

Andrea Martínez Cuevas

Bióloga | Biotecnóloga



✉ andreamtc45@gmail.com

☎ +34 727772210

➕ www.linkedin.com/in/andrea-martínez-cuevas

OBJETIVO PROFESIONAL

Bióloga especializada en biotecnología, con formación en técnicas de laboratorio, biología molecular y análisis de datos. Cuento con experiencia en cultivos celulares, técnicas avanzadas de laboratorio como edición genética con CRISPR/Cas9, análisis bioinformático y tecnologías de secuenciación. Mi objetivo es aplicar mis conocimientos en biología molecular, biotecnología y análisis de datos para el desarrollo de soluciones innovadoras en diagnóstico, terapias avanzadas e investigación biomédica. Me motiva contribuir al avance científico a través de la optimización de procesos, el desarrollo de nuevos enfoques experimentales y la aplicación de herramientas bioinformáticas para la mejora de la salud y la calidad de vida.

FORMACIÓN ACADÉMICA

Postgrado en Biotecnología

Universidad de Granada (2023-2024)

Grado en Biología

Universidad de Granada (2019-2023)

Bachillerato

I.E.S. José de Mora (2017-2019)

HABILIDADES

Habilidades profesionales

- **Capacidad de rápido aprendizaje** en nuevas tecnologías y metodologías científicas.
- **Trabajo en equipo** en proyectos multidisciplinarios y científicos.
- **Comunicación efectiva** para la presentación de resultados y divulgación científica.
- **Adaptabilidad** para trabajar en entornos multidisciplinarios y con nuevas tecnologías.
- **Gestión de proyectos** con capacidad para manejar múltiples tareas simultáneamente.

Habilidades técnicas

- **Técnicas de laboratorio:** PCR, qPCR, secuenciación de ADN, electroforesis, cultivos celulares, inmunofluorescencia, extracción de RNA y obtención de cDNA
- **Edición genética:** manejo de CRISPR/Cas9 (diseño de gRNAs, producción de vectores, transducción celular).
- **Bioinformática:** análisis de secuencias (ICE de Synthego), diseño de primers, uso de CRISPOR para gRNAs.
- **Análisis de datos:** manejo de Excel, GraphPad.
- **Software científico:** BioRender, CRISPOR, ICE de Synthego.
- **Investigación y redacción científica:** revisión bibliográfica, síntesis de información y elaboración de informes técnicos.

IDIOMAS

- **Español:** Nativo
- **Inglés:** B2
- **Italiano:** B2

PUBLICACIONES

Carrillo-Gálvez, A.B., Guerra-Valverde, J.A., Padial-Molina, M., Martínez-Cuevas, A., Abril-García, D., Olaechea, A., Martín-Morales, N., O'Valle, F., Galindo-Moreno, P. & Zurita, F. (2025). Cross-talk between NLRP3 and AIM2 inflammasomes in macrophage activation by LPS and titanium ions. *Molecular Medicine*, 31:223. <https://doi.org/10.1186/s10020-025-01290-7>

CERTIFICACIONES Y LOGROS

- **Técnicas de reproducción humana asistida:** Universidad de Málaga, 2025.
- **MOOC Machine Learning and Big Data para la bioinformática:** Universidad de Granada, 2022.
- **MOOC sobre Búsqueda de información:** Universidad de Granada, 2022.
- **Beca programa ERASMUS+:** Università degli Studi del Piemonte Orientale, 2021/2022.

PROYECTOS

Síndromes relacionados con deleciones y duplicaciones cromosómicas

- Realización de una revisión exhaustiva de la literatura científica sobre síndromes genéticos asociados con deleciones y duplicaciones cromosómicas.
- Análisis crítico de estudios previos y síntesis de información relevante sobre las manifestaciones clínicas y los mecanismos genéticos subyacentes.
- Redacción de un informe detallado que destaca los hallazgos más importantes y las implicaciones para el diagnóstico y tratamiento.

Calificación: 9.1

Análisis in vitro del proceso inflamatorio mediante la generación de líneas de macrófagos *Knockout* para NLRP3 y AIM2

- Técnicas de laboratorio: PCR, qPCR secuenciación de ADN, electroforesis, cultivos celulares, inmunofluorescencia, extracción de ARN, obtención de cDNA, manejo del sistema CRISPR/Cas9: diseño de gRNAs, producción de vectores, transducción de células, uso de microscopios de fluorescencia y ópticos.
- Bioinformática: análisis de secuencias mediante el software ICE de Synthego, diseño de primers, utilización del software CRISPOR para el diseño de gRNAs.

Calificación: 9.7