

Becas de introducción a la investigación para estudiantes universitario JAE INTRO CSIC 2026

Descripción: Becas de introducción a la investigación para personas estudiantes universitarias de grado y máster 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/intro2026>

PLAZO PRESENTACIÓN SOLICITUDES: hasta el 11 de abril de 2026

Oferta de becas JAE Intro 2026 Instituto de Biología Evolutiva: <https://www.ibe.upf-csic.es/>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR RESPONSABLE	CORREO ELECTRÓNICO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	DESCRIPCIÓN PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT26_EX_0901	Salvador Carranza Gil-Dolz del Castellar	salvador.carranza@ibe.upf-csic.es	Introducción a la Divulgación Científica de Investigación en Evolución, Genómica y Biodiversidad	<p>El presente plan de formación propone la incorporación de un/a becario JAE Intro para participar en un proyecto centrado en la divulgación científica basada en resultados de investigación en biología evolutiva. El objetivo es aprender a transformar el conocimiento generado en recursos divulgativos rigurosos que favorezcan la comprensión pública de los procesos evolutivos y de la investigación actual en este campo.</p> <p>El/la becario se integrará en un grupo especializado en evolución, genómica y biodiversidad, donde recibirá formación en métodos de investigación: revisión bibliográfica sistemática, análisis de datos evolutivos, interpretación de resultados y comprensión del marco teórico de la disciplina. A partir de esta base, aprenderá a desarrollar materiales divulgativos fundamentados en evidencias, incluyendo resúmenes explicativos de estudios recientes, esquemas conceptuales e infografías científicas.</p> <p>El plan de formación permitirá adquirir competencias en síntesis científica, comunicación precisa de resultados, pensamiento crítico y transferencia del conocimiento. Asimismo, participará en reuniones internas, seminarios y actividades de divulgación asociadas a la línea de investigación del grupo. Esta EoI tiene como finalidad introducir al/la becario en el entorno científico del CSIC y reforzar la conexión entre investigación fundamental en biología evolutiva y sociedad.</p>	https://www.ibe.upf-csic.es/carranza

JAEINT26_EX_0072	Rosa Fernández García	rosa.fernandez@ibe.upf-csic.es	Bioprospección en genomas de organismos no modelo con protein language models	<p>La biodiversidad animal constituye una fuente inmensa y todavía ampliamente inexplorada de nuevas proteínas con potencial biomédico y biotecnológico, incluyendo péptidos antimicrobianos, compuestos antitumorales, moduladores inmunes o proteínas protectoras frente a estrés extremo. Sin embargo, la mayoría de estos genes permanecen ocultos en los genomas de organismos no modelo debido a la falta de anotación funcional y a la limitada similitud con proteínas conocidas ("proteoma oscuro").</p> <p>En nuestro laboratorio desarrollamos recientemente FANTASIA, una herramienta basada en protein language models (PLMs) que permite inferir funciones y detectar candidatos bioactivos incluso cuando no existen homologías claras en bases de datos clásicas (Martínez-Redondo et al., 2025, Communications Biology). Este proyecto propone aplicar FANTASIA a genomas de alta calidad generados en el marco de iniciativas como European Reference Genome Atlas y el Earth BioGenome Project, con el objetivo de acelerar el descubrimiento de genes candidatos con interés biomédico a partir de especies no modelo.</p> <p>Objetivo principal Identificar y priorizar proteínas candidatas con potencial antimicrobiano, antitumoral o biotecnológico mediante enfoques de inteligencia artificial basados en 'embeddings' proteicos.</p> <p>Actividades a desarrollar por el/la estudiante El/la estudiante se integrará en un entorno interdisciplinar de genómica evolutiva e IA, y participará en las siguientes tareas:</p> <ul style="list-style-type: none"> - Curación y selección de datasets genómicos de animales no modelo (invertebrados, extremófilos, especies subterráneas o marinas). - Aplicación del pipeline FANTASIA para generar embeddings proteicos y predicciones funcionales a gran escala. - Búsqueda dirigida de familias bioactivas, incluyendo péptidos antimicrobianos, toxinas terapéuticas, proteínas de reparación del ADN o rutas metabólicas de interés industrial. - Priorización de candidatos mediante criterios evolutivos (innovación génica, duplicaciones, especificidad de linaje) y propiedades moleculares (secreción, dominios, desorden intrínseco). - Visualización e interpretación biológica de resultados, integrando información comparativa entre especies. - Elaboración de un informe final con candidatos destacados y propuestas de validación experimental futura. <p>Formación y competencias adquiridas El proyecto proporcionará formación en genómica comparativa, anotación funcional avanzada, aprendizaje profundo aplicado a proteínas, y descubrimiento de biomoléculas en</p>	https://www.ibe.upf-csic.es/metazoa-phylogenomics
------------------	-----------------------	--	---	--	---

				<p>biodiversidad. El/la estudiante adquirirá experiencia práctica en análisis bioinformáticos reproducibles y en un campo emergente con fuerte proyección internacional.</p> <p><u>Impacto esperado</u></p> <p>Este trabajo contribuirá al desarrollo de nuevas estrategias para transformar genomas de biodiversidad en recursos aplicables a salud y biotecnología, abriendo vías para identificar compuestos novedosos frente a la resistencia a antibióticos, el cáncer o el estrés celular.</p>	
JAEINT26_EX_0082	David Comas Martínez	david.comas@upf.edu	<p>Descifrando la historia genómica de los humanos: ancestría y adaptación</p>	<p>Los humanos somos una especie cosmopolita con un origen africano reciente hace unos doscientos mil años. A partir de entonces, nuestra especie se ha ido diversificando, adaptándose a diferentes entornos, desplazándose para ocupar nuevos territorios y mezclándose. Esta mezcla de poblaciones humanas ha cambiado la composición genómica y la ancestría de sus individuos y ha tenido consecuencias adaptativas. Estos cambios debidos a las mezclas de poblaciones han dejado huellas en nuestros genomas que podemos reconstruir analizando los datos genómicos de grupos humanos actuales.</p> <p>En este proyecto se pretende detectar y reconstruir las mezclas de poblaciones humanas mediante el análisis computacional de genomas humanos actuales. Se pretende explorar la diversidad genómica de diversas poblaciones humanas de las cuales conocemos su historia poblacional de mezcla, como, por ejemplo, nativos americanos, norteafricanos, o gitanos, por poner algunos ejemplos concretos. El análisis computacional de estos grupos humanos nos permitirá determinar las poblaciones ancestrales que se mezclaron, cuantificar el grado de mezcla, inferir posibles efectos adaptativos pre y post mezcla, e identificar posibles variantes genéticas con implicaciones biomédicas.</p> <p>El proyecto representa una aproximación genómica de los efectos evolutivos que la mezcla de poblaciones ha tenido en la salud y la enfermedad de los grupos humanos actuales mediante una aproximación puramente computacional.</p>	https://www.ibe.upf-csic.es/comas
JAEINT26_EX_0379	Vanessa Villalba Mouco	vanessa.villalba@ibe.upf-csic.es	<p>Climate, Migration and Social Transformation in the Bronze Age Motillas Group</p>	<p>Ancient DNA research (Archaeogenomics) has transformed our understanding of past human genetic variability. In the Iberian Peninsula, paleogenomic studies have revealed major demographic processes, particularly during the transition from the Copper Age to the Bronze Age.</p> <p>However, the impact of these processes in the interior of the peninsula remains poorly understood. The archaeological group of Las Motillas, emerging under the climatic stress of the 4.2 ka event and characterized by monumental funerary structures, represents a key yet understudied context to investigate how demographic shifts shaped inland communities. This archaeological phenomenon provides a unique opportunity to explore social organization, inter-community interactions, and cultural transformations during a period of profound change.</p> <p>The main objective of this project is to obtain a high-resolution understanding of the genetic</p>	https://www.ibe.upf-csic.es/archaeogenomics

				and social transformations of the Motillas Bronze Age group. Specifically, the study aims to: (1) evaluate the demographic impact of Central European-related migrations; and (2) conduct intra-necropolis analyses to reconstruct biological kinship and infer social practices. This research will generate genome-wide data from a significant number of individuals across Motillas sites, integrating archaeogenetic results with anthropological and archaeological evidence within a refined chronological framework. By combining genetic, cultural, and environmental perspectives, this project seeks to clarify how climatic stress and population movements contributed to shaping the genetic and social landscape of Bronze Age Iberia.	
JAEINT26_EX_0809	Macarena Toll Riera	macarena.toll@csic.es	Characteristics and evolutionary history of bacterial multipartite genomes	<p>In the Evolutionary Microbiology group we study the molecular mechanisms underpinning bacterial adaptation and we do so by combining computational approaches, experimental evolution and multi-omics (sequencing, transcriptomics, proteomics). For the JAE Intro, we propose a project that aims to study bacterial species with a multipartite genome. Although around 10% of bacteria have a multipartite genome - that is, they carry a main chromosome and at least one additional replicon bigger than 350 Kb - the evolutionary advantage of this type of genomic organization remains unclear.</p> <p>This project dives into a fascinating question in microbial genome evolution: why do some bacteria distribute essential functions across multiple chromosomes? The student will download complete bacterial genomes from NCBI and classify them according to their genomic organization. The candidate will then study in detail the characteristics of the multipartite genomes (codon usage, GC content, gene function, evolutionary rates), which will allow us to answer questions such as: do genes encoded on the secondary chromosome evolve more rapidly than those on the main chromosome? Are there duplicated genes across the two chromosomes? Are any functional categories enriched on the secondary chromosome? This computational work directly complements ongoing experimental research in the group, giving the student a unique opportunity to connect large-scale genomic analyses with biological mechanisms. The project is ideal for a motivated student curious about genome evolution, genomic data, and how bacteria achieve such complex genome organization.</p> <p>With this project the student will acquire skills in programming (Phyton, R, Bash), bioinformatics, comparative genomics, and data analysis. The student will have the opportunity to present his/her results in the Biodiversity seminars series organized by the Biodiversity Program of the IBE and participate in the weekly group meetings from the Evolutionary Microbiology group.</p> <p>The student will be supervised by the PI of the group, Dr. Macarena Toll Riera, and Angélica</p>	https://www.ibe.upf-csic.es/evolutionary-microbiology-group

				Jara Servin, a postdoc in the group, but will have the opportunity to interact with other members of the group studying bacterial adaptation using experimental approaches.	
JAEINT26_EX_1181	Javier del Campo García-Ramos	idelcampo@ibe.upf-csic.es	Diversidad de simbioses de corales tropicales y de sus epibiontes animales	<p>En el laboratorio de Ecología y Evolución Microbianas estudiamos la microbiota simbiote de organismos marinos, con un foco particular en corales, aunque no exclusivamente. En el marco del programa JAE Intro, queremos ofrecer a los participantes la oportunidad de iniciarse en el estudio de la simbiosis y de su importancia para la conservación, en especial en el contexto actual de cambio climático.</p> <p>Introduciremos al/la alumno/a a los fundamentos teóricos del campo: la diversidad de corales y sus epibiontes, los principales simbioses de corales, el impacto de la simbiosis en la susceptibilidad o resistencia de los corales al cambio climático, y los patógenos y probióticos microbianos de los corales.</p> <p>Presentaremos al/la alumno/a las principales metodologías para el estudio de los simbioses de corales: cultivo microbiano, métodos de extracción de ácidos nucleicos, procesamiento de ácidos nucleicos y análisis computacionales para llevar a cabo estudios de microbioma, metagenómica, transcriptómica, genómica, filogenómica, etc.</p> <p>En el marco de la JAE Intro, el/la alumno/a llevará a cabo un proyecto en el que analizará datos genómicos de corales y sus simbioses para poner en práctica los conocimientos adquiridos y desarrollar sus habilidades como investigador/a. Durante su proyecto, el/la alumno/a llevará a cabo, de primera mano, la extracción de ácidos nucleicos, así como la generación y el análisis de datos de metabarcoding de corales tropicales y sus epibiontes animales (como gusanos de fuego, caracoles lengua de flamenco o cangrejos protectores de acropóridos, entre otros) para el estudio de sus respectivos microbiomas bacterianos y microeucariotas, y así determinar si los corales y sus epibiontes comparten simbioses microbianos.</p> <p>En paralelo, el/la alumno/a realizará una rotación de una semana con cada uno de los miembros sénior del laboratorio (3 en total) para ver cómo llevan a cabo otros tipos de proyectos que van desde la transcriptómica de células individuales de corales bajo estrés térmico hasta la caracterización mediante microscopía de simbioses microbianos de corales. La intención de esta rotación es que el/la alumno/a tenga una experiencia tan amplia como sea posible de la investigación que llevamos a cabo. El/la alumno/a participará activamente en la vida del laboratorio, asistiendo a los lab meetings quincenales y a los journal clubs mensuales, así como a cualquier otra actividad que el laboratorio lleve a cabo.</p>	https://www.ibe.upf-csic.es/campo