

CURRICULUM VITAE ABREVIADO (CVA)

AVISO IMPORTANTE – El *Curriculum Vitae* abreviado **no podrá exceder de 4 páginas**. Para rellenar correctamente este documento, lea detenidamente las instrucciones disponibles en la web de la convocatoria.

IMPORTANT – The *Curriculum Vitae* **cannot exceed 4 pages**. Instructions to fill this document are available in the website.

Fecha del CVA	07/11/2025
----------------------	------------

Parte A. DATOS PERSONALES

Nombre	Silvia		
Apellidos	Jimeno González		
Sexo (*)	Mujer	Fecha de nacimiento (dd/mm/yyyy)	
DNI, NIE, pasaporte			
Dirección email	sjimeno@us.es	URL Web	
Open Researcher and Contributor ID (ORCID) (*)			

* datos obligatorios

A.1. Situación profesional actual

Puesto	Profesora Titular de Universidad		
Fecha inicio	25/04/2024		
Organismo/ Institución	Universidad de Sevilla		
Departamento/ Centro	Genética/CABIMER		
País	España	Teléfono	
Palabras clave	Transcripción, procesamiento de RNA, DNA topoisomerasa, expresión génica, cáncer		

A.2. Situación profesional anterior (incluye interrupciones en la carrera investigadora, de acuerdo con lo indicado en la convocatoria, indicar meses totales)

Periodo	Puesto/ Institución/ País / Motivo interrupción
2021-2024	Profesora Contratada Doctora/ Universidad de Sevilla /España
2016-2021	Investigadora Ramón y Cajal/ Universidad de Sevilla/España/Baja maternidad (6 meses)
2015-2016	Investigadora postdoctoral / Universidad de Sevilla / España
2011- 2014	Investigadora postdoctoral (Juan de la Cierva)/ CISC/ España / Baja maternidad (6 meses)
2007-2011	Investigadora postdoctoral/Aarhus University/Dinamarca/Baja maternidad (12 meses)
2001- 2007	Estudiante de doctorado (beca FPU)/ Universidad de Sevilla /España

A.3. Formación Académica

Grado/Master/Tesis	Universidad/Pais	Año
Doctorado	Universidad de Sevilla	2007
Licenciatura	Universidad de Sevilla	2001

(Incorporar todas las filas que sean necesarias)



Parte B. RESUMEN DEL CV (máx. 5.000 caracteres, incluyendo espacios)

Soy bióloga molecular y he trabajado como investigadora desde 2001 en 4 laboratorios diferentes en España y Dinamarca. Mi investigación, que solo ha sido interrumpida por tres periodos de baja por maternidad en 2010, 2014 y 2018, siempre ha estado centrada en la coordinación de la elongación de la transcripción con procesos que ocurren simultáneamente. He publicado en revistas de alto nivel, con importantes contribuciones en el campo de la transcripción y el metabolismo del RNA, siendo autora de correspondencia de la mayoría de mis publicaciones como investigadora postdoctoral. Mi trabajo contribuyó a la descripción de la función del complejo FACT en la elongación de la transcripción de moldes cromatinizados (*Mol. Cell. Biol*, 2006) y a encontrar nuevos mecanismos de control de calidad para el RNA naciente asociado con la transcripción (*Mol. Cell.*, 2010, *RNA*, 2014). Además, estudié la función de la pausa próxima al promotor en la elongación temprana tanto a nivel de estructura de cromatina (*NAR*, 2015) como a nivel de topología del DNA (*Cell Reports*, 2021). Además, mis estudios llevaron al descubrimiento de una nueva relación entre la densidad de nucleosomas y la velocidad de elongación de la transcripción (*PNAS*, 2015). Durante estos años también he establecido diferentes colaboraciones que han llevado a la publicación de varios artículos de alto nivel (*EMBO J*, 2009, *PLoS Genetics*, 2009, *Nature Commun* 2017, 2020, 2021).

Como estudiante de doctorado, obtuve una beca FPU del Ministerio de Educación y Ciencia. Durante mi estancia postdoctoral en la Universidad de Aarhus, trabajé como parte de un proyecto de la European Science Foundation. Posteriormente, al regresar a España, obtuve un contrato Juan de la Cierva en el CSIC y, posteriormente, fui beneficiaria de un contrato Ramón y Cajal del Ministerio de Ciencia para convertirme en investigadora independiente en la Universidad de Sevilla, donde actualmente soy profesora titular. Desde septiembre de 2020, lidero un grupo de investigación en CABIMER que ha sido financiado por el Ministerio de Ciencia, la Junta de Andalucía, la Universidad de Sevilla y la Fundación Ramón Areces. El grupo se centra en el estudio de la regulación de la elongación de la transcripción y el procesamiento del mRNA en el contexto de la enfermedad, aplicando una gran variedad de enfoques experimentales y conceptuales que se mueven en el campo entre la Genética y la Biología Molecular y Celular. Estamos particularmente interesados en cómo las pausas de transcripción durante la elongación pueden jugar un papel en la regulación de la expresión génica y sus implicaciones en el desarrollo de enfermedades como el cáncer. Parte de esta investigación ha sido publicada por nuestro grupo (*Cell Reports*, 2021, 2025).

Durante mi carrera, he participado en diversas actividades de divulgación científica como "café con científicas", charlas y mesas redondas en centros de educación secundaria, visitas guiadas a CABIMER o el campus de verano de Andalucía-Tech. En varias de estas actividades abagué por la promoción de la igualdad de género en el ámbito científico.

Respecto a las contribuciones a la formación de jóvenes investigadores, he supervisado la tesis doctoral de Andrés Herrero Ruiz (2020), actualmente becario postdoctoral de EMBO en la Universidad de Cambridge. Actualmente soy directora de dos tesis en curso de Clara Megías (becaria PIF, Universidad de Sevilla) y Alberto León (Becario Fundación Ramón Areces). Además, he dirigido 8 proyectos fin de máster y 10 proyectos fin de grado. Soy evaluadora para la "Agencia Estatal de Investigación" (AEI) y para fundaciones privadas como la "Asociación Española Contra el Cáncer" (AECC), el Reino Unido Research and Innovation (UKRI) y Borehinger Ingelheim Fonds (BIF). Además, he participado en varios comités de tesis doctorales y de fin de estudios (grado o máster). Finalmente, desde que me uní a la Universidad de Sevilla como investigadora Ramón y Cajal, he participado en diferentes actividades de docencia (cursos teóricos y prácticos) en el campo de la Genética.

Parte C. LISTADO DE APORTACIONES MÁS RELEVANTES - C.1. Publicaciones más importantes en libros y revistas con "peer review" y conferencias

AC: autor de correspondencia; (nº x / nº y): posición / autores totales

- Megías-Fernández, C, Delgado-Sainz, I, León-Halcón, A, Buglioni, V, Bruno, F, González-Aguilera, C, Maslon, MM, Jimeno-González, S*. (2025) DNA topoisomerase II promotes N6-adenosine mRNA methylation. *Cell Reports*. Nov 44; 11: 116468 *AC; (7/7)

- Iglesias-Ortega, L, Megías-Fernández, C, Domínguez-Giménez, P, **Jimeno-González, S** and Rivero S. (2023). Cell consequences of loss of function of the epigenetic factor EHMT1. **Cellular Signalling**. Elsevier. Aug;108:110734. DOI: 10.1016/j.cellsig.2023.110734. (4/5). Citas:1
- Delgado-Chávez, FM, Martínez-García, PM, Herrero-Ruiz, A *et al.* (2022). Data of transcriptional effects of the merbarone-mediated inhibition of TOP2. **Data in Brief**. Aug 1;44:108499. DOI: 10.1016/j.dib.2022.108499. (6/7).
- Jimeno, S, Prados-Carvajal, R, Fernández-Ávila, MJ *et al.* (2021) ADAR2-mediated RNA editing of DNA:RNA hybrids is required for DNA double strand break repair. **Nature communications**. Sep 17;12(1):5512. DOI: 10.1038/s41467-021-25790-2 (11/17) Citas: 25
- Herrero-Ruiz, A, Martínez-García, P, Terrón-Bautista, J, Millán-Zambrano, G, Lieberman, JA, **Jimeno-González, S*** and Cortés-Ledesma F* (2021) Topoisomerase II α represses transcription by enforcing promoter-proximal pausing. **Cell Reports**, Apr 13;35(2):108977. DOI: 10.1016/j.celrep.2021.108977 *AC; (6/7) Citas: 16
- Payán-Bravo, L, Fontalva, S., Peñate, X, *et al.* (2021) Human prefoldin modulates co-transcriptional pre-mRNA splicing. **Nucleic Acids Research**, Jun 7:gkab446. DOI: 10.1093/nar/gkab446. (9/13) Citas: 4
- Álvarez-Quilón, A, Terrón-Bautista, J, Delgado-Sainz, I, *et al.* (2020) Endogenous topoisomerase II-mediated DNA breaks drive thymic cancer predisposition linked to ATM deficiency. **Nature Communications**, Feb 14;11(1):910. DOI: 10.1038/s41467-020-14638-w. (7/11) Citas: 13
- Feng, W, Kawachi, D, Körkel-Qu, H, *et al.* (2017) CHD7 is indispensable for mammalian brain development through activation of a neuronal differentiation programme. **Nature communications**, Mar 20;8:14758. DOI: 10.1038/ncomms14758. (8/26) Citas: 95
- Prado F, **Jimeno-González, S**, Reyes, JC. (2017) Histone availability as a strategy to control gene expression. **RNA Biology**. May 21:1-6. DOI: 10.1080/15476286.2016.1189071. (2/3) Citas: 20
- **Jimeno-González, S*** and Reyes, J.C.* (2016) Chromatin structure and pre-mRNA processing work together. **Transcription**, May 26;7(3):63-8. DOI: 10.1080/21541264.2016.1168507. *AC; (1/2). Citas: 9
- **Jimeno-González, S***, Payán, L, Muñoz-Cabello, AM, Guijo, M, Gutierrez, G, Prado, F and Reyes, JC* (2015) Defective histone supply causes changes in RNA polymerase II elongation rate and cotranscriptional pre-mRNA splicing. **Proceedings of the National Academy of Science**, Dec 112(48):14840-5. DOI: 10.1073/pnas.1506760112 *AC;(1/7) Citas: 52
- **Jimeno-González, S***, Ceballos-Chávez, M and Reyes, JC*. (2015) A positioned +1 nucleosome enhances promoter-proximal pausing. **Nucleic Acids Research**, Mar 31;43(6):3068-78. DOI: 10.1093/nar/gkv149 *AC; (1/3) Citas: 36
- **Jimeno-Gonzalez, S**, Schmid, M, Malagon, F, Haaning, LL and Jensen, TH (2014) Rat1p maintains RNA polymerase II CTD phosphorylation balance. **RNA**, 20, 551-558. DOI: 10.1016/j.molcel.2010.01.019 (1/5) Citas: 11
- **Jimeno-Gonzalez, S**, Haaning, LL, Malagon, F and Jensen, TH (2010) The yeast 5'-3' exonuclease Rat1p functions during transcription elongation by RNA polymerase II. **Molecular Cell**, 37, 580-587. DOI: 10.1016/j.molcel.2010.01.019 (1/4) Citas: 56
- Mas, G, de Nadal, E, Dechant, R, *et al.* (2009) Recruitment of a chromatin remodelling complex by the Hog1 MAP kinase to stress genes. **EMBO J**. Feb 18;28(4):326-36. DOI: 10.1038/emboj.2008.299 (6/9) Citas: 89
- Pelechano, V, **Jimeno-González, S**, Rodríguez-Gil, A, García-Martínez, J, Pérez-Ortín, JE and Chávez, S. Regulon-specific control of transcription elongation across the yeast genome. **PLoS Genet**. 2009 Aug;5(8):e1000614. DOI: 10.1371/journal.pgen.1000614. (2/6) Citas: 48
- Vanti, M, Gallastegui, E, Respaldiza, I, Rodríguez-Gil, A, Gómez-Herreros, F, **Jimeno-González, S**, Jordan A and Chávez S. (2009) Yeast genetic analysis reveals the involvement of chromatin reassembly factors in repressing HIV-1 basal transcription. **PLoS Genetics**. Jan;5(1):e1000339. DOI: 10.1371/journal.pgen.1000339 (6/8) Citas: 24
- **Jimeno-González, S**, Gómez-Herreros, F, Alepuz, PM and Chávez, S. (2006) A gene-specific requirement for FACT during transcription is related to the chromatin organization of the transcribed region. **Molecular and Cellular Biology**. Dec;26(23):8710-21. DOI: 10.1128/MCB.01129-06 (1/4) Citas: 37

C.2. Congresos, indicando la modalidad de su participación (conferencia invitada, presentación oral, póster)

He participado en 29 congresos científicos. Los más recientes se listan a continuación.

-2025: Megías-Fernández, C, Delgado-Sainz, I, León-Halcón, A, et al. Congreso de la Sociedad Española de Genética. Cartagena, España. Presentación oral.

-2024: Megías-Fernández, C, Delgado-Sainz, I, León-Halcón, A, et al. Function of Topoisomerase II in the regulation of gene expression through RNA metabolism. International Workshop in Biomedicine. Universidad Internacional de Andalucía. Baeza, España. Presentación oral.

-2024: Megías-Fernández, C, Delgado-Sainz, I, León-Halcón, A, et al. Function of Topoisomerase II in the regulation of gene expression through RNA metabolism. Ribored. Bilbao, España. Presentación oral.

-2023: Megías-Fernández, C, Delgado-Sainz, I, Buglioni, V, et al. Function of Topoisomerase II in the regulation of gene expression through RNA metabolism. EMBO Workshop DNA topology and topoisomerases in genome dynamics. Villars-sur-Ollon, Suiza. Presentación oral.

-2023: Clara Megías-Fernández, Valentina Buglioni, Federica Bruno, et al. Function of transcription elongation factors in the regulation of topoisomerase II-associated DNA damage. Systems biology: Linking chromatin and epigenetics to disease and development. Alexandroupoli, Grecia. Póster.

-2022: Megías-Fernández, C, Domínguez-Sánchez, MS, Buglioni, V, et al. Regulation of transcription elongation in response to chemotherapy treatment. 44º Congreso Nacional de la SEBBM, Málaga, Spain. Póster.

C.3. Proyectos o líneas de investigación en los que ha participado.

1. PID2022-139253N. Nuevos mecanismos reguladores de la expresión génica asociados a la actividad de la topoisomerasa II. Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades. 01/09/2023-31/08/2026 (activo). 225.000 €. Investigadora Principal

2. PEJUS7-B1-49. Contrato de personal de apoyo I+D+i para universidades andaluzas. Junta de Andalucía. 2024-2025 (activo). 26,000 €. Investigadora Principal

3. Contratos PIF II.2A-2022. Programa de Formación Predoctoral para el desarrollo del programa propio de I+D+i de la US. Clara Megías Fernández. 01/09/2023-31/08/2027 (activo). 84.456 €. Supervisora de la tesis doctoral.

4. ProyExcel_00835. Regulación de la transcripción y del metabolismo del RNA en respuesta al tratamiento de quimioterapia. Junta de Andalucía. 02/12/2022-31/12/2025 (activo). 160.080 €. Investigadora Principal

5. PID2019-104484GA. Regulación de la elongación de la transcripción en respuesta a daño en el DNA. Ministerio de Ciencia e Innovación. 01/06/2020-30/05/2023. 145.200 €. Investigadora Principal

6. VI PP PRECOMPET. Búsqueda de nuevos mecanismos reguladores de la transcripción en elongación temprana. Universidad de Sevilla. 15/05/2018-31/12/2018. 5.000 €. Investigadora Principal

7. RYC-2015-17246. Ministerio de Economía y Competitividad. 12/12/2016-11/12/2020. 40.000 €. Investigadora Principal

C.4. Otros

C.4.1. Revisor de agencias de investigación

AEI, AECC, UK Research Investigations (UKRI), Boehringer Ingelheim Fonds (BIF)

C.4.2. Miembro de comisiones

2 tribunales de tesis, 3 tribunales de Máster and 3 de grado en la Universidad de Sevilla.

C.4.3. Docencia

Profesora de asignaturas como Genética Humana, Genética Molecular en los grados de Bioquímica y Biomedicina de la Universidad de Sevilla, respectivamente.

Profesora de las asignaturas Ciclo Celular y Epigenética del Máster en Genética Molecular y Biotecnología de la Universidad de Sevilla.

Colaboración en diferentes actividades prácticas en los grados de Biología, Bioquímica y Biomedicina de la Universidad de Sevilla.