



CONVOCATORIA JAE INTRO ICU 2026 FICHA DESCRIPTIVA

Becas de introducción a la investigación JAE INTRO ICU en el

Instituto de Biología Evolutiva (IBE)

1. Correo electrónico de contacto:

gerencia.ibe@csic.es

2. Número de becas:

4

3. Periodo y duración de las becas:

6 meses, a convenir inicio con el personal investigador.

4. Plazo de solicitud por parte de los interesados:

Segundo plazo.

5. Importe total de las becas, mensualidades y dotación adicional (si la hubiese):

Importe total de 4.200€, 6 mensualidades de 700€, sin dotación adicional.

6. Tiempo semanal de dedicación presencial: 20 horas.

7. Descripción y requisitos de los planes de formación:

7.1

Referencia del plan:	IBE-01
Título del plan:	AFROEUR: genetic diversity and relatedness of the oldest Afro-European human population.
Investigador responsable:	Carlos Sarabia / David Comas
Email de contacto personal investigador:	carlos.sarabia@upf.edu
Página web:	https://www.ibe.upf-csic.es/comas
Resumen del plan:	<p>This project investigates the genetic legacy of the Transatlantic slave trade in Europe, focusing on the influx of Sub-Saharan Africans (SSA) into the Iberian Peninsula. Although millions of Africans were forcibly displaced to the Americas, historical evidence shows that southwest Iberia received an important number of enslaved SSA individuals between the 16th and 18th centuries, who at times comprised nearly half of the enslaved population and up to 12% of the regional population. Despite this, modern Iberians exhibit only 1–3% SSA ancestry, likely reflecting centuries of social exclusion, selective mating, and gradual assimilation that reduced and fragmented African genetic contributions. This project centers on the morenos of Gibraleón (Huelva, southwest Spain), a community with SSA-associated phenotypes and oral histories linking their ancestry to 16th-century slave ships. Archival records confirm their presence since at least 1540 and document later admixture with local populations. Due to historical discrimination and unethical treatment during the Franco dictatorship, this group has historically refused collaboration with genetic research, making this study a unique and important first effort.</p> <p>Through close collaboration with historians and anthropologists, 60 moreno volunteers have been successfully genotyped. Using molecular and bioinformatic approaches, the project aims to quantify Sub-Saharan African, North African, and European ancestry and to characterize patterns of genetic diversity, relatedness, and inbreeding within the moreno population compared to other Iberian groups. Preliminary analyses already support the morenos as one of the earliest and most significant Afro-European populations.</p>

jae@csic.es

1





The participant of this project will receive training in population genomics and bioinformatics, conducting research on a rich comparative genomic dataset from Europe, North Africa, and Sub-Saharan Africa. The results will contribute to a multidisciplinary effort combining genomic, historical, and anthropological data to reconstruct the genetic history of this community and to clarify the broader genetic impact of the Transatlantic slave trade in Europe.
Requisitos obligatorios específicos
a) Rama de Grado:
Es requisito haber cursado o estar cursando un Grado en una rama de Ciencias de la Salud o Biológicas (ejemplos: Genética, Bioinformática, Biología, Biomedicina, Biotecnología/Ciencias Ambientales). Grados en ciencias afines a la computación podrán ser considerados.
b) Nota media del expediente académico de Grado:
Acreditar una nota media en una escala de 0 a 10, con dos decimales, igual o superior a 7.00.
c) Máster Universitario Oficial:
Si se han finalizado los estudios de Grado, estar matriculado en un máster oficial en Ciencias Biológicas o de la Computación (Genética, Genómica, Antropología Física, Genética Forense, Biomedicina, Bioinformática, Ciencia de Datos, etc).
Otros méritos valorables (opcional):
Inglés nivel B2 o superior. Conocimientos o experiencia en Genética de poblaciones (relatedness, inbreeding, genetic diversity) Conocimientos o experiencia en Bioinformática (sistemas Linux, línea de comandos, lenguajes Bash/Python/R).

7.2

Referencia del plan:	IBE-02
Título del plan:	
APU-MAP: mapping apusomonad diversity using public sequence and metadata.	
Investigador responsable:	
Guifré Torruella Cortés	
Email de contacto personal investigador:	guifre.torruella.cortes@gmail.com
Página web:	https://guifftc.github.io/
Resumen del plan:	
<p>Apusomonads are a rare lineage of biflagellated heterotrophic protists that occupy a key position in the eukaryotic tree of life as the sister group to Opisthokonta (animals and fungi). Despite their evolutionary importance for reconstructing early eukaryotic evolution, their ecology, diversity and global distribution remain largely unknown. Previous studies revealed at least 30 apusomonad clades, many of them represented by only one or a few DNA environmental sequences, suggesting that this lineage belongs to the rare eukaryotic biosphere.</p> <p>The APU-MAP project aims to uncover the hidden diversity and global biogeography of apusomonads by mining large-scale public metabarcoding and metagenomic repositories, including EukBank, MetaPR2, JGI IMG/M, MGnify and global surveys such as TARA Oceans, complemented with local datasets from collaborators. By integrating sequence data with environmental metadata, this project will generate the first global atlas of apusomonad distribution and abundance across marine, freshwater and terrestrial ecosystems.</p> <p>The student will lead the computational analysis, implementing and running a reproducible bioinformatic pipeline on an HPC environment. Tasks include large-scale sequence mining using curated 18S rDNA references, phylogenetic curation and placement to distinguish real diversity from artifacts, and statistical analysis of environmental metadata to reconstruct biogeographic patterns. Outputs will include global distribution maps, abundance profiles and an open, FAIR reference database released to public repositories.</p> <p>This project is ideal for students with an interest in bioinformatics, data science and evolutionary biology. It offers hands-on training in Unix/HPC environments, R scripting and visualization, phylogenetic inference, version control (GitHub) and reproducible research practices. Results are expected</p>	

jae@csic.es





to contribute to a peer-reviewed publication, providing strong scientific output and computational experience.
Requisitos obligatorios específicos
a) Rama de Grado:
Es requisito haber cursado o estar cursando un Grado en Ciencias o Ciencias de la Salud.
b) Nota media del expediente académico de Grado:
Acreditar una nota media en una escala de 0 a 10, con dos decimales, igual o superior a 6.50.
c) Máster Universitario Oficial:
Si se han finalizado los estudios de Grado, estar matriculado en un máster oficial en biodiversidad o bioinformática.
Otros méritos valorables (opcional):
Inglés nivel B2 o superior. Valuable skills: basic Unix/Linux command line; basic programming in R and/or Python; interest in bioinformatics and data science; familiarity with biological sequence data; willingness to work with large public datasets; basic knowledge of Git/GitHub (or willingness to learn).

7.3

Referencia del plan:	IBE-03
Título del plan:	
Morphological diversity at the roots of animal origins.	
Investigador responsable:	
Victoria Shabardina / Iñaki Ruiz-Trillo	
Email de contacto personal investigador:	victoria.shabardina@ibe.upf-csic.es
Página web:	https://multicellgenome.com/team
Resumen del plan:	
<p>Animals' origin is one the central questions of the modern evolutionary biology. Classical theories posit that the last unicellular ancestor of animals possessed a repertoire of temporal cell types that were later co-opted for spatial differentiation in animals. However, the recent hypotheses suggest that spatial cell differentiation may have predated animals, and the role of phenotypic plasticity have been proposed to be crucial in this transition. Validating these hypotheses requires characterizing the phenotypic plasticity and cell types variety of the extant unicellular relatives of animals. In this light, the group of ichthyosporeans, close unicellular relatives of animals, seems to be a very promising lineage. Indeed, in the last 15 years it became central in the field and the interest in ichthyosporeans is only growing. While genomic data indicates that these species possess many genes that are important for multicellularity, we lack a comprehensive understanding of their cell biology and changes in life cycles in response to environmental cues. There are experimental evidences that ichthyosporean species might have "hidden" cell morphologies that manifest at specific environmental clues and have role in these organisms' adaptability and survival. Therefore, ichthyosporeans might become an ideal model for unravelling the potential phenotypic landscape of the unicellular ancestor of animals and understanding how different cell types might have originated and evolved in first animals. In this project, we will investigate the phenotypic landscape of four different ichthyosporean species and characterize their life cycles using methods of cell biology, genome modification, cell culture manipulation, and microscopy. The outcome of the project will be a significant contribution to our knowledge about evolutionary origins of multicellularity and cell differentiation in animals.</p>	
Requisitos obligatorios específicos	
a) Rama de Grado:	
Es requisito haber cursado o estar cursando un Grado en Ciencias, Ciencias de la Salud, Biología, Biotecnología.	
b) Nota media del expediente académico de Grado:	
Acreditar una nota media en una escala de 0 a 10, con dos decimales, igual o superior a 7.00.	
c) Máster Universitario Oficial:	





Si se han finalizado los estudios de Grado, estar matriculado en un máster oficial en el curso 2025-2026 o admitido en el curso 2026-2027 en un máster oficial en cualquier rama del conocimiento.
Otros méritos valorables (opcional).
Inglés nivel B2 o superior, basic laboratory skills.

7.4

Referencia del plan:	IBE-04
Título del plan:	Caracterización de la comunidad de microeucariotas asociadas a la anémona <i>Exaipasia diaphana</i> , organismo modelo para el estudio de corales.
Investigador responsable:	Daniel Richter y Javier del Campo
Email de contacto personal investigador:	jdelcampo@ibe.upf-csic.es / daniel.richter@ibe.upf-csic.es
Página web:	https://www.ibe.upf-csic.es/
Resumen del plan:	<p>Durante la estancia JAE Intro, el estudiante recibirá formación interdisciplinar en fisiología, ecología molecular, microscopía avanzada y análisis bioinformático. Se capacitará en el mantenimiento de cultivos vivos de <i>Exaipasia diaphana</i> en el Instituto de Biología Evolutiva (IBE), organismo modelo mantenido para el estudio de corales.</p> <p>Participará en la caracterización del eucarioma de <i>E. diaphana</i> mediante técnicas de metabarcoding (gen del 18S rRNA), incluyendo extracción de ácidos nucleicos, PCR, control de calidad y preparación de bibliotecas para secuenciación de segunda generación. En paralelo, se formará en análisis bioinformático mediante flujos de trabajo reproducibles basados en Unix Shell y R, utilizando herramientas desarrolladas en el laboratorio.</p> <p>También adquirirá experiencia en cultivo de protistas simbiotes bajo condiciones controladas, observación morfológica mediante microscopía óptica, y análisis estructural mediante microscopía electrónica de barrido (SEM) y microscopía confocal de inmunofluorescencia, enfocándose en la ultraestructura celular y componentes del citoesqueleto.</p> <p>El estudiante será cosupervisado por ambos IPs, con reuniones semanales de seguimiento para revisar el progreso, resolver problemas técnicos y adaptar el plan de trabajo. Esta supervisión continua garantizará un avance constante durante las prácticas. Al finalizar, presentará sus resultados en una reunión científica del laboratorio, adquiriendo experiencia en comunicación científica y discusión de resultados en un entorno académico.</p> <p>Este plan formativo proporcionará al estudiante competencias clave en biología molecular, microscopía y bioinformática, así como una experiencia integradora en investigación puntera en simbiosis marina.</p>
Requisitos obligatorios específicos	
a) Rama de Grado:	
	Es requisito haber cursado o estar cursando un Grado en Biología o cualquier otro grado relacionado con las ciencias biológicas.
b) Nota media del expediente académico de Grado:	
	Acreditar una nota media en una escala de 0 a 10, con dos decimales, igual o superior a 7.00.
c) Máster Universitario Oficial:	
	Si se han finalizado los estudios de Grado, estar matriculado en un máster oficial en una disciplina relacionada con las ciencias biológicas.
Otros méritos valorables (opcional):	
	Se valorará el conocimiento del inglés.

8. Composición de la Comisión de Selección:

- 1) Presidencia

jae@csic.es





Salvador Carranza Gil-Dolz del Castellar, Director.

2) Vocales

i. Vocal 1

Vanessa Mouco, investigadora principal del laboratorio de Arqueogenómica.

ii. Vocal 2

Javier del Campo, investigador principal del laboratorio de Ecología y evolución microbiana.

iii. Vocal 3

Daniel Richter, investigador principal del laboratorio de Biología y ecología de protistas abundantes.

3) Secretaria

Maria Dolors Piulachs, investigadora principal del laboratorio de Reproducción de insectos.

Firmado electrónicamente por la dirección del

INSTITUTO DE BIOLOGÍA EVOLUTIVA (IBE)

