aplicación clínica de la secuenciación masiva en síndromes mielodisplásicos y leucemia mielomonocítica crónica 63. ISBN 978-84-697-6291-2.

C.2. Proyectos

- 1 oncNGS: NGS diagnostics in 21st century oncology: the best, for all, at all times Unión Europea. H2020-EU.3.1.5. - Methods and data / SC1-BHC-10-2019 - Innovation Procurement: Next generation sequencing (NGS) for routine diagnosis. M Van den Bulcke. 2020-2024. Participante.
- 2 Project Ref: 612639-EPP-1-2019-1-ES-EPPKA2-KA, NEMHESYS: NGS Establishment in Multidisciplinary Healthcare Education SYStem Unión Europea. Erasmus+ / Cooperation for innovation and the exchange of good practices - Knowledge Alliances for higher education. JM Hernández-Rivas. 2020-2022. 176.720 €. Miembro de equipo.
- 3 PI18/01500, Estudio genómico y funcional de la concurrencia de alteraciones genéticas y de la resistencia a fármacos en pacientes de leucemia linfática crónica mediante modelos celulares y animales Instituto de Salud Carlos III. JM Hernández-Rivas. 2019-2021. 135.520 €. Miembro de equipo.
- 4 SA271P18, Medicina personalizada en la leucemia aguda linfoblástica (LAL). Uso clínico de las tecnologías de secuenciación masiva Consejería de Educación, Junta de Castilla y León. JM Hernández-Rivas. 2019-2021. 120.000 €. Miembro de equipo.
- 5 Reference Number: ERAPERMED2018-275, SYNtherapy: Synthetic Lethality for Personalized Therapy-based Stratification In Acute Leukemia Unión Europea. ERA PerMed: 1st Joint Call for Proposals (JTC) on Research Projects on Personalised Medicine-Smart Combination of Pre-Clinical and Clinical Research with data and ICT solutions. JM Hernández-Rivas. 2019-2021. 199.999,69 €. Miembro de equipo.
- 6 PI17/01741, Caracterización de los SMD de bajo riesgo sin sideroblastos en anillo: de las CPH a las vesículas extracelulares circulantes Instituto de Salud Carlos III. M Díez-Campelo. 2018-2021. 197.230 €. Miembro de equipo.
- 7 Grant Agreement No. 116026, HARMONY: Healthcare Alliance for Resourceful Medicines Offensive against Neoplasms in Hematology Unión Europea. Innovative Medicines Initiative (IMI), "H2020-JTI-IMI2" Big Data for Better Outcomes Program: Topic 4 "Development of an outcomes-focused data platform to empower policy makers and clinicians to optimize care for patients with hematologic malignancies". JM Hernández-Rivas. 2017-2021. 40.000.000 €. Miembro de equipo.

- 8 GRS 2068/A/19, Identificación de la hematopoyesis clonal de potencial indeterminado (CHIP) mediante secuenciación masiva como factor de riesgo en pacientes con tromboembolismo pulmonar no provocado y riesgo vascular GERENCIA REGIONAL DE SALUD DE CASTILLA Y LEON. MA Fidalgo Fernández. 2019-2020. 13.860 €. Miembro de equipo.
- 9 Grant Agreement No. 634789, MDS-RIGHT: Providing the right care to the right patient with MyeloDysplastic Syndrome at the right time Unión Europea. H2020. T de Witte. 2015-2020. 6.000.000 €. Miembro de equipo.
- 10 PI15/01471, Análisis genómico y funcional de la evolución clonal en los enfermos con leucemia linfática crónica y en un modelo "in vitro" de modificación genética dirigida Instituto de Salud Carlos III. JM Hernández-Rivas. 2016-2018. 134.915 €. Miembro de equipo.
- 11 FS/21-2016, Análisis funcional in vivo del truncamiento del gen ATM en células stem hematopoyéticas humanas mediante la tecnología de edición genómica CRISPR/Cas9: Implicaciones en leucemia linfocítica crónica Fundación Samuel Solórzano Barruso. V Alonso-Pérez. 2017-2017. 1.500 €. Miembro de equipo.
- 12 Desarrollo de una Guía de Secuenciación Masiva en Síndromes Mielodisplásicos y Leucemia Mielomonocítica Crónica GESMD (Grupo Español de Síndromes Mielodisplásicos). E Such Taboada. 2016-2017. 10.000 €. Miembro de equipo.
- 13 GRS 1349/A/16, Impacto clínico y pronóstico de la presencia de mutaciones somáticas en pacientes con SMD de bajo riesgo sin sideroblastos en anillo GERENCIA REGIONAL DE SALUD DE CASTILLA Y LEON. M Díez-Campelo. 2016-2017. 18.539 €. Miembro de equipo.
- 14 BIO/SA52/14, Estudio de las mutaciones presentes en las células progenitoras hematopoyéticas en los Síndromes Mielodisplásicos mediante secuenciación masiva GERENCIA REGIONAL DE SALUD DE CASTILLA Y LEON. M del Rey. 2014-2015. 37.740 €. Miembro de equipo.
- 15 HUS272U13, Estudio de la leucemia aguda linfoblástica B mediante microarrays y secuenciación de última generación JM Hernández-Rivas. 2013-2015. 35.000 €. Miembro de equipo.
- 16 Grant Agreement No. 306242, NGS-PTL: Next Generation Sequencing- Personalized therapy in Leukemia Unión Europea (FP7). FP7-HEALTH-2012-INNOVATION-1. G Martinelli. 2013-2015. 5.800.000 €. Miembro de equipo.
- 17 BIO/SA31/13, Estudio de las alteraciones en el gen IKAROS en Leucemia Aguda Linfoblástica GERENCIA REGIONAL DE SALUD DE CASTILLA Y LEON. R Benito. 2013-2014. 22.098 €. Miembro de equipo.
- 18 BIO/SA47/13, Estudio mediante secuenciación masiva de las mutaciones de los genes implicados en síndromes mielodisplásicos GERENCIA REGIONAL DE SALUD DE CASTILLA Y LEON. JM Hernández-Rivas. 2013-2014. 42.990 €. Miembro de equipo.
- 19 FUCALHH2013, Estudios de la Leucemia Aguda Linfoblástica mediante ultrasecuenciación Fundación Castellano Leonesa de Hematología y Hemoterapia (FUCALHH). JM Hernández-Rivas. 2013-2014. 6.000 €. Miembro de equipo.
- 20 GRS 874/A/13, Estudio de los cambios genómicos y transcriptómicos asociados a la presencia de mutaciones en Síndromes Mielodisplásicos GERENCIA REGIONAL DE SALUD DE CASTILLA Y LEON. M Díez-Campelo. 2013-2013. 14.900 €. Miembro de equipo.

C.3. Contratos

IRON-III: The Interlaboratory Robustness of Next-generation sequencing study III Roche IVS. T Haferlach. Desde 2014.

C.4. Patentes