

Becas de introducción a la investigación para estudiantes universitario JAE INTRO CSIC 2023

Descripción: Becas de introducción a la investigación para personas estudiantes universitarias con alto nivel de rendimiento académico. Las becas se conceden en régimen de concurrencia competitiva y de acuerdo con los principios de transparencia, objetividad y publicidad.

El plan de formación derivado de la concesión de estas becas se desarrollará en los grupos de investigación de las EI del CSIC, enmarcados en las 3 áreas globales del CSIC (Vida, Sociedad y Materia). Se posibilitará que dicho plan de formación esté orientado al posterior desarrollo de la tesis doctoral en el CSIC.

ACCESO CONVOCATORIA: <https://sede.csic.gob.es/intro2023>

PLAZO PRESENTACIÓN SOLICITUDES: del 15 de abril al 15 de mayo

Oferta de becas Jae intro 2023 Instituto de biología evolutiva: <https://www.ibe.upf-csic.es/>

REFERENCIA	INVESTIGADOR	CORREO ELECTRONICO	INSTITUTO	TITULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO
JAEINT23_EX_0264	COMAS MARTÍNEZ, DAVID	david.comas@upf.edu	INSTITUTO DE BIOLOGIA EVOLUTIVA	Reconstrucción evolutiva de poblaciones humanas mediante el análisis computacional de genomas	La demografía y la historia evolutiva de las poblaciones humanas se puede reconstruir gracias al análisis de las variantes genómicas de grupos actuales y su comparación con datos de genomas antiguos. Procesos demográficos como cuellos de botella, expansiones, mezcla y aislamiento dejan huella en la diversidad del genoma de poblaciones actuales. En este proyecto pretendemos reconstruir la historia evolutiva de diferentes grupos poblacionales humanos que han experimentado periodos de aislamiento mediante el análisis de genomas. Los datos iniciales son secuencias completas de genomas o variantes tipo SNP (Single Nucleotide Polymorphism) a lo largo de todo el genoma de distintas poblaciones humanas. Se pretende demostrar si la demografía particular de estos grupos (caracterizada por múltiples efectos fundadores, cuellos de botella y mezclas con poblaciones vecinas) ha supuesto un incremento de variantes deletéreas asociadas con enfermedades mendelianas y complejas. En el proyecto se analizarán datos genómicos de genomas completos de distintos grupos humanos para poder testar hipótesis demográficas y su asociación con la enfermedad. El proyecto representa una aproximación genómica de los efectos evolutivos que la demografía de las poblaciones humanas ha tenido en la salud y la enfermedad de la población actual.

Edifici CMIMA
Passeig Marítim de la Barceloneta 37-49
08003 Barcelona

Tel: 93 230 95 07
FAX: 93 230 95 55

Edifici PRBB
Doctor Aiguader 88
08003 Barcelona

Tel: 93 316 0805
FAX: 93 316 09 01

JAEINT23_EX_0194	GONZALEZ PEREZ, JOSEFA	josefa.gonzalez@ibe.upf-csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA EVOLUTIVA	Genómica de la adaptación a medios urbanos y naturales	<p>El proyecto de formación se enmarca en el proyecto científico del grupo que tiene como objetivo identificar las bases genómicas de la adaptación al ambiente. Utilizando como organismos de estudio <i>Drosophila melanogaster</i> y mosquitos del complejo <i>Anopheles</i> utilizamos una combinación de técnicas -ómicas (genómica, transcriptómica, CHIP-seq, ATAC-seq) y experimentales (enhancer assays, CRISPR/Cas9) para identificar los genes relevantes para la adaptación y sus mecanismos moleculares. Se podrá realizar tanto formación en el área bioinformática como experimental. El estudiante se incorporará a todas las actividades del laboratorio, que actualmente lidera una red europea en genómica de la adaptación, es parte de los consejos directivos de las dos mayores sociedades científicas evolutivas (SMBE y ESEB) y participa habitualmente en congresos nacionales e internacionales, así como en la docencia de cursos de postgrado. El estudiante tendrá además acceso a programas de formación de las dos instituciones a las que pertenece el instituto.</p>
JAEINT23_EX_0376	RICHTER , DANIEL JOSEPH	daniel.richter@ibe.upf-csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA EVOLUTIVA	La misteriosa biología de los eucariotas microbianos más abundantes en la superficie de los océanos	<p>¿Cuáles son las especies eucariotas microbianas más abundantes en los océanos iluminados por el sol y qué funciones desempeñan en la ecología marina mundial? Actualmente, las respuestas a estas dos preguntas siguen siendo en gran parte desconocidas. Los eucariotas microbianos (también conocidos como protistas) son organismos unicelulares y coloniales que ocupan el rango de tamaño entre las bacterias (micrómetros) y los animales multicelulares más pequeños (milímetros), una posición crítica para el funcionamiento de las redes tróficas oceánicas. Mediante expediciones marítimas globales como el proyecto Tara Oceans se han producido catálogos de estos protistas basados en el ADN. Estos datos revelaban que solo 100 de las aproximadamente 500.000 especies de protistas representaban el 50% de la abundancia total de protistas en los océanos. Sin embargo, la mayoría de estas especies (92 de ellas) son desconocidas para la ciencia y ni siquiera han sido identificadas por microscopía óptica. El objetivo de este proyecto es caracterizar la biología, las interacciones entre especies y la relevancia en el ecosistema de estos 92 protistas desconocidos muy abundantes y ubicuos. Proponemos dos posibles objetivos de investigación y formación para el estudiante. Primero, utilizando un enfoque de aislamiento novedoso, estableceremos cultivos de laboratorio robustos y aplicaremos la secuenciación de transcriptomas para producir catálogos de genes. En segundo lugar, aplicaremos microscopía de fluorescencia y luz de lapso de tiempo para comprender su historia de vida y comportamiento y construir hipótesis sobre su potencial metabólico individual y comunitario, seguido de manipulaciones de laboratorio para probar estas hipótesis. En general, proporcionaremos un primer vistazo de las características morfológicas, de historia de vida, de comportamiento y de transcripción de protistas abundantes en todo el mundo actualmente desconocidos. Los descubrimientos sobre su biología tendrán implicaciones inmediatas para los estudios de la ecología y la estructura comunitaria de los</p>

Edifici CMIMA
 Pseig Marítim de la Barceloneta 37-49
 08003 Barcelona

Tel: 93 230 95 07
 FAX: 93 230 95 55

Edifici PRBB
 Doctor Aiguader 88
 08003 Barcelona

Tel: 93 316 0805
 FAX: 93 316 09 01

					ecosistemas oceánicos. Finalmente, anticipamos que nuestros esfuerzos conducirán al establecimiento de eucariotas microbianas ecológicamente relevantes como nuevos sistemas modelo cuya biología se puede estudiar intensamente en el laboratorio.
JAEINT23_EX_1226	CARRANZA GIL-DOLZ DEL CASTELLAR, SALVADOR	salvador.carranza@ibe.upf-csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA EVOLUTIVA	Una aproximación multi-ómica a la evolución de las víboras del Viejo Mundo y sus arsenales tóxicos	Las estimas actuales sugieren que las serpientes venenosas afectan al menos a 1,8–2,7 millones de personas cada año en todo el mundo, dejando un rastro de entre 81.000 y 138.000 muertes y 400.000 víctimas supervivientes que sufren discapacidades físicas y psicológicas permanentes. Las serpientes abundan en climas más cálidos, lo que restringe las regiones hiperendémicas de mordeduras de serpientes principalmente a los países tropicales, afectando a algunas de las comunidades tropicales más remotas, poco desarrolladas y políticamente marginadas del mundo. Como resultado de eso, en 2017 la Organización Mundial de la Salud (OMS) incluyó la mordedura de serpiente como una enfermedad tropical desatendida prioritaria. El proyecto estudiará las serpientes de la subfamilia Viperinae, un grupo de serpientes venenosas relevantes desde el punto de vista médico, con especial atención a las cuatro especies de víboras ibéricas y norteafricanas del género Vipera, las víboras del Norte de África y Arabia del género Cerastes y las víboras del Norte de África, Arabia y Asia del género Echis, este último género compuesto por algunas de las serpientes venenosas más peligrosas del mundo. Utilizaremos un enfoque interdisciplinar y multi-ómico para producir genomas de referencia a nivel cromosómico de alta calidad, una gran cantidad de datos de secuencia de genomas completos, así como datos transcriptómicos y proteómicos para abordar con un nivel de resolución y precisión sin precedentes la sistemática, la estructura poblacional, la historia demográfica y evolución de los diferentes grupos de víboras estudiados y, lo que es más importante, la evolución de sus arsenales tóxicos. Igualmente, también generaremos un catálogo completo de genes de toxinas específicos de las glándulas del veneno, las llamadas “venom-ome-specific toxins”, un recurso excepcional para un futuro desarrollo de antivenenos sintéticos de composición definida utilizando tecnologías recombinantes. En general, este proyecto es una oportunidad única para lograr avances significativos en un tema candente en Biología Evolutiva y, al mismo tiempo, contribuir con datos de alta calidad y análisis modernos al estudio del envenenamiento por mordeduras de serpientes, un campo muy necesitado de datos genómicos y transcriptómicos de calidad.