

Memoria anual

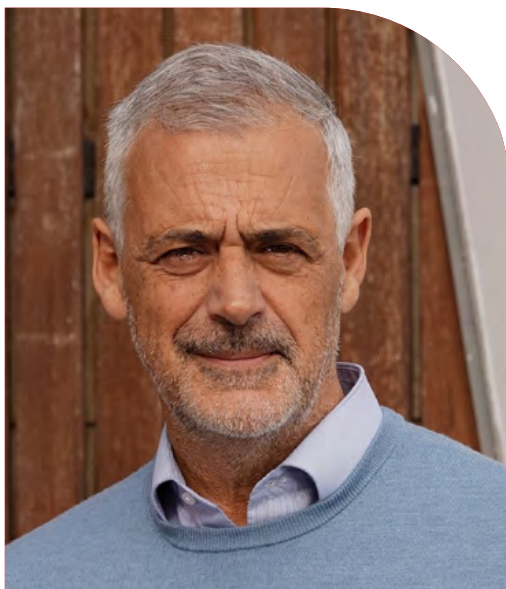
2025



Índice

Prólogo

Luis Serrano DIRECTOR (2011–2026)



2025 fue un año de transición, renovación y ambición continuada para el CRG. Mientras escribo estas líneas, tras haber completado mi mandato como director, miro atrás con un inmenso orgullo por lo que nuestra comunidad ha logrado y con gran confianza en el futuro del instituto.

A lo largo del año, las investigadoras e investigadores continuaron ampliando los límites del conocimiento en distintas disciplinas, desde la biología del genoma y la investigación del ARN hasta la biología de sistemas, biología de tejidos, biología computacional e inteligencia artificial. Nuestra excelencia científica se vio recompensada por importantes ayudas y becas competitivas, incluyendo dos nuevas ayudas ERC Starting Grants, nuevos nombramientos en ICREA, el apoyo de la Fundación "la Caixa", la AECC, la Fundación BBVA y muchos otros organismos financiadores. Estos logros reflejan la creatividad, la determinación y el talento de nuestras investigadoras e investigadores en todas las etapas de su carrera.

A nivel institucional, 2025 estuvo marcado por hitos importantes. Ampliamos nuestras instalaciones con nuevos espacios en la Torre MareNostrum, situada junto al edificio del PRBB, reforzando nuestro compromiso con la biología computacional y la IA; el Programa de Biología del Genoma recibió una evaluación externa positiva y

continuamos reforzando nuestro liderazgo internacional mediante iniciativas como el Archivo Europeo de Genomas y Fenomas Federado, que alcanzó un nuevo hito con su expansión en Europa y más allá.

Un momento especialmente significativo para el instituto fue el nombramiento de Mónica Bettencourt-Dias como próxima directora del CRG. Científica destacada y líder experimentada, asumirá oficialmente el cargo en mayo de 2026. Me complace pasarle el testigo y estoy seguro de que, bajo su liderazgo, el CRG seguirá prosperando, ampliando su impacto científico y reforzando su posición entre los principales centros de investigación biomédica del mundo.

La innovación siguió siendo una característica definitoria de nuestro instituto. Nuevas alianzas con proveedores tecnológicos aportaron capacidades de vanguardia a nuestras plataformas científicas, mientras que el lanzamiento de la Plataforma Transversal de Célula Única y

nuevas colaboraciones en el diagnóstico de enfermedades raras reforzaron aún más nuestro compromiso con traducir el conocimiento en impacto. Al mismo tiempo, nuestra comunidad continuó promoviendo la sostenibilidad, la diversidad y la inclusión, reconociendo que la excelencia científica debe ir de la mano de prácticas de investigación responsables y equitativas.

Uno de los esfuerzos colectivos más significativos del año fue la preparación y presentación de nuestra propuesta para renovar la acreditación como Centro de Excelencia Severo Ochoa. La preparación de la propuesta movilizó a investigadoras, personal de apoyo y departamentos de todo el instituto. Ahora sabemos que este esfuerzo ha sido recompensado con un resultado exitoso, reafirmando la posición de la CRG entre los principales centros de investigación de España.

Tras más de catorce años como director, ha sido un privilegio presenciar el crecimiento del CRG hasta convertirse en un centro de excelencia reconocido a nivel mundial. Aunque ahora vuelvo a dedicar toda mi atención a la investigación, lo hago sabiendo que el instituto entra en un nuevo capítulo desde una posición de fortaleza. Los logros descritos en estas páginas pertenecen a toda la comunidad del CRG, cuya dedicación, curiosidad y espíritu colaborativo siguen inspirándome cada día.

Quisiera agradecer a todas las personas del CRG, pasadas y presentes, así como a nuestros aliados, financiadores y patrones, su confianza y compromiso a lo largo de este extraordinario camino. Por encima de todo, le deseo a Mónica Bettencourt-Dias todo el éxito al tomar las riendas del instituto. Estoy seguro de que el futuro del CRG es prometedor y que los próximos años traerán nuevos descubrimientos, nuevas oportunidades y logros aún mayores.

Resumen del año

INSTITUCIONAL

FÁTIMA GEBAUER ELEGIDA PRESIDENTA DE LA RNA SOCIETY

La RNA Society es una de las principales organizaciones mundiales en investigación del ARN. El nombramiento reconoce las notables y continuadas contribuciones científicas de Gebauer y refuerza el liderazgo internacional del CRG en el campo de la biología del ARN.

VISITA DEL CONSEJO CIENTÍFICO ASESOR Y EVALUACIÓN DEL PROGRAMA DE BIOLOGÍA DEL GENOMA

En febrero, el Consejo Científico Asesor visitó el centro y destacó la fortaleza y ambición de sus programas de investigación, y en julio el Programa de Biología del Genoma recibió una excelente evaluación por parte de un panel internacional de expertos.

SUIZA SE UNE A LA RED EGA FEDERADA

Tras la incorporación de Canadá en 2024, la Red Federada del Archivo Europeo de Genomas y Fenomas (FEGA) dio la bienvenida a Suiza en 2025, añadiendo así el décimo nodo a esta iniciativa. Coordinada en parte por el CRG, la iniciativa fortalece la colaboración global en el intercambio seguro de datos genómicos y apoya la investigación biomédica internacional.

CRG AMPLÍA SUS INSTALACIONES EN LA TORRE MARENOSTRUM

Reforzamos nuestro compromiso con la biología computacional y la inteligencia artificial con nuevas instalaciones en la Torre MareNostrum de Barcelona. Alquilamos una planta entera, creando nuevas oportunidades de colaboración interdisciplinar en la intersección de la genómica, la ciencia de datos y la IA. Los nuevos espacios también acogerán el Barcelona Collaboratorium, que se trasladará desde la Fundació Pasqual Maragall, reforzando aún más las sinergias entre instituciones que trabajan en la intersección de la biomedicina, la tecnología y la innovación.

MÓNICA BETTENCOURT-DIAS NOMBRADA NUEVA DIRECTORA DEL CRG

En julio de 2025, el Patronato del CRG nombró a Mónica Bettencourt-Dias como nueva directora del CRG. Bióloga celular reconocida internacionalmente y líder científica experimentada, guiará a la institución en su próxima fase de desarrollo científico y organizativo. Comenzará oficialmente su mandato en mayo de 2026.

EU-LIFE FORTALECE LA COLABORACIÓN Y EL APOYO EN TODA EUROPA

Como parte de la alianza EU-LIFE, contribuimos a ampliar su influencia como red de institutos líderes de investigación en ciencias de la vida en toda Europa. La alianza dio la bienvenida a dos nuevos miembros, fortaleciendo su presencia en 17 institutos de 16 países. EU-LIFE también reforzó su papel en la política científica europea, abogando por una financiación ambiciosa de la investigación y un mayor apoyo a la ciencia impulsada por los investigadores, al tiempo que promovía iniciativas para investigadores postdoctorales, carreras científicas, colaboración y excelencia científica en toda Europa.

INSTITUCIONAL

INICIATIVAS DE IGUALDAD DE GÉNERO, DIVERSIDAD E INCLUSIÓN (GEDI)

A lo largo de 2025, el Comité GEDI continuó promoviendo un entorno de investigación más inclusivo y de apoyo a través de una variedad de iniciativas y actividades de concienciación. Estas incluyeron nuevas convocatorias de ayudas *Child and Family Care Travel Support Grants*, la continuación del programa de *Women Scientists Support (WOSS)*, celebraciones por el Día Internacional de la Mujer y Niña en la Ciencia y el Día Internacional de la Mujer, y la organización de la Caminata del Orgullo para apoyar la visibilidad LGBTQIA+ en la ciencia. El comité también lanzó una campaña de comunicación interna para concienciar sobre las iniciativas GEDI y fomentar una mayor implicación comunitaria en todo el instituto.

IMPULSO DE LA SOSTENIBILIDAD EN EL CRG

Varios laboratorios del CRG recibieron la certificación LEAF (*Laboratory Efficiency Assessment Framework*) en 2025, reconociendo sus esfuerzos para reducir los residuos, el consumo de energía y el uso de plásticos de un solo uso. Este logro refleja el creciente compromiso de la comunidad CRG por integrar prácticas sostenibles en la investigación científica cotidiana.

AVANZANDO EN LA EVALUACIÓN DE LA INVESTIGACIÓN Y LAS NARRATIVAS DE IMPACTO

El CRG continuó contribuyendo a los debates internacionales sobre la reforma de la evaluación de la investigación a través de iniciativas como CoARA y el proyecto CoARA Boost INCAS. Estos esfuerzos apoyan enfoques más responsables e inclusivos para reconocer el valor de la investigación fundamental y su impacto social a largo plazo.

ENCUENTRO DEL ARTE Y LA CIENCIA EN LA EXPOSICIÓN DE ECABOX

La exposición *Seeing. Un ull i una caixa*, celebrada en el Convent de Sant Agustí, reunió arte, ciencia y participación pública a través del proyecto EcaBox. La iniciativa invitó al público a reflexionar sobre la percepción, la tecnología y la biología, destacando el compromiso del CRG con el fomento del diálogo entre la investigación científica y la cultura contemporánea.

FINANCIACIÓN

CINCO NUEVAS BECAS "LA CAIXA" INPHINIT

Cinco proyectos de doctorado del CRG recibieron becas INPhINIT de la Fundación "la Caixa" en 2025. El programa, altamente competitivo, apoya a investigadores/as destacados/as en etapas tempranas de su carrera que llevan a cabo investigaciones interdisciplinarias ambiciosas.

RENÉE BEEKMAN RECIBE LA BECA FERO

Renée recibió la XXIX beca FERO para jóvenes investigadores, en reconocimiento a su trabajo en biología del cáncer y medicina de precisión. El premio apoya investigaciones innovadoras destinadas a mejorar el diagnóstico y el tratamiento del cáncer.

AECC APOYA NUEVOS PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN SOBRE EL CÁNCER

La Asociación Española Contra el Cáncer (AECC) concedió financiación a Luciano Di Croce y Sara Sdelci, ambos desarrollando proyectos con enfoques innovadores para comprender y prevenir la metástasis del cáncer. Los proyectos buscan descubrir nuevas vulnerabilidades en algunas de las formas más mortales de cáncer.

LANZAMIENTO DEL PROYECTO VITA PARA PROMOVER EL ENVEJECIMIENTO SALUDABLE

Investigadores/as del Instituto de Investigación del Hospital del Mar, el CRG (Mara Dierssen) e IrsiCaixa lanzaron el Proyecto VITA, una ambiciosa iniciativa centrada en comprender el envejecimiento saludable. El proyecto forma parte del concurso global XPRIZE Healthspan.

DOS NUEVAS AYUDAS ERC STARTING GRANTS PARA EL CRG

El Consejo Europeo de Investigación concedió dos nuevas Starting Grants a los recién llegados Markus Höpfler y Hsiu-Chuan Lin. Las prestigiosas subvenciones apoyarán investigaciones pioneras en regulación génica, comunicación celular y biología cerebral.

FINANCIACIÓN PARA LA INVESTIGACIÓN SOBRE EL ENVEJECIMIENTO

La Fundación BBVA concedió una ayuda a Nick Stroustrup para un proyecto que investiga las raíces moleculares del envejecimiento. La investigación tiene como objetivo descubrir mecanismos biológicos fundamentales vinculados a la longevidad y a las enfermedades relacionadas con la edad.

FINANCIACIÓN

APOYO DE LOS *PROJECTES SINGULARS* DE LA GENERALITAT DE CATALUNYA

El CRG consiguió financiación a través de este programa de la Generalitat para poner en marcha una infraestructura integrada de microscopía para el estudio avanzado de muestras biológicas. La iniciativa fortalecerá las capacidades tecnológicas que dan apoyo a la investigación y la innovación estratégicas con impacto científico, social y económico.

DOS NUEVAS REDES DOCTORALES EUROPEAS

El CRG coordinará dos nuevas Redes Doctorales Europeas financiadas en 2025 por Horizon Europe Marie Skłodowska-Curie Actions (MSCA): EvoMG-DN, centrada en genómica médica evolutiva (Manuel Irimia), y ProtAlomics, dedicada a integrar la inteligencia artificial en la investigación en proteómica y aplicaciones traslacionales (Eduard Sabidó).

EMPRESA, INNOVACIÓN Y TECNOLOGÍAS

VERITAS GENETICS ADQUIERE qGenomics

La primera spin-off del CRG, qGenomics, especializada en diagnóstico genómico, fue adquirida por Veritas Genetics. La adquisición refleja el impacto de la innovación y el emprendimiento del CRG en el avance de las tecnologías de medicina de precisión.

EL CRG INNOVATORS DAY CELEBRA EL EMPRENDIMIENTO Y LA TRANSFERENCIA TECNOLÓGICA

Esta actividad reconoció iniciativas de innovación destacadas a través del Premio al Innovador CRG y el programa MenTT4Inn. El evento destacó el creciente ecosistema emprendedor del centro y su compromiso con la transferencia tecnológica.

LANZAMIENTO DE LA NUEVA PLATAFORMA TRANSVERSAL DE CÉLULA ÚNICA

El Programa de Tecnologías Fundamentales lanzó su nueva Plataforma Transversal de Célula Única, que reúne el conocimiento y las tecnologías de las unidades de citometría de flujo, genómica, tecnologías de proteínas y bioinformática, para apoyar la investigación avanzada de células únicas. La plataforma proporciona acceso integrado a equipos de última generación y soporte especializado para el análisis de sistemas celulares complejos con resolución de célula única, reforzando las capacidades del instituto en investigación biomédica y traslacional.

NUEVAS ALIANZAS TECNOLÓGICAS PARA FORTALECER LA INFRAESTRUCTURA DE INVESTIGACIÓN

Se establecieron nuevas colaboraciones con proveedores tecnológicos líderes para desplegar equipos de vanguardia y codesarrollar aplicaciones innovadoras en múltiples plataformas científicas. La Unidad de Citometría de Flujo se asoció con Becton Dickinson Biosciences y ThermoFisher Scientific para instalar dos nuevas plataformas de citometría espectral, mientras que Element Biosciences desplegó su última plataforma de secuenciación Aviti24 en la Unidad de Genómica con acceso para la comunidad investigadora en general. La Unidad de Proteómica también se asoció con

ThermoFisher Scientific para avanzar en aplicaciones de proteómica de célula única, reforzando las capacidades tecnológicas del CRG en genómica, proteómica e investigación de célula única.

COLABORACIÓN CON SANT JOAN DE DÉU PARA AVANZAR EN EL DIAGNÓSTICO DE ENFERMEDADES RARAS

El CRG fortaleció su colaboración con la Fundació Sant Joan de Déu (FSJD) y el Hospital Sant Joan de Déu (HSJD) mediante una iniciativa conjunta centrada en enfermedades raras pediátricas y diagnósticos genómicos avanzados. Como parte del acuerdo, se transfirió al CRG la plataforma de secuenciación de lectura larga PacBio REVIO para apoyar la investigación clínica y traslacional. La colaboración también incluyó la participación de las Unidades de Genómica y Bioinformática del CRG en el primer "Únicas Hackathon", aportando experiencia en secuenciación y análisis para ayudar a diagnosticar a pacientes pediátricos con presuntas enfermedades raras que carezcan de confirmación genética.

BIENVENIDAS Y DESPEDIDAS

Tras años de importantes contribuciones en biología celular cuantitativa y del desarrollo, Verena Ruprecht dejó el CRG para continuar su investigación en la Universidad de Innsbruck, en Austria.

Luis-Carlos Tábara se incorporó al CRG como nuevo líder de grupo para investigar cómo se regulan la dinámica mitocondrial y el número de copias del ADN mitocondrial (ADNmt), y cómo su alteración contribuye al envejecimiento y a diversas enfermedades. Mediante el uso de distintas técnicas, su laboratorio busca descubrir los mecanismos que mantienen la salud mitocondrial y el equilibrio del ADNmt, con el objetivo de identificar nuevas estrategias para prevenir o tratar enfermedades.

Dimos la bienvenida a Markus Höpfler como nuevo líder de grupo, quien investigará cómo las células regulan la producción de proteínas controlando la estabilidad y degradación de los ARN mensajeros (ARNm), con especial atención a un mecanismo emergente denominado degradación de ARNm mediada por péptidos (PMD, por sus siglas en inglés), en el que la propia proteína naciente desencadena la degradación del ARNm que se está traduciendo.

Hsiu-Chuan Lin se incorporó al CRG como nuevo líder de grupo para descubrir los principios que gobiernan las decisiones sobre el destino celular y aplicarlos a la ingeniería de células humanas. Mediante el estudio de distintos procesos celulares, su grupo busca comprender y controlar con precisión los cambios en la identidad celular, permitiendo la generación de diversos tipos de células humanas y modelos más precisos de la biología y las enfermedades humanas.

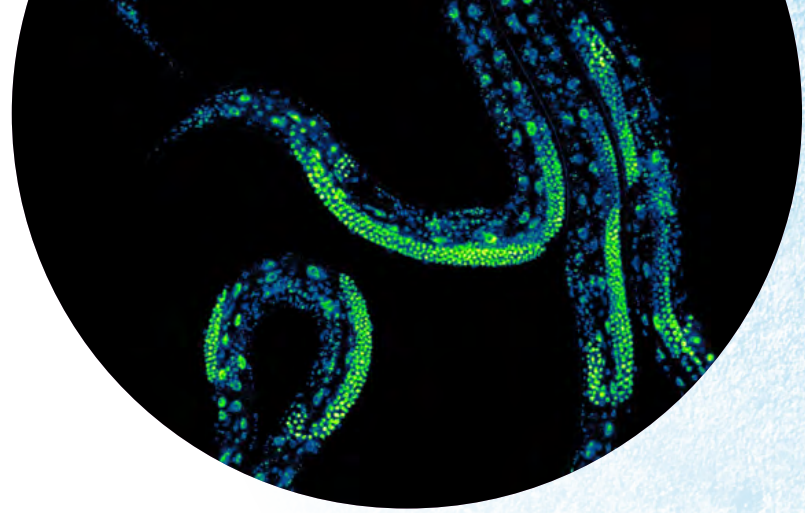
Jaume Bacardit fue nombrado nuevo director administrativo, sucediendo a Joan Vives tras su salida de la institución a principios de año. La transición marca un nuevo capítulo en el liderazgo administrativo del centro.

Destacados científicos

¿Pueden los genes de tu compañero de piso influir en tu microbioma intestinal?

En un estudio con más de 4.000 ratas, el grupo de **Amelie Baud** demostró que el microbioma intestinal de un animal está moldeado no solo por sus propios genes, sino también por los genes de los individuos con los que convive, un "efecto genético indirecto" transmitido por microbios que se desplazan entre individuos. La inclusión de estos efectos sociales elevó la influencia genética estimada sobre ciertas bacterias entre cuatro y ocho veces.

El hallazgo revela una vía oculta por la cual los genes y la vida social se entrelazan, y ayuda a explicar parte del viejo enigma sobre la "falta de heredabilidad" en los estudios del microbioma.



Una hormona vegetal permite controlar las proteínas durante toda la vida

Nick Stroustrup y su equipo rediseñaron el sistema de deegrón inducible por auxina como una herramienta de "doble canal" que utiliza dos desencadenantes hormonales vegetales para controlar cuánta proteína permanece, en qué tejido y cuándo. Lo probaron en más de 100.000 gusanos y descubrieron que funciona incluso en tejidos reproductivos, donde estos sistemas suelen fallar.

En lugar de simplemente apagar las proteínas, la técnica permite controlarlas como quien sube o baja el volumen de un televisor, abriendo nuevas vías para estudiar los factores moleculares del envejecimiento y la enfermedad en un animal vivo completo.

Las ascendencias europeas sesgan los mapas genéticos humanos

Un estudio conjunto entre el BSC-CNS y el CRG (**Roderic Guigó**), que utilizó la secuenciación de ARN de lectura larga en una cohorte humana diversa, descubrió decenas de miles de transcritos ausentes en mapas génicos actuales en personas de ascendencia africana, asiática y americana, algunas potencialmente producto de genes completamente nuevos. Muchos provenían de genes ya relacionados con lupus, asma y rasgos metabólicos.

El trabajo muestra que los mapas génicos de referencia deben incluir muchas más ascendencias si la medicina de precisión quiere funcionar igual de bien para todas, y que no queden poblaciones enteras invisibles para la investigación biomédica.



Las 'líneas de inicio' genéticas constituyen un nuevo foco de mutaciones

El grupo de **Donate Weghorn** descubrió que las primeras 100 letras tras el punto de inicio de la transcripción de un gen son un 35% más propensas a sufrir mutaciones de lo que se creía, un punto crítico causado por la estancación de la maquinaria de transcripción y las rupturas del ADN durante las rápidas divisiones celulares justo después de la concepción, lo que deja "cicatrices" heredables a lo largo del genoma.

Es un descubrimiento poco común de una fuente completamente nueva de mutación en la línea germinal, con consecuencias directas sobre cómo interpretamos el riesgo de enfermedad escrita en el genoma.

La IA lee el árbol de la vida para detectar mutaciones en enfermedades

Jonathan Frazer y **Mafalda Dias**, junto con investigadoras de la Harvard Medical School, crearon popEVE, un modelo que aprende sobre la evolución a través de datos de miles de especies y de población humana para evaluar cuán dañina es una mutación proteica, incluso una nunca vista antes en ninguna persona, con puntuaciones que son finalmente comparables en todo el proteoma.

La herramienta puede ayudar a los clínicos a priorizar por encima de todo las variantes más dañinas, apoyando el diagnóstico en casos ultrarraros.



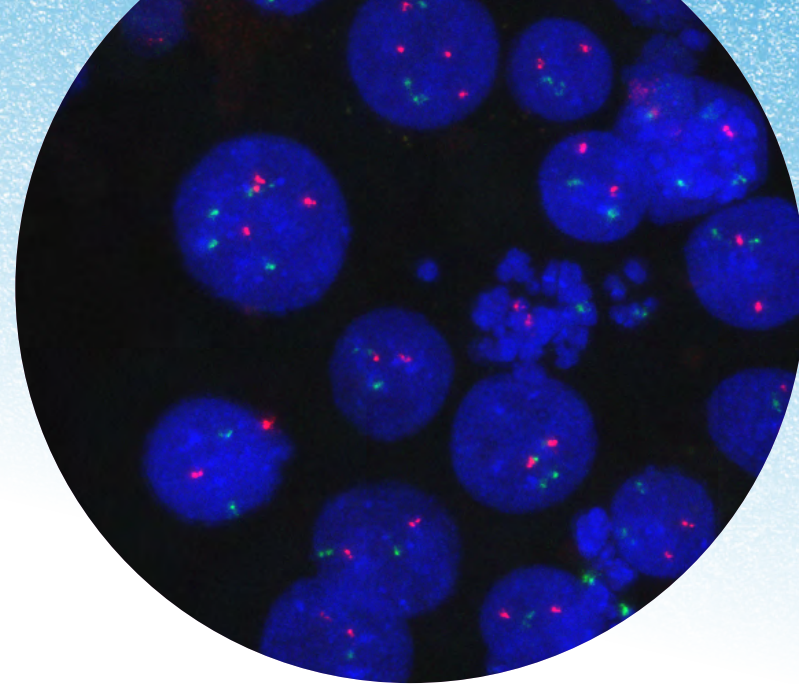
El coral que desafía el calor mediterráneo gracias a su dieta flexible

El grupo de investigación de **Arnau Sebé-Pedrós** demostró que el coral pétreo mediterráneo *Oculina patagonica* sobrevive a las olas de calor marinas alternando entre dos dietas. Obtienen energía de algas simbióticas cuando las condiciones lo permiten y se alimentan directamente del plancton cuando la temperatura del agua supera los 29°C. Las comparaciones entre atlas celulares revelaron que este recurso es una habilidad antigua conservada en los corales, más que una invención nueva. El estudio muestra cómo la vida marina puede adaptarse al cambio climático.

La IA generativa supera el diseño de los editores genómicos de la naturaleza

En una colaboración liderada por Integra Therapeutics y la UPF, **Noelia Ferruz** utilizó modelos de lenguaje proteico para generar transposasas totalmente sintéticas, es decir, las enzimas de "copiar y pegar" que insertan grandes secuencias de ADN en el genoma. Estas pudieron editar células humanas de forma más eficiente que sus homólogas naturales.

El avance apunta a herramientas mejores y más rápidas para las terapias celulares y génicas, incluyendo CAR-T, que constituyen la base de los tratamientos contra el cáncer y las enfermedades raras.



Cómo el linfoma reconfigura 50 genes a la vez

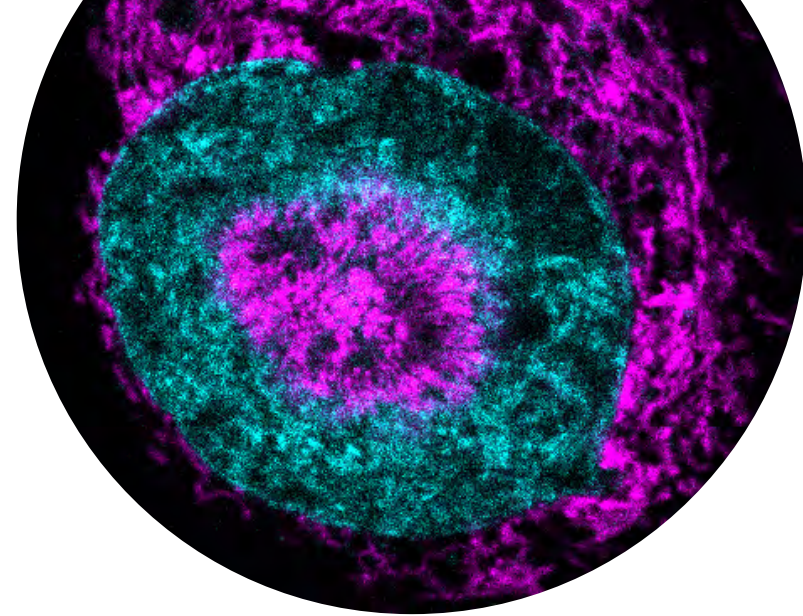
Renée Beekman descubrió que la translocación cromosómica típica del linfoma de células del manto hace mucho más que alterar los genes en sus puntos de ruptura: arrastra un poderoso elemento regulador, el potenciador de IGH, a una nueva posición donde potencia la actividad de alrededor de 50 genes, casi el 7% de un cromosoma completo, a lo largo de 50 millones de letras del ADN.

El descubrimiento amplía la búsqueda de dianas terapéuticas en un cáncer incurable y sugiere que las células en riesgo podrían detectarse, mediante perfiles epigenéticos, antes de que aparezca un linfoma.

La proteína 'sistema GPS' del melanoma es una diana para la metástasis

Fátima Gebauer descubrió que la proteína eIF2A no es un factor de traducción como se asumió durante mucho tiempo, sino un andamiaje que mantiene el centrosoma de una célula de melanoma, su brújula interna, correctamente orientado para el movimiento dirigido. Al retirarlo, se detuvo el crecimiento de la esfera tumoral y se ralentizó la migración, con apenas efecto alguno en la producción de proteínas.

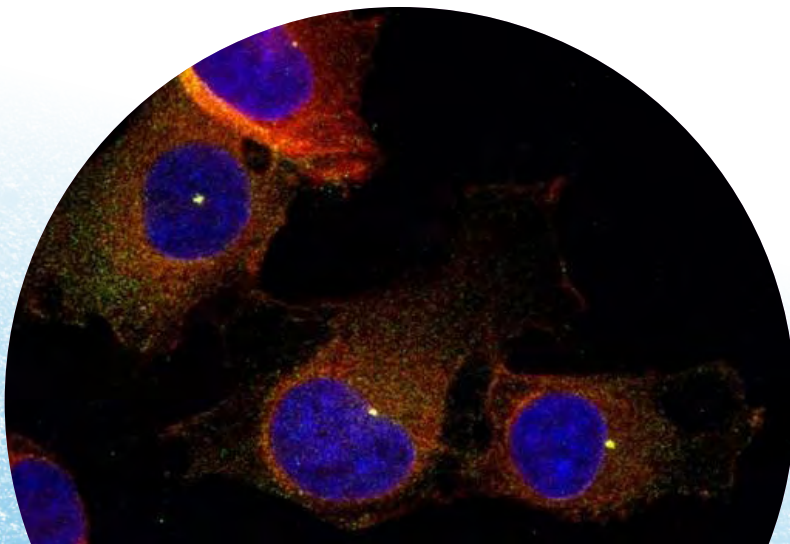
Como las células solo se vuelven dependientes de eIF2A tras volverse malignas, esto ofrece una ventana terapéutica potencial para frenar la metástasis mientras se preserva el tejido sano.



Las células cancerosas comprimidas 'se activan' para sobrevivir

Utilizando un microscopio que comprime células vivas a tres micras de ancho, **Verena Ruprecht** y **Sara Sdelci** capturaron mitocondrias dirigiéndose rápidamente a la membrana nuclear para administrar una rápida sobrecarga de ATP (observado en el 84% de las células cancerosas confinadas) que les ayuda a reparar el ADN y a soportar el embate mecánico de tumores, vasos sanguíneos y el torrente sanguíneo.

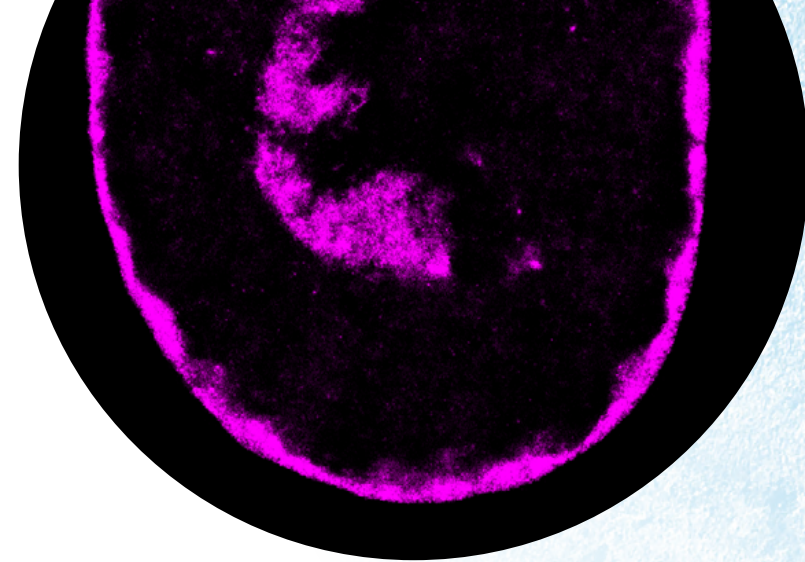
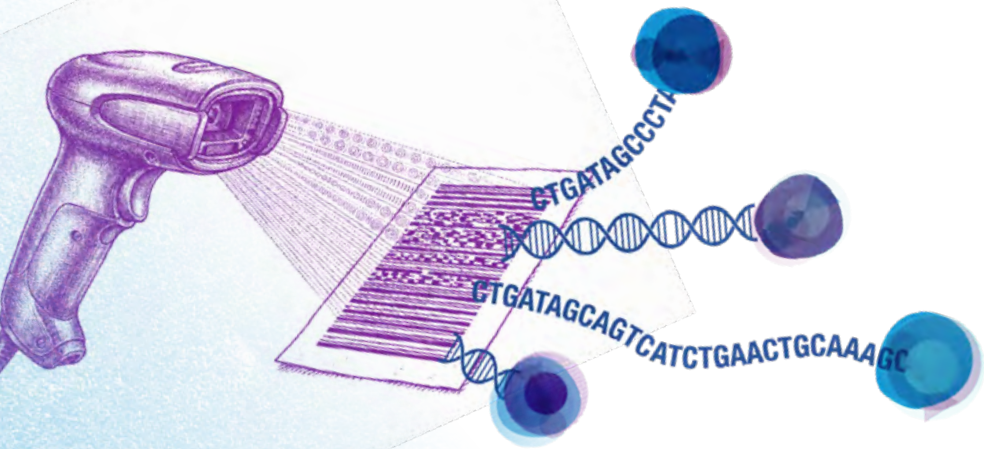
Bloquear este andamiaje energético podría hacer que los tumores sean menos invasivos sin intoxicar a las mitocondrias sanas, marcando el estrés mecánico como una vulnerabilidad poco explorada del cáncer.



La 'relectura' del genoma duplica la variación estructural conocida

En dos artículos consecutivos codirigidos con el EMBL y la Universidad Heinrich Heine de Düsseldorf, **Bernardo Rodríguez-Martín** utilizó la secuenciación de lectura larga para releer 1.019 genomas de 26 poblaciones, catalogando más de 167.000 grandes variantes estructurales y duplicando la variación estructural conocida en el pangenoma humano. Más de la mitad de las inserciones nunca se habían reportado antes.

El trabajo supone un paso importante para pasar de un genoma "estándar" único hacia un verdadero pangenoma humano, más adecuado para la medicina personalizada y mucho menos sesgado hacia la ascendencia europea.



El virus del herpes redecora el genoma humano en 3D

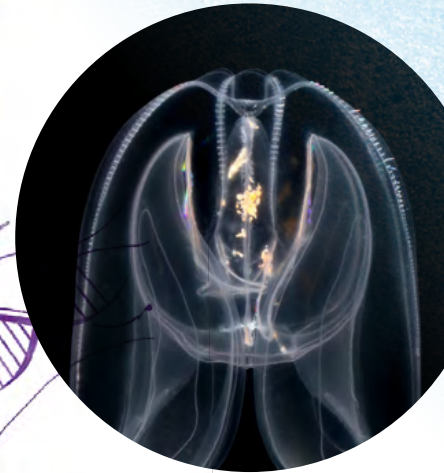
Combinando la microscopía de superresolución con Hi-C, **Pia Cosma** demostró que, en menos de una hora tras la infección, el virus del herpes simple-1 secuestra el ARN polimerasa del huésped, la topoisomerasa I y la cohesina, compactando el genoma humano y plegándolo para alcanzar los genes que necesita. Es la primera prueba de que el virus remodela deliberadamente la arquitectura de nuestro ADN.

De forma crucial, el bloqueo de una única enzima del huésped, la topoisomerasa I, detuvo la toma de control antes de que el virus pudiera crear una sola partícula nueva, lo que podría suponer una potencial y nueva forma de combatir un virus que portan unos cuatro mil millones de personas, sin cura y con creciente resistencia a los fármacos.

Los 'códigos de barras' del ADN revelan cómo envejece nuestra sangre

Lars Velten, junto con el IRB Barcelona, desarrolló EPI-Clone, que lee "códigos de barras" de metilación naturales para trazar familias de células madre sanguíneas sin ingeniería genética, a través de 230.000 células únicas de ratones y personas. Se reveló que la sangre envejecida pierde diversidad a medida que algunos clones propensos a la inflamación toman el control, un cambio detectable a partir de los 50 años y casi universal a los 60.

Dado que muchos clones dominantes no portan mutación conocida en el cáncer, el estudio replantea la toma de control clonal como una característica general del envejecimiento y señala una forma de detectar el envejecimiento sanguíneo poco saludable años antes de que aparezca la enfermedad.



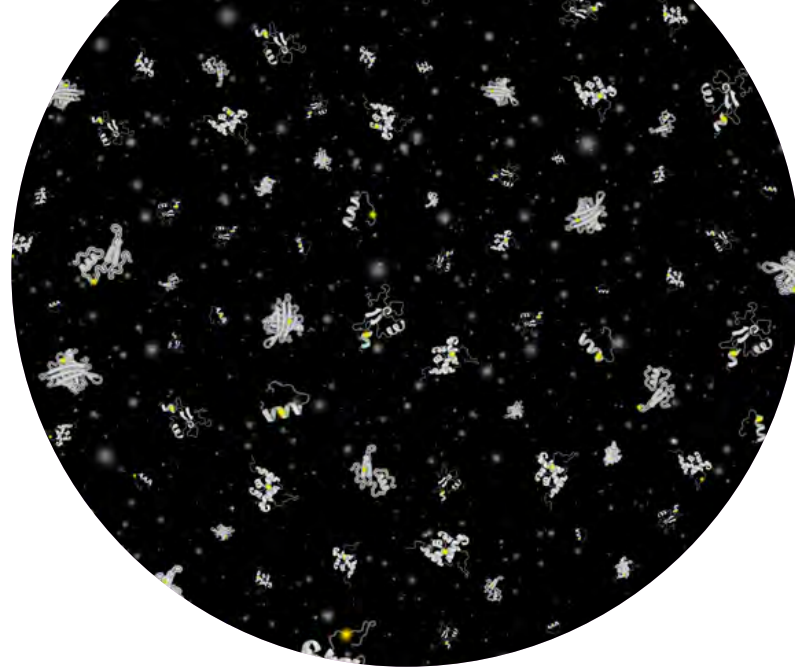
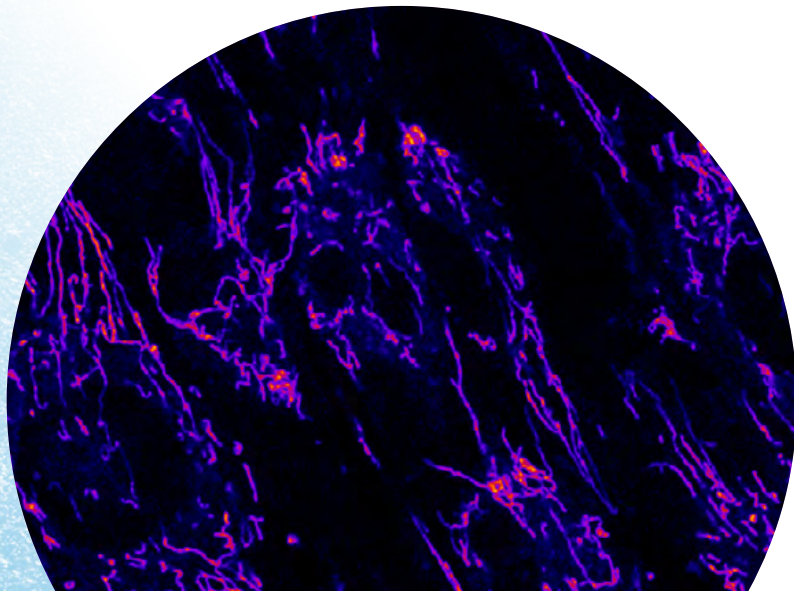
Las medusas peine hacen retroceder el control genómico 150 millones de años

Un estudio del CRG y del CNAG dirigido por **Arnau Sebé-Pedrós y Marc A. Martí-Renom**, cuya primera autora es Iana Kim, utilizó el mapeo genómico 3D de medusas peine, esponjas, placozoos y cnidarios para mostrar que el control génico a larga distancia evolucionó hace entre 650 y 700 millones de años, unos 150 millones de años antes de lo que se creía.

Esta capa reguladora adicional probablemente permitió a los primeros animales construir tejidos especializados sin inventar nuevos genes, reutilizando su conjunto de herramientas genéticas "como una navaja suiza".

La proteína 'lanzadera de grasa' explica crisis infantiles raras

Con motivo del Día Internacional de las Enfermedades Raras, el grupo de **Vivek Malhotra** demostró que la proteína TANGO2 se une y transporta moléculas de grasa acil-CoA dentro de las células, preparándolas para su combustión y obtención de energía. En niños con Trastorno por Deficiencia TANGO2, este mecanismo falla, lo que priva a las células de grasas utilizables y desencadena crisis metabólicas potencialmente mortales. Esta información podría refinar el diagnóstico y encauzar terapias específicas para el trastorno, además de aclarar también afecciones comunes cardíacas, musculares y del metabolismo de la grasa.



El 'dominioma' culpa a las proteínas inestables de las enfermedades hereditarias

Ben Lehner desarrolló el Dominioma Humano 1 — más de medio millón de mutaciones en 522 dominios proteicos, el mayor catálogo de este tipo hasta la fecha. Reveló que la mayoría de las llamadas mutaciones con cambio de sentido causantes de enfermedades funcionan simplemente haciendo que las proteínas sean menos estables. Por ejemplo, el 72% de las mutaciones de cataratas analizadas desestabilizaron la proteína cristalina del cristalino. El catálogo explica a nivel molecular por qué pequeños cambios genéticos causan enfermedades hereditarias neurológicas, del desarrollo y musculares.

Investigación y servicios científicos



PROGRAMA DE BIOLOGÍA COMPUTACIONAL Y GENÓMICA DE LA SALUD

Coordinador: **Jorge Ferrer**

En 2025, el Programa de Biología Computacional y Genómica de la Salud siguió centrado en comprender los genomas como sistemas reguladores dinámicos que nos permiten descifrar la evolución, el desarrollo y la enfermedad. Un hito significativo fue la llegada de Hsiu-Chuan Lin, cuyo grupo de Decodificación e Ingeniería del Destino Celular se unió al Programa con el apoyo de una ayuda de la Fundación "la Caixa" y de una ayuda ERC Starting Grant. Su llegada también catalizó una nueva iniciativa del Programa para desarrollar modelos fundamentales capaces de predecir los efectos celulares de perturbaciones genómicas que hasta entonces habían pasado desapercibidas, liderada por los laboratorios Dias, Frazer, Lin y Velten.

El año estuvo marcado por la publicación de una serie de estudios de gran impacto. El laboratorio de Velten demostró que las mutaciones espontáneas de metilación

del ADN pueden servir como códigos de barras naturales para rastrear expansiones celulares clonales en humanos, un hallazgo con amplias implicaciones para el envejecimiento y las enfermedades (Scherer, *Nature* 2025). El grupo también descubrió nuevos principios que rigen la programación transcripcional de las líneas celulares sanguíneas (Fromel, *Cell* 2025). El laboratorio de Ferrer identificó programas defectuosos de transcripción y empalme como lesiones moleculares centrales en la diabetes tipo 2, proporcionando una posible vía terapéutica para la enfermedad (Bernardo *et al.*, *Cell Metab* 2025). El laboratorio de Rodríguez-Martín co-lideró la construcción de un recurso emblemático sobre la variación estructural humana, utilizando tecnologías de secuenciación de lectura larga para trazar la diversidad genómica (Schloissnig *et al.*, *Nature* 2025). Por otra parte, el laboratorio de Weghorn arrojó luz sobre un mecanismo mutacional no identificado con

anterioridad que subyace a trastornos hereditarios (Cortés Guzmán, *Nat Commun* 2025). Por último, Dias y Frazer desarrollaron una metodología de aprendizaje profundo para los procesos de diagnóstico, capaz de predecir qué mutaciones raras tienen más probabilidades de causar enfermedades humanas (Orenbuch *et al.*, *Nat Genet* 2025), y están implementando enfoques análogos en entornos reales, entre ellos SENEENE, una iniciativa de diagnóstico de enfermedades raras en Senegal.

En conjunto, los logros de 2025 reflejaron la amplitud y ambición del Programa, demostrando cómo las nuevas tecnologías y los descubrimientos fundamentales en la arquitectura del genoma, la función y el destino celular pueden impulsar el progreso en la comprensión de las enfermedades humanas.



PROGRAMA DE BIOLOGÍA CELULAR CUANTITATIVA

Co-coordinadores:
Isabelle Vernos y Thomas Surrey

El Programa de Biología Celular Cuantitativa investiga los mecanismos moleculares que subyacen a la organización interna de las células, la división celular y el desarrollo temprano. La investigación dentro del programa se centra en la naturaleza dinámica de los procesos intracelulares, que se estudian mediante la imagen de células vivas en combinación con una variedad de otros métodos, incluyendo la genética, la bioquímica, las tecnologías ómicas y la modelización matemática.

En 2025, la jefa de grupo junior, Verena Ruprecht, trasladó su laboratorio (Dinámica Celular y Tisular) a la Universidad de Innsbruck, donde obtuvo un puesto como profesora titular. Luis Carlos Tabara Rodríguez se incorporó al departamento como jefe de grupo junior desde la Universidad de Cambridge (Reino Unido) para establecer su nuevo laboratorio (Dinámica Mitocondrial).

El departamento publicó diversos artículos. Entre otros, el laboratorio de Malhotra (Compartimentación Intracelular) caracterizó una nueva proteína de unión a acil-CoA, sugiriendo nuevas vías para abordar miocardiopatías (Lujan, *J Cell Biol* 2025). El laboratorio de Böke (Biología de los Oocitos y Latencia Celular) presentó el primer estudio a gran escala que caracterizó la reducción de la actividad de orgánulos en ovocitos humanos (Zaffagnini, *EMBO J* 2025). El laboratorio de Ruprecht, en colaboración con el laboratorio de Sdelci del Programa de Biología del Genoma, descubrió que un aumento en los niveles de ATP en el núcleo celular ayuda a reparar el daño en el ADN durante el estrés mecánico (Ghose, *Nat Commun* 2025). El laboratorio de Surrey (Autoorganización Intracelular) aportó nuevas perspectivas sobre cómo la proteína motora dineína organiza los husos mitóticos durante la división celular (Colombo, *J Cell Biol* 2025; Chew, *PNAS* 2025).



PROGRAMA DE BIOLOGÍA DEL GENOMA

Co-coordinadores:

Fátima Gebauer y Luciano Di Croce

El Programa de Biología del Genoma se centra en investigar los mecanismos que regulan la expresión del genoma durante la homeostasis, la reprogramación celular y las enfermedades. Utilizamos tecnologías ómicas cuantitativas, modelado matemático, biología celular y genética murina para comprender la organización de la cromatina, la transcripción, el empalme, la traducción y degradación de ARNm, y la modificación del ARN. Los mecanismos que controlan la expresión génica se estudian en el contexto de una variedad de enfermedades, incluyendo el cáncer (leucemia, linfoma, adenocarcinomas pancreáticos y pulmonares, gliomas, melanoma y cáncer de mama).

Los grupos de regulación de la cromatina estudian los mecanismos epigenéticos en cáncer y células madre (Luciano Di Croce), la epigenómica unicelular en linfomas (Renée Beekman), la organización del genoma 3D (Marc Martí-Renom, investigador principal en el CNAG con doble afiliación asociada al Programa) y la regulación epigenéti-

ca del metabolismo del cáncer (Sara Sdelci). Los grupos de biología del ARN estudian la identificación y regulación de modificaciones del ARN (Eva Novoa), el empalme alternativo (Juan Valcárcel), la traducción de ARNm (Fátima Gebauer) y la estabilidad del ARNm (Markus Hopfler).

En 2025, Juan Valcárcel, en colaboración con Ben Lehner, utilizó la mutagénesis de saturación para revelar la arquitectura reguladora de exones con corte y empalme alternativos y recibió el Premio Carmen y Severo Ochoa. Fátima Gebauer descubrió nuevas funciones no canónicas de los factores de traducción en la migración de células cancerosas. Luciano Di Croce demostró que el factor asociado a PRC2 EPOP es necesario para una correcta regulación del gen Hox y el desarrollo axial del esqueleto en ratones, y recibió apoyo de W/WCR para estudiar tumores cerebrales pediátricos. Eva Novoa reveló que la huella epitranscriptómica del ARNr puede utilizarse para identificar el tejido de origen de los tumores, y obtuvo una ayuda

ERC Proof of Concept para el diagnóstico del cáncer. Sara Sdelci descubrió que el confinamiento mecánico modula el contenido del ATP nuclear, con consecuencias para la proliferación celular; recibió el reconocimiento del Programa de Jóvenes Investigadores EMBO (YIP), fue galardonada en los Premios Argonauta de la Fundación Pharmamar, en la categoría Mejor Investigadora Joven; y lanzó una Red Doctoral de Acciones Marie Skłodowska-Curie (MSCA). Renée Beekman descubrió que las translocaciones cromosómicas pueden impulsar cambios en la expresión génica a lo largo de los brazos cromosómicos, y fue galardonada con la beca XXIX FERO para jóvenes investigadores. En trabajos colaborativos, Marc Martí-Renom descubrió que los bucles de cromatina son una característica reguladora ancestral en todo el reino animal. Susana de la Luna se trasladó al IDIBAPS. Markus Hopfler fue reclutado para el Programa como jefe de grupo junior y recibió una ayuda ERC Starting Grant.



PROGRAMA DE BIOLOGÍA SINTÉTICA Y DE SISTEMAS

Coordinadora: **Pia Cosma**

El Programa de Biología Sintética y de Sistemas abarca múltiples sistemas y escalas biológicas, desde microbios hasta órganos y organismos completos, y desde especies no modelo hasta genética humana, evolución, neurociencia y envejecimiento, para abordar cuestiones biológicas fundamentales a través de un marco común. Buscamos explicar, predecir y diseñar sistemas biológicos que sustentan la función celular, tisular y de los órganos. El programa tiene como objetivo descubrir los fundamentos de la vida transformando la biología molecular, celular y de sistemas en una ciencia de ingeniería cuantitativa y predictiva. En 2025, el Programa continuó combinando la generación de datos cuantitativos a gran escala con modelado y aprendizaje automático para hacer la biología molecular más predictiva y programable, incluyendo el Barcelona Collaboratorium for Modelling and Predictive Biology, una iniciativa conjunta del CRG con el EMBL Barcelona.

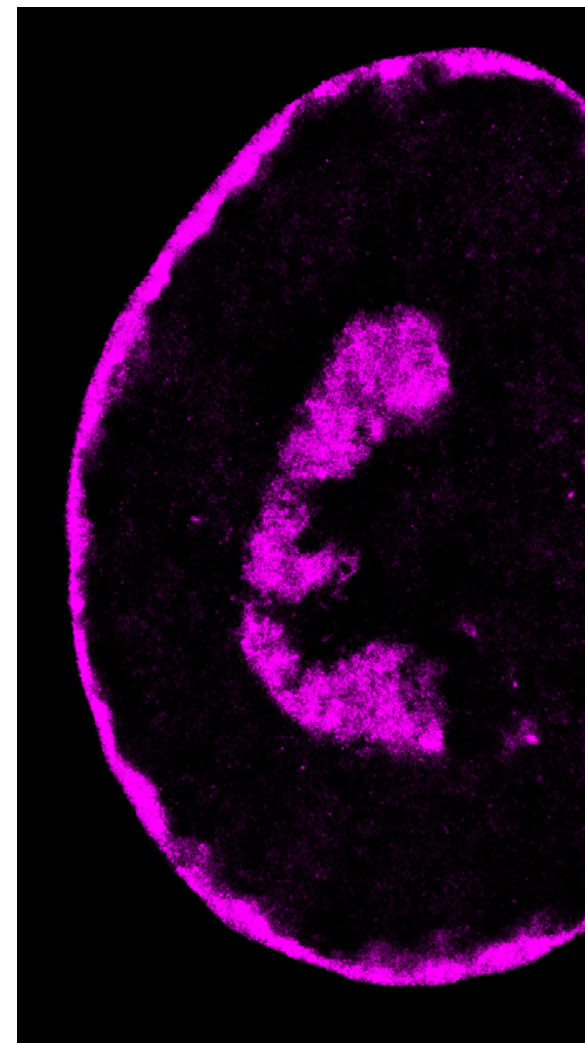
Varios logros importantes marcaron el 2025. El grupo de Nick Stroustrup desarrolló un sistema de degrón inducible por auxina modificado que permite el control ajustable in vivo de la fisiología del organismo, proporcionando una nueva forma de manipular los niveles de proteínas y disecionar los mecanismos moleculares del envejecimiento y la enfermedad (Vicencio *et al.*, *Nature Communications*, 2025). El grupo de Amélie Baud demostró que el microbioma intestinal está moldeado no solo por los propios genes de cada individuo, sino también por los genes de sus socios sociales, revelando una dimensión social de la genética huésped-microbioma (Baud *et al.*, *Nature Communications*, 2025). El grupo de Ben Lehner avanzó aún más en nuestra comprensión de la evolución y el diseño de proteínas al mostrar cómo la genética, la energética y el alosterismo interactúan en proteínas con núcleos y superficies aleatorizadas, lo que refuerza el objetivo más amplio del Programa que consiste en desarrollar la biología predictiva (Escobedo *et al.*, *Science*, 2025). El grupo de Luis Serrano

elaboró un mapa de esencialidad completo de un organismo vivo. Utilizando *Mycoplasma pneumoniae*, definieron qué elementos genómicos son necesarios, tolerados o prescindibles en una célula viva mínima (Miravet-Verde *et al.*, *Molecular Systems Biology*, 2025). El grupo de Mara Dierssen continuó impulsando el enfoque sistémico del Programa en neurociencia, centrándose en la neurobiología del aprendizaje y la memoria y su perturbación en trastornos cerebrales, incluyendo la discapacidad intelectual y el síndrome de Down (Fernández-Blanco *et al.*, *Cells*, 2025).

El Programa también contribuyó a avances en ingeniería de proteínas guiada por IA, genómica evolutiva y biología huésped-patógeno. Noelia Ferruz fue coautora de un estudio de *Nature Biotechnology* sobre el descubrimiento y diseño guiados por modelos de lenguaje proteico de transposasas hiperactivas, demostrando el potencial de los enfoques generativos para ampliar las herramientas de ingeniería genómica (Ivančić *et al.*, *Nature Biotechnology*, 2025). El grupo de Arnau Sebé-Pedrós utilizó la genómica comparada y los atlas unicelulares para investigar la base genómica y celular de la simbiosis facultativa en el coral mediterráneo termotolerante *Oculina patagonica*. Su trabajo arrojó luz sobre los mecanismos que permiten que algunos corales sobrevivan a prolongados fenómenos de blanqueamiento (Levy, Grau-Bové *et al.*, *Nature*, 2025). El grupo de Pia Cosma mostró cómo el HSV-1 reconfigura la arquitectura de la cromatina del huésped durante la infección lítica al secuestrar la maquinaria transcripcional y formar contactos entre los genomas virales y del huésped (González-Almela *et al.*, *Nature Communications*, 2025). Nora Martin continuó fortaleciendo las actividades de modelización y biología predictiva como Independent Fellow del Collaboratorium de Barcelona, desarrollando modelos cuantitativos de evolución, mapas genotipo-fenotipo y paisajes adaptativos, y contribuyendo al esfuerzo más amplio del Programa por conectar la comprensión biológica mecanicista con la modelización predictiva. Eric Latorre se unió al Programa como Independent Fellow del Barcelona

Collaboratorium para desarrollar modelos matemáticos y computacionales del envejecimiento celular, combinando la modelización con el diseño experimental para investigar los mecanismos del envejecimiento y sus vínculos con enfermedades relacionadas con la edad.

El Programa también recibió un importante reconocimiento público y financiación. Arnau Sebé-Pedrós fue galardonado con el Premio Nacional de Investigación para Jóvenes Científicos 2025 – Margarita Salas en Biología, en reconocimiento a su trabajo en genómica comparada, biología evolutiva y los orígenes de los tipos celulares animales. Luis Serrano recibió el Premio Nacional de Innovación y Diseño 2025 en la categoría de Carrera Innovadora, el máximo reconocimiento nacional por su liderazgo científico y empresarial en I&D, destacando sus contribuciones a la biología de sistemas, el diseño de proteínas, la transferencia tecnológica y la creación de spin-offs. También recibió el Premio Nacional de Investigación de Catalunya 2025, que reconoce su carrera pionera y sus contribuciones a la biología de sistemas y sintética. Nick Stroustrup recibió una beca de la Fundación BBVA para un proyecto destinado a esclarecer los mecanismos moleculares causales del envejecimiento. Mara Dierssen mantiene un fuerte perfil de participación pública y forma parte del consorcio VITA, que fue seleccionado como semifinalista en el concurso XPRIZE Healthspan en 2025.





PROGRAMA DE TECNOLOGÍAS FUNDAMENTALES

Jefa: **Mònica Morales**

El Programa de Tecnologías Fundamentales incluye siete Unidades Tecnológicas que proporcionan a los investigadores tecnologías y conocimientos de última generación para avanzar en la investigación. El Programa es miembro de la *Core Facilities Excellence Alliance, Core for Life* (www.coreforlife.eu).

En 2025, el Programa firmó acuerdos con varios proveedores tecnológicos, lo que llevó al despliegue de equipos de vanguardia en múltiples Unidades y al desarrollo conjunto de nuevas aplicaciones en sus respectivos campos. En particular, la Unidad de Citometría de Flujo estableció colaboraciones con Becton Dickinson Biosciences y Thermo Fisher Scientific, lo que permitió la instalación de dos nuevas plataformas de citometría espectral. Element Biosciences instaló su última plataforma de secuenciación, Aviti24, en la Unidad de Genómica permitiendo el acceso a esta tecnología a la comunidad investigadora en general, y la Unidad

de Proteómica se asoció con Thermo Fisher Scientific para co-desarrollar aplicaciones de proteómica unicelular.

Durante este periodo, el Programa consiguió con éxito financiación a través del programa regional español FEDER para la adquisición de cuatro nuevos instrumentos, fortaleciendo las Unidades de Tecnologías de Proteínas, Citometría de Flujo, Genómica y Microscopía Óptica Avanzada. Los equipos para las Unidades de Genómica y Microscopía Óptica Avanzada se adquirieron en 2025, mientras que los instrumentos restantes serán adquiridos e instalados en las unidades correspondientes en 2026.

La nueva plataforma transversal de célula única comenzó a ofrecer servicios en 2025 y ya ha entregado más de 100 servicios integrados tanto a usuarios internos como externos. Actualmente se están llevando a cabo esfuerzos para integrar la Unidad de Proteómica en la plataforma, permiti-

tiendo la prestación de servicios de proteómica unicelular y servicios de multiómica totalmente integrados para los usuarios finales. Paralelamente, la plataforma ha introducido servicios de transcriptómica espacial con resolución de célula única, para los cuales la demanda está aumentando de forma constante.

Además, la innovación ha seguido siendo una prioridad estratégica en todo el Programa. Varias Unidades han conseguido ayudas de colaboración público-privada, así como financiación procedente de consorcios europeos, para apoyar el desarrollo e implementación de tecnologías emergentes.



ARCHIVO EUROPEO DEL GENOMA-FENOMA (EGA)

Director: **Arcadi Navarro**

Jefe de equipo: **Jordi Rambla**

El Archivo Europeo del Genoma-Fenoma (EGA), gestionado conjuntamente por el Centro de Regulación Genómica (CRG) y el Instituto Europeo de Bioinformática (EMBL-EBI), en colaboración con el Barcelona Supercomputing Center (BSC-CNS), es un repositorio global seguro de datos genómicos y fenotípicos humanos. Reconocido como la referencia mundial para compartir datos personales identificables, EGA ofrece servicios esenciales para el archivo, el descubrimiento y el acceso de datos, de acuerdo con los principios FAIR, a investigadores/as de todo el mundo.

Durante 2025, EGA archivó y puso a disposición para su reutilización 926 nuevos conjuntos de datos y distribuyó 2.698 conjuntos de datos a científicos/as para apoyar su investigación. A finales de año, el volumen total de datos archivados había superado los 20 PB, y el equipo de *Helpdesk* había respondido a más de 5.000 solicitudes de investigadores/as.

El equipo EGA del CRG, ahora compuesto por 24 profesionales multidisciplinares, ha co-liderado la Red EGA Federada desde 2022, permitiendo un intercambio seguro de datos genómicos transfronterizos. En 2025, la red incluía nueve nodos nacionales, entre ellos Canadá y Suiza. La tecnología que sustenta esta red fue desarrollada por el equipo de CRG.

En 2025, el equipo completó tres proyectos colaborativos y lanzó cinco nuevos, contribuyendo a una cartera de 16 ayudas competitivas activas. El equipo EGA del CRG también lidera el desarrollo global de Beacon, una tecnología de descubrimiento de datos genómicos. El equipo también brindó su apoyo a 43 instancias de Beacon en 13 países solo durante 2025, desarrolló nuevas herramientas y desplegó el Global Beacon Atlas.

Distinciones y premios



Profesora de
Investigación ICREA

Eva Novoa



XXIX Beca FERRO
para Jóvenes
Investigadores,
Fundación FERRO

Renée Beekman



Profesora de
Investigación ICREA

Elvan Böke



Premi Nacional de
Recerca (2025)

Luis Serrano



EMBO Young
Investigator

Sara Sdelci



Presidenta de la
RNA Society

Fátima Gebauer



Premio Nacional de
Investigación para
Jóvenes Científicos
- Margarita Salas en
Biología (2025)

Arnau Sebé-Pedrós



Premio Nacional de
Innovación y Diseño,
categoría Trayectoria
Innovadora (2025)

Luis Serrano



Mejor Investigadora
Joven, Premios
Argonauta,
Fundación
Pharmamar

Sara Sdelci



FEBS Excellence
Award

Noelia Ferruz



XXX Premio Carmen y Severo
Ochoa de Investigación de
Biología Molecular, Fundación
Carmen y Severo Ochoa

Juan Valcárcel

Investigadores/as ERC en el CRG *



STARTING GRANTS



Arnau
Sebé-Pedrós



Nicholas
Stroustrup



Sara Sdelci



Renée
Beekman



Hsiu-Chuan
Lin



Luis Serrano



Lars Velten



Eva Novoa



Noelia Ferruz



Markus Höpfler



Ben Lehner

* Proyectos activos o finalizados durante 2025

CONSOLIDATOR GRANTS



Elvan Böke



Arnau Sebé-Pedrós

SYNERGY GRANTS



Verena Ruprecht



Juan Valcárcel



Vivek Malhotra



Thomas Surrey

PROOF OF CONCEPT GRANTS



Luis Serrano



Ben Lehner (2)



Jorge Ferrer



Eva Novoa

Datos y cifras

Publicaciones

201

Publicaciones Totales

89%

Publicaciones en Acceso Abierto

81%

Publicaciones 1r Cuartil

14,0

Media Factor de Impacto

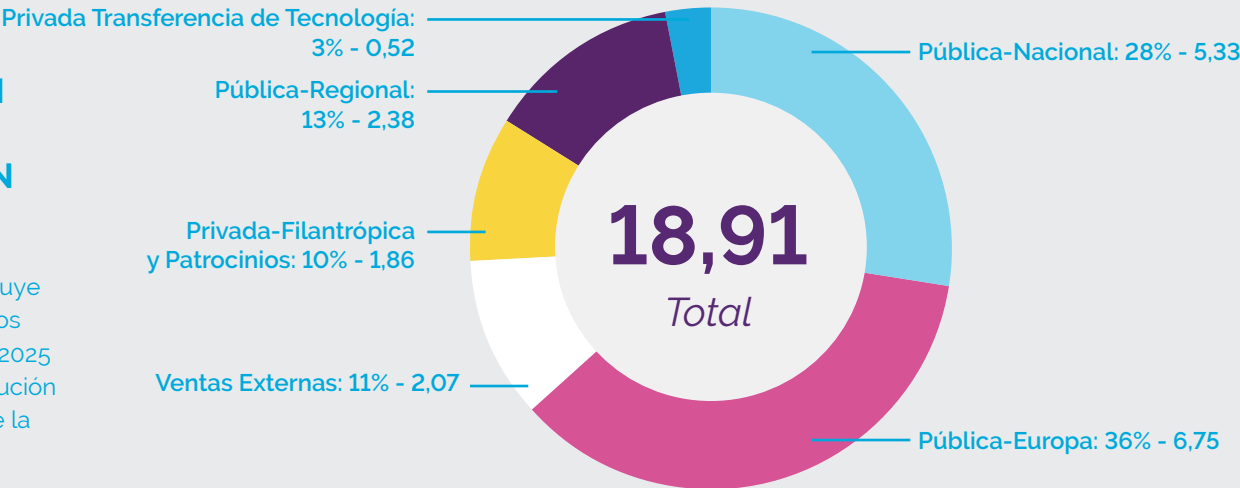
Financiación (M€)

42,5

Presupuesto Total

FINANCIACIÓN EXTERNA CONCEDIDA EN 2025

Nota: Este gráfico incluye los fondos competitivos conseguidos durante 2025 y pendientes de resolución final o del convenio de la ayuda a 31/12/2025.



Proyectos

152

*Proyectos y Redes
Activos Totales*

19

*son proyectos
ERC activos*

13

*son proyectos
coordinados activos*

29

*son otros proyectos de
investigación H2020 y Horizonte
Europa y redes activos*

11

*son proyectos de
investigación internacionales
activos (no CE)*

24

*Ayudas
Postdoctorales
Activas Totales*

Personal

462,85*

Total EJC*

476

Total

* EJC, Equivalente Jornada Completa

Programas de Investigación

297,26*

Total EJC*

307

Total

Servicios Científico-Técnicos

66,90*

Total EJC*

68

Total

Administración y Apoyo a la Investigación

98,70*

Total EJC*

101

Total

Grupos de Investigación (a 31 de diciembre de 2025)

34

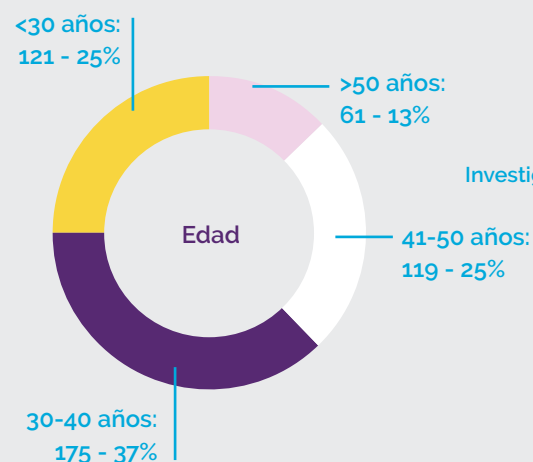
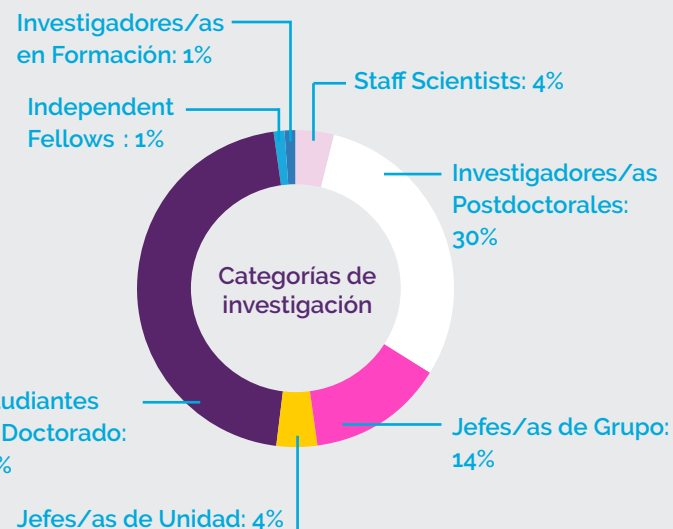
Total

32

CRG

2

Doble afiliación



Internacionalidad

47 nacionalidades representadas

Jefes/as de Grupo +
Jefes/as de Unidad - 59%

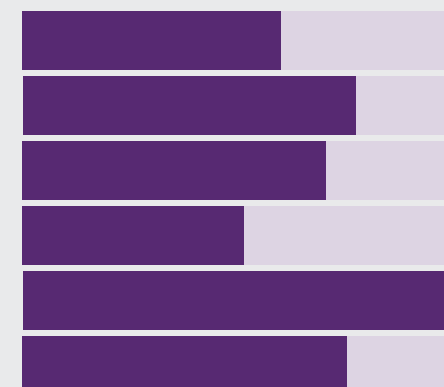
Estudiantes de Doctorado
- 76%

Investigadores/as Postdoctorales
- 69%

Independent
Fellows - 50%

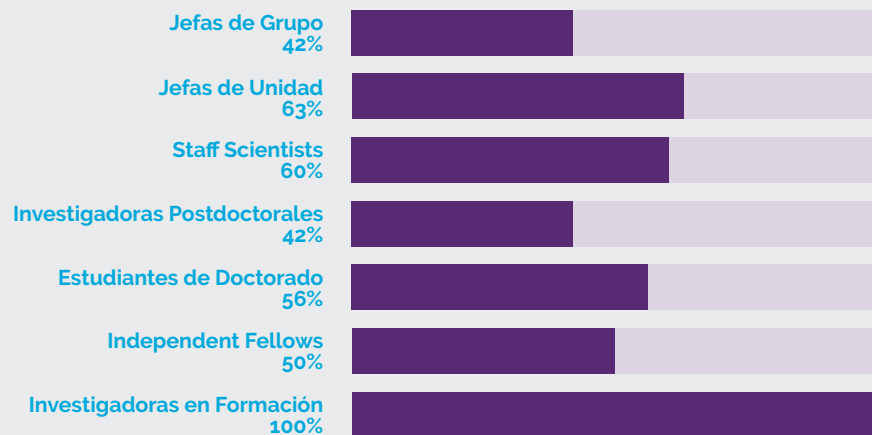
Investigadores/as en
Formación - 100%

**Total Personal de
Investigación - 71%**

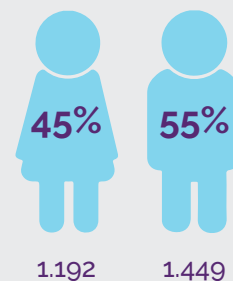


Género

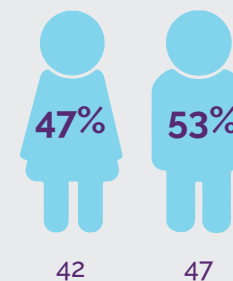
% Mujeres por Categorías Profesionales



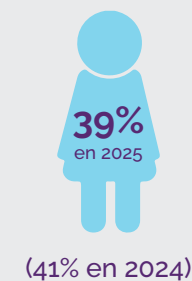
Solicitantes en Procesos de Selección



Candidatos/as Seleccionados/as en Procesos de Selección



% Mujeres Ponentes Invitadas



Formación avanzada

Tesis Doctorales leídas

24

Courses@CRG / EMBO Workshops

2 cursos internacionales
43 participantes

Cursos Competencias Científicas y Cursos de Investigación Responsable

48 cursos internos
734 participantes

Cursos Competencias Transferibles e Innovación

18 cursos internos
328 participantes

Actividades Formativas de Desarrollo Profesional

8 cursos internos
121 participantes

Cursos de Idiomas (CA, ES, EN)

29 cursos internos
189 participantes

Eventos

10

Conferencias
Internacionales

65

Seminarios
de Alto Nivel

Desarrollo de tecnología y negocio

7

Empresas
Emergentes
(Spin-offs)

27

Proyectos de
Valorización Activos

31

Familias de
Patentes Activas

14

Inversiones
Reportadas

7

Acuerdos de Servicios,
Colaboraciones
Científicas y Licencias

186

Otros
Acuerdos

Comunicación, divulgación y educación científicas

RELACIONES CON LOS MEDIOS

2.149

Apariciones en Medios

239

Escritos

1.837

Online

51

Radio

22

TV

REDES SOCIALES (a 31 de diciembre de 2025)

YouTube

335.796

Visualizaciones del canal

Facebook

5.003

Me gusta

2.403

Suscriptores

4.995

Seguidores

Seguidores Instagram

2.564

Seguidores Bluesky

2.931

Seguidores LinkedIn

37.347

DIVULGACIÓN Y EDUCACIÓN CIENTÍFICAS

81

Nº Actividades Organizadas

24.675

Público Beneficiario
Total

1.970

Estudiantes

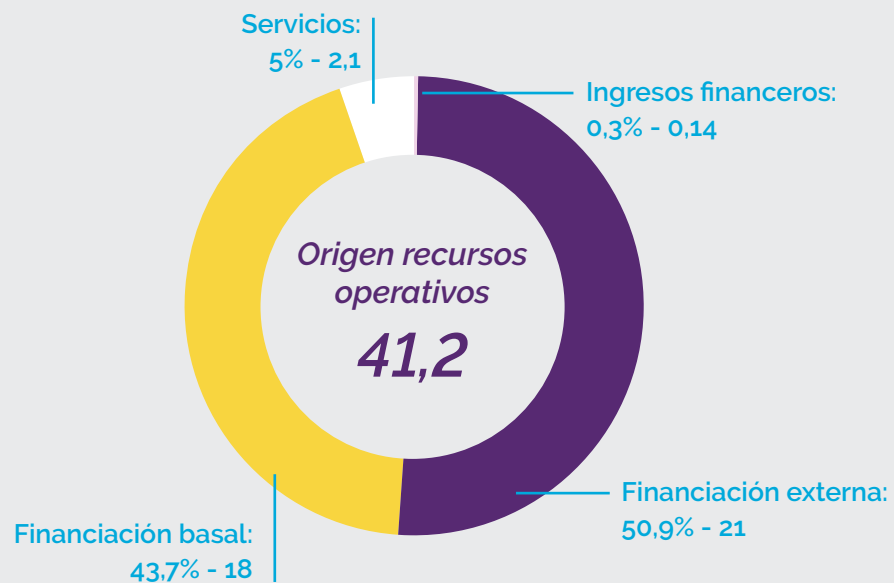
22.705

Público General

Informe financiero

ORIGEN Y DESTINO DE LOS RECURSOS OPERATIVOS

Origen recursos operativos en M€



Destino recursos operativos en M€



(*) Otros incluye: Grupo Director + SaF + TBDO + TAO
+ Pre-award + Comunicación + 74,5k€ de gastos financieros

Agradecimientos

PATRONATO



El apoyo de nuestros patrones y financiadores públicos y privados es clave para lograr la misión del CRG de cara a descubrir y hacer avanzar el conocimiento en beneficio de la sociedad, la salud pública y la prosperidad económica.

FINANCIADORES PÚBLICOS



Nota: Los fondos FEDER y del FSE han sido fundamentales durante todos estos años mediante diferentes planes de financiación y una amplia variedad de actividades para dar apoyo a nuestras investigaciones y mantener actualizadas nuestras infraestructuras. Puede consultar todos los detalles sobre los proyectos cofinanciados con estos fondos en la sección [ERDF AND ESF FUNDS AT THE CRG](#) de la web del CRG.

FINANCIADORES PRIVADOS



PATROCINADORES





CENTRO DE REGULACIÓN GENÓMICA

Dr. Aiguader, 88
Edificio PRBB
08003 Barcelona
Tel.: +34 93 316 01 00
communications@crg.eu
www.crg.eu

© CRG 2026

REALIZADO POR:

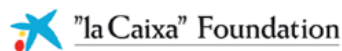
Departamento de Comunicación y Relaciones Públicas
Centro de Regulación Genómica (CRG)
Dr. Aiguader, 88
08003 Barcelona, España
www.crg.eu

TEXTO Y GRÁFICOS:

Científicos/as del CRG, Miembros del equipo de Administración
y Apoyo a la Investigación del CRG, Departamento de
Comunicación y Relaciones Públicas del CRG



PATRONATO:



MIEMBRO DE:



DISEÑO GRÁFICO:

Ondeuev Comunicació S.L.

FOTOGRAFÍA:

Ivan Martí

ILUSTRACIONES:

Marta Solano