

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT23_EX_1390	LUISA MARIA LOIS ROJAS	maria.lois@cragenomica.es	CENTRO DE INVESTIGACIÓN AGRIGENOMICA (CRAG)	Desarrollo de biosensores para la monitorización de la resiliencia de las plantas en condiciones de estrés.	La investigación del grupo está dirigida a buscar soluciones a los retos a los que se enfrenta la sociedad relacionados con la seguridad alimentaria, explotando el papel de la regulación de proteínas mediante la conjugación de SUMO o SUMOylación. La SUMOylación es una regulación post-traduccional esencial que tiene un papel fundamental en el estado de las plantas, regulando las respuestas de las plantas a estreses bióticos y abióticos (Benlloch and Lois 2018). El interés del laboratorio es descubrir los mecanismos moleculares que facilitan el papel biológico de SUMO como punto de partida para desarrollar nuevas herramientas biotecnológicas que contribuyan a asegurar la productividad de cultivos. El estudiante se formará en las técnicas fundamentales de la biología molecular de plantas, microscopía confocal, bioquímica y biología estructural establecidas en el grupo o mediante colaboraciones con grupos expertos en el CRAG y el campus de la Universidad Autónoma de Barcelona. También recibirá formación en análisis de bases de datos (data mining) y software científico. El objetivo es que el estudiante reciba una formación transversal en un ambiente interdisciplinar. Además, durante la estancia, el estudiante desarrollará competencias necesarias para seguir una trayectoria científica, como el pensamiento crítico, la resolución de problemas, proactividad, registro y presentación de resultados, trabajo en equipo y flexibilidad y adaptabilidad. También recibirá formación en aspectos relacionados con la transferencia de la tecnología. Tras el periodo de aprendizaje, se espera que el estudiante haya adquirido conocimiento técnico e intelectual fundamental para la actividad científica, y que tenga continuidad en la realización de un doctorado.	<a href="https://www.cragenomica.es/research-groups/protein-regulation-development-and-stress">https://www.cragenomica.es/research-groups/protein-regulation-development-and-stress</a>
JAEINT24_EX_0213	ABAIGAR ANCIN, TERESA	abaigar@eeza.csic.es	ESTACION EXPERIMENTAL DE ZONAS ARIDAS	Adecuación ecológica de habitats para la reintroducción de la gacela mohor en el norte de África	Desde 1971, la Estación Experimental de Zonas Áridas (EEZA-CSIC/Almería) es responsable del programa de conservación de la gacela dama mhorrr (Nanger dama mhorrr); esta subespecie desapareció de su área de distribución original en la franja occidental del desierto del Sáhara, a finales de los años 60 del siglo XX. El programa de conservación de esta especie incluye acciones "exsitu" e "in situ". Las acciones "exsitu" incluyen un programa de cría en cautividad que se lleva a cabo en la Finca Experimental "la hoya" (FEH). En la actualidad, el número de ejemplares de esta especie en la FEH supera el centenar. Las acciones de conservación "in situ" incluyen el estudio de las especies reintroducidas en su países de origen (Marruecos, Senegal), y en buscar áreas adecuadas donde llevar a cabo proyectos de reintroducción en completa libertad. Para la elección de las áreas adecuadas de reintroducción es esencial conocer las necesidades biológicas, ecológicas y comportamentales que esta especie necesita para vivir en libertad; y en delimitar aquellos factores que pueden limitar su supervivencia y que están relacionados con las disponibilidad de hábitat adecuado, presencia de depredadores, perturbaciones y competencia humana (ganadería, agricultura, caza furtiva, etc.), y ambientales. El candidato/a participará en: *la delimitación y ponderación de las variables y factores que determinan la supervivencia de la gacela mohor en libertad. * la integración de esas variables en un mapa, mediante Sistemas de Información Geográfica (SIG). * la selección de las áreas adecuadas para llevar a cabo la reintroducción. El área de trabajo comprende el sur de Marruecos; en particular las provincias de Zagora, Assa y Tata.	<a href="https://apps.csic.es/grupos/pages/grupo/edicionGrupo.html?idGrupo=840601">https://apps.csic.es/grupos/pages/grupo/edicionGrupo.html?idGrupo=840601</a>
JAEINT24_EX_1406	AGUDO MARTINEZ, ANTONIO	antonio.agudo@csic.es	INSTITUTO DE ROBOTICA E INFORMATICA INDUSTRIAL	Dancing with my pets: Capturing pets in motion from videos	Recently many efforts have been made to recover the 4D reconstruction of an object captured by a single RGB camera. This estimation normally relies on sophisticated pre-defined models or exhaustive motion capture systems. Unfortunately, the generalization of these solutions does not scale to an ample variety of challenging objects in nature, such as animals and vegetable plants. In this project we study geometric, physical and probabilistic neural models to propose an uncalibrated, differentiable and self-supervised algorithm that can estimate detail-aware 4D reconstructions together with reflectance from casual videos. To this end, we explore a universal neural method that can work for every object you can imagine and record with a standard camera, without assuming any prior knowledge of the shape geometry to capture or large amounts of expensive annotations. You will learn key ideas on deep learning, artificial intelligence, computer vision, modeling, and additional skills in order to sort out real-world problems.	<a href="https://www.iri.upc.edu/research/perception">https://www.iri.upc.edu/research/perception</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0247	AGUILERA AGUILERA, PAULA	paula.aguilera@cabimer.es	CENTRO ANDALUZ DE BIOLOGIA MOLECULAR Y MEDICINA REGENERATIVA	Implications of ATRX mutations in genome instability and therapeutic opportunities for glioblastoma	Cancer cells are characterized by numerous genomic alterations. The correct functioning of certain molecular processes such as DNA replication is essential to avoid DNA alterations that can trigger tumor development. ATRX is necessary for the correct replication of DNA, although the molecular mechanisms involved are still unknown. Moreover, ATRX is one of the most frequently mutated genes in glioblastoma, which is the most common and aggressive brain tumor and for which a successful therapeutic strategy has not been developed yet. During the past decade, the interest in the chromatin remodeler ATRX has considerably increased due to its numerous implications in cancer. Concretely, the absence of the ATRX protein increases genomic instability and accelerates tumor development. Recent evidence demonstrated that ATRX is required for efficient DNA replication and plays a key role under conditions that impair normal replication, and cause replication stress. This is of particular relevance provided the observation that ATRX regulates R-loop accumulation as a natural source of replication stress. However, the molecular mechanism by which ATRX mutations contribute to glioblastoma development are still uncharacterized. We study the molecular mechanisms of ATRX in glioblastoma to understand how ATRX loss contributes to cancer development. In particular, we study the pathways affected by ATRX mutations that trigger genome instability in order to understand glioblastoma initiation and progression. Moreover, we investigate new potential therapeutic opportunities for glioblastoma that exploit specific vulnerabilities of ATRX-deficient tumors. The student will participate in the validation and characterization of already identified compounds that specifically kill ATRX-deficient glioblastoma cells and that could be proposed as potential therapies for ATRX-deficient tumors. The student will gain experience working with human cells in culture and will learn molecular biology techniques to evaluate DNA damage. Moreover, the student will participate in the lab meetings to train his/her communication skills.	x.com/aguilera_p_90?ts=11&t=UpaepODijPp-n-UfvrMGQw
JAEINT24_EX_0980	AGUIRRE ARAUJO, JACOBO	jagirre@cab.inta-csic.es	CENTRO DE ASTROBIOLOGIA	Modelización teórica y computacional de sistemas complejos en el contexto del origen y evolución de la vida.	La investigación a desarrollar se enmarca en los campos de la complejidad y la astrobiología, y se centra en la aplicación de la teoría de redes complejas al contexto del origen y evolución de la vida. El plan de trabajo es: (i) Aprendizaje de teoría de redes complejas y uso de software científico: La persona contratada comenzará familiarizándose con la Teoría de Interacción entre Redes (TIR) que hemos desarrollado en los últimos años en el Grupo de Complejidad y Astrobiología del Centro de Astrobiología (CAB, CSIC-INTA) (Aguirre et al., Nat.Phys. 2013, Nat. Comms. 2016, Nat. Comms. 2019; García-Sánchez et al., PNAS 2022). Esta teoría estudia la interacción entre sistemas descritos por redes complejas y su evolución y competición en entornos dinámicos. (ii) Aplicación de la Teoría de Interacción entre Redes a dos casos de relevancia astrobiológica: El primero se centrará en la fase más primigenia del camino desde el origen de la vida hasta hoy: la modelización numérica de la emergencia de las primeras redes químicas que manifestaban propiedades fundamentales de la vida como autorreplicación o metabolismo en el contexto de la creación de proto-células en la Tierra primitiva. El segundo se enmarcará en el final del trayecto, la biosfera actual, y se focalizará en la modelización de las interacciones entre las redes de proteínas de virus y células hospedadoras, en el contexto de la teoría de las cuasiespecies, ampliando nuestro reciente trabajo (Aguirre et al., iScience 2023) y haciendo uso de datos experimentales obtenidos en el Laboratorio de Evolución Viral del CAB. Finalmente, se compararán ambos enfoques, pudiendo comprobar la generalidad de la TIR, que apunta a la emergencia de comportamientos universales en la interacción entre redes complejas, independientemente de su entorno y complejidad. PLAN DE CONTINGENCIA: Si no se pudieran desarrollar ambos estudios en detalle, se centrará el trabajo en el más fructífero. Las competencias que adquirirá la persona contratada serán de utilidad para el mundo tecnológico, biosanitario y académico: 1. Aprendizaje de programación avanzada: Matlab/Python/R/C++. Administración de servidores informáticos y paralelización. Tratamiento de grandes bases de datos. 2. Aprendizaje de la teoría de redes complejas, ciencia de datos y modelización matemática de procesos complejos relacionados con la biofísica y la química. 3. Conocimiento del mundo científico: Participación en la vida científica del CAB.	https://cab.inta-csic.es/investigacion/lineas-de-investigacion/grupo-de-quimica-prebiotica-y-fisica-de-sistemas-complejos/
JAEINT24_EX_1579	ALBENTOSA VERDU, MARINA	marina.albentosa@ieo.csic.es	CENTRO OCEANOGRAFICO DE MURCIA	Soluciones basadas en bivalvos para ecosistemas eutrofizados	La estancia formativa se realizaría en el Laboratorio de Eco-Fisiología de Bivalvos, ubicado en el Centro Oceanográfico de Murcia (IEO-CSIC). El proyecto formativo se desarrollaría en el marco de The Mar Menor Oyster Initiative MMOI, propuesta científica respaldada por 10 científicos de diferentes instituciones científicas españolas e incluida en el consorcio europeo NORA ( <a href="https://nora.europe.eu/spain-the-mar-menor-oyster-initiative/">https://nora.europe.eu/spain-the-mar-menor-oyster-initiative/</a> ) para la recuperación de las poblaciones de ostra plana en Europa. MMOI tiene como objetivo desarrollar el conocimiento científico-técnico necesario para llevar a cabo acciones de biorremediación basadas en la ostra plana ( <i>Ostrea edulis</i> ) –NbS- en ecosistemas costeros degradados (como el Mar Menor). Actualmente la población de ostra presente en la laguna se encuentra muy reducida, pero llega a ser de más de 100 millones de ejemplares en los 80. Este tipo de iniciativas se han realizado con éxito en otros países como parte de la recuperación de ecosistemas eutrofizados. El proyecto formativo incluye: 1) Aprendizaje de las técnicas de la Acuicultura de la Restauración de la ostra plana. La producción de semilla de ostra en criadero utilizando reproductores del Mar Menor es necesaria para las acciones de restauración. Estas técnicas incluyen el cultivo de microalgas, acondicionamiento de reproductores, cultivo larvario, fijación sobre conchilla y sobre valva (spat-on-shell) y el cultivo postlarvario y de semilla. 2) Aprendizaje de las técnicas de Fisiología Energética con las que valorar uno de los servicios ecosistémicos más relevantes de las ostras: su capacidad para extraer el exceso de nutrientes causantes de la eutrofización. Estas técnicas incluyen la tasa de aclaramiento, de respiración y de absorción. Estas variables fisiológicas se integran en la ecuación de balance energético a partir de la cual se estima el potencial de crecimiento o Scope for Growth (SFG), que es un biomarcador del estado de salud de los ejemplares y la base de los estudios a realizar para conocer la capacidad biorremediadora de la ostra en las condiciones actuales de la laguna. Este proyecto formativo proporcionará competencias en diferentes disciplinas y conexiones con otros grupos nacionales e internacionales. El estudiante se incluirá en una línea de investigación (Restauración basada en Bivalvos) emergente, dinámica, de plena actualidad y de gran impacto en la sociedad.	https://nora.europe.eu/spain-the-mar-menor-oyster-initiative/

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1290	ALBERT DE LA CRUZ, ARMANDO JOAQUIN	xalbert@iqf.csic.es	INSTITUTO DE QUIMICA FISICA BLAS CABRERA	CHEMICALLY INDUCED DIMERIZATION MODULES AS BIOTECHNOLOGICAL TOOLS IN PLANT BIOLOGY	Food security becomes an urgent global issue as the population continues to grow. Adapting agricultural production to the effects of global warming and climate-related hazards while maintaining food security is a complex challenge. This proposal aims to unravel mechanisms conferring resistance to environmental stresses in plants, specifically addressing responses to drought and concomitant salinity. In particular, we will center on those signaling steps that rely on the chemical-induced dimerization of proteins. These depend on the presence of a small molecule, phytohormone, or ions to produce stable protein hetero or homodimers and trigger the subsequent signaling steps. Studying these modules gains interest as they are usually on the top of the signaling routes and they are responsible for decoding the primary intracellular signals elicited by stress. In general, they are structurally accessible and their activity could be quantitatively addressed by a biophysical technique measuring either ligand binding or protein dimerization.	<a href="https://www.xtal.iqf.csic.es/">https://www.xtal.iqf.csic.es/</a>
JAEINT24_EX_1088	ALBURQUERQUE FERRANDO, NURIA	nalbur@cebas.csic.es	CENTRO DE EDAFOLOGIA Y BIOLOGIA APLICADA DEL SEGURA	Modificación de genes de susceptibilidad del hospedante como estrategia para obtener plantas resistentes a estreses bióticos	La transformación genética se ha convertido en una de las tecnologías más poderosas y revolucionarias de la mejora genética de plantas. En el grupo de Biotecnología de Frutales (CEBAS-CSIC) hemos desarrollado protocolos de transformación de diferentes especies herbáceas y leñosas y también se han desarrollado y/o utilizado construcciones moleculares basadas en estrategias de silenciamiento, incluyendo CRISPR/Cas, o en la sobre expresión de distintos genes con la finalidad de estudiar la función que desempeñan o buscando resistencias a estreses, tanto bióticos como abióticos. Los patógenos de plantas son capaces de manipular los genes de susceptibilidad del hospedante (genes S), para inhabilitar las defensas de las plantas y poder infectarlas. La identificación y mutación de genes S de plantas utilizados por patógenos son importantes para la generación de cultivos con resistencia duradera y de amplio espectro. Las nuevas técnicas de edición del genoma abren diversas posibilidades para la modificación de los genes S. Una característica de los genes S es su conservación entre especies. La abundancia de datos disponibles de secuenciación y transcriptómica de cultivos facilita la identificación de genes S a través de análisis filogenéticos. Después de la identificación de un ortólogo, deben realizarse análisis funcionales para confirmar la utilidad del gen como factor de susceptibilidad. Durante la duración de la beca JAE INTRO se colaborará en ensayos de transformación con construcciones CRISPR/Cas9 diseñadas para manipular genes candidatos a estar implicados en la susceptibilidad de las plantas de tomate a patógenos.	<a href="http://www.cebas.csic.es/dep_spain/mejora/biotecnologia/biotec_lineas.html">http://www.cebas.csic.es/dep_spain/mejora/biotecnologia/biotec_lineas.html</a>
JAEINT24_EX_0827	ALCALA GARCIA, FRANCISCO JAVIER	fjalcala@eeza.csic.es	ESTACION EXPERIMENTAL DE ZONAS ARIDAS	Aguas Subterráneas y Cambio Global en Zonas Áridas	El agua es un recurso natural renovable necesario para la economía y esencial para la vida. Existe suficiente consenso científico de que el cambio climático está produciendo una disminución de los recursos hídricos. El aumento de los eventos hidrológicos extremos conlleva una disminución de la garantía de suministro a partir del recurso superficial. El agua subterránea se postula como garante del suministro, a pesar de que están aumentando los casos de grave deterioro de su cantidad y calidad por combinación de factores ambientales, económicos y culturales. El conocimiento del funcionamiento hidrológico de masas de agua subterránea es fundamental para predecir los efectos del clima y de adaptación socioeconómica al cambio global. La incidencia de estos procesos es mayor en zonas áridas, ya que el agua subterránea suele ser el único recurso hídrico disponible. En este contexto, la formación científica de jóvenes investigadores en la disciplina "Agua Subterránea y Cambio Global" orientada a zonas áridas es clave, ya que los escenarios climáticos futuros pronostican el aumento de la aridez climática en el territorio español. La nueva condición climática requiere desarrollar técnicas de evaluación alejadas de las tradicionales basadas en supuestos de linealidad causa-efecto típicos de climas templados. Las tareas específicas a desarrollar serán: 1. Participación en la conceptualización de mecanismos y desarrollo de técnicas de evaluación de recarga de acuíferos en zonas áridas. 2. Participación en el desarrollo de modelos numéricos de predicción de escenarios futuros de recarga de acuíferos en zonas áridas. 3. Participación en el desarrollo de modelos hidro-socio-económicos dependientes del agua subterránea en zonas áridas, incluyendo conceptualización de feedbacks causa-efecto, uso de fuentes no convencionales de agua y evaluación de afecciones sobre ecosistemas dependientes. El área de estudio será la masa de agua "Sierra de Gádor – Campo de Dalías" en Almería, donde el importante desarrollo agrícola alcanzado incide sobre el recurso hídrico subterráneo, y la economía y los ecosistemas dependientes. En esta área, el Grupo de Investigación "Geoecología y Desertificación" viene investigando estas y otras materias afines durante los últimos 20 años, lo que garantiza una formación inter- y multidisciplinar de jóvenes investigadores en la temática "sociedad-vida-materia".	<a href="http://www.eeza.csic.es/es/d_geoe.aspx">http://www.eeza.csic.es/es/d_geoe.aspx</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1600	ALCOLEA ALCOLEA, PEDRO JOSE	pjalcolea@cib.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS MARGARITA SALAS	Evaluación de la eficacia de un nuevo inmunógeno para la actualización de la vacuna de ADN Neoleish(R) frente a la leishmaniasis	Introducción e hipótesis de trabajo El reservorio principal del parásito Leishmania infantum es el perro. La leishmaniosis canina se caracteriza por la aparición de signos clínicos cutáneos y viscerales simultáneamente y con cuadros clínicos variables. El parásito se acantaona fundamentalmente en la médula ósea. El predominio de la respuesta inmunitaria celular Th1 está asociado a la protección frente a este parásito intracelular obligado (Pinelli y col., 1995). En 2022, la Agencia Europea del Medicamento autorizó la vacuna de ADN frente a la leishmaniosis canina Neoleish® (EMEA/V/C/005538. N° reg. EU/2/22/290). Neoleish® es la tercera vacuna de ADN autorizada en el mundo y la única que carece de genes de resistencia antibióticos y de replicón eucariota, al estar basada en el plásmido pPAL (Alcolea y col., 2016). La patente (EP3297666B1; Alcolea y col., 2016) se licenció a la empresa CZ Vaccines S.A. (Grupo Zenda). Neoleish® es la única vacuna frente a la leishmaniosis canina capaz de inducir una respuesta Th1 y de reducir (92%) la carga parasitaria en médula ósea (Alonso y col., 2023). Esta vacuna reduce a la mitad el riesgo de infección activa y 3 veces el de desarrollar enfermedad clínica. Gracias a los numerosos estudios de Genómica Funcional llevados a cabo en el laboratorio del Dr. Alcolea simultáneamente al desarrollo de Neoleish®, se dispone de nuevos genes candidatos, algunos de los cuales han mostrado buenos niveles de protección en el modelo de ratón en términos de reducción de la carga parasitaria. Bajo la hipótesis de que la combinación de Neoleish Objetivo Evaluar la eficacia de un gen candidato clonado en pPAL en modelos de ratón. Metodología -Evaluación de la expresión del gen candidato in vitro en la línea humana HEK293. -Purificación y caracterización básica de la proteína codificada por el gen candidato. -Evaluación de la respuesta inmunitaria humoral y celular en el modelo de ratón C57BL/6j. -Evaluación de la protección frente a Leishmania infantum en el modelo de ratón BALB/c en términos de signos clínicos y carga parasitaria (qPCR y dilución límite). Plan de formación -Participación en las actividades del plan de acogida del centro. -Tutorías para la comprensión de las normas del centro, los conceptos teóricos, los procedimientos, la elaboración del cuaderno de laboratorio y la redacción de informes científicos. -Reuniones de grupo semanales. -Asistencia a seminarios del departamento y del centro. -Asistencia a l	<a href="https://www.cib.csic.es/research/structural-and-chemical-biology/structure-function-and-pharmacology-cytoskeleton">https://www.cib.csic.es/research/structural-and-chemical-biology/structure-function-and-pharmacology-cytoskeleton</a>
JAEINT24_EX_0689	ALEMAN PEREZ, AILEN	aillen.aleman@csic.es	INSTITUTO DE CIENCIA Y TECNOLOGIA DE ALIMENTOS Y NUTRICION	Formulación de nanoestructuras encapsulando compuestos bioactivos para el diseño de productos innovadores	El objetivo principal del Plan de formación es introducir al estudiante en el área de investigación relacionada con el diseño y desarrollo de productos innovadores, mediante la incorporación de compuestos bioactivos encapsulados en diferentes nanoestructuras. Durante su estancia, el/la estudiante participará en el diseño de los experimentos, en la puesta a punto y ejecución de las diferentes metodologías, en el análisis y tratamiento de los datos, y en la presentación de los resultados. Además, adquirirá capacidad para trabajar en equipo. Durante el periodo de formación, se plantean los siguientes objetivos parciales: 1. Obtención y caracterización de extractos bioactivos e ingredientes funcionales a partir de materiales infravalorados/infrutilizados y subproductos de la industria agroalimentaria. 2. Formulación de diferentes nanoestructuras (liposomas y/o nanopartículas proteicas) encapsulando los compuestos bioactivos seleccionados. Evaluación de la funcionalidad de las nanoestructuras, tanto como agentes encapsulantes como para proporcionar diferentes texturas. 3. Diseño y desarrollo de productos innovadores mediante la formulación de sistemas tipo emulsión, gel, o sistemas mixtos, enriquecidos con los bioactivos encapsulados. 4. Digestión gastrointestinal in vitro y bioaccesibilidad de los compuestos de interés. 5. Caracterización del producto elegido y estabilidad del mismo, para determinar su calidad y vida útil.	<a href="https://www.ictan.csic.es/grupos-de-investigacion/desarrollo-valorizacion-e-innovacion-de-productos-de-la-pesca-innovapesca/">https://www.ictan.csic.es/grupos-de-investigacion/desarrollo-valorizacion-e-innovacion-de-productos-de-la-pesca-innovapesca/</a>
JAEINT24_EX_0292	ALFONSO PEREZ, TATIANA	talfonso@cbm.csic.es	CENTRO DE BIOLOGIA MOLECULAR SEVERO OCHOA	Mitotic Spindle regulation by the Cyclin B1/CDK1 complex and its implication in cancer	Cell division is described as a well-choreographed dance. In multicellular organisms, this choreography is coordinated in time and space. The timing is controlled by a network of proteins, including kinases, that ensures progression of events, while the orientation in space is governed by a protein complex that controls spindle positioning. Orientated division sustain organ development and regeneration by ensuring the correct positioning of daughter cell after cell division. Therefore, the disruption of this orientation is drastic leading to genetic instability, tissue disorganization and tumorigenesis. Although we continue to gain insights into the mechanisms underlying spindle positioning, the precise nature of the signals that drives orientation in cell division is still far from clear. Our broad goal is to advance knowledge on how cell division regulates spindle positioning and its implication in cancer. Specifically, this project aims to elucidate the role of CyclinB1/CDK1 in the regulation of the mitotic spindle. The observation based on our Cyclin B1 CRISPR/Cas9 cells allowed to identify two pools of Cyclin B1 in mitosis. We demonstrated that the first pool, which localizes at the unattached kinetochores, is a crucial component of the spindle checkpoint [1, 2,3]. The second pool localizes at the spindle poles, however, the role played at these structures is unknown. This project combines CRISPR-Cas9 genome editing, molecular and cell biology with advance in-vivo fluorescence microscopy approaches. The student will be part of a group with a good research atmosphere. She/he will learn how to perform multiple techniques, design experiments, analyze and discuss results, write and present the work carried out. 1. T. Alfonso-Pérez, D. Hayward, J. Holder, U. Gruneberg, F.A.Barr. 2019. MAD1-dependent recruitment of CDK1-CCNBI to kinetochores promotes spindle checkpoint signalling. Journal of Cell Biology. 218(4):1108-1117. 2. D. Hayward, T. Alfonso-Pérez...F.A.Barr, U. Gruneberg. 2019. CDK1-CCNBI creates a spindle checkpoint permissive state by enabling MPS1 kinetochore localisation, Journal of Cell Biology. 218(4):1182-1199. 3. D. Hayward, T. Alfonso-Pérez, U. Gruneberg. 2019. Orchestration of the spindle assembly checkpoint by CDK1-cyclin B1. FEBS Letter. 593: 2889-2907.	<a href="https://www.cbm.uam.es/es/investigacion/programas/homeostasis-de-tejidos-y-organos/arquitectura-celular-y-organogenesis/grupo-de-morfogenesi">https://www.cbm.uam.es/es/investigacion/programas/homeostasis-de-tejidos-y-organos/arquitectura-celular-y-organogenesis/grupo-de-morfogenesi</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_137I	ALMANSA BERRO, EDUARDO	eduardo.almansa@ieo.csic.es	CENTRO OCEANOGRÁFICO DE CANARIAS	Fisiología y bienestar del pulpo común	Fisiología y bienestar del pulpo común El presente proyecto se enmarca dentro de la actividad del grupo de investigación PHYSIS (CSIC) ( <a href="https://www.csic.es/investigacion/grupos-de-investigacion/fisiologia-y-bienestar-de-especies-marinas">https://www.csic.es/investigacion/grupos-de-investigacion/fisiologia-y-bienestar-de-especies-marinas</a> ) y se centrará en mejorar el conocimiento sobre la fisiología y bienestar del pulpo común en sus primeras fases de vida. Los objetivos incluyen el estudio de aspectos como la alimentación o nutrición y ensayos relacionados con el estrés y el manejo en cautividad. El objetivo será aportar datos científicos sobre el bienestar de estos animales que contribuyan a resolver las dudas éticas que han surgido respecto al cultivo comercial de esta especie. Por otro lado, este tipo de estudios también contribuirán a la gestión sostenible de esta especie a través de colaboraciones con grupos de ecología y pesquerías de cefalópodos. En el proyecto se llevarán a cabo diferentes ensayos de cultivo para estudiar el efecto de la alimentación, nutrición o condiciones ambientales sobre la viabilidad de las primeras fases de vida. Así mismo, se analizarán y validarán marcadores de nutrición y salud que nos aporten información sobre el bienestar de estos animales en condiciones de cautividad. Los estudios se centrarán en: Mejora de dietas inertes cuyo uso permitiría estandarizar los protocolos y evaluar sus necesidades nutricionales de manera precisa. Selección de presas vivas con un perfil nutricional adecuado y de fácil obtención ya sea porque se encuentran disponibles comercialmente o sean fáciles de producir en cautividad. Estudiar el efecto de diferentes condiciones ambientales como pueden ser la luz y la temperatura. Estos datos serán también de interés para comprender el comportamiento y la ecología de estos animales en su medio natural. Así mismo, estos ensayos se usarán para validar biomarcadores de estrés y del estado nutricional de los animales que han sido identificados y caracterizados en proyectos previos de nuestro grupo. Estos datos pueden ser de gran utilidad para aplicar el principio de las 3 Rs (Reducción, reemplazo y refinamiento) sobre uso de animales en investigación científica y por extensión en su producción comercial.	<a href="https://www.csic.es/investigacion/grupos-de-investigacion/fisiologia-y-bienestar-de-especies-marinas">https://www.csic.es/investigacion/grupos-de-investigacion/fisiologia-y-bienestar-de-especies-marinas</a>
JAEINT24_EX_1704	ALMANSA SANCHEZ, JAIME	jaime.almansa-sanchez@incipit.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS DEL PATRIMONIO	Métodos y técnicas para estudiar la interacción entre procesos cognitivos y mundo material: explorando las Mentes Materiales	En el marco del proyecto XSCAPE (una Synergy Grant de la ERC para explorar cómo los mundos que construimos modifican nuestra mente, en una aproximación transdisciplinar desde la arqueología a la ciencia cognitiva), se ha implementado el Material Minds Lab, una infraestructura científica única en la que explorar aspectos cognitivos relacionados con la cultura material; combinando técnicas de seguimiento ocular y otras medidas fisiológicas que nos ayudan a entender mejor los procesos que suceden en nuestro cerebro cuando nos enfrentamos al mundo que nos rodea. Este plan de formación plantea una oportunidad única de sumarte a este entorno de investigación, aprendiendo metodologías innovadoras con un equipo multidisciplinar e internacional. En concreto, el manejo de aparatos de medición para seguimiento ocular, la gestión de la información recogida y los análisis que se pueden hacer sobre estos cuerpos de datos para profundizar en el conocimiento del pasado y de nuestra propia mente. Participando de todo el proceso, esta experiencia formativa puede aportar una línea novedosa de trabajo para el futuro, en un área incipiente y de alto potencial. Dependiendo del perfil y los intereses del/a candidato/a, se pondrá el acento sobre alguna de las fases de estos procesos de trabajo (diseño experimental, gestión de participantes en los experimentos, manejo del equipamiento experimental, gestión de datos o análisis de datos), pero a lo largo de la beca se adquirirán competencias en todos ellos, dentro del programa experimental en marcha del proyecto. Esta oferta es del máximo interés para la formación de personal investigador especializado en un campo nuevo que, fomentado por el desarrollo simultáneo de un proyecto Synergy Grant del ERC, está empezando a reclamar una importante atención internacional y que, sin ninguna duda, va camino de constituir una nueva arqueometría en el ámbito de la ciencia aplicada a la arqueología. Será de facto la primera arqueometría cognitiva.	<a href="https://www.incipit.csic.es">https://www.incipit.csic.es</a>
JAEINT24_EX_0749	ALMEIDA DE FRANCA E MILLER, ANA ZELIA	anamiller@imas.csic.es	INSTITUTO DE RECURSOS NATURALES Y AGROBIOLOGÍA DE SEVILLA	Geomicrobiología de tubos de lava: estudio de las interacciones microbio-mineral en ecosistemas volcánicos	El/la candidato/a JAE-Intro recibirá formación científico-técnica en geomicrobiología de ambientes subterráneos para comprender las interacciones entre microorganismos y minerales de cuevas volcánicas. Para ello, se instruirá en técnicas de biología molecular (extracción, amplificación y secuenciación de ADN), microscopía (óptica, electrónica y confocal), y bioinformática. Además, el/la candidato/a seleccionado/a trabajará con datos procedentes de experimentos de secuenciación de nueva generación, participará en los proyectos científicos que tenemos vigentes en el grupo de Geomicrobiología (BIOGEOCOM), y en la interpretación de datos. Trabaja directamente con el resto de los componentes del Grupo BIOGEOCOM, en un ambiente inmersivo y con la disponibilidad de equipamientos científicos existentes en el laboratorio del grupo en el IRNAS-CSIC. El objetivo principal de esta beca será la formación del/la candidato/a de último año de Grado o de Máster en técnicas de análisis de datos de secuenciación de nueva generación, estudio de la diversidad microbiana mediante análisis de ADN y caracterización morfológica de muestras de minerales y biofilms de tubos de lava. A la consecución de esta beca, el/la estudiante tendrá un conocimiento significativo en el manejo y comprensión de estas técnicas que pueden serle útiles durante una posible carrera científica. En cuanto a otras actividades de formación el/la candidato/a podrá participar en los seminarios e iniciativas de divulgación organizados por el IRNAS o el CSIC, tales como la Semana de la Ciencia y Noche de los investigadores. Esta formación podrá servirle al/la candidato/a como parte de su trabajo fin de Grado (TFG) o trabajo fin de Máster (TFM). Por otro lado, se pretende fomentar el interés del/la candidato/a en la realización de una tesis doctoral mediante la preparación conjunta de una propuesta FPU u otras convocatorias similares.	<a href="https://www.imas.csic.es/geomicrobiologia/">https://www.imas.csic.es/geomicrobiologia/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0674	ALMEIDA PARRA, JULIA	jalmeida@usa.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA MOLECULAR Y CELULAR DEL CANCER DE SALAMANCA	Diseño y desarrollo de nuevas estrategias inmunofenotípicas para la detección específica /sensible de células tumorales en sangre en linfoma T cutáneo	La identificación y cuantificación de células tumorales circulantes en pacientes con linfoma T cutáneo (micosis fungoide (MF) y síndrome de Sézary (SS)) es necesaria para establecer el diagnóstico, la extensión y la respuesta al tratamiento. Con las técnicas de citometría de flujo convencionales el fenotipo de las células tumorales se solapa parcialmente con el de los linfocitos TCD4+ normales, y es heterogéneo, por lo que es difícil la comparabilidad de los resultados y su utilización en un entorno clínico. El OBJETIVO del presente proyecto es aplicar estrategias estandarizadas de citometría de flujo de última generación para la detección y cuantificación rápida, específica, sensible y reproducible de células tumorales circulantes en pacientes con MF/SS. En una primera fase del proyecto se diseñará una combinación óptima de marcadores para detectar células tumorales mediante citometría espectral, se determinará la especificidad y sensibilidad analítica en sangre, y finalmente se crearán bases de referencia para el análisis automático. En una segunda fase del proyecto se validará el método desarrollado a través de la demostración de su aplicabilidad práctica y utilidad clínica (rapidez y precisión) para el diagnóstico, estadiaje y monitorización terapéutica. Además, se analizará el microambiente tumoral (sistema inmune normal residual) aplicando el panel diseñado y paneles adicionales de monitorización inmunológica, y su relación con la heterogeneidad clínico-biológica del tumor. En las dos fases del proyecto los datos de citometría se compararán con el método de referencia en la identificación de células T tumorales (identificación de reordenamiento clonal por PCR)	<a href="https://www.cicancer.org/grupo?id=79">https://www.cicancer.org/grupo?id=79</a>
JAEINT24_EX_0752	ALOMAR MASCARO, CARMÉ TERESA	carne.alomar@ieo.csic.es	CENTRO OCEANOGRÁFICO DE ILLES BALEARS	Estudio de la contaminación por plásticos y microplásticos en ecosistemas marinos	La contaminación por basuras marinas, especialmente los plásticos y los microplásticos, es una amenaza real y creciente para los ecosistemas marinos (Deudero & Alomar, 2015). Existe evidencia científica de la ingesta de microplásticos desde los grupos taxonómicos más bajos hasta los niveles tróficos más altos y el Mar Mediterráneo se ha documentado como uno de los lugares más impactado por este tipo de contaminación (Olmo-Gilbert et al., 2024). La propuesta de trabajo se engloba en el marco de la investigación de la contaminación por basuras marinas que desarrolla el grupo de investigación "Impactos Antrópicos en Ecosistemas Costeros (IMPACT @SEA)" del Centro Oceanográfico de Baleares (COB) del Instituto Español de Oceanografía (IEO-CSIC). Concretamente la propuesta se centra en el estudio de los impactos y de las implicaciones de los microplásticos y contaminantes asociados a través de la red trófica así como en los ecosistemas marinos. Para ello se realizará trabajo de campo para la obtención de muestras biológicas (peces e invertebrados de interés ecológico) y ambientales (columna de agua, agua superficial y sedimento) seguido de trabajo de laboratorio incluyendo muestreos biológicos y procesamiento de muestras para la identificación de microplásticos bajo lupa (Alomar et al., 2022). Una vez identificados los microplásticos, se procederá a la determinación de los polímeros que componen estas partículas mediante técnicas de espectroscopia por infrarrojos (FTIR) (Fagiano et al., 2023). La persona en formación también participará en el procesamiento y análisis de datos, así como su redacción con el fin de participar en publicaciones científicas en relación a los datos obtenidos. Mediante esta formación, se adquirirá capacidad de análisis y razonamiento crítico para la evaluación de la presencia de basuras en los ecosistemas marinos, además de obtener una visión holística de los impactos derivados de la ingesta de microplásticos, y contaminantes asociados, en la biología y ecología de especies de interés ecológico así como el medio que les rodea. Alomar, et al. 2022. Aquaculture, 738666. Deudero, S and Alomar, C. 2015. Marine Pollution Bulletin, Volume 98, Issues 1–2, 15 September 2015, Pages 58–68. doi:10.1016/j.marpolbul.2015.07.012 Fagiano, et al. 2023. Marine Pollution Bulletin, 194, 115291. Olmo-Gilbert, R., et al., 2024. Science of The Total Environment, 170719.	<a href="http://www.ba.ieo.es/es/investigacion/grupos-de-investigacion/impactsea">http://www.ba.ieo.es/es/investigacion/grupos-de-investigacion/impactsea</a>
JAEINT24_EX_0291	ALONSO BLANCO, CARLOS	calonso@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Mapeo y caracterización genética de un nuevo locus responsable de la variación natural para la cantidad de tricomas de las plantas	Mapeo y caracterización genética de un nuevo locus responsable de la variación natural para la cantidad de tricomas de las plantas La mayoría de las especies vegetales muestran una gran variación natural para la cantidad y distribución de los tricomas (pelos de las plantas) en los distintos órganos de la planta, lo que refleja adaptaciones a varios factores ambientales, incluida la temperatura, la radiación ultravioleta o la defensa frente a insectos herbívoros. Las modificaciones genéticas de la cantidad de tricomas proporcionan un mecanismo evolutivo y adaptativo de las plantas frente al actual cambio climático global. Hasta la fecha el estudio de los mecanismos genéticos y moleculares que determinan el desarrollo de los tricomas, así como de su variación natural, se ha llevado a cabo principalmente en la especie modelo Arabidopsis thaliana, perteneciente a la familia de las Brassicaceae. Recientemente, la planta Cardamine hirsuta se ha elegido como nueva especie modelo para estudios de genética y genómica comparativa de caracteres de desarrollo dentro de esta familia. En este contexto, en nuestro laboratorio se han identificado varias regiones del genoma (loci) que contribuyen a la variación natural para el patrón de tricomas de C. hirsuta denominados MALAMBRUNO (MAU) 1 a 5. El Plan de formación propuesto consiste en el aprendizaje de las metodologías genéticas para el mapeo fino de loci que contribuyen a la variación natural de las plantas. Para ello se propone utilizar como modelo los loci MAU que determinan la variación natural de los tricomas de las plantas. El candidato adquirirá formación práctica en las siguientes destrezas: - Cultivo de plantas para estudios experimentales - Desarrollo de marcadores moleculares a partir de secuencias de ADN. - Aislamiento de ADN de plantas - Análisis de marcadores moleculares mediante PCR. - Preparación y análisis de geles de agarosa para separación de marcadores moleculares. - Fenotipado de caracteres de desarrollo -Mapeo genético - Análisis estadístico de los datos experimentales generados	<a href="http://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/genetica-molecular-de-plantas/alonso-blanco">http://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/genetica-molecular-de-plantas/alonso-blanco</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0731	ALONSO GIMENEZ, DAVID	dalonso@ceab.csic.es	CENTRO DE ESTUDIOS AVANZADOS DE BLANES	Modelo eco-evolutivos: Teoría y aplicaciones	El proyecto consiste en formar al estudiante de grado en física o matemáticas en las herramientas de investigación básicas utilizadas en el área de ecología y evolución. Ello implica familiarizar a la estudiante con los modelos y los marcos teóricos utilizados en este área, lo que incluye repasar conceptos de sistemas dinámicos, tanto formalizados en términos de ecuaciones diferenciales, como en términos de procesos estocásticos, ecuaciones maestras o simulaciones por ordenador. El objetivo final de la estancia de introducción a la investigación pretende formar a una estudiante que proviene del área de la física o las matemáticas en los conceptos fundamentales que le permitan en el futuro, utilizando su formación como física, trabajar en áreas típicamente multidisciplinares en la interfase entre la física y la biología. El estudiante utilizará como ejemplos de estudio los sistemas que el grupo está actualmente analizando, en particular, la evolución de la interacción recurso-consumidor, la evolución de las estrategias de dispersión en plantas o el mantenimiento de estrategias alternativas de apareamiento.	<a href="https://www.theelab.net/team/david-alonso/">https://www.theelab.net/team/david-alonso/</a>
JAEINT24_EX_0961	ALONSO LORENZO, JANA	jana.alonso@csic.es	INSTITUTO DE PRODUCTOS NATURALES Y AGROBIOLOGÍA	Uso de bioestimulantes para combatir el estrés hídrico	El candidato JAE-Intro que se incorpore a nuestro grupo de investigación se formará en una gran diversidad de técnicas aplicadas al desarrollo en el ámbito de la agrobiotecnología. El principal objetivo de BIOTRANS es proporcionar una tecnología sostenible que, mediante el uso de moléculas respetuosas con el medio ambiente, permita cultivar en condiciones de déficit hídrico. BIOTRANS pretende desarrollar la investigación traslacional en cultivos de tomate/maíz para el uso de betainas y agonistas específicos de los receptores ABA para la protección de las plantas en situaciones de déficit hídrico. Además, un objetivo común de los dos subproyectos que integran BIOTRANS es la combinación sinérgica de bioestimulantes junto con agonistas de receptores ABA para mejorar la protección de los cultivos contra el estrés abiótico. El candidato JAE-Intro realizará técnicas bioquímicas para la cuantificación y detección de metabolitos implicados en la respuesta a estrés abiótico, y realizará experimentos con plantas de tomate y maíz en condiciones de cámara de cultivo estudiando el efecto de las moléculas agonistas indicadas arriba. Además, estará implicado en el estudio de los mecanismos de acción a nivel fisiológico (análisis de parámetros fotosintéticos), bioquímico (osmólitos compatibles, pigmentos, actividades antioxidantes, perfil fitohormonal) y molecular (transcriptómico por aPCR) por el efecto de moléculas y las condiciones de estrés impuestas. El abanico de técnicas que manejará será muy amplio, ya que se trata de un grupo de investigación multidisciplinar.	<a href="https://www.ipna.csic.es/grupo-de-investigacion/agrobiotecnologia">https://www.ipna.csic.es/grupo-de-investigacion/agrobiotecnologia</a>
JAEINT24_EX_1078	ALONSO MENENDEZ, MARIA CONCEPCION	conalo@ebd.csic.es	ESTACION BIOLOGICA DE DOÑANA	Plant-animal interactions under Global Change	Mediterranean mountains in SE Iberian Peninsula present highly diverse plant communities, rich in species with restricted distribution ranges (i.e., endemic) frequently associated to poor soils with reduced water retention capacity (e.g., dolomites, rocky cliffs). Diverse plant communities offer multiple resources and sustain rich communities of insects that have positive (e.g., pollination, seed dispersal) and negative fitness consequences (e.g., herbivores, seed predators). Natural dynamics of plant-animal interactions in Mediterranean mountain ecosystems are threatened by current climatic trends towards more extreme temperatures and lower and more unpredictable precipitations. Changes in flowering and leafing phenology, reduced flowering investment and plant reproductive success, among others, may alter resource availability for larval antagonists and adult mutualists. Long-term monitoring of plant-animal interactions with estimates of pollination quality, plant reproductive success, and changes in population structure and regeneration in plant species with different life-history should be key to uncover the weakest elements and stages of current natural assemblages under Global Change. For the last four decades, research in plant-animal interactions has been conducted in Cazorla mountains where the EBD has a field station. Ecological studies conducted over years in a certain place provide excellent knowledge of the natural history required to understand how interaction outcomes are contingent upon context, and could enlighten the assessment of ongoing ecological changes that could threaten (or not) some of the most rare plant and insect species. Understanding the potential for evolutionary change requires an estimate of genetic component and, thus, genetic and epigenetic diversities of plant populations have been also screened. The student will contribute to field work in Cazorla mountains, data analyses and greenhouse experiments aiming to gain familiarity with floral and insect diversity in the study region, methodology required to estimate herbivory, pollination quality, and plant reproductive success. The student will learn concepts of experimental design, methods of plant evolutionary ecology (phenotyping and fitness estimates) and will be introduced to molecular (epi)genetics. Among student's tasks we include: individual phenotyping (size, leaf traits, date of flowering), fitness estimates (no. inflorescences, no. flowers/inflorescence).	<a href="http://www.plant-animal.es">www.plant-animal.es</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0927	ALONSO PRADOS, JOSE LUIS	prados@inia.csic.es	INSTITUTO NACIONAL DE INVESTIGACION Y TECNOLOGIA AGRARIA Y ALIMENTARIA	IMPACTO DEL EMPLEO DE LA ENMIENDA ORGÁNICA BIOCHAR EN EL COMPORTAMIENTO AGROAMBIENTAL DE UN HERBICIDA EMPLEADO EN EL CULTIVO DE MAIZ	Una de las líneas de investigación de la Unidad de Productos Fitosanitarios es el estudio de las enmiendas orgánicas de suelo, como medidas de mitigación de riesgo del uso de productos fitosanitarios que permitan reducir la contaminación de suelos y aguas asociados al cultivo. El uso de enmiendas orgánicas, está teniendo resultados muy positivos y prometedores. Sin embargo, existe escasa información sobre la influencia de las enmiendas orgánicas sobre la eficacia y comportamiento de los herbicidas aplicados en el cultivo. El mantenimiento de productos herbicidas en el mercado dependerá de la posibilidad de aplicación de medidas de mitigación de riesgo que garanticen un uso sostenible y seguro. Con este contexto, el objetivo del estudiante de grado y master durante su tiempo de formación e introducción a la investigación será llevar a cabo experimentos de laboratorio y en cámara sobre el comportamiento de un herbicida seleccionado, por su riesgo de contaminación, en suelo enmendado con la enmienda orgánica biochar y sin enmienda. Para ello, el estudiante estudiará los procesos de transporte, incluyendo adsorción y lixiviación, y degradación tanto biológica como química del herbicida. Además, se investigará los metabolitos que se generan en las degradaciones con el fin de identificarlos y evaluar el posible impacto medioambiental y eco-toxicológico utilizando fundamentalmente modelos teóricos de predicción como son los QSAR. El estudiante aprenderá y desarrollará métodos de preparación de muestra con técnicas modernas como son los métodos de extracción sólido-líquido QuEChERS y también optimizará métodos de análisis mediante cromatografía de líquidos acoplada a espectrómetros de alta sensibilidad y selectividad como espectrometría de masas de alta resolución para la detección y cuantificación de la sustancia activa y sus metabolitos. El laboratorio de la Unidad de Productos Fitosanitarios cuenta con varios cromatógrafos y un equipamiento moderno que va a estar a disposición del estudiante para alcanzar una formación avanzada e iniciarse en el campo de la investigación. Además, el grupo está formado por un equipo multidisciplinar de químicos y agrónomos por lo que el estudiante adquirirá conocimientos en áreas como la química agrícola, medioambiental y analítica.	www.inia.es
JAEINT24_EX_0283	ALTEA MANZANO, PATRICIA	patricia.altea@cabimer.es	CENTRO ANDALUZ DE BIOLOGIA MOLECULAR Y MEDICINA REGENERATIVA	Caracterización del papel de la palmitoilación en cáncer de mama metastásico	La metástasis, principal causa de muerte en pacientes con cáncer, se ha convertido en un área crucial de investigación. Entender los mecanismos por los cuales las células tumorales se adaptan y colonizan diferentes órganos es fundamental para abordar con éxito esta enfermedad. Nuestro grupo se centra en entender la adaptación del metabolismo celular de las células metastásicas de mama cuando colonizan el pulmón e hígado. En concreto hemos descubierto que el ácido graso palmitato, que se encuentra en altas cantidades en pulmón e hígado, tiene un efecto pro-metastásico único en comparación con otros ácidos grasos con roles metabólicos similares. Este papel único en la metástasis está vinculado a la capacidad del palmitato de unirse a proteínas oncogénicas en una modificación postraduccional llamada palmitoilación. Hemos descubierto que una las enzimas involucradas en la palmitoilación es crucial para el crecimiento de la metástasis en los órganos donde el palmitato es abundante. En este proyecto, se propone estudiar el papel de esta enzima en la metástasis mamaria, centrándose en qué proteínas son targets de esta enzima y son reguladas por palmitoilación, y su papel en la señalización celular. Para ello, seleccionaremos el mejor target candidato de un análisis de proteómica ya realizado en el laboratorio donde se han identificado los principales targets de la palmitoilación, y llevaremos a cabo los siguientes objetivos: 1) Silenciar la expresión del gen target candidato en líneas celulares de cáncer de mama utilizando CRISPR-Cas9 y estudiar el efecto en cultivos 3D; (2) sobreexpresar el candidato en líneas celulares de cáncer de mama utilizando CRISPR-Cas9 y estudiar el efecto en cultivos 3D; (3) estudiar los cambios en la localización y función de la proteína target candidata en presencia o ausencia de palmitato utilizando inmunofluorescencia y microscopía confocal. Con ello, pretendemos definir el papel del target candidato mediado por la palmitoilación en las células de mama metastásicas.	<a href="https://www.cabimer.es/en/research-groups/metabolic-regulation-and-signaling-in-cancer/">https://www.cabimer.es/en/research-groups/metabolic-regulation-and-signaling-in-cancer/</a>
JAEINT24_EX_1190	ALVAREZ AYUSO, ESTHER	esther.alvarez@irnsa.csic.es	INSTITUTO DE RECURSOS NATURALES Y AGROBIOLOGIA DE SALAMANCA	Materiales compuestos a base de arcillas modificadas y óxidos metálicos como sistemas para depurar y valorizar aguas contaminadas con antimonio	El antimonio (Sb) es un elemento con propiedades únicas que es empleado en una gran variedad de productos y procesos, lo que está aumentando su distribución en el medio ambiente. Su potencial toxicidad amenaza seriamente la salud humana y de los ecosistemas, siendo considerado un contaminante prioritario por la Unión Europea (UE). Por ello, la eliminación del Sb de las aguas es de incuestionable importancia para frenar la contaminación ambiental y los efectos adversos que conlleva. Por otra parte, el Sb se clasifica como una materia prima crítica en la UE. De ahí que sea necesario desarrollar procesos para recuperar el Sb de fuentes secundarias. En este sentido, las aguas contaminadas con Sb procedentes de procesos industriales pueden representar una importante alternativa para este fin. El objetivo de este estudio es el desarrollo de materiales compuestos a base de arcillas modificadas y óxidos metálicos para su uso como adsorbentes para purificar y valorizar aguas contaminadas con Sb. El candidato se incorporará al grupo de Contaminación Ambiental de Suelos y Aguas del IRNSA, realizando su actividad en la línea de investigación indicada. El proyecto formativo ofrecerá al estudiante formación en los siguientes procesos y técnicas: a) preparación de materiales compuestos constituidos por arcillas modificadas mediante tratamientos ácidos y por óxidos de hierro, manganeso o titanio (solos o en combinaciones binarias), b) técnicas de caracterización de materiales para la determinación de propiedades químicas, mineralógicas, texturales, morfológicas y espectroscópicas (digestión ácida, difracción de rayos X, adsorción-desorción de N <sub>2</sub> , microscopía electrónica de barrido y espectroscopía infrarroja/espectroscopía micro-Raman), c) caracterización del comportamiento adsorbente de los materiales compuestos preparados con respecto al Sb (cinética de adsorción, isotermas de adsorción, influencia de factores del medio en el proceso de adsorción y procesos de desorción), d) aplicación de los materiales compuestos preparados a la depuración de aguas contaminadas con Sb (sistemas agitados y sistemas en flujo continuo) y e) regeneración de los adsorbentes y recuperación de Sb (procesos de lixiviación/extracción y procesos de precipitación). Asimismo, el estudiante será formado en la elaboración de documentos científicos tales como comunicaciones a congresos y artículos de divulgación científica.	<a href="https://www.irnsa.csic.es/grupo-de-contaminacion-de-suelos-y-aguas/">https://www.irnsa.csic.es/grupo-de-contaminacion-de-suelos-y-aguas/</a>



REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1180	ALVAREZ GONZALEZ, MIGUEL ANGEL	maag@ipla.csic.es	INSTITUTO DE PRODUCTOS LACTEOS DE ASTURIAS	Bacterias del ácido lácteo con potencial psicobiótico	Las bacterias del ácido láctico (BAL) desempeñan un papel esencial como iniciadores de la fermentación de numerosos alimentos, actuando como conservantes naturales y siendo responsables de sus propiedades organolépticas, así como de mejorar su valor nutricional. Entre los alimentos fermentados por BAL, el queso tiene una especial relevancia económica, social y cultural. Un papel muy importante de las BAL en el queso es la proteólisis de la caseína, ya que además de ser determinante en la textura del producto final, se liberan aminoácidos cuyo catabolismo (realizado también por BAL) está implicado en el desarrollo de aromas y sabores. La descarboxilación de los aminoácidos es especialmente relevante, dando lugar a distintos compuestos con efectos positivos y negativos sobre la salud del consumidor. Así, la descarboxilación del glutamato da lugar a gamma-aminobutirato (GABA), el cual ha sido clasificado como un compuesto neuro activo que ejerce un efecto positivo para el tratamiento del estrés. Además, también se le atribuyen efectos positivos sobre la hipertensión y en la prevención de la diabetes. Existen otras descarboxilaciones, como la de la fenilalanina, la del triptófano y la de la arginina que también dan lugar a compuestos neuro activos (CNA): feniletilamina, triptamina y agmatina respectivamente. Distintos autores han propuesto el uso de psicobióticos (probióticos productores de CNA) como agentes terapéuticos para el tratamiento de trastornos neurogastroentéricos y psiquiátricos. En nuestro laboratorio hemos encontrado concentraciones variables de GABA, feniletilamina, triptamina y agmatina en distintos tipos de queso. El Objetivo de este trabajo consiste en aislar de estos quesos las BAL productoras de CNA. Posteriormente, se caracterizarán, se estudiarán las reacciones de descarboxilación correspondientes, se identificarán y caracterizarán los genes implicados, y se analizará su regulación con el fin de disponer del conocimiento básico necesario para que las BAL aisladas puedan ser utilizadas como factorías celulares productoras de CNA naturales de forma altamente eficiente, como cultivos iniciadores o adjuntos para la producción de alimentos lácteos enriquecidos en CNA e incluso como psicobióticos.	<a href="https://www.ipla.csic.es/microbiologia-molecular/">https://www.ipla.csic.es/microbiologia-molecular/</a>
JAEINT24_EX_0854	ALVAREZ RODRIGUEZ, MANUEL	manuel.alvarez@inia.csic.es	INSTO. NAC. DE INVESTIG Y TECNOLOGIA AGRARIA Y ALIMENTARIA	Mecanismos de señalización celular involucrados en la capacitación in vitro de espermatozoides	El espermatozoide sufre una serie de cambios cruciales desde la maduración espermática hasta la adquisición de la capacidad fecundante en el tracto genital de la hembra, tras haber colonizado el reservorio espermático del mismo. Pese a ser un fenómeno ampliamente estudiado, aún existen grandes incógnitas en cuanto a la capacidad que tenemos de mimetizar los cambios in vitro frente a lo que ocurre in vivo. Nuestro laboratorio centra principalmente su actividad investigadora en analizar los mecanismos implicados en el proceso, con un doble propósito: 1. Aumento del conocimiento en biología básica y 2. Incremento de la eficiencia reproductiva en granja en especies domésticas, principalmente en el modelo porcino. El/la candidato/a seleccionado/a desarrollará y/o complementará el aprendizaje de diversas técnicas de manipulación in vitro de gametos masculinos: análisis de parámetros básicos de calidad espermática, como movilidad espermática (sistema CASA (Computer-assisted sperm analysis) y técnicas de marcaje fluorescente (integridad de membrana, potencial de membrana mitocondrial, reacción acrosómica, estado oxidativo, etc.). Además, se utilizará el análisis de proteínas (Técnica Western Blotting) así como de ARN (Técnica PCR en tiempo real), con el fin de poder estudiar potenciales marcadores no sólo de los procesos llevados a cabo in vitro, sino también en relación a parámetros de fertilidad obtenidos en colaboración con empresas líderes del sector porcino en España. El grupo de investigación aporta colaboraciones tanto nacionales (Universidad de León, Universidad de Extremadura, Universidad de Murcia, Universidad Autónoma de Barcelona), como internacionales (Swedish University of Agricultural Sciences – Uppsala, University of Linköping, ambas en Suecia). Estas colaboraciones, junto con interacciones con investigadores, técnicos y estudiantes del Departamento de Reproducción Animal constituyen un entorno de formación excelente para el/la candidato/a interesado/a.	<a href="https://malvarezrodriguez.wixsite.com/manualviro">https://malvarezrodriguez.wixsite.com/manualviro</a>
JAEINT24_EX_0455	ALVAREZ RODRIGUEZ, MARTA	marta.alvarez@ieo.csic.es	CENTRO OCEANOGRAFICO DE A CORUÑA	Calibración de medidas de carbono inorgánico total en agua de mar, grupo de trabajo de buenas practicas de IAPSO	La investigación sobre el ciclo global del carbono se basa en mediciones sostenidas y coherentes del sistema de carbonato del agua de mar para cuantificar la absorción, el almacenamiento y el transporte global del dióxido de carbono (CO <sub>2</sub> ) atmosférico en los océanos y comprender su variabilidad espaciotemporal. Esto requiere mediciones de alta calidad del sistema de carbonato de agua de mar que se basan en procedimientos operativos estándar (SOP) y buenas prácticas (BP) y la disponibilidad de técnicas de calibración y materiales de referencia (RM) para documentar metrologicamente las mediciones, proporcionando resultados e incertidumbres. Una de las variables medibles y medidas con más frecuencia del sistema del CO <sub>2</sub> es la concentración total de compuestos inorgánicos disueltos, carbono inorgánico total, (DIC, la suma de las concentraciones de todas las especies de carbono inorgánico). El contenido de DIC del agua de mar se puede determinar mediante diversas técnicas, muchas de las cuales implican la acidificación de la muestra para convertir carbono inorgánico en CO <sub>2</sub> , que luego se difunde en una corriente receptora donde se determina mediante espectrofotometría (p. ej., Stoll et al., 2001), conductimetría. (p. ej., Aoki et al., 1993), infrarrojo no dispersivo (NDIR) (p. ej., Kimoko et al., 2002). Los métodos más utilizados son la coulometría (Jonhson et al., 1993; Dickson et al., 2007) y la potenciometría (p. ej., Linares et al., 1989; DOE, 1994). La mayoría de los laboratorios fuera de US utilizan los llamados materiales de referencia (RM del lab SIO de Dickson) para calibrar sus sistemas en un solo punto. Esta práctica puede aumentar enormemente la incertidumbre de la medición, especialmente en entornos con valores de DIC distantes de los valores típicos de CO <sub>2</sub> RM superficial del agua del Pacífico. Se ha establecido un Grupo de Estudio de Buenas Prácticas de IAPSO para mejorar la precisión de las mediciones de DIC facilitando y promoviendo la implementación de procedimientos de calibración coherentes y comparables que aseguren la exactitud de las medidas de DIC de acuerdo a estándares metroológicos. <a href="https://iaps-ocean.org/images/stories/_working_groups/Best_practice_study_groups/2023_DIC_calibration_IAPSO_BP_proposal.pdf">https://iaps-ocean.org/images/stories/_working_groups/Best_practice_study_groups/2023_DIC_calibration_IAPSO_BP_proposal.pdf</a> La persona candidata colaborará en este grupo de trabajo ayudando en tareas de laboratorio de INOCEN y en la recopilación de información de las encuestas para definir un protocolo consensuado de calibración de DIC.	<a href="https://www.csic.es/es/investigacion/grupos-de-investigacion/laboratorio-de-oceanografia-quimica-inorganica-inocen">https://www.csic.es/es/investigacion/grupos-de-investigacion/laboratorio-de-oceanografia-quimica-inorganica-inocen</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1616	ALVAREZ RODRIGUEZ, PATRICIA	par@incar.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIA Y TECNOLOGIA DEL CARBONO	Nanomateriales de carbono laminares de altas prestaciones obtenidos a partir de bioresiduos	El aumento paulatino de la población mundial, así como un mayor desarrollo económico global, están conduciendo a un aumento exponencial de residuos de distinta naturaleza. Por ello, es necesario una utilización sostenible de los mismos como vía para combatir el problema medioambiental que generan. Uno de los principales usos de algunos residuos biomásicos es su transformación en biogás y biofuel, dejando como sobrante de este proceso un sólido con alto contenido en carbono (biocarbón). El objetivo de este trabajo se centra en desarrollar una metodología para la preparación, a partir de éstos sólidos resultantes, de materiales laminares tipo grafeno, con unas propiedades muy superiores a otros materiales de carbono más convencionales como carbones activados que presentes propiedades adecuadas en aplicaciones tan punteras como la preparación de sensores. Este nuevo planteamiento abre además la posibilidad de preparación de este tipo de nanomateriales de altas prestaciones a partir de precursores sostenibles. La investigación se realizará en el grupo de investigación de la Dr. Patricia Álvarez, con mucha experiencia en la adecuación de materiales gráficos para aplicaciones de energía y medioambiente. Su calidad científica está avalada por el número y calidad de sus publicaciones además del liderazgo y participación en proyectos y contratos privados de investigación nacionales e internacionales de temática afín, así como en la formación de estudiantes (último curso, master, doctorado) siendo una tesis el objetivo final de este trabajo. Muchos de sus doctorandos han conseguido su acceso a puestos de trabajo en la industria privada o en instituciones de investigación de prestigio internacional. Siguiendo en esta línea de futuro, se diseña un plan de formación que comprende tanto la adquisición de conceptos de investigación básico como el uso de todo el equipamiento especializado requerido para llevarlo a cabo, fomentando la futura autonomía del estudiante. La interacción con instituciones extranjeras con las que habitualmente se colabora, sigue siendo una prioridad para este trabajo. Además, en esta formación integral también se contempla la asistencia y participación activa en charlas y congresos relacionados con el tema, así como a aquellos cursos de formación que fuesen de interés para el estudiante. Para la realización futura de tesis doctoral se podrá contar con recursos financieros propios en convocatorias de concurrencia competitiva	<a href="https://www.incar.csic.es/composites/">https://www.incar.csic.es/composites/</a>
JAEINT24_EX_0169	ÁLVAREZ TALLADA, VICTOR	valvta@upo.es	CENTRO ANDALUZ DE BIOLOGIA DEL DESARROLLO	Nuevos mecanismos genéticos implicados en la reconstitución de la membrana nuclear	El objetivo último de casi cualquier célula viva es duplicar y dividir equitativamente su material genético entre las células hijas. Las células eucariotas han desarrollado una compleja maquinaria, fielmente conservada evolutivamente, para generar un haz de microtúbulos capaz de atrapar las cromátidas hermanas en mitosis y los cromosomas homólogos en meiosis y separarlos físicamente a polos opuestos. En células animales, un pre-requisito fundamental para que este proceso tenga éxito es la desintegración controlada de la membrana nuclear al principio de la división (evento conocido como NEBD, del inglés Nuclear Envelope BreakDown) así como su reconstitución al final, para compartimentalizar de nuevo la cromatina de las células hijas. Defectos en los procesos de desensamblaje/ensamblaje de la membrana nuclear son causa de esterilidad e importantes enfermedades genéticas hereditarias en humanos como distrofia muscular o cardiovasculopatías. Aunque en los últimos años se ha avanzado significativamente en la comprensión de procesos, factores y señales bioquímicas que regulan estos eventos quedan cuestiones mecanísticas críticas por comprender. Este proyecto persigue la caracterización de nuevos factores de membrana y rutas genéticas implicadas usando la levadura de fisión ( <i>S. pombe</i> ) ya que este modelo biológico provee mucha más potencia experimental y versatilidad genética que los modelos animales para entender procesos conservados y extrapolarlos de manera dirigida a modelos pluricelulares. En nuestro laboratorio disponemos de mutantes de levadura que en condiciones restrictivas generan un gran agujero en la membrana nuclear (mimetizando la descomposición de la membrana nuclear en células animales) pero sorprendentemente éste se resella al cabo de un tiempo (mimetizando la recomposición de la membrana nuclear en células animales). Por nuestra experimentación incipiente hemos implicado en este proceso una ruta genética no predicha hasta la fecha. El desarrollo de esta línea de investigación implica la formación experimental en análisis genético para la obtención de mutantes múltiples y análisis de interacciones genéticas, técnicas de bioquímica, proteómica, biología celular, microscopía de alta velocidad en células vivas y de super-resolución. (para más detalles escribir a valvta@upo.es)	<a href="https://www.cabd.es/es/research_groups/nucleacion-del-huso-mitotico-y-su-coordinacion-con-el-ciclo-celular/resumen-244.html">https://www.cabd.es/es/research_groups/nucleacion-del-huso-mitotico-y-su-coordinacion-con-el-ciclo-celular/resumen-244.html</a>
JAEINT24_EX_0173	ALVARO FUENTES, JORGE	jorgeaf@ead.csic.es	ESTACION EXPERIMENTAL AULA DEI	Papel de los suelos agrícolas en la mitigación del cambio climático	Los suelos agrícolas juegan un papel importante en el efecto invernadero, no sólo como posibles sumideros o fuentes de dióxido de carbono (CO <sub>2</sub> ) atmosférico sino también como fuente de los otros dos principales gases de efecto invernadero (GEI): el óxido nitroso (N <sub>2</sub> O) y el metano (CH <sub>4</sub> ). Por tanto, posibles cambios en el manejo de los suelos agrícolas tendrá un impacto importante en la emisión o secuestro de estos GEI que ha de ser cuantificado con el fin de establecer prácticas de manejo agrícola que nos permita minimizar la emisión de estos gases por los suelos. Por tanto, el objetivo principal de esta solicitud de JAE Intro es estudiar y cuantificar el efecto de diferentes prácticas de manejo agrícola (por ej. laboreo, sistema de cultivo, fertilización nitrogenada) en la emisión de GEI de suelos de agroecosistemas del valle del Ebro. El aprendizaje incluirá diferentes técnicas de cuantificación de gases del suelo tanto en condiciones de campo como de laboratorio. El estudiante también apoyará en el análisis y evaluación de otras propiedades relacionadas con la evaluación del estado de la salud del suelo, tales como el carbono lábil, la biomasa microbiana o diferentes actividades enzimáticas. Por último, el estudiante ayudará en el procesado de los datos que se vayan obteniendo con el fin de familiarizarse con técnicas específicas de manejo de estos datos.	<a href="https://www.eead.csic.es/web/guest/research/smgc/index">https://www.eead.csic.es/web/guest/research/smgc/index</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0003	ANDUJAR FERNANDEZ, CARMELO	candujar@ipna.csic.es	INSTITUTO DE PRODUCTOS NATURALES Y AGROBIOLOGIA	Ecología evolutiva de la biodiversidad de los suelos forestales	La persona contratada se integrará en el equipo de investigación de Evolución y Ecología de Suelos (SoilEvoEco), liderado por los IPs Carmelo Andujar (Ramón y Cajal) y Paula Arribas (Ramón y Cajal). El equipo cuenta con un ambiente joven y dinámico, actualmente con dos estudiantes realizando el doctorado y un técnico de campo y laboratorio, así como con el apoyo a tiempo parcial del personal técnico del departamento. En cuanto al contexto general de trabajo del equipo, el o la estudiante en formación formará parte del grupo de Ecología y Evolución en Islas del IPNA-CSIC, que ofrece un entorno de investigación diverso que ayudará al estudiante a obtener una comprensión amplia de la ecología y evolución a nivel de sistemas en un contexto amplio y le permitirá introducirse en el mundo de la investigación en biodiversidad con una perspectiva amplia e integradora. El estudiante colaborará en las distintas tareas y actividades enfocadas a la investigación que se desarrollan dentro del SoilEvoEco, incluyendo su formación y realización de actividades destinadas a la generación de datos de metabarcoding y su posterior análisis filogenético y estadístico para el estudio de diversas preguntas sobre los patrones y procesos que modulan la biodiversidad de mesofauna de los suelos. Aunque no de forma exclusiva, su formación estará vinculada al desarrollo del proyecto EdAfoBio, actualmente financiado por el Plan Nacional de ciencia con una duración de 4 años (del 01/09/2023 al 31/08/2027) Las tareas específicas en las que se recibirá formación son: -Trabajo de campo. Colecta de muestras de mesofauna de suelo. Procesamiento de muestras de suelo con aparatos de Berlese. -Procesamiento y separación de muestras de artrópodos en laboratorio. Identificación de artrópodos edáficos. Separación y fotografía macro de ejemplares de artrópodos. -Preparación de tejidos para para la extracción de ADN. -Extracción de ADN y amplificación por PCR del gen COI. -Preparación de librerías de ADN de metabarcoding para su secuenciación en la plataforma Illumina MSeq. Limpieza de productos de ADN y preparación de librerías TruSeq nano para metagenómica. -Formación para el manejo y gestión de base de datos de biodiversidad	<a href="https://www.ipna.csic.es/grupo-de-investigacion/ecologia-y-evolucion-en-islas">https://www.ipna.csic.es/grupo-de-investigacion/ecologia-y-evolucion-en-islas</a>
JAEINT24_EX_1674	ANGULO AGUADO, ELENA	angulo@ebd.csic.es	ESTACION BIOLOGICA DE DOÑANA	Impacto de la hormiga argentina en el ecosistema	Las invasiones biológicas son uno de los factores de cambio global más importantes que afectan a los ecosistemas naturales, después del cambio climático y de los usos del suelo. Identificar patrones generales del impacto de estas especies es crucial para priorizar su gestión. En nuestro grupo de investigación ( <a href="https://www.ant-ecology.eu">https://www.ant-ecology.eu</a> ) trabajamos con la hormiga argentina, Linepithema humile, una especie invasora con una distribución mundial, que ha servido de modelo de estudio de hormigas invasoras para examinar diferentes problemas ecológicos. Actualmente tenemos un proyecto que actúa en dos líneas principales: por un lado, en la alteración de los procesos y organismos bajo el suelo debido a la actividad en los nidos y a las características de la especie en cuanto a su nidificación y distribución espacial de las colonias. Por otro lado, en cuanto a los impactos en la fauna sobre el suelo, desde el microbioma del suelo (hongos, bacterias) hasta los invertebrados (hormigas, lombrices) y vertebrados (aves, anfibios). Ambas líneas se llevan a cabo actualmente dentro del proyecto FaS@InAnt, financiado por la Junta de Andalucía y titulado "Efectos ecosistémicos de la invasión de la hormiga Argentina: fauna y suelo". Usamos el método comparativo (zonas invadidas vs no invadidas) para ver diferencias en la densidad y estructura de los nidos de hormigas, las diferencias en el microbioma del suelo y de los nidos de hormigas, en los procesos de descomposición de la materia orgánica, y en las comunidades de mesofauna del suelo. Por otro lado, intentamos analizar los mecanismos que explican los impactos directos e indirectos sobre anfibios y aves, ya observados en estudios anteriores, e los inferir cómo podrían trasladarse estos impactos en efectos demográficos a través de modelos de simulación. Todo este trabajo de campo se lleva a cabo mayoritariamente en la Reserva Biológica de Doñana. El estudiante podrá realizar el plan de formación en una o varias de las líneas descritas, a acordar en el momento en que se realice el contacto para presentar la solicitud de acuerdo de incorporación, y en función del desarrollo del proyecto.	<a href="http://www.ebd.csic.es/biologia-de-la-conservacion-y-cambio-global">http://www.ebd.csic.es/biologia-de-la-conservacion-y-cambio-global</a>
JAEINT24_EX_0202	ARAGON CARRERA, PEDRO	paragon@mncn.csic.es	MUSEO NACIONAL DE CIENCIAS NATURALES	Análisis espacio-temporales de factores de cambio global como indicadores de impactos en puntos calientes de biodiversidad	Se busca persona motivada para realizar su TFM o iniciación a tesis doctoral en el Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN-CSIC). Proyecto: Un objetivo principal de la Agenda 2030 es detener la pérdida de biodiversidad debido a los factores del cambio global (cambio climático, del hábitat, etc.). Aunque el aspecto taxonómico es el más estudiado (riqueza de especies), hay un creciente interés por otros aspectos como la diversidad filogenética y funcional. La diversidad taxonómica por sí sola no puede estimar con precisión las amenazas globales ya que no abarca la complejidad ecológica. Los anfibios y reptiles son muy vulnerables a los impactos del cambio global. Proponemos la detección de hotspots multifacéticos (diversidad taxonómica, filogenética y funcional) de la herpetofauna a diferentes escalas (Europa y Península Ibérica) que están amenazados por el cambio global. Identificaremos qué especies amenazadas dentro de estos hotspots son cruciales para el funcionamiento del ecosistema. Hipótesis y predicciones: 1) los diferentes tipos de hotspots reflejan información diferente y, por tanto, no coinciden completamente en el espacio geográfico, por lo que no todos los tipos de hotspots están cubiertos por la Red Natura 2000; 2) no todos los hotspots protegidos por Natura 2000 están en ecosistemas estables y viceversa; 3) la exclusividad de los valores de las especies dentro del espacio funcional (indicador del funcionamiento ecosistémico) no depende del grado de amenaza de las especies y, por tanto, no todas las especies amenazadas son necesariamente las más importantes para el funcionamiento ecosistémico. Plan de formación: 1) Entrenamiento y supervisión por los Drs. Pedro Aragón (IP) y Rocío Tarjuelo (Postdoc) en todas las fases del proyecto (compilación y procesamiento de datos GIS, análisis en lenguaje R, interpretación y comunicación de resultados). 2) Asistencia a un curso de 4 días sobre biodiversidad funcional ( <a href="https://www.transmittingscience.com/courses/ecology/functional-trait-diversity-calculating-and-interpreting-a-key-component-of-biodiversity/">https://www.transmittingscience.com/courses/ecology/functional-trait-diversity-calculating-and-interpreting-a-key-component-of-biodiversity/</a> ) a cargo del proyecto SPOTIMPACT (PID2022-139942OB-I00). 3) Acceso y asesoramiento en los laboratorios de Biogeografía Informática, y de Gestión y Análisis de Datos Biológicos Masivos, entre otros ( <a href="https://www.mncn.csic.es/investigacion/C3%B3n/servicios-cientifico-tecnico">https://www.mncn.csic.es/investigacion/C3%B3n/servicios-cientifico-tecnico</a> ). 4) Asistencia a los seminarios de investigación semanales en el MNCN ( <a href="https://www.mncn.csic.es/investigacion/seminarios">https://www.mncn.csic.es/investigacion/seminarios</a> ).	<a href="https://www.mncn.csic.es/es/investigacion/biogeografia-y-cambio-global">https://www.mncn.csic.es/es/investigacion/biogeografia-y-cambio-global</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1329	ARANDA FERNANDEZ, AGUSTIN	agustin.aranda@csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA INTEGRATIVA DE SISTEMAS	Edición genética de levaduras vínicas como herramientas para combatir el calentamiento global	El calentamiento global presenta un impacto evidente en el sector del vino. El aumento de temperatura implica un mayor nivel de azúcares en la uva, con el consiguiente incremento de grado alcohólico durante la fermentación. El estudio de las rutas de señalización por nutrientes en la levadura <i>Saccharomyces cerevisiae</i> ha permitido identificar reguladores transcripcionales de la ruta conocida como Respuesta retrógrada cuya delección permite reducir el grado alcohólico redirigiendo el flujo metabólico hacia la producción de glicerol. Basado en este fenotipo se diseñó un experimento de adaptación evolutiva para aislar mutantes no transgénicos con el resultado esperado. Dicho procedimiento ha sido objeto de una patente. Las mutaciones puntuales de tres de estos mutantes se acumulan en el represor transcripcional RTG2. El objeto de este proyecto será caracterizar molecularmente estas mutaciones, estudiando su impacto en el funcionamiento de la ruta, identificando el estado de fosforilación de dicha proteína y su unión con otros reguladores. Seguidamente se aplicará la tecnología de edición genética CRISPR-Cas9 y las herramientas de la biología sintética para diseñar la introducción de combinaciones de las mutaciones aisladas en cepas comerciales de levaduras vínicas seleccionadas, con el fin de optimizar la reducción de etanol en cualquier fondo genético de interés, siguiendo la evolución de microfermentaciones con mosto natural.	uv.es/yeastbiotec
JAEINT24_EX_1320	ARANDA GARCIA, ISMAEL	aranda@inia.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS FORESTALES	Respuesta ecofisiológica de especies forestales ante motores de cambio climático	(3) Este Plan de formación estaría relacionado con las líneas de investigación que lleve adelante el personal investigador responsable, no podrá suplir las tareas de los proyectos o contratos vigentes, ya que son ayudas de formación. La aplicación sólo registra los primeros 2500 caracteres. Verifique que se graba el texto completo. El cambio climático está provocando importantes modificaciones en la estructura y funcionamiento de los sistemas forestales. Se ofrece un plan formativo en el que el candidato o candidata adquirirán una formación de base en aspectos relacionados con la ecología forestal de especies forestales. El marco de trabajo supondrá la incorporación del candidato a un experimento en marcha en el cual se pretende analizar algunos aspectos básicos relacionados con la tolerancia a la sequía y altas temperaturas en plántulas de varias especies forestales. A través del estudio de aspectos básicos relacionados con la gestión del agua y el carbono por parte de la planta, se analizarán aspectos relativos a la estrategia hídrica de las diferentes especies ante situaciones de estrés hídrico que puedan llegar a comprometer la supervivencia de la plántula. Dichas estrategias implican conocer mejor los patrones de respuesta en el continuum de respuesta isohídrico-anisohídrico, y que implica un alto grado de coordinación entre la regulación de las pérdidas de agua, el mantenimiento de la turgencia foliar y funcionalidad del sistema hidráulico y el balance de carbono de la planta. La persona que se incorpore adquirirá diferentes competencias en su formación relacionadas con el aprendizaje de técnicas de análisis del intercambio gaseoso en hojas mediante equipos IRGA, aspectos relacionados con la evaluación de diferentes rasgos funcionales descriptores del estado hídrico de la planta (e.g. medida del potencial hídrico y osmótico), y estudio de rasgos morfológicos de las hojas con técnicas de microscopía óptica (e.g. densidades estomáticas o desarrollo de parénquimas). El aprendizaje de estas técnicas se verá acompañado del de otras relativas al estudio de la funcionalidad hidráulica; aspecto muy importante en especies con crecimiento secundario. Acompañando al aprendizaje de dichas técnicas, la persona también recibirá una formación básica en técnicas estadísticas asociadas al análisis estadístico de los diferentes rasgos funcionales abordados, según la especie y el factor ambiental objeto de estudio, y su contextualización en las estrategias ecológ	<a href="https://www.inia.es/investigacion/forestal/Ecolog%C3%ADa%20y%20Gen%C3%A9tica/Pages/Home.aspx">https://www.inia.es/investigacion/forestal/Ecolog%C3%ADa%20y%20Gen%C3%A9tica/Pages/Home.aspx</a>
JAEINT24_EX_0516	AREA GOMEZ, ESTELA	estela.area@cib.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS MARGARITA SALAS	a functional association between MAM regulation and microglia activation	The student will be supervised by a MSCA-funded postdoctoral researcher with +6 years of postdoctoral experience and will carry out activities related to the MSCA project in our lab. Alzheimer's disease (AD) is a common age-related neurodegenerative condition characterized by progressive cognitive decline. Over 8 million people in Europe are living with AD and, currently, there is no available treatment; however, many genetic loci robustly associated with AD code for proteins preferentially expressed in microglia, supporting a causal role of microglia in disease initiation and progression. Microglia are extremely dynamic brain-resident immune cells that act as housekeepers of brain homeostasis and rapidly modulate their morphology and metabolism to defend against pathological insults. Upon activation, as a means to coordinate the immune response, the lipid organization of microglial cellular membranes is rearranged into lipid rafts, short-lived membrane subregions formed by local and transient increases in cholesterol, sphingomyelin and saturated phospholipids. To sustain this dynamic lipid remodeling, the cell coordinates a network of lipid pathways at unique subcellular regions localized in the endoplasmic reticulum, called MAMs (Mitochondria-associated ER membranes), the membrane contact site between ER and mitochondria. We envision MAM as a critical subcellular platform where immune and metabolic pathways interact to coordinate microglial activation, and MAM dysregulation contributes to the dysfunctional phenotypes characteristic of AD. The main objective is to determine the mechanism(s) by which MAM regulates microglia activation. To reveal a functional association between MAM regulation and microglia activation, firstly the student will induce the formation of MAM by incubating microglia-like cell lines (BV2 and HMC3) with exogenously added recombinant sphingomyelinase, which has been shown to induce the mobilization of cholesterol from plasma membrane towards the ER, triggering MAM upregulation. Upon activation of MAM, microglia will be exposed to different immune challenges and cell morphology, the expression of inflammatory markers, and lipid composition will be assessed by immunocytochemistry, qRT-PCR and lipidomics, respectively. Secondly, the student will extend these results to primary microglia derived from WT and an AD mouse model (APOE4/	<a href="https://www.areagomezlab.com/">https://www.areagomezlab.com/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1016	ARELLANO MARTINEZ, JUAN BAUTISTA	juan.arellano@csic.es	INSTITUTO DE RECURSOS NATURALES Y AGROBIOLOGIA DE SALAMANCA	Fotosíntesis y respuesta antioxidante de cultivos cerealistas frente al estrés hídrico en un escenario de cambio climático	El plan de formación del solicitante JAEIntro se enmarcará dentro del proyecto "Variabilidad del trigo en respuesta al déficit hídrico bajo CO <sub>2</sub> y temperatura elevados: impacto en el metabolismo primario, secundario y antioxidante y la calidad del grano (Ref. PID2019-107154RB-I00)" en el cual Juan B. Arellano participa como Co-IP. Dos son las tareas principales que realizará, las cuales se describen a continuación: La primera será conocer el efecto del estrés hídrico moderado de larga duración y de la sequía terminal en diferentes especies de trigo cultivadas en condiciones de CO <sub>2</sub> elevado y temperatura alta. Con esta finalidad, el solicitante participará en el análisis de las medidas de fotosíntesis foliar obtenidas con el CIRAS-3 (Sistema Portátil Diferencial de Medición de la Fotosíntesis), y el PAM (fluorímetro de Pulso de Amplitud Modulada). Se espera que el solicitante adquiera habilidades y competencias en la obtención de parámetros bioquímicos de fotosíntesis de las curvas de asimilación de CO <sub>2</sub> y de fluorescencia del fotosistema II, y en la interpretación de las respuestas fisiológicas que se activan en la planta para hacer un uso eficiente del agua. La segunda será medir y analizar actividades enzimáticas antioxidantes con un papel esencial en los procesos de detoxificación de especies reactivas de oxígeno, donde se prestará especial atención a la formación del radical superóxido y peróxido de hidrógeno, y su descomposición por dismutación mediada por la superóxido dismutasa y la catalasa. También, se medirán actividades de enzimas del ciclo glutatión-ascorbato, como la ascorbato peroxidasa y glutatión reductasa entre otras, necesarias para mantener niveles óptimos de los antioxidantes moleculares ascorbato y glutatión, principales reguladores de la homeostasis redox celular. Las medidas cinéticas in vitro se realizarán en lectores de placas de 96 pocillos. Aquí, se espera que el solicitante adquiera habilidades y competencias en el análisis enzimático y de metabolitos para establecer qué especies de trigo son más tolerantes o sensibles al estrés hídrico en un escenario de cambio climático. La formación que el solicitante adquiera se complementará con otras actividades que el grupo de fotosíntesis ya están realizando, lo que le permitirá tener una visión global de cómo el cambio climático afecta a los cultivos agrícolas, particularmente cereales, y que estrategias en investigación se están llevando a cabo en este contexto.	<a href="https://www.irmasa.csic.es/grupo-de-fotosintesis/">https://www.irmasa.csic.es/grupo-de-fotosintesis/</a>
JAEINT24_EX_0732	AREVALO AREVALO, ANGELES	arevalo@cajal.csic.es	INSTITUTO CAJAL	Impacto de los cromosomas sexuales, las hormonas gonadales y la edad en la capacidad fagocítica de los astrocitos en un modelo murino de neuroinflamación	La acción neuroprotectora de las hormonas gonadales es bien conocida y ha sido ampliamente demostrada. Así, la reducción de estrógenos en las mujeres y de andrógenos en los hombres contribuye al deterioro cognitivo propio del envejecimiento, así como al avance en la aparición de trastornos neurológicos, que implican neuroinflamación, proceso que implica la activación de astrocitos y la microglía. Además, existe un marcado dimorfismo sexual tanto en la incidencia como en la progresión de la mayoría de las enfermedades neurodegenerativas. Sin embargo, se ha prestado poca atención a las diferencias sexuales en la función glial con el envejecimiento. Investigaciones previas de nuestro laboratorio han demostrado que el esteroide sintético Tibolona reduce la pérdida de células neuronales mediante el control de la gliosis reactiva en un modelo de lesión cerebral traumática, en paralelo con un aumento de la expresión de los receptores de estrógenos (RE) y del factor de crecimiento similar a la insulina-I (IGF-I). También hemos demostrado que el IGF-I modula la fagocitosis glial en condiciones basales e inflamatorias y, hemos detectado que la fagocitosis glial es diferente en machos y hembras y se altera con el envejecimiento cuando la producción de IGF-I decae. Después de una lesión cerebral, la fagocitosis de los desechos neuronales, es una función clave de las células gliales destinada a reparar el tejido que facilita la supervivencia neuronal y la remodelación del circuito. Dado que el dimorfismo sexual en la respuesta glial a la lesión persiste incluso en el envejecimiento, en el que las diferencias en el nivel de hormonas gonadales son menores entre hombres y mujeres, planteamos la hipótesis de que las diferencias sexuales en el deterioro funcional de la microglía y los astrocitos no son sólo una cuestión de nivel de hormonas gonadales sino también de cromosomas sexuales. De acuerdo con estas premisas, nuestro objetivo general es determinar el impacto de los cromosomas sexuales, las hormonas gonadales y la edad sobre la respuesta inflamatoria y la capacidad fagocítica de astrocitos, en un modelo de neuroinflamación utilizando ratones transgénicos FCG. Además, se evaluará la eficacia de la terapia génica con IGF-I en el rescate de la capacidad fagocítica de las células gliales de ratones machos y hembras de edad avanzada, expuestos a un estímulo inflamatorio.	<a href="https://cajal.csic.es/laboratorios/esteroides-neuroactivos/">https://cajal.csic.es/laboratorios/esteroides-neuroactivos/</a>
JAEINT24_EX_0109	ARIAS PALOMO, ERNESTO	earias@cib.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS MARGARITA SALAS	Mecanismos de acción y regulación de la transmisión de la información genética y diseminación de resistencia a antibióticos mediante crío-ME.	Las células utilizan sofisticadas máquinas macromoleculares para llevar a cabo la transmisión de la información genética. Por un lado, grandes complejos núcleo-proteicos son responsables de que esta información se transfiera de manera fidedigna entre células madres e hijas. Además, otros elementos están implicados en lo que se denomina la transmisión genética horizontal y son capaces de transferir esta información entre distintas células e incluso distintos organismos. Para entender cómo estos sistemas llevan a cabo estas funciones celulares esenciales, y ser también capaces de desarrollar fármacos o utilizarlos en aplicaciones biotecnológicas, es necesario comprender cómo estas máquinas macromoleculares se ensamblan y organizan para reconocer el ADN, remodelarlo y procesarlo. Para estudiar estos procesos, en nuestro grupo empleamos métodos bioquímicos y ensayos funcionales, combinados con técnicas estructurales como la crío-microscopía electrónica. Esta técnica permite observar moléculas individuales congeladas en hielo vitreo (a -180 °C) y reconstruir su estructura a nivel atómico. La persona beneficiaria de esta ayuda se incorporaría en nuestro laboratorio y tendrá la oportunidad de aprender técnicas de purificación y caracterización funcional, así como de determinación estructural mediante crío-microscopía electrónica. En conjunto, el trabajo propuesto ayudará a esclarecer las bases moleculares de procesos implicados en la aparición de inestabilidad genómica y en la diseminación de genes de resistencia a antibióticos, y contribuirá positivamente a la formación científica y desarrollo profesional del estudiante.	<a href="https://www.cib.csic.es/es/departamentos/biologia-estructural-y-quimica/crio-me-de-maquinas-macromoleculares">https://www.cib.csic.es/es/departamentos/biologia-estructural-y-quimica/crio-me-de-maquinas-macromoleculares</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0037	AROCA ALVAREZ, RICARDO	ricardo.aroca@eez.csic.es	ESTACION EXPERIMENTAL DEL ZAIDIN	Tolerancia a la salinidad en plantas inducida por la simbiosis micorrízica arbuscular. Función del etileno.	Nuestro grupo de investigación está especializado en la respuesta de las plantas a estreses de tipo osmótico (sequía, salinidad), y como algunos microorganismos del suelo (hongos y bacterias), aumentan la tolerancia de las plantas a dichos estreses. En concreto, nos centramos en como las plantas en esas condiciones son capaces de no deshidratarse y mantener la absorción de agua por las raíces. El abordaje abarca desde respuestas fisiológicas (conductividad hidráulica de la raíz, conductancia estomática, fotosíntesis), bioquímicas (daño oxidativo, acumulación de solutos), y moleculares (expresión de genes, localización de proteínas). A nivel molecular nos centramos en el estudio de las acuaporinas, proteínas intrínsecas de membrana que facilitan el transporte de agua y otros solutos. En este sentido, el/la candidato/a llevaría a cabo experimentos en esta línea de investigación. Trabajaría con plantas de tomate insensibles a la hormona etileno, y analizaría la función de esta hormona en la tolerancia a la salinidad inducida por hongos micorrízicos arbusculares (MA). Los hongos MA establecen simbiosis con la mayoría de las plantas terrestres y aumentan la tolerancia a estreses de la planta hospedadora. El/la candidato/a realizaría las medidas que se han descrito anteriormente en plantas silvestres e insensibles al etileno, para determinar la función de dicha hormona en la tolerancia a la salinidad adquirida por la simbiosis MA. Este trabajo culminaría con una publicación científica en alguna revista de área de Biología Vegetal. De este modo, el/la candidato/a no sólo se formará en técnicas de laboratorio relacionadas con la biología vegetal y molecular, sino también con la redacción de un manuscrito científico, la búsqueda de bibliografía, etc. Además, a lo largo de la estancia podrá impartir al menos un seminario al grupo de investigación para mostrar sus resultados, lo que ayudará a su formación académica. Publicaciones recientes del grupo: Romero-Munar A, Aroca R (2023) A non-K+-solubilizing PGPB (Bacillus megaterium) increased K+ deprivation tolerance in Orzya sativa seedlings by up-regulating root K+ transporters. Plant Physiol Biochem 196: 774-782. <a href="https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2023.02.027">https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2023.02.027</a> . Ruiz-Lozano JM, ... Aroca R (2022) Using the Maize Nested Association Mapping (NAM) Population to Partition Arbuscular Mycorrhizal Effects on Drought Stress Tolerance into Hormonal and Hydraulic Components. Int J Mol Sci 23, 9822. <a href="https://doi.org/10.3390/ij">https://doi.org/10.3390/ij</a>	<a href="https://www.eez.csic.es/micorizas">https://www.eez.csic.es/micorizas</a>
JAEINT24_EX_0722	ARRIBAS BLAZQUEZ, PAULA	pauarribas@ipna.csic.es	INSTITUTO DE PRODUCTOS NATURALES Y AGROBIOLOGIA	Evaluación y monitoreo de la introducción de fauna invertebrada en los suelos de las Islas Canarias	La persona contratada colaborará en las tareas asociadas con los proyectos en ejecución financiados por el MICINN y liderados por la IP Paula Arribas: 'Mesofauna introducida en suelos de islas: patrones de invasión, determinantes y recursos para conservación de la biodiversidad edáfica y la bioseguridad insular' y 'Profundizando en el punto de entrada: evaluación y monitoreo del comercio de vegetación importada en la introducción de especies no nativas en los suelos'. La persona contratada será formada y trabajará en las siguientes tareas: (i) muestreo de campo y procesamiento de muestras de biodiversidad de suelo, (ii) mantenimiento de base de datos biológica, (iii) procesamiento molecular genético y genómico y haciendo uso de una estación robótica automatizada, (iv) bioinformática básica asociada datos genómicos, (v) técnicas estadísticas para el análisis de muestras ambientales, y (vi) manejo de sistemas de información geográfica. Dichas tareas de investigación son muy diversas y multidisciplinarias por lo que permitirán a la persona contratada formarse de manera transversal en las distintas etapas de generación y análisis de datos de metagenómica aplicada a fauna invertebrada. El monitoreo de la biodiversidad mediante técnicas genómicas es una herramienta innovadora con un alto potencial para contribuir una transición ecológica sólida y temprana del sistema socioeconómico actual. El desarrollo y uso de estas técnicas está revolucionando la investigación y gestión del medio ambiente, y proporciona un abanico de oportunidades de mercado sin precedentes. La formación multidisciplinaria recibida en este ámbito por la persona contratada, maximizará su potencial de inserción laboral no solo en ámbito de la investigación, sino en el creciente nicho de mercado público y privado en las Islas Canarias asociado al seguimiento y gestión de la biodiversidad insular. La IP gestionará el plan de formación de la persona contratada y proporcionará la transferencia de conocimiento necesaria para garantizar la formación y ejecución de las tareas propuestas. La IP fomentará la diversidad, conciliación personal e igualdad de género en la contratación y ejecución del contrato.	<a href="https://www.ipna.csic.es/grupo-de-investigacion/ecologia-y-evolucion-en-islas">https://www.ipna.csic.es/grupo-de-investigacion/ecologia-y-evolucion-en-islas</a>
JAEINT24_EX_0143	ARROYO CALATAYUD, MARTA	m.arroyo@iata.csic.es	INSTITUTO DE AGROQUIMICA Y TECNOLOGIA DE ALIMENTOS	GutBioTox - Desarrollo de una plataforma de cribado de alto rendimiento (HTS) para el estudio de contaminantes emergentes y aditivos alimentarios	Este proyecto es multidisciplinar y se basa en resultados previos que avalan la creación de un modelo de cribado que incluye etapas y ecosistemas personalizados orales, intestinales y colónicos, aplicables a procesos de digestión de matrices alimentarias sólidas, semisólidas y/o líquidas, en línea con cultivos celulares reporteros para vías de señalización receptores toll-like, NFKB, estrógenos, andrógenos y glucocorticoides. Se realizarán técnicas de cultivo celular, microbiología y biología molecular para obtener resultados novedosos sobre seguridad alimentaria. El sistema a aplicar está actualmente siendo optimizado y permitirá a la persona en prácticas obtener una gran cantidad de resultados optimizados por el sistema de cribado de alto rendimiento, ya que permite testar múltiples condiciones simultáneamente y presenta una gran versatilidad en cuanto a condiciones de ensayo (i.e., personalización vs. uso de comunidades microbianas sintéticas, procesos de digestión adaptados, inclusión de microbiota oral como elemento novedoso y no aplicado en otras investigaciones, uso de múltiples endpoints moleculares para determinar procesos inflamatorios y de disrupción endocrina) y aplicabilidad para el estudio de la interacción alimento-proceso digestivo (incluyendo ecosistemas microbianos)-hospedador en múltiples áreas: farmacología, toxicología, pre-, pro-, postbióticos, nutracéuticos, alimentos, alimentos funcionales	<a href="https://www.iata.csic.es/es/personal/marta-arroyo-calatayud">https://www.iata.csic.es/es/personal/marta-arroyo-calatayud</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0912	ASTIZ BLANCO, SUSANA MARIA	astiz.susana@inia.csic.es	INSTO. NAC. DE INVESTIG Y TECNOLOGIA AGRARIA Y ALIMENTARIA	Efecto de la adición de ácidos grasos poliinsaturados vía oral sobre salud, la eficiencia productiva y reproductiva en ovino y en terneros de cebo.	Proyecto ligado a un proyecto coordinado. El objetivo se centra en el efecto de la adición de suplementos ricos en ácidos grasos $\omega$ -3 contenidos en microalgas o en alguna sustancia vegetal como la camelina, sobre la función inflamatoria, metabólica, de estrés oxidativo, reproductiva y productiva en rumiantes. En el INIA desarrollamos un Paquete de Trabajo del proyecto coordinado en donde analizaremos las muestras de vacas, ovejas y terneros. Además, trabajaremos directamente sobre un rebaño de ovejas que recibirán en su alimentación microalgas/camelina o nada (grupo control). El grupo INIA también es el responsable de muestreos y análisis de los terneros de cebadero. Las funciones del futuro investigador será su participación en las siguientes funciones para su formación e introducción para desarrollar diferentes técnicas laboratoriales y de investigación y manejo de animales de producción animal en el marco de un proyecto de investigación: 1) Creación y cuidados habituales del rebaño ovino 2) Asistencia en la toma de muestras biológicas en estos animales: tomas de muestras de sangre, de semen en moruecos y realización de ecografías reproductivas (ováricas y de diagnóstico de gestación) a. Obtención de electroeyaculados en moruecos, en la granja en INIA b. Determinación de la calidad seminal y crioservivencia de muestras de eyaculados y de esperma epididimario c. Determinación de la calidad y cantidad ovocitaria d. Determinación de la fertilidad postinseminación en el modelo ovino 3) Colaboración en la determinación de la fracción lipídica de diferentes tejidos y muestras orgánicas con técnica de cromatografía de gases 4) Colaboración en la granja comercial de cebo de terneros, donde se compararán dos grupos de animales (control vs. suplementado con microalgas/camelina). a. Obtención de muestras biológicas(plasma, muestras epididimarias, tejido testicular, y carne en matadero, dietas...) b. Determinación de datos productivos comparados en cebadero 5) Determinación de biomarcadores metabólicos con técnicas de bioquímica seca con bioanalizador 6) Determinación del estrés oxidativo con métodos colorimétricos visuales 7) Determinación de hormonas reproductivas y marcadores inflamatorios con técnica ELISA 8) Participación en recopilación y ordenación de datos; procesado inicial; introducción a primeros análisis estadísticos 9) Participación e introducción en la comunicación científica: comunicaciones en congresos científicos, art	<a href="https://www.inia.es/investigacion/animal/Reproduccion/produccionanimalysostenibilidad/Paginas/Home.aspx">https://www.inia.es/investigacion/animal/Reproduccion/produccionanimalysostenibilidad/Paginas/Home.aspx</a>
JAEINT24_EX_0189	AZNAR MORENO, JOSE ANTONIO	jaaznar@ig.csic.es	INSTITUTO DE LA GRASA	Caracterización de genes para la síntesis de grasas más saludables.	El alumno en formación desarrollará técnicas de biología molecular como la amplificación por PCR, clonación en bacterias y levaduras de genes de interés para la síntesis de grasas de mayor calidad. Estos genes se caracterizarán bioquímicamente mediante técnicas de cromatografía de gases.	<a href="https://www.ig.csic.es/genetica-y-bioquimica-de-lipidos-de-semillas/">https://www.ig.csic.es/genetica-y-bioquimica-de-lipidos-de-semillas/</a>
JAEINT24_EX_0802	AZORIN MOLINA, CESAR	cesar.azorin@csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES SOBRE DESERTIFICACION	Aprendizaje de modelos de Inteligencia Artificial para el desarrollo de un servicio climático de viento de aplicación multisectorial	En el marco del uso de Inteligencia Artificial (IA) para los estudios climáticos, una de las aplicaciones más prometedoras es la generación de monitores en tiempo real. A este respecto, el grupo Climatoc-Lab trabaja en el desarrollo de herramientas de IA con el objetivo de interpolar espacialmente variables como el viento a partir de observaciones procedentes de estaciones meteorológicas. En este contexto, la/el candidata/to podrá participar en el estudio comparativo entre técnicas de interpolación comúnmente utilizadas en multitud de sectores, como Kriging Ordinario, frente a nuevas técnicas emergentes del campo del Aprendizaje Automático y del Aprendizaje Profundo. En concreto, el plan formativo contemplará (i) la búsqueda bibliográfica de estas técnicas de interpolación, (ii) cómo implementar las mismas en un entorno Python, (iii) la preparación y documentación de las técnicas implementadas para su publicación en abierto en Github, (iv) el análisis de los resultados obtenidos que podrá conllevar la elaboración de una publicación científica o participación en un congreso. Por último, la/el solicitante será acogido en el Climatoc-Lab como un integrante más, lo que le permitirá retroalimentarse con la experiencia de los estudiantes pre-doctorales, los investigadores post-doctorales y visitantes internacionales presentes en el grupo de investigación.	<a href="https://climatoclab.csic.es/">https://climatoclab.csic.es/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0186	BAENA LOPEZ, LUIS ALBERTO	labaena@cbm.csic.es	CENTRO DE BIOLOGIA MOLECULAR SEVERO OCHOA	Genetic and chemical characterisation of novel antioncogenic targets	Background Numerous solid tumours, such as those found in the lung, colon, liver, and breast, are characterized by the simultaneous hyperactivation of both the Epidermal Growth Factor Receptor (EGFR) and the Jak/Stat signaling pathways, collectively termed EJS tumors. This aberrant signalling profile promotes cellular transformation and tumour growth of EJS-cell lines (e.g. A549 and MDA-MB-436). Conversely, inhibiting these pathways can effectively curtail the expansion of transformed cells both in vitro and in vivo. Despite the considerable socioeconomic burden posed by EJS tumours, our understanding of their molecular underpinnings remains incomplete, and existing pharmacological interventions demonstrate limited efficacy. To address this gap, we have leveraged an inducible Drosophila model that faithfully recapitulates the key features of human EJS tumours. Similar to human pathology, upregulation of EGFR and JAK/STAT signaling in Drosophila wing epithelial cells can induce tumorigenesis and developmental arrest of tumour-burdened larvae prior to metamorphosis. Harnessing the tissue accessibility and developmental characteristics of Drosophila larvae, we conducted a comprehensive RNAi-based screen targeting 456 genes, each of which can also be modulated by FDA-approved drugs. This dual approach has identified 32 potential anti-oncogenic targets awaiting further characterization in Drosophila and suitable human cellular models. Aims: The project aims to: 1. Confirm the anti-oncogenic potential of candidate genes in either Drosophila tissues or suitable human cell lines, employing genetic approaches like RNAi or shRNA. 2. Evaluate, at the cellular level, the underlying causes explaining the reversion of EJS transformation upon manipulating the expression of candidate genes. Immunohistochemical approaches followed by confocal microscopy will be used for this purpose. 3. Preliminarily determine if chemical manipulation of candidate genes could have potential therapeutic value. Evaluating the efficacy and toxicity of anti-EJS drugs in Drosophila tissues will be crucial for achieving this aim. These aims are interconnected yet independent, so failure in one will not necessarily compromise the success of the others. The successful completion of the project is expected to determine the anti-oncogenic potential of novel genes in the context of EJS tumours, while uncovering new drugs suitable for treating EJS malignancies.	www.caspaslab.com
JAEINT24_EX_0290	BALSERA DIEGUEZ, MONICA	monica.balsera@csic.es	INSTITUTO DE RECURSOS NATURALES Y AGROBIOLOGIA DE SALAMANCA	The antioxidant system in plant responses to the environment: A structural biology approach	The antioxidant system in plants plays a crucial role in their response to environmental challenges such as high light intensity, extreme temperatures, pollutants, and pathogen attack. This system comprises a complex network of enzymatic and non-enzymatic antioxidants that work together to neutralize reactive oxygen species (ROS), which might be harmful byproducts of normal cellular metabolism and are produced in excess under challenging conditions. Structural biology approaches have been instrumental in elucidating the molecular mechanisms underlying the antioxidant system in plants. The researcher 'jaelntro' will participate in a research project, which will involve the production and purification of recombinant proteins, their biochemical characterization, and their study using X-ray crystallography, cryo-electron microscopy (cryo-EM), and computational modeling, to gain detailed insights into the three-dimensional structures of antioxidant enzymes and their interactions with ROS and other molecules. By understanding the structural basis of antioxidant enzymes and their interactions with ROS, plants can potentially be engineered to enhance their tolerance to environmental challenges, thereby contributing to sustainable agriculture and environmental conservation.	<a href="https://www.irnasa.csic.es/grupo-de-bioquimica-redox-en-plantas-y-cianobacterias/">https://www.irnasa.csic.es/grupo-de-bioquimica-redox-en-plantas-y-cianobacterias/</a>
JAEINT24_EX_0734	BAONZA CUENCA, ANTONIO	abaonza@cbm.csic.es	CENTRO DE BIOLOGIA MOLECULAR SEVERO OCHOA	Mecanismos moleculares de radiorresistencia en células gliales	Mecanismos de Radio-resistencia en las células Gliales El objetivo de esta investigación es identificar los mecanismos moleculares que confieren resistencia a la radiación ionizante (RI) a las células gliales normales. Las células responden a la RI mediante diversos mecanismos, cuya naturaleza varía según el tipo celular afectado. La alta resistencia a la radiación de ciertos tipos celulares puede contribuir a la resistencia observada en algunos tumores. Los datos obtenidos en nuestro laboratorio, utilizando Drosophila melanogaster, sugieren que las células gliales normales poseen mecanismos intrínsecos que suprimen la respuesta apoptótica ante la exposición a la RI. Esta capacidad podría explicar, al menos en parte, la alta resistencia a la radiación observada en las células de los tumores generados a partir de estas células (gliomas). Nuestro proyecto tiene como objetivo identificar los factores moleculares que previenen o atenúan la respuesta apoptótica en las células gliales expuestas a la RI. El proyecto en el que el estudiante participaría consiste en investigar cómo la actividad mitocondrial y el factor transcripcional de dedos de zinc (Zfh1) influye en la resistencia a la radiación de las células gliales. Durante su participación, el estudiante estará bajo la supervisión de un miembro del equipo de investigación, asistiendo en la ejecución del proyecto. Los objetivos durante su periodo de estancia serán los siguientes: -Estudio del impacto de cambios en la actividad mitocondrial en la sensibilidad de las células gliales a la radiación: Se empleará un enfoque bioinformático para seleccionar que genes pueden estar alterando la actividad mitocondrial en las células gliales, para ello nos basaremos en estudios previos de secuenciación masiva (RNAseq), así como de estudios previos generados en el laboratorio. De aquellos genes seleccionados de los que no se dispongan condiciones mutantes, se generarán mutantes mediante técnicas de clonación y edición génica (CRISPR/Cas9). -Análisis del efecto producido al eliminar genéticamente Zfh1 en las células gliales. Nuestros datos preliminares indican que este factor se expresa a altos niveles en las células gliales y podría reprimir la transcripción de genes pro-apoptóticos. Parte del proyecto consistiría en eliminar la función de Zfh1 mediante distintas condiciones mutantes y analizar si las células gliales se vuelven más sensibles a la IR. Para ello, se emplearán técnicas genéticas e inmunohis	<a href="https://www.cbm.uam.es/investigacion/programas/homeostasis-de-tejidos-y-organos/arquitectura-celular-y-organogenesis/mecanismos-de-respue">https://www.cbm.uam.es/investigacion/programas/homeostasis-de-tejidos-y-organos/arquitectura-celular-y-organogenesis/mecanismos-de-respue</a>



REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0909	BARBA ESPIN, GREGORIO	gbespin@cebas.csic.es	CENTRO DE EDAFOLOGIA Y BIOLOGIA APLICADA DEL SEGURA	Optimización de la fertilización y el riego en frutales de la Región de Murcia: efectos fisiológicos, bioquímicos y en la productividad agrícola.	El Mediterráneo es un «punto caliente» del cambio climático mundial y de su impacto en la agricultura. Actualmente, un aspecto importante de la investigación en el ámbito agrobiotecnológico se centra en optimizar el uso del agua y fertilizantes sin menoscabar la producción agrícola. En el trabajo propuesto, se propone evaluar el efecto del manejo de los recursos hídricos y la fertilización sobre la respuesta fisiológica de frutales del género Prunus (albaricoquero y paraguayo) y cítricos (naranja y mandarina), monitorizando su efecto en la fisiología del árbol y en la producción y calidad de los frutos bajo las condiciones climáticas de la Región de Murcia, que son medioambientales extremas y que se caracterizan por unas elevadas temperaturas y por su escasez de agua en forma de precipitaciones. Se prestará especial atención a que la reducción del aporte de agua y fertilizantes sea eficiente y sostenible, sin afectar negativamente a la productividad del cultivo. Se medirán parámetros de calidad del fruto (acidez, coloración, contenido en azúcares). Al nivel de la planta, se caracterizará la floración, fotosíntesis, contenido en compuestos bioactivos, capacidad antioxidante y nutrientes minerales. Esta investigación se realizará en el marco de dos proyectos vigentes de colaboración entre el CSIC y empresas agrícolas, implicando salidas a campo a distintas localizaciones de la Región. El estudiante ganará conocimiento sobre el manejo agrícola de distintos frutales de interés agronómico, y en diversas técnicas analíticas que incluyen espectrofotometría, espectrometría de masas, análisis metabolómico y fluorescencia de clorofilas. El plan de trabajo propuesto es flexible en función de las necesidades y de los intereses del estudiante, contando en todo momento con mi supervisión y la ayuda de un equipo de trabajo experimentado, conformando un entorno idóneo para el aprendizaje.	<a href="http://cebas.csic.es/dep_spain/mejora/biotecnologia/biotec_lineas.html">http://cebas.csic.es/dep_spain/mejora/biotecnologia/biotec_lineas.html</a>
JAEINT24_EX_0295	BARBER CASTAÑO, DOMINGO FRANCISCO	dfbarber@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Evaluación el uso de nanopartículas de óxido de hierro para modificar células dendríticas para su uso terapéutico en autoinmunidad y cáncer	En nuestro grupo hemos estudiado la posibilidad de utilizar nanopartículas magnéticas de óxido de hierro (MNPs) para direccionar a tumores y/o a nódulos linfáticos (LN), y retener en ellos, células linfocitos citotóxicas en terapias antitumorales de transferencia celular adoptiva (1). Hemos visto que cuando se modifican células T primarias con MNPs recubiertas con aminopropiltriethoxisilano (APS), que se adhieren a su membrana celular, no se afectan sus funciones efectoras, y además las células T pueden ser atraídas/retenidas en los LN si se coloca un imán en su proximidad (2). Además, MNPs recubiertas con APS adheridas a las membranas de células T CD8+ específicas de tumor permiten la retención magnética de dichas células y su acumulación en los tumores y sus LNs drenantes (3). Apenas existen estudios en los que se hayan utilizado MNPs para direccionamiento/retención magnética de células dendríticas (DCs). El objetivo del proyecto es doble, por un lado evaluar si la modificación con MNPs de DCs permite la retención de DCs tolerogénicas (tolDCs) en los LNs, con la idea de evaluar en un futuro si podrían usarse in vivo para inducir tolerancia en modelos de autoinmunidad. Por otro, evaluar si la modificación con MNP de DCs maduras (mDCs) que presenten antígenos tumorales permite la retención de estas DCs en los LNs con la idea de evaluar si podrían emplearse como terapia antitumoral. El candidato se formará en: 1.- Producción y caracterización físicoquímica de las MNPs que se emplearán para modificar las DCs. 2.- Aislamiento y diferenciación/expansión in vitro de células dendríticas: se aislarán células dendríticas obtenidas a partir de la médula ósea de ratones que se diferenciarán/expandirán in vitro a tolDCs o a mDCs. 3.- Estudio de la toxicidad de las MNPs sobre las tolDCs y mDCs, de la localización subcelular y vías de internalización de MNPs en tolDCs y mDCs. 4.- Estudio in vitro de la capacidad de retención por imanes de tolDCs cargadas con MNPs. 5.- Aislamiento de células T de ratón a partir de órganos linfoides secundarios (bazo y LN), y expansión de las mismas in vitro. 6.- Estudio in vitro de la capacidad de las tolDCs cargadas con MNPs de inducir tolerancia en células T y de las mDCs en inducir activación de células T específicas, y de otros aspectos funcionales. Referencias: (1) Sanz-Ortega L, Pharmaceutics 2020;12(9):812 (2) Sanz-Ortega L, J Nanobiotechnol. 2019;17(1):14 (3) Sanz-Ortega L, J Nanobiotechnol. 2019;17(1):87	<a href="https://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/inmunologia-y-oncologia/nanomedicine-immunotherapy">https://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/inmunologia-y-oncologia/nanomedicine-immunotherapy</a>
JAEINT24_EX_1519	BARCELO LLULL, BARBARA	bbarcelo@imedea.uib-csic.es	INSTITUTO MEDITERRANEO DE ESTUDIOS AVANZADOS	Corrientes marinas y cambio climático: ¿se está acelerando o desacelerando el océano?	Estudios recientes han demostrado que el cambio climático está modificando el complejo sistema que constituye la circulación oceánica global. La circulación de mesoescala es una componente esencial de la circulación oceánica y es, en muchos sentidos, dinámicamente análoga al tiempo atmosférico. Las estructuras de mesoescala (remolinos, meandros y filamentos) tienen escalas espaciales entre ~10-100 km y transportan masas de agua y sus propiedades a lo largo de largas distancias a nivel global. Además, se sabe que la energía cinética asociada a estas estructuras representa alrededor del 90% de la energía cinética total de los océanos, por lo tanto, constituyen una componente muy importante de la circulación oceánica global. Los satélites oceanográficos proporcionan observaciones de la superficie del océano global en tiempo real y con una resolución y precisión cada vez mayores. El objetivo de este estudio es analizar 30 años de datos de satélite de la NASA, la ESA y el CNES para calcular tendencias de energía cinética a nivel global y en el Mediterráneo, utilizando el lenguaje de programación Python. Como objetivo final, este estudio pretende estudiar las consecuencias del cambio climático sobre las estructuras de mesoescala. Este trabajo contribuirá a mejorar la representación de las corrientes marinas en modelos climáticos y a entender mejor el impacto que tienen estas estructuras en la regulación del clima. Responsables: Bàrbara-Barceló Llull (bbarcelo@imedea.uib-csic.es) y Ananda Pascual (ananda.pascual@imedea.uib-csic.es)	<a href="https://imedea.uib-csic.es/investigacion/investigacion-marina-en-sistemas-ecologicos-y-sociales/">https://imedea.uib-csic.es/investigacion/investigacion-marina-en-sistemas-ecologicos-y-sociales/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1209	BARCO GUERRERO, ANGEL LUIS	a.barco@csic.es	INSTITUTO DE NEUROCIENCIAS	Desarrollo de herramientas genéticas para la modulación de la identidad neuronal	<p>Durante el desarrollo, las células madre de nuestro organismo darán lugar a diferentes identidades celulares altamente especializadas gracias al papel clave que desarrollan distintos mecanismos epigenéticos fundamentales para la modulación de diversos programas transcripcionales. Esta identidad adquirida durante el desarrollo se mantiene activamente durante toda la vida de las células diferenciadas gracias a diferentes factores de transcripción que participaron en su adquisición, pero también a otros mecanismos tales como la acetilación de histonas. Nuestro grupo ha demostrado que la familia de proteínas lisina-acetiltransferasas de tipo 3 (KAT3), formado por las proteínas CBP y p300, juegan un papel clave en el mantenimiento de la identidad neuronal en el cerebro adulto, dado que su eliminación conjunta produce un rápido fenotipo de pérdida de identidad neuronal. No obstante, desconocemos si esta pérdida de identidad es un proceso irreversible o si, por el contrario, al restituir estas dos proteínas las células neuronales pueden restablecer su función de forma normal. Es por ello, que desarrollar herramientas que nos permitan eliminar de forma transitoria y conjunta las proteínas CBP y p300, nos ayudará a entender mejor la plasticidad de este proceso de mantenimiento activo de la identidad neuronal, así como a generar posibles aplicaciones biomédicas basadas en este proceso. El proyecto que proponemos se centrará en desarrollar y validar en cultivos primarios neuronales herramientas que nos permitan la degradación transitoria de las proteínas KAT3, así como evaluar sus efectos a diferentes niveles fisiológicos. El/la estudiante seleccionado/a aprenderá a ejecutar de forma autónoma las técnicas: • Cultivos y transfección de líneas celulares • Preparación y transducción/transfección de cultivos primarios neuronales • Técnicas de clonado e ingeniería genética • Cuantificación de la expresión génica mediante RT-qPCR • Detección de proteínas mediante técnicas de inmunohistoquímica, western blot, etc. • Técnicas de inmunoprecipitación de la cromatina y cuantificación mediante RT-qPCR (ChIP) • Producción de vectores lentivirales • Discusión de resultados y análisis genómicos. Además, el/la estudiante tendrá la oportunidad de participar en reuniones semanales del laboratorio, en reuniones de los programas científicos en el que está el grupo de investigación y generales del Instituto.</p>	<a href="https://in.umh-csic.es/grupo3893">https://in.umh-csic.es/grupo3893</a>
JAEINT24_EX_0246	BAREZ LOPEZ, SOLEDAD	sbarez@iib.uam.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES BIOMEDICAS SOLS-MORREALE	Cómo mejorar los trastornos neurológicos asociados a una enfermedad rara	<p>El síndrome de Allan-Herndon-Dudley (SAHD) es una enfermedad rara ligada al cromosoma X que solo afecta a varones. Los pacientes presentan alteraciones devastadoras que incluyen retraso global del desarrollo, discapacidad intelectual, falta de adquisición del lenguaje y graves trastornos del movimiento. El SAHD es debido a mutaciones inactivantes en el gen que codifica para la proteína transportadora de hormonas tiroideas MCT8. Las hormonas tiroideas son esenciales para el desarrollo y la función del sistema nervioso, de tal manera que una deficiencia en el contenido de hormonas tiroideas en el cerebro puede derivar en graves alteraciones neurológicas. La falta de MCT8 en la barrera hematoencefálica impide que las hormonas tiroideas puedan ser transportadas dentro del cerebro, generando un hipotiroidismo cerebral que dar lugar a los trastornos neurológicos de los pacientes. Desafortunadamente a día de hoy no existe ningún tratamiento efectivo para paliar o prevenir los síntomas neurológicos de los pacientes. Durante los últimos años el laboratorio se ha centrado en obtener modelos animales del SAHD, en estudiar la fisiopatología del síndrome en muestras de tejido cerebral de pacientes y en los modelos animales disponibles, y en diseñar y realizar estudios preclínicos en modelos animales. Recientemente hemos generado y validado un modelo de ratón "avatar" con una mutación descrita en dos pacientes. Este modelo ofrece una valiosa oportunidad para explorar en más detalle la fisiopatología del SAHD y para desarrollar posibles terapias. Los nuevos proyectos del laboratorio incluyen: 1) el estudio de la fisiopatología del SAHD durante el neurodesarrollo utilizando el modelo de ratón "avatar" a edades tempranas y embrionarias, 2) desarrollar terapias alternativas para mejorar las alteraciones neurológicas, por ejemplo mediante el uso de análogos de hormona tiroidea o terapia génica. Para ello utilizaremos diversas técnicas incluyendo técnicas fisiológicas (diferentes tratamientos), anatómicas (inmunohistoquímica), técnicas de imagen (resonancia magnética), técnicas bioquímicas (radioinmunoensayo), y de biología celular y molecular (genotipado de ratones, extracción de RNA, PCR cuantitativa). El candidato tendría la oportunidad de involucrarse en esta línea de investigación formándose en varias de estas técnicas y adquiriendo conocimientos neuroendocrinos para así contribuir a nuestro objetivo final de mejorar la calidad de vida de es</p>	<a href="http://www.iib.uam.es/grupo?id=aguadano_Iab">http://www.iib.uam.es/grupo?id=aguadano_Iab</a>
JAEINT24_EX_1142	BARLUENGA BADIOLA, MARTA	marta.barluenga@mncn.csic.es	MUSEO NACIONAL DE CIENCIAS NATURALES	LA BIOGEOGRAFÍA DE LAS INTERACCIONES PARASITO HOSPEDADOR	<p>Los parásitos son capaces de ejercer presiones selectivas sobre sus hospedadores, que pueden influir en sus dinámicas evolutivas. Para entender el potencial que los parásitos tienen para provocar adaptación e incluso especiación en las poblaciones de sus hospedadores, se propone caracterizar las comunidades de parásitos que infectan diferentes poblaciones de peces del grupo de los ciclidos en varios lagos de origen volcánico en Centroamérica. Se buscarán patrones biológicos y biogeográficos de los parásitos que se asocian a patrones fisiológicos, morfológicos y genéticos de los peces. Se trabajará con una base de datos de presencias y ausencias y abundancias de macroparásitos (endo y ectoparásitos) de los peces, se calcularán parámetros de las comunidades de parásitos (riquezas, distancias filogenéticas), y se buscarán correlaciones con diferentes rasgos genéticos y fenotípicos de los peces. Las tareas a realizar serán 1) calcular valores descriptivos de las comunidades de parásitos (abundancia, riqueza, prevalencia), 2) analizar parámetros morfológicos de los peces con herramientas de geometría morfométrica, 3) combinar y analizar marcadores genéticos de parásitos y peces (análisis bioinformáticos) y, 4) realizar análisis estadísticos de interacciones entre parámetros de los parásitos y parámetros de los peces.</p>	<a href="https://www.mncn.csic.es/es/investigacion/biodiversidad-y-biologia-evolutiva">https://www.mncn.csic.es/es/investigacion/biodiversidad-y-biologia-evolutiva</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0663	BARRIOPEDRO CEPERO, DAVID	david.bariropedro@csic.es	INSTITUTO DE GEOCIENCIAS	El futuro incierto del vórtice polar	El vórtice polar es una fuerte circulación ciclónica que aparece en las latitudes altas de ambos hemisferios durante sus meses de invierno. Presenta gran variabilidad y cambios abruptos, asociados a la propagación de ondas desde la troposfera que pueden propagarse hacia la troposfera y afectar al tiempo en superficie. En el Hemisferio Norte (HN), estos cambios afectan a la trayectoria de tormentas en el Atlántico Norte y Europa occidental. El comportamiento del vórtice polar del HN en el futuro es incierto. Los modelos climáticos proyectan tanto intensificaciones como debilitamientos en respuesta al calentamiento global y a día de hoy no se comprenden las razones de esta gran incertidumbre. En este trabajo, se estudiará la escala temporal de la respuesta al aumento de dióxido de carbono (CO2) en simulaciones de modelos de clima, para separar la respuesta a escala rápida asociada al calentamiento troposférico y enfriamiento estratosférico radiativos de la respuesta más lenta relacionada con los impactos en el océano y sus efectos en la generación y propagación de ondas hacia la estratosfera. El estudio de las distintas escalas de la respuesta del vórtice polar al aumento de CO2 y de las contribuciones radiativa y dinámica permitirá mejorar la comprensión de la incertidumbre en las proyecciones futuras. El grupo del CSIC ( <a href="https://igeo.ucm-csic.es/paleoclimatologia-y-cambio-global/">https://igeo.ucm-csic.es/paleoclimatologia-y-cambio-global/</a> ) en colaboración con el grupo Stream ( <a href="https://stream-ucm.es/">https://stream-ucm.es/</a> ) de la UCM cuenta con amplia experiencia en dinámica estratosférica y sus impactos en superficie, así como los efectos del cambio climático en la circulación atmosférica. El/la beneficiario/a aprenderá conceptos claves de la dinámica atmosférica y cambio climático y contribuirá a la investigación del grupo. El trabajo consistirá en el análisis de simulaciones climáticas disponibles de las últimas generaciones de modelos climáticos desarrolladas para los informes del IPCC. Se familiarizará con el uso de datos climáticos, y herramientas de diagnóstico en Python, MATLAB, o similar. Además, se espera que los resultados se divulguen por los canales de comunicación del CSIC-UCM. El trabajo está asociado al proyecto de investigación financiado por el Ministerio de Investigación y Ciencia RecO3very que estudia la recuperación de la capa de ozono en el HN en un contexto de cambio climático.	<a href="https://igeo.ucm-csic.es/fisica-del-clima-y-cambio-climatico-clima/">https://igeo.ucm-csic.es/fisica-del-clima-y-cambio-climatico-clima/</a>
JAEINT24_EX_0046	BARRIUJO MAICAS, JORGE	jbarriuso@cib.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS MARGARITA SALAS	Valorización de polímeros naturales y artificiales utilizando consorcios microbianos	Una gran parte de los residuos generados por la actividad humana consisten en polímeros. En particular, la industria agrícola produce ingentes cantidades de lignocelulosa, mientras que el auge de los plásticos derivados del petróleo desde los años 50 del siglo pasado ha supuesto un grave problema ambiental. La celulosa, la hemicelulosa, la lignina, e incluso algunos polímeros plásticos, pueden ser biotransformados por los microorganismos y sus enzimas para producir compuestos de valor añadido (e.g. bioplásticos o biocombustibles), dentro del marco de la economía circular. En el laboratorio utilizamos hongos y bacterias en consorcios para valorizar estos residuos, estudiando el metabolismo encargado de transformar estos polímeros. En concreto, profundizamos en las sinergias que se pueden formar entre estos microorganismos, su capacidad para colonizar la superficie de los plásticos formando biofilms, y los sistemas enzimáticos que utilizan para degradarlos. Utilizando herramientas de la biología de sistemas se estudiarán los mecanismos de comunicación célula a célula (quorum sensing) entre los microorganismos seleccionados para mejorar sus capacidades (Barriuso et al. 2018. FEMS Microbiol Rev 42(5) 627; Barriuso y Martínez. 2018. Front Microbiol 9,1243; De Salas et al. 2015. App Environ Microbiol 81(13)4351). Por otra parte, aplicando herramientas de la biología sintética se estudiarán y mejorarán las enzimas y potenciales catalizadores implicados en la degradación de los distintos polímeros (Barriuso y Martínez. 2018. Front Microbiol 9,1243; Barriuso y Martínez. 2017. BMC Genomics 18 (1)12; Méndez-Liter. 2017. Biotechnol Biofuels 10(1), 256; Barriuso et al. 2016. Biotech Adv 34(5) 874; Vaquero et al. 2015. PloS One 10(4)).	<a href="https://www.cib.csic.es/departamentos/biotecnologia-microbiana-y-de-plantas/sistemas-microbianos-e-ingenieria-de-proteinas">https://www.cib.csic.es/departamentos/biotecnologia-microbiana-y-de-plantas/sistemas-microbianos-e-ingenieria-de-proteinas</a>
JAEINT24_EX_0020	BARRO LOSADA, FRANCISCO	f.barro@csic.es	INSTITUTO DE AGRICULTURA SOSTENIBLE	Biotecnología (CRISPR/Cas) y Mejora Genética de Trigo	El candidato/a se integrará en un proyecto en marcha formado por un equipo multidisciplinar (mirar metodología) con amplia experiencia en la utilización de herramientas biotecnológicas de última generación. El candidato/a adquirirá una sólida formación en biotecnología aplicada a la Mejora Genética de trigo. El plan de formación incluye la asistencia a seminarios, cursos específicos, etc. Un resumen del proyecto se incluye a continuación. ### Introducción La celiacía, la sensibilidad al trigo no celiaca y las alergias al trigo son trastornos importantes que afectan a una parte significativa de la población mundial, provocados por la ingestión de gluten, un conjunto de proteínas presentes en cereales como el trigo. Entre estas proteínas, las gliadinas contienen secuencias peptídicas (epitopos inmunogénicos) que desencadenan respuestas inmunitarias adversas en individuos predispuestos. El proyecto propone una estrategia innovadora para mitigar estos problemas de salud mediante la utilización de la tecnología de edición genética CRISPR/Cas9, específicamente diseñada para eliminar selectivamente los epitopos inmunogénicos de las gliadinas en el genoma del trigo. ### Objetivos El objetivo principal de este proyecto es desarrollar variedades de trigo con gliadinas modificadas, carentes de los epitopos inmunogénicos, utilizando la tecnología CRISPR/Cas9. ### Metodología Se aplicará un enfoque multidisciplinario que integra bioinformática, biología molecular, genética, y biotecnología vegetal. La bioinformática será crucial para la identificación de los epitopos y el diseño de los sgRNAs. La tecnología CRISPR/Cas9 se utilizará para la edición dirigida del genoma, y técnicas avanzadas de biología molecular permitirán la construcción de vectores y la transformación de células de trigo. Las evaluaciones agronómicas y bioquímicas garantizarán que las variedades de trigo modificadas mantengan su calidad y rendimiento.	<a href="https://www.ias.csic.es/investigacion/departamentos/mejora-genetica-vegetal/biotecnologia-vegetal/">https://www.ias.csic.es/investigacion/departamentos/mejora-genetica-vegetal/biotecnologia-vegetal/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0162	BARTOLOME HERRANZ, ALBERTO	abartolome@ib.uam.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES BIOMEDICAS SOLS-MORREALE	Diferenciación de células pluripotentes humanas hacia el linaje pancreático y edición genética (CRISPR) para el estudio de genes asociados a diabetes	Título: Diferenciación de células pluripotentes humanas hacia el linaje pancreático y edición genética (CRISPR) para el estudio de genes asociados a diabetes Resumen: Las células beta pancreáticas son la principal fuente de la hormona insulina. Estas células juegan un papel central en la fisiopatología de la diabetes, menor masa y/o función de célula beta está relacionada con niveles bajos de la hormona insulina, intolerancia a la glucosa y diabetes. El objetivo del grupo es determinar las bases genéticas que determinan la masa de célula beta, así como su correcta función. Por un lado investigamos polimorfismos genéticos asociados a riesgo de diabetes, pero también estudiamos variantes raras asociadas a diabetes monogénicas. En ambos casos caracterizamos los mecanismos moleculares que expliquen la asociación entre variante genética y enfermedad. Esto es posible mediante el uso combinado de dos técnicas de vanguardia. - Edición genética mediante CRISPR, que permite estudios de pérdida de función genética, además de ediciones de un único nucleótido. - Diferenciación de células madre pluripotentes: lo cual permite "simular" el desarrollo del páncreas humano in vitro, y estudiar las consecuencias de perturbación genética a nivel de progenitores pancreáticos, pero también de célula beta diferenciada. El estudiante se unirá al laboratorio de "Desarrollo de islote pancreático y masa de célula beta" en el Instituto de Investigaciones Biomédicas Sols-Morreale (CSIC/UAM). El estudiante aprenderá a desenvolverse en un laboratorio científico, y a dominar las técnicas utilizadas en el grupo. Se guiará al estudiante en el uso de prácticas seguras de laboratorio, análisis de datos y evaluación crítica de resultados. El plan de trabajo incluirá el estudio detallado de una variante genética asociada a diabetes, lo cual incluye: 1) caracterización de expresión del gen de interés en todos los estadios de desarrollo pancreático, 2) generación de líneas haploinsuficientes/knockout para el gen estudiado, 3) determinar el efecto de las variantes genéticas en cada uno de los estadios del desarrollo, y si fuera posible 4) estudios mecanicistas centrados en los estadios diferenciales. El objetivo final de estos estudios es el de generar conocimiento sobre las bases genéticas de la disfunción de la célula beta, lo cual puede permitir una mejor estratificación de pacientes en diabetes de carácter poligénico, y evaluar nuevos tratamientos en diabetes mo	<a href="https://bartolomelab.com/">https://bartolomelab.com/</a>
JAEINT24_EX_0318	BARTUMEUS FERRE, FEDERICO	fbartu@ceab.csic.es	CENTRO DE ESTUDIOS AVANZADOS DE BLANES	Difusión Anómala y Comportamiento de Búsqueda en el Organismo modelo C.elegans	El estudio implica la realización de experimentos en un sistema de seguimiento de movimiento animal de alta resolución (25 Hz) a gran escala (50x50cm) con el organismo modelo Caenorhabditiselegans. Se quieren caracterizar los mecanismos comportamentales a nivel microscópico que modulan y gobiernan las propiedades macroscópicas de movimiento (dosérsión) durante procesos de búsqueda con distintos grados de información. Como organismo modelo, queremos entender el comportamiento normal de este organismo y compararlo con organismos que experimentan determinadas mutaciones o afectaciones (enfermedades neurodegenerativas o virus).El estudio parte de trabajo de análisis de trayectorias previo pero con datos recogidos en otros laboratorios y cubriendo escalas espaciotemporales más pequeñas. En este caso, queremos realizar nosotros mismos los experimentos y obtener los datos. Por ello la formación implica tanto trabajo de laboratorio básico en relación al cultivo y manejo de C.elegans, como el diseño experimental y toma de datos, como su posterior análisis y modelización usando y mejorando programario específico ya generado en nuestro grupo. La difusión y transporte anómalo, es muy común en el mundo animal aunque poco se sabe de su impacto en ecología (e.g. interacciones entre organismos, colonización de nuevos hábitats. forrajeo óptimo). Una de las claves de futuro en el campo de la ecología del movimiento, consiste en profundizar en la comprensión de los mecanismos generativos de difusión anómala, su modulación y control por parte de los organismos. Sólo así tendremos una visión más completa de su profunda influencia adaptativa en el contexto de los procesos de dispersión y el movimiento animal.	<a href="http://www.theelab.net/">http://www.theelab.net/</a>
JAEINT24_EX_0902	BAS LOPEZ, MARIA	mbas@icm.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS DEL MAR	Disentangling the impact of climate change through a historical and paleoecological reconstruction of the Mediterranean marine ecosystems	Climate warming severely affects marine ecosystems, with food-web simplification and a general decline of marine animal biomass negatively affecting human societies worldwide. Yet, the mechanisms behind these changes remain unclear, mainly because most studies use modern data to form their initial baselines and hypotheses, which are already affected by human-induced climate change and lack future data to validate their predictive models. Looking to the deeper past, during the Early-Middle Pleistocene Transition, the climate system shifted to its modern state of 100-kyr glacial-interglacial cycles. The geological past holds periods when the climate changed in ways similar to those taking place at present, which can be used as analogues, to predict the impact of climate warming on marine ecosystems. The Mediterranean Sea is one of the hotspot areas of the world exhibiting high increases in the sea surface temperature and extreme events and human exploitation of marine resources has also been documented since prehistoric times. This project aims to evaluate and enhance our understanding of the long-term impact of climate change on the marine fauna of the Mediterranean Sea using paleo- and historical ecology perspectives. It is proposed a comparative study of the modern and ancient marine ecosystems can allow us to isolate the relative contributions of the environmental stressors in the Mediterranean Sea today and provide meaningful recommendations for the management and conservation of the marine resources in the region. The student will be trained through the entire fellowship providing him/her with an interdisciplinary skill set, from paleontological, archaeological and historical disciplines (analysing the literature and doing data treatment) to modelling (species distribution models).	<a href="https://www.icm.csic.es/es">https://www.icm.csic.es/es</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0039	BASALLOTE SANCHEZ, MARIA DOLORES	mdolores.basallote@csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS MARINAS DE ANDALUCIA	Exploring Microbial Diversity in Metal-Polluted Sediments through DNA Metabarcoding: A Comprehensive Analysis	<p>La Ría de Huelva está afectada por contaminación crónica por metales asociada a la actividad minera desarrollada en la Faja Pirítica Iberica desde épocas pre-romanas. En este sistema, se mezclan aguas ácidas (pH 3.0) con elevada concentración de sulfatos, metales y metaloides y agua de mar alcalina (pH 8.0), siendo el pH un factor relevante que controla la geoquímica del estuario. Los sedimentos estuarinos, por tanto, actúan como sumideros temporales o permanentes de contaminantes. Así, los metales en el estuario pueden estar presentes: (1) disueltos en solución, (2) asimilados por los organismos vivos, (3) adsorbidos o precipitados en la superficie de minerales (principalmente oxihidróxidos de Fe de baja y alta cristalinidad), (4) adsorbidos por la materia orgánica, (5) formando parte de la estructura de minerales neo-formados de Fe de baja cristalinidad, o (6) co-precipitados junto con sulfuros de Fe o carbonatos. En condiciones oxidantes, el Fe precipita dando lugar a la retención de metales en la estructura de minerales neo-formados (p. ej. shwermannita), mientras que, en condiciones anóxicas, ocurren procesos de sulfato reducción, que promueven la liberación de los contaminantes, quedando de nuevo estos disponibles para la biota expuesta. En este sentido, la actividad microbiana juega un papel esencial en los procesos de oxidación y sulfato reducción. Además, resultados previos han demostrado que la inundación de sedimentos estuarinos a consecuencia de la subida del nivel del mar podría potenciar la movilización de metales debido a cambios en las condiciones de oxidación-reducción y a los procesos de sulfato reducción por la actividad de bacterias sulfato-reductoras bajo condiciones anóxicas. No obstante, la biodiversidad de los microorganismos presentes en los sedimentos de la Ría de Huelva ha sido poco estudiada. La metagenómica mediante el análisis de secuencias de ADN (DNA Metabarcoding) aplicada en sedimentos tiene por objetivo estudiar la biodiversidad de comunidades microbianas presentes en el sedimento. Las actividades propuestas, por tanto, tienen como objetivo realizar una caracterización de los sedimentos de estuario, con especial interés en la determinación de la diversidad microbiana en sedimentos de la Ría de Huelva y teniendo en cuenta la distribución de los contaminantes, profundidad y condiciones de oxidación-reducción, de acuerdo a las condiciones ambientales cambiantes descritas anteriormente.</p>	<a href="http://www.icman.csic.es/es/departamentos/ecologia-y-gestion-costera/">http://www.icman.csic.es/es/departamentos/ecologia-y-gestion-costera/</a>
JAEINT24_EX_1593	BASTERRECHEA OYARZABAL, GOTZON	gotzon@imedea.uib-csic.es	INSTITUTO MEDITERRANEO DE ESTUDIOS AVANZADOS	Estudio de las propiedades ópticas de las fústulas de diatomeas pelágicas	<p>Las diatomeas son una de las especies de fitoplacton más abundantes. A pesar de su falta de motilidad el grupo de fitoplacton más exitoso. Una de las características fundamentales es que poseen un exoesqueleto hecho de sílice denominado frústula que además de ser un mecanismo de protección frente a depredadores tiene unas propiedades ópticas muy particulares, gracias a los nanoporos distribuidos sobre la superficie. En particular, una de las hipótesis es que esta estructura de nanoporos se comporta como un cristal fotónico, favoreciendo la propagación de la luz hacia el interior de la célula en las longitudes de onda que optimizan la actividad fotosintética. Entender estos procesos requiere una aproximación teórica que permita entender los resultados experimentales publicados hasta la fecha. El objetivo para esta JAEIntro se centra en entender el papel de estas estructuras porosas en la propagación y absorción de la luz. El candidato/a colaborará en el desarrollo de un algoritmo basado en el Método de las Diferencias Finitas en el Dominio del Tiempo, que es un método numérico usado para el estudio de propagación de la luz en cristales fotónicos. El candidato/a participará en el desarrollo de esta herramienta computacional y colaborará en la realización de simulaciones numéricas en las que partiendo de un patrón de nanoporos encontrado en diatomeas se estudiará cómo se propaga la luz a través de éstos.</p>	<a href="https://imedea.uib-csic.es/infibio/">https://imedea.uib-csic.es/infibio/</a>
JAEINT24_EX_0672	BASTOLLA, UGO	ubastolla@cbm.csic.es	CENTRO DE BIOLOGIA MOLECULAR SEVERO OCHOA	Integrated model of protein evolution in sequence, structure and function for bioinformatics and phylogenetic applications (IMPRESSIF)	<p>Mathematical models of protein evolution play an essential role for inferring evolutionary events and analysing biological molecules. However, the most commonly used models adopt unrealistic assumptions that may undermine their accuracy. They assume that all protein sites evolve under the same substitution process whereas we know that sites buried at the protein core in the native state tend to contain hydrophobic amino acids, are less variable and evolve more slowly. We proposed an alternative approach that exploits the increasing knowledge on the selective factors that affect proteins, in particular conservation of the native state structure and its folding stability, which we predict through biophysical models. In this way, we developed the structure and stability constrained model of protein evolution (SSCPE) that predicts structure-aware and biophysically informed amino-acid substitution processes at each protein site. These models predict site-specific evolutionary rates and frequencies of amino acids that agree with observed multiple alignments of real proteins much better than empirical substitution models and infer more accurate phylogenetic trees. Moreover, we recently developed an integrated measure of protein sequence and structure similarity that produces more accurate multiple alignments and infers phylogenetic trees based on both protein sequence and protein structure divergence. The proposed work will contribute to integrating and expanding these two approaches towards an integrated model of protein sequence, structure and function evolution that rests solidly on biophysics, for improving fundamental methods in molecular evolution and bioinformatics by incorporating site-specificity, integrated sequence and structure similarities, and a new stochastic model of their evolutionary divergence. The successful applicant will work at applying, developing or assessing new computational tools that target one of the following tasks: (1) Structure-guided sequence alignments and sequence to structure alignments (2) Stochastic model of structure divergence and reconstruction of ancestral structures for improved homology models (3) Computation of evolutionary distances based on the SSCPE models and their use for inferring phylogenetic trees (4) Assessing violations of the additive property of evolutionary distances for detecting recombination events and separating a protein family into monophyletic trees (5) Functional classification of proteins.</p>	<a href="https://www.cbm.uam.es/en/research/programs/genome-dynamics-and-function/genome-decoding/computational-biology-and-bioinformatics">https://www.cbm.uam.es/en/research/programs/genome-dynamics-and-function/genome-decoding/computational-biology-and-bioinformatics</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1303	BAYON CALDERON, CRISTINA	c.bayon@csic.es	CENTRO DE AUTOMATICA Y ROBOTICA	Arquitectura de control en órtesis robótica cuasi-pasiva para mejora de la marcha de niños con parálisis cerebral	Las discapacidades físicas derivadas de trastornos neurológicos son un problema social global. En los niños, la parálisis cerebral (PC) es la principal causa de discapacidad física, como las limitaciones en la marcha. Debido al importante papel de la articulación del tobillo en la marcha, las órtesis tobillo-pie (AFO) son el tipo de dispositivo de asistencia más utilizado para facilitar la locomoción. Sin embargo, existen ciertas barreras que dificultan su prescripción, así como su uso como dispositivo de movilidad en todo tipo de actividades de la vida diaria. Normalmente, los sujetos con PC utilizan AFOs de plástico sólido que resultan incómodas de llevar, ya que se hace poco hincapié en imitar la dinámica, el ciclo de energía y la rigidez de la articulación del tobillo humano. Dentro del proyecto inGAIT hemos desarrollado una AFO cuasi-pasiva (inGAIT-AFO) que puede asistir la marcha de estos niños con PC incluso en sus actividades convencionales de la vida diaria. Esta asistencia viene dada por una transmisión de energía: cuando el tobillo gira, el dispositivo realiza el almacenamiento de energía, proporcionando así un par restaurador en la articulación del tobillo. El prototipo inGAIT-AFO está equipado con distintos sensores para monitorizar la marcha del paciente: un encoder magnético para evaluar el rango de movimiento del tobillo, y dos sensores de presión para estimar las fuerzas ejercidas por los pies y detectar eventos de la marcha. Los datos de los sensores se registran utilizando una interfaz gráfica desarrollada en Python para facilitar la operación por parte del usuario. En esta JAE-intro, el candidato/ha seleccionado será involucrado dentro de la línea de investigación de tecnologías robóticas para rehabilitación pediátrica. Concretamente, trabajará junto con el equipo del proyecto inGAIT, más concretamente estará vinculado a tareas relacionadas con la electrónica y los sensores del prototipo inGAIT-AFO. Los avances llevados a cabo actualmente en este sentido están enfocados en mejorar la arquitectura propuesta para aportar una mayor robustez en la identificación y recogida de datos de los sensores. Durante el tiempo de duración de la ayuda, el candidato/a adquirirá conocimientos sobre programación, electrónica de control y uso de la tecnología para la rehabilitación. Además, mejorará otras habilidades complementarias como trabajo en equipo, comunicación y exposición de resultados en público, organización, síntesis...	<a href="https://car.upm-csic.es/neural-and-cognitive-engineering/">https://car.upm-csic.es/neural-and-cognitive-engineering/</a>
JAEINT24_EX_0840	BECCARI, LEONARDO	lbeccari@cbm.csic.es	CENTRO DE BIOLOGIA MOLECULAR SEVERO OCHOA	Uso de organoides cerebrales para el análisis de la regulación transcripcional de los genes implicados en el desarrollo del córtex embrionario humano	El desarrollo de la corteza cerebral depende del preciso control espacio-temporal de la expresión de genes de desarrollo. La mayoría de las mutaciones asociadas a trastornos cerebrales (e.g. autismo, esquizofrenia y trastorno bipolar) mapean en regiones no codificantes del genoma y varios estudios sugieren que podrían perturbar la actividad de elementos reguladores relacionados con el control transcripcional de dichos genes. Sin embargo, la investigación de los efectos de estas mutaciones se ve obstaculizada por la divergencia genética y de desarrollo entre el humano y otras especies modelo, y las limitaciones de los modelos animales y técnicas de transgénesis para la caracterización de las secuencias reguladoras. Los organoides cerebrales, son cultivos 3D que reproducen el desarrollo y la organización de la corteza cerebral embrionaria, permitiendo combinar la edición genética de células iPS humanas con el estudio de aspectos específicos del desarrollo de esta estructura en nuestra especie. En base al análisis de datos epigenéticos y de estudios clínicos, hemos seleccionado nueve secuencias reguladoras asociadas a genes de neurodesarrollo y para las cuales se han mapeado polimorfismos relacionados con diversos trastornos cognitivos. Además, hemos implementado una metodología de transgénesis que supera las limitaciones de las técnicas clásicas, al integrar en una posición específica del genoma una única copia de una construcción reportera para la secuencia candidata, permitiendo así comparar la actividad de versiones patogénicas y no de la misma. Nuestros resultados indican que al menos ocho de nuestras nueve secuencias muestran actividad enhancer en ensayos de transgénesis. En este proyecto combinaremos el uso de organoides cerebrales humanos con la metodología de transgénesis antes mencionada para: (i) caracterizar detalladamente la actividad de las secuencias reguladoras candidatas durante el proceso de neurogénesis cortical humana, y (ii) evaluar si las mutaciones en estas secuencias, asociadas con trastornos cognitivos, afectan su actividad enhancer. Finalmente, (iii) eliminaremos, mediante CRISPR tres de estas secuencias, asociadas con el gen FOXP1 (un FT clave para el desarrollo de la corteza cerebral). La persona seleccionada adquirirá experiencia en el cultivo y edición genética de células iPS y organoides cerebrales humanos, y en técnicas para el análisis de poblaciones de precursores neuronales y e de la expresión génica.	<a href="http://www.cbm.csic.es/beccari">http://www.cbm.csic.es/beccari</a>
JAEINT24_EX_1023	BECERRO NIETO, ANA ISABEL	anieto@cmse.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIA DE MATERIALES DE SEVILLA	Síntesis de nanopartículas para el diagnóstico clínico	Las técnicas de diagnóstico médico por imagen han experimentado un enorme desarrollo en las últimas décadas, pasando de la radiografía convencional al TAC (Tomografía axial computarizada) y la Resonancia Magnética, entre otras técnicas novedosas bien conocidas. Para mejorar la relación señal/ruido de las imágenes se emplean con frecuencia sustancias exógenas, conocidas como sondas o agentes de contraste, que aumentan significativamente la nitidez de la imagen y por ende la fiabilidad del diagnóstico médico. En la última década ha experimentado un gran auge la investigación sobre otra técnica de imagen conocida como imagen luminiscente (IL), que se basa en el empleo de sondas luminiscentes (pigmentos orgánicos, puntos cuánticos o nanopartículas inorgánicas, fundamentalmente) para obtener una imagen luminosa del tejido u órgano que se desea observar. Las sondas que se emplean actualmente, tanto en clínica para TAC y Resonancia como en laboratorio para IL, presentan ciertos inconvenientes relacionados con su eficiencia, biodistribución y toxicidad por lo que es necesario el desarrollo de nuevas sondas con propiedades mejoradas. El plan de formación del becario JAE Intro se enmarca en la optimización de sondas, basadas nanopartículas inorgánicas, para diferentes técnicas de imagen (TAC, Resonancia e IL). El grupo de investigación "Materiales Coloidales" ( <a href="https://colmat.icms.us-csic.es/">https://colmat.icms.us-csic.es/</a> ) en el que se integrará el estudiante posee una larga experiencia en esta línea de investigación, como demuestran sus proyectos y publicaciones de la última década, estas últimas en revistas de alto impacto. El estudiante, siempre guiado por su director, se iniciará en diferentes tareas de laboratorio que le permitirán conocer distintos métodos de síntesis de nanopartículas, así como diferentes técnicas de caracterización de las mismas como la microscopía electrónica, difracción de rayos X, espectroscopía infrarroja y luminiscencia, entre otras. El estudiante se integrará, desde el comienzo de la beca, en las actividades de las dos Redes a las que pertenece actualmente nuestro grupo investigación (Conexión Nanomedicina y Red de investigación Diamond), lo que le permitirá ampliar su conocimiento sobre las líneas de investigación de otros laboratorios del CSIC, íntimamente relacionadas con su tema de trabajo, abriendo así su perspectiva y visión sobre esta área y aumentando las posibilidades de continuar la carrera investigadora.	<a href="https://colmat.icms.us-csic.es/">https://colmat.icms.us-csic.es/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0115	BEDIA GIRBES, CARMEN	carmen.bedia@csic.es	INSTITUTO DE DIAGNÓSTICO AMBIENTAL Y ESTUDIOS DEL AGUA	Every breath you take. The importance of studying the impact of air pollutants on brain and lung cells.	Air pollution poses a significant threat to global populations, with nearly all individuals (99%) worldwide breathing air that exceeds the World Health Organization (WHO) guideline limits, containing elevated levels of pollutants. Common sources of air pollution include household combustion devices, motor vehicles, industrial facilities, and forest fires. Major public health concerns stem from pollutants such as particulate matter, carbon monoxide, ozone, nitrogen dioxide, and sulfur dioxide. Both outdoor and indoor air pollution contribute to respiratory and other diseases, leading to substantial morbidity and mortality. Furthermore, emerging research suggests a link between air pollution and neurodevelopmental alterations, as well as neurodegenerative diseases. However, studies investigating the direct association between air chemical composition and the specific health impacts of pollutants or sources are still scarce. In this project, our objective is to elucidate these relationships by employing comprehensive chemical characterization of air pollutants and utilizing physiologically relevant cell models to simulate in vivo conditions. This approach aims to better understand the causality between air pollution and health effects. The selected candidate will receive multidisciplinary training in atmospheric chemistry and cell biology techniques. On one hand, he/she will analyze atmospheric particulate matter in filter samples from diverse locations and seasons to characterize their organic and inorganic chemical composition. Training will encompass sample extraction and gas chromatography coupled with mass spectrometry techniques. On the other hand, to evaluate the health impact of sample pollutants, the candidate will learn cell culture methods to expose various human cell lines to the obtained air filters. He/she will assess cell viability, production of reactive oxygen species, and other toxicity outcomes to gain insights into the hazardous nature of air samples. Additionally, the candidate will conduct lipidomics studies on different cellular populations to analyze changes in lipid composition, providing further insight into the impact of pollutants on health homeostasis. This integrated approach will facilitate the identification of key relationships between air pollutants and specific biological effects on cells, thereby enhancing our understanding of the impact of air pollution sources on brain and lung health.	<a href="https://www.idaea.csic.es/research-group/chemometrics/">https://www.idaea.csic.es/research-group/chemometrics/</a>
JAEINT24_EX_1106	BELANDIA GOMEZ, BORJA	bbelandia@ib.uam.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES BIOMEDICAS SOLS-MORREALE	Búsqueda de nuevas dianas y marcadores en patología sarcomatoide: Implicaciones en quimio, radio e inmunoterapia.	Alteraciones en diferentes vías de señalización celular pueden participar en los procesos de transformación celular y también modular la respuesta del cáncer a su terapia. Nuestro grupo estudia el papel de la señalización dependiente de MAPKs en el sarcoma humano. Basándonos en proyectos anteriores de nuestro grupo, tenemos pruebas de que la vía ERK5 es un actor clave en la sarcomagenesis desencadenada por un carcinógeno químico como el 3-metilcolantreno (3MC) en modelos murinos. Utilizando enfoques genómicos (RNAseq) hemos podido encontrar una variación de más 500 genes diferencialmente expresados en ausencia de ERK5 que pueden justificar la naturaleza oncogénica de esta vía, así como sus implicaciones en diagnóstico y terapia. Estos genes están relacionados con procesos biológicos clave para la biología tumoral como la angiogénesis, la motilidad, el anclaje, la estabilidad genómica o el control transcripcional. De hecho, hemos podido demostrar el papel de algunos de ellos, como KLF2 o VCAN. Posteriormente hemos generado modelos celulares en líneas celulares humanas derivadas de patología sarcomatoide mediante técnicas de interferencia dirigida contra ERK5 (CRISPRi, shRNA) o edición génica (CRISPR/Cas9) y hemos analizado su firma génica basada en el perfil transcriptómico obtenido mediante RNAseq. Además, hemos utilizado inhibidores químicos específicos de ERK5 con el objeto de saber qué genes son regulados por su actividad quinasa y cuáles de forma independiente de dicha actividad, de cara a identificar aquellos genes que puedan ser diana de intervención farmacológica. Estas firmas están siendo validadas en términos de biología tumoral, diagnóstico y respuesta terapéutica incluyendo tanto quimio como radio o inmunoterapia. En una siguiente fase analizaremos genes específicos incluidos en la firma mediante aproximaciones genéticas (sobrexpresión, shRNA, CRISPRi, CRISPRa) y posterior estudio de efectos en la biología de las células tumorales (alteraciones en proliferación, migración, invasividad, resistencia a tratamientos anti-tumorales in vitro). La consecución de estos objetivos permitirá establecer nuevos biomarcadores que favorezcan un diagnóstico y una terapia más personalizada en la patología sarcomatoide. Buscamos un candidato con interés en comenzar una carrera científica que se incorporará a un laboratorio de investigación biomédica, con amplia experiencia	<a href="https://www.ib.uam.es/web/ibim/departamentos?p_id=APGIportlet_WAR_IBMappPortlets_INSTANCE_kZizqVB9jPM&amp;p_p_lifecycle=0&amp;_APGIportlet_WAR_">https://www.ib.uam.es/web/ibim/departamentos?p_id=APGIportlet_WAR_IBMappPortlets_INSTANCE_kZizqVB9jPM&amp;p_p_lifecycle=0&amp;_APGIportlet_WAR_</a>
JAEINT24_EX_1381	BELLO, FRANCESCO DE	fradel@ext.uv.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES SOBRE DESERTIFICACION	Respuesta de la biodiversidad al cambio climático y sus efectos sobre la estabilidad de los ecosistemas	Invitamos estudiantes a formar parte de un proyecto apasionante que ofrece múltiples opciones para explorar bases de datos de series temporales de vegetación en diversos lugares del mundo. Por un lado, la base de datos LOTVS (Long Term Vegetation Sampling), disponible en <a href="https://lots.csic.es/">https://lots.csic.es/</a> , ofrece un extenso repertorio de series temporales de vegetación. Con presencia en más de 90 localidades alrededor del planeta y con más de 10,000 puntos de muestreo, LOTVS ha sido meticulosamente cruzada con otras bases de datos de atributos funcionales y filogenia a nivel global. Por otro lado, la iniciativa Red Bioclima de parcelas permanentes en la Comunidad Valenciana, disponible en <a href="https://mediambient.gva.es/es/web/cief/xarxa-bioclima-seguiment-de-la-biodiversitat">https://mediambient.gva.es/es/web/cief/xarxa-bioclima-seguiment-de-la-biodiversitat</a> , proporciona una valiosa oportunidad para comprender los patrones de respuesta de la vegetación y su fenología. Esta iniciativa se complementa con una aplicación de ciencia ciudadana, la App Bioclima, disponible en <a href="https://www.csic.es/actualidad-del-csic/bioclima-la-nueva-aplicacion-movil-del-csic-para-monitorizar-el-ciclo-de-vida-de-las-plantas-ya-esta-disponible">https://www.csic.es/actualidad-del-csic/bioclima-la-nueva-aplicacion-movil-del-csic-para-monitorizar-el-ciclo-de-vida-de-las-plantas-ya-esta-disponible</a> . Este conjunto de información brinda la oportunidad única de poner a prueba diversas hipótesis sobre la respuesta de la biodiversidad al cambio climático y la estabilidad de los ecosistemas. Este proyecto se enfoca en el desarrollo de nuevas técnicas de muestreo con cámaras espectrales, meta-análisis y la aplicación de índices de estabilidad. Buscamos estudiantes motivados para unirse al equipo y aprender a calcular diversos índices, así como aplicar análisis de datos utilizando la plataforma de software libre R. Esta es una oportunidad excepcional para contribuir a investigaciones pioneras a escala global. Responsabilidades: • Desarrollar técnicas de muestreo innovadoras con cámaras espectrales. • Realizar meta-análisis de datos. • Aplicar índices de estabilidad para analizar patrones de vegetación. • Colaborar en la elaboración de informes y publicaciones científicas. Requisitos: • Conocimientos básicos de bases de datos y análisis de datos. • Interés en la ecología, el cambio climático y la biodiversidad. • Capacidad para trabajar de forma autónoma y en equipo. • Experiencia previa con R (deseable, pero no obligatoria).	<a href="https://functionaldiversitylab.com/">https://functionaldiversitylab.com/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0922	BELLVER MARTINEZ, JOSE	jbellver@eea.csic.es	ESCUELA DE ESTUDIOS ARABES	Corrientes místicas y sufíes en al-Andalus	El objetivo de la acción es introducir en la investigación de las corrientes místicas y sufíes que florecieron en al-Andalus. El plan de formación se estructura en torno a cinco ejes no necesariamente consecutivos en el tiempo. Estos son: a. Familiarización con la literatura secundaria fundamental del campo; b. Familiarización con fuentes primarias editadas identificando los autores principales, géneros, períodos, corrientes y temas; c. Familiarización con bases de datos bibliográficas y corpora textuales digitales; d. Familiarización con el manejo de fuentes manuscritas y la edición de textos; e. Redacción de (i) una reseña en inglés o castellano y (ii) de un artículo de investigación preferiblemente en inglés. La formación será eminentemente práctica y estructurada en torno a la redacción de dos trabajos académicos (una reseña y un artículo de investigación) que serán publicados en revistas académicas internacionales de reconocido prestigio. La formación se estructurará en torno a dos o tres seminarios semanales de una hora con el investigador responsable en los que, en primer lugar, se introducirá al estudiante a los principales autores, géneros, períodos y temas del campo, así como a la literatura secundaria, los principales investigadores en el campo y sus metodologías. Tras esta primera fase, la formación tomará un cariz más práctico y se introducirá al estudiante en las diversas herramientas usadas habitualmente en la investigación: bases de datos, herramientas bibliográficas, corpora digitales, OCRs, gestores de notas, herramientas para la edición crítica, etc. Por último, se tutorizará al estudiante en la redacción de trabajos académicos. La temática del artículo puede ser propuesta por el estudiante o pactada con el investigador responsable. La frecuencia de las reuniones de trabajo puede aumentar durante la fase de redacción del artículo. En paralelo, a lo largo de la duración de la acción, el estudiante se familiarizará con la lectura de manuscritos orientales y occidentales, análisis de sus paratextos, edición de textos e investigación en catálogos de manuscritos online y en papel. Los seminarios irán acompañados de la asignación de lecturas tomadas de fuentes primarias y secundarias. Éstas serán de carácter introductorio en primera instancia, para pasar más tarde a lecturas vinculadas a la redacción de la reseña y el artículo de investigación. Estas lecturas serán posteriormente discutidas con el investigador responsable.	<a href="https://www.csic.es/es/investigacion/grupos-de-investigacion/grupo-de-filologia-historiografia-y-critica-textual">https://www.csic.es/es/investigacion/grupos-de-investigacion/grupo-de-filologia-historiografia-y-critica-textual</a>
JAEINT24_EX_0249	BENEDE PEREZ, SARA	s.benede@csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACION EN CIENCIAS DE LA ALIMENTACION	Estudio del impacto de la ingestión de nanoplasticos en la digestibilidad y alergenicidad de proteínas alimentarias	El/la candidato/a se integrará en el grupo de Alergia a Alimentos del Instituto de Investigación en Ciencias de la Alimentación. Se trata de un grupo de investigación muy dinámico y con alta capacidad para obtener financiación de proyectos nacionales e internacionales, así como contratos de personal en investigación. Se puede consultar más información sobre el grupo en el siguiente enlace: <a href="https://alergia-alimentos.csic.es/el-grupo-de-investigacion-alergia-a-alimentos/">https://alergia-alimentos.csic.es/el-grupo-de-investigacion-alergia-a-alimentos/</a> . El/la candidato/a trabajará en un proyecto de investigación financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación cuyo objetivo es evaluar el impacto de los nanoplasticos en la salud humana, y más concretamente en nuestro sistema inmune y en su respuesta frente a alérgenos alimentarios. La presencia de nanoplasticos en los alimentos se considera un riesgo emergente en la Unión Europea y a día de hoy se desconoce el efecto que estas partículas pueden tener en nuestro organismo, por lo que hay una necesidad urgente de investigar en esta área. El/la candidato/a se centrará en estudiar la influencia de los nanoplasticos en la alergenicidad de proteínas alimentarias y podrá aprender técnicas cromatográficas, electroforéticas, inmunológicas, de citometría de flujo, cultivos celulares y experimentación animal. Se realizarán digestiones gastrointestinales simuladas de proteínas alimentarias alérgicas en presencia de nanoplasticos, y se evaluará su influencia en la digestibilidad e inmunogenicidad de los productos resultantes. También se estudiará la habilidad de los digeridos de ser transportados a través del epitelio intestinal utilizando modelos in vitro, y su capacidad de activar células del sistema inmune innato mediante cultivos celulares utilizando células inmunes aisladas de sangre de pacientes alérgicos a alimentos.	<a href="https://alergia-alimentos.csic.es/">https://alergia-alimentos.csic.es/</a>
JAEINT24_EX_0552	BENEDICTO ESPAÑOL, IGNACIO	ignacio.benedicto@cib.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS MARGARITA SALAS	Impacto del envejecimiento en la respuesta biomecánica de las células endoteliales	El envejecimiento progresivo de la sociedad es uno de los fenómenos demográficos más destacados de nuestros tiempos. Por ello, el envejecimiento y las enfermedades asociadas a la edad constituyen importantes desafíos sanitarios, sociales y económicos que es necesario afrontar con urgencia. Las células endoteliales vasculares (CEs) que recubren el interior de los vasos sanguíneos no son solo conductos pasivos para el suministro de sangre. Las CEs también desempeñan funciones específicas de tejido al proporcionar conjuntos de factores angiocrinos altamente especializados en diferentes ubicaciones del cuerpo. Estos factores son esenciales para la comunicación intercelular entre las CEs y otros tipos celulares, ya que desempeñan funciones clave en el mantenimiento de la homeostasis y la regeneración de órganos. Además, las CEs son células altamente mecanosensibles que transducen estímulos mecánicos ambientales en señales bioquímicas que controlan la expresión génica y la función celular. La mecanotransducción endotelial es clave para mantener la homeostasis vascular y responder adecuadamente a estímulos mecánicos fisiológicos y patológicos. El objetivo del proyecto es estudiar cómo el envejecimiento afecta a la respuesta biomecánica de las CEs. Dichas alteraciones podrían impedir el correcto funcionamiento de los órganos envejecidos en condiciones normales y de estrés, contribuyendo al desarrollo de enfermedades asociadas a la edad. Para ello desarrollaremos modelos in vitro de envejecimiento endotelial y sometemos las CEs a estrés mecánico para estudiar posibles alteraciones moleculares y funcionales en la respuesta biomecánica. El/la estudiante adquirirá los siguientes conocimientos experimentales: mantenimiento de cultivos celulares de CEs primarias humanas, modelos in vitro de envejecimiento endotelial, ensayos de estrés mecánico, manipulación de la expresión génica mediante transfección y/o transducción viral, análisis del transcriptoma mediante RNAseq y estudios bioinformáticos, ensayos de biología molecular (RT-qPCR, Western blot, ELISA) y celular (citometría de flujo, inmunofluorescencia, microscopía confocal). Además, en el CIB tendrá la oportunidad de asistir a múltiples seminarios formativos relativos al proyecto y de interaccionar activamente con investigadores expertos en el área y estudiantes en formación.	<a href="https://www.cib.csic.es/es/departamentos/biomedicina-molecular/envejecimiento-vascular">https://www.cib.csic.es/es/departamentos/biomedicina-molecular/envejecimiento-vascular</a>



REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1555	BENITEZ LOPEZ, ANA	ana.benitez@mncn.csic.es	MUSEO NACIONAL DE CIENCIAS NATURALES	The influence of foraging behaviour and traits of neotropical frugivores on interaction outcomes for plant species with varying fruit and seed traits	Understanding the effectiveness of frugivores in seed dispersal is crucial for ecosystem functioning and plant population dynamics. The balance between seed predation and seed dispersal interactions plays a crucial role in plant regeneration, where frugivores are typically classified into either seed predator or seed disperser categories based on their primary impact on seeds. However, many frugivores exhibit a spectrum of behaviors, ranging from seed predation to seed dispersal, depending on various factors such as fruit morphology, seed size, frugivore body size and gape size, or handling capacity (Draxler and Kissling 2022. Biol. Rev. 97). This nuanced understanding underscores the complexity of frugivore-plant interactions and the need for more accurate classification schemes to capture the full breadth of their ecological role in tropical forest regeneration. In this project, we aim to characterize frugivore foraging patterns and their implications for seed dispersal, focusing on different woody plant species with differing fruit and seed traits: from small-seeded to large-seeded tree species (e.g., Euterpe sp., Pourouma sp., Virola sp., Iryanthera sp., Pouteria sp.). Specifically, the student will use camera-trap videos in six terra firme forests in Western Amazonia (Brazil) to visualize the interactions between ground-dwelling and arboreal vertebrates (primates, tucans, tapirs...) and focal plant species. Through detailed analysis of these interactions, the student will elucidate frugivore foraging behaviors, and will annotate visitation frequency, duration of visits, and rates of fruit consumption across different plant trait species. Furthermore, he/she will explore how intrinsic frugivore traits, such as body size, gape width and seed handling capacity, influence foraging patterns, thereby shaping the outcomes of fruit-frugivore interactions for plant species exhibiting varying fruit and seed morphology. The student will acquire a large set of competences in both behavioural and community ecology, develop analytical skills to derive a new index to better classify frugivorous species, learn how to implement AI for speeding up camera trap video classification (Microsoft Megadetector), and will use dedicated software for camera trap data management (TimeLapse). Depending on the student's performance and interests, he/she will develop his/her scientific writing skills by leading a scientific article to be published in a peer-reviewed journal.	<a href="https://www.anabenitezlopez.com/">https://www.anabenitezlopez.com/</a>
JAEINT24_EX_1637	BERGANZA EGUIARTE, EIDER	eider.berganza@csic.es	INSTITUTO DE CIENCIA DE MATERIALES DE MADRID	Multifunctional Metalorganic Framework based 3D printed micromotors	Smart microdevices are systems that integrate advanced technologies to perform specific functions, with the capability to sense, process information, and actuate in a responsive and perform different functions. Advances in microfabrication constitute a key for the technological progress of miniaturized devices. The general objective of the project is to explore new pathways to integrate functionality to 3D microdevices, combining the potential of 2-photon-lithography for the creation of intricate polymeric microstructure as scaffolds, plus the addition of magnetic components for non-contact guidance and the versatility and features of MOF as powerful absorbents for the delivery of drugs in-vivo. The incorporation of functionalities to the surface of the structures require the exploration of different approaches or binding strategies to add the desired functional materials. Different microstructures of 3D complex shapes (	<a href="https://wp.icmm.csic.es/gnmp/">https://wp.icmm.csic.es/gnmp/</a>
JAEINT24_EX_0944	BERMEJO ALVAREZ, PABLO	bermejo.pablo@inia.csic.es	INSTO. NAC. DE INVESTIG Y TECNOLOGIA AGRARIA Y ALIMENTARIA	Uso de la tecnología CRISPR para entender la biología del desarrollo	La estancia permite aprender las técnicas de embriología y de modificación del genoma que el grupo emplea para estudiar distintos procesos de la biología del desarrollo, fundamentalmente en la especie bovina. La línea de investigación del grupo está encaminada a mejorar la eficiencia reproductiva en ganadería y a servir como modelo de embriología humana para entender procesos básicos de biología del desarrollo y probar nuevas técnicas aplicables a la reproducción asistida humana. Las técnicas de embriología incluyen la aspiración y selección de ovocitos, la maduración, fecundación y cultivo in vitro y el análisis del desarrollo embrionario mediante esteromicroscopía. La modificación del genoma tiene por objeto la eliminación (KO) de genes candidatos potencialmente implicados en procesos del desarrollo y se lleva a cabo mediante microinyección de los componentes del sistema CRISPR en ovocitos. El análisis del desarrollo incluye el aprendizaje de técnicas de inmunofluorescencia, microscopía de fluorescencia con equipos de iluminación estructurada y empleo de software de tratamiento de imágenes. El genotipado de los embriones modificados genéticamente se lleva a cabo mediante secuenciación masiva y análisis bioinformático. Además del aprendizaje de las técnicas descritas, el candidato podrá observar otras técnicas de manejo de animales como la administración de fármacos por distintas vías y transferencia de embriones en ratones, conejos y ovejas. El grupo de investigación está financiado por proyectos regionales, nacionales y europeo (Proof of Concept, ERC).	<a href="https://www.inia.es/investigacion/animal/Reproduccion/Ingenier%C3%ADa%20gen%C3%B3mica%20animal/Pages/Home.aspx">https://www.inia.es/investigacion/animal/Reproduccion/Ingenier%C3%ADa%20gen%C3%B3mica%20animal/Pages/Home.aspx</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0551	BERMEJO MORENO, RODRIGO	rodrigo.bermejo@csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS MARGARITA SALAS	Arquitectura funcional de la protección de horquillas de replicación	La replicación del ADN es un proceso esencial para la vida. No obstante, está sujeta a riesgos que pueden dar lugar en cambios en la información genética y en la estructura de los cromosomas. En particular, las células pre-cancerosas sufren un estrés replicativo continuado, debido a la desregulación de oncogenes o supresores tumorales, que contribuye de manera decisiva al establecimiento de la inestabilidad genómica y la progresión de la enfermedad. De acuerdo con esta noción, mutaciones en genes implicados en la replicación y en la respuesta al daño en el ADN se asocian a patologías humanas como el cáncer y síndromes del desarrollo caracterizados por inestabilidad genómica. El proyecto formativo para esta ayuda JAE-intro se centrará en la comprensión detallada de la función de factores (helicadas, topoisomerasas, factores de reparación, proteínas de respuesta al daño) que son reclutados a horquillas de replicación para garantizar la estabilidad del genoma en células sometidas a estrés replicativo. Recientemente el grupo ha puesto a punto una metodología genómica puntera que permite determinar con precisión como proteínas de interés se asocian a las distintas cadenas que conforman las horquillas de replicación (hebras líder o rezagada, hebras parentales...). Este hito ha revelado cómo distintos factores ejercen más de una función para la protección de horquillas, determinada por su asociación física con los distintos actores de la maquinaria replicativa. Durante el proyecto formativo, se utilizarán herramientas novedosas de Inteligencia Artificial, como AlphaFold multimer, para generar modelos estructurales predictivos de la interacción entre factores protectores del genoma y las proteínas que los dirigen a la horquilla. Estos modelos serán validados in vivo mediante la construcción de mutantes puntuales de "separación de cadena", basados en los modelos generados por AlphaFold. Tras su validación experimental, estos mutantes serán utilizados para revelar las distintas funciones específicas que estos factores desempeñan en la protección de horquillas, utilizando genética molecular y aproximaciones genómicas para el estudio de la replicación de cromosomas, de manera que establezca su contribución a la arquitectura funcional en la protección de horquillas.	<a href="https://www.cib.csic.es/departamentos/biologia-celular-y-molecular/replicacion-del-adn-e-integridad-del-genoma">https://www.cib.csic.es/departamentos/biologia-celular-y-molecular/replicacion-del-adn-e-integridad-del-genoma</a>
JAEINT24_EX_1121	BERNABEU LORENZO, MANUEL	mbernabeu@iata.csic.es	INSTITUTO DE AGROQUÍMICA Y TECNOLOGÍA DE ALIMENTOS	Caracterización de cepas de enterobacterias presentes en la microbiota infantil: influencia de la prematuridad, lactancia y exposición a antibióticos	La microbiota neonatal es un complejo ecosistema bacteriano que realiza actividades relacionadas con la nutrición, metabolismo y estimulación del sistema inmune, afectando al desarrollo del niño durante las distintas etapas del crecimiento. La microbiota materna es el principal inóculo para la microbiota neonatal y factores como tipo de parto, prematuridad, exposición a antibióticos y tipo de lactancia van a influir en la evolución de la microbiota del neonato. Esta transmisión vertical de bacterias entre madres e hijos lleva implícita la potencial transferencia de genes de resistencia a antibióticos que pueden tener un efecto importante en el establecimiento de las comunidades bacterianas en el intestino neonatal. Las enterobacterias se encuentran entre los primeros colonizadores del intestino de los neonatos. Los miembros de esta familia, como Escherichia y Klebsiella, se consideran patógenos y, como tales, son capaces de inducir enfermedades locales y sistémicas en circunstancias de colonización específicas. Además, son las mayores portadoras de genes de resistencia a antibióticos y elementos genéticos móviles, actuando como reservorio en nuestra microbiota y siendo un problema de salud pública ya que potencialmente pueden contribuir a la mortalidad neonatal. La interacción entre la microbiota temprana en desarrollo y la función patógena/comensal de estos microorganismos no se conoce bien. En esta propuesta queremos investigar la interacción microbiota y lactancia materna, centrándonos en el papel de los oligosacáridos (HMOs), que tienen múltiples efectos beneficiosos como proteger contra la patogénesis de enterobacterias y bloquear la entrada de virus intestinales. Para ello, se realizarán aislamientos dirigidos mediante medios selectivos de cepas de E. coli y Klebsiella presentes en muestras de heces y leche materna de la cohorte MAMI y de una cohorte de niños prematuros. De los aislados, se realizará una caracterización fenotípica incluyendo: 1) Evaluación de la capacidad de adhesión a mucina; 2) Perfil de resistencias a antibióticos; 3) Identificación de factores de virulencia; 4) Inducción de inflamación mediante empleo de modelos celulares con líneas reporteras; 5) Monitorización de cinética de crecimiento en presencia de HMOs, entre otros. Estos resultados se complementarán con aproximaciones genómicas y nos ayudarán a comprender el papel de estas bacterias en el intestino neonatal y el papel protector de los compuestos de la leche materna.	<a href="https://www.iata.csic.es/personal/maria-carmen-collado-amores">https://www.iata.csic.es/personal/maria-carmen-collado-amores</a>
JAEINT24_EX_0579	BERNAL BERENGUER, SUSANA	sbernal@ceab.csic.es	CENTRO DE ESTUDIOS AVANZADOS DE BLANES	Viajando en espiral: entradas de nutrientes y su procesamiento biogeoquímico a lo largo de una red fluvial con distintos usos del suelo.	Los usos del suelo influyen sobre la cantidad de nitrógeno (N) y fósforo (P) que llega desde los ecosistemas terrestres a la red de fluvial. Durante su transporte hacia el mar, las entradas de N y P pueden procesarse biogeoquímicamente, lo que eventualmente puede mejorar la calidad del agua. Este potencial de autodepuración del río cambia sustancialmente dependiendo del tiempo de residencia del agua y la capacidad bioactiva del ecosistema, características que fluctúan en el tiempo y el espacio en respuesta a factores externos e internos. En esta propuesta JAE-Intro, la persona candidata tendrá ocasión de combinar diferentes enfoques empíricos para estudiar el potencial de procesamiento de N y P en La Tordera, una cuenca mediterránea intermitente que drena un mosaico de bosques, campos agrícolas y áreas urbanas. Nos enfocaremos en las subcuencas más representativas y los resultados obtenidos se combinarán con datos hidrológicos históricos para inferir hasta qué punto el procesamiento biogeoquímico puede modificar los flujos de N y P a lo largo de la red fluvial. Se recomienda tener habilidades básicas de programación en R y GIS, pero no es obligatorio. La persona candidata aprenderá cómo diseñar y llevar a cabo estudios experimentales, y analizar series de datos. Los resultados obtenidos contribuirán a una mejor comprensión de cómo los procesos biogeoquímicos en ecosistemas fluviales influyen sobre los flujos de N y P a escala de red fluvial en condiciones hidrológicas contrastadas y distintos usos del suelo.	<a href="https://www.ceab.csic.es/persona/susanna-bernal-berenguer/">https://www.ceab.csic.es/persona/susanna-bernal-berenguer/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0502	BERNUES MARTINEZ, JORGE	jbmbmc@bmb.csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA MOLECULAR DE BARCELONA	Análisis funcional de las histonas linker HI en Drosophila	Nuestro grupo lleva más de 10 años trabajando sobre el papel funcional y estructural de la histona linker HI. En Drosophila hay dos isoformas de HI, una somática (HI) y una de la línea germinal (BigHI) que también se expresa en las fases iniciales del desarrollo embrionario. La falta de HI somática provoca daño en el DNA, apoptosis e inestabilidad genómica a través de la acumulación de híbridos RNA:DNA (R-loops) en heterocromatina (Vujatovic et al, 2012 Bayona-Feliu et al, 2017). Recientemente hemos hallado que la falta de HI afecta a la homeostasis de los RNA asociados a la heterocromatina, (Bujosa et al. 2024). Por el contrario la falta completa de BigHI parece no afectar nada ni en el embrión ni en la línea germinal y se compensa con la expresión temprana de HI. Una observación frecuente en el campo es que las isoformas somáticas de HI son redundantes pero poco o casi nada se ha estudiado entre las formas somáticas y germinales. Resultados preliminares nos indican que la depleción de HI se rescata largamente con la expresión ectópica de BigHI pero, por otra parte HI y BigHI se comportan de manera diferente tanto en su capacidad de formar condensados en solución (resultados no publicados) como en su efecto en transcripción (Climent-cantó et al, 2020). El tema que se propone consiste en profundizar en el aspecto de la posible redundancia funcional usando sistemas in vitro (ensayos de transición de fase líquido-líquido, líquido sólido con formas mutantes de ambas isoformas así como con cromatina reconstituida con ellas) e in vivo (analizando en la mosca los mecanismos por los que se rescata la depleción de HI). Bayona-Feliu A, Casas-Lamesa A, Reina O, Bernués J, Azorín F. Linker histone HI prevents R-loop accumulation and genome instability in heterochromatin. Nat. Commun. 2017 8:283 Bujosa P., Reina O., Caballé A., Casas-Lamesa A., Torras-Llort M., Pérez-Roldán J., Nacht A.S., Vicent G.P., Bernués J., Azorín F. (2024) Linker histone HI regulates homeostasis of heterochromatin associated cRNAs (en revisión) Climent-Cantó P, Carbonell A, Tatarski M, Reina O, Bujosa P, Font-Mateu J, Bernués J, Beato M, Azorín F. The embryonic linker histone dBigHI alters the functional state of active chromatin. Nucleic Acids Res. 2020 48:4147-4160 Vujatovic O, Zaragoza K, Vaquero A, Reina O, Bernués J, Azorín F. Drosophila melanogaster linker histone dHI is required for transposon silencing and to preserve genome integrity. Nucleic Acids Res. 2012 40: 5402	<a href="https://www.ibmb.csic.es/en/department-of-structural-and-molecular-biology/chromatin-structure-and-function/">https://www.ibmb.csic.es/en/department-of-structural-and-molecular-biology/chromatin-structure-and-function/</a>
JAEINT24_EX_1328	BERTALMIO BARATE, MARCELO JOSE	marcelo.bertalmio@csic.es	INSTITUTO DE OPTICA DAZA DE VALDES	A new paradigm for Artificial Neural Networks based on Vision Science	The colossal success of Artificial Neural Networks (ANNs) is the main driver of the meteoric rise of artificial intelligence of the past few years, and therefore it's probably not an overstatement to say that ANNs are quickly reshaping science, industry and society in general. For this reason it's of key importance to be aware of, and to tackle, the limitations presented by ANNs. The fundamental question addressed by this project is how to overcome the most critical limitations of ANNs, which can be characterized as a failure to emulate human vision abilities. The main goal of the project is to develop a new framework for ANNs whose behaviour is more similar to that of a human observer, in the sense that they become robust to adversarial attacks, easier to train, and have better generalization properties. In order to reach that goal the JAE-Intro grantee will pursue the following three objectives: - Design new components for ANNs using very recent results and techniques from vision science that go beyond the standard model. - Optimize the ANN components using as training data key experimental results from visual psychophysics. - Validate and fine-tune the new ANNs for core problems in computer vision. The young researcher beneficiary of the JAE-Intro scholarship will carry out his/her research in the context of a prestigious Fundamentos Research project of Fundación BBVA, led by supervisor Marcelo Bertalmio in collaboration with researchers from the universities of Tübingen (Germany) and Valencia (Spain): <a href="https://www.fbva.es/noticias/programa-fundamentos-investigacion-basica/">https://www.fbva.es/noticias/programa-fundamentos-investigacion-basica/</a>	<a href="https://www.io.csic.es/marcelo-bertalmio/">https://www.io.csic.es/marcelo-bertalmio/</a>
JAEINT24_EX_0512	BERZAL HERRANZ, ALFREDO	aberzalh@ipb.csic.es	INSTITUTO DE PARASITOLOGIA Y BIOMEDICINA LOPEZ NEYRA	El interactoma RNA/RNA en la infección de flavivirus. Información genética que no se traduce a proteínas.	Los genomas de virus RNA son moléculas multifuncionales que portan toda la información que requiere el virus para su ciclo infeccioso. Actúan como moldes de replicación, como mRNAs y ejercen funciones esenciales para la consecución del ciclo viral. Descubrir el mecanismo molecular de estas funciones y conocer las estrategias que utilizan los genomas para almacenar toda la información, constituye un problema científico de gran interés y relevancia. Estamos interesados en caracterizar los genomas de flavivirus, que incluyen patógenos responsables de importantes enfermedades en humanos como el dengue, zika o fiebre del Nilo. Su genoma es una molécula de RNA de cadena sencilla, rica en dominios cuyo plegamiento está universalmente conservado a pesar de la alta tasa de variación génica. Los dominios se constituyen por elementos estructurales y se han implicado en el control de los procesos biológicos esenciales para el virus: replicación, traducción, encapsidación. Ejercen funciones por sí mismos sin traducirse, portan una información complementaria a la que codifica proteínas. Su función la ejercen mediante interacciones con otros elementos estructurales, directamente o reclutando factores celulares o virales. Este conjunto de interacciones se denomina interactoma y determina el plegamiento global del genoma y sus cambios a lo largo del ciclo viral. La estructura del genoma determina su función. El interés de nuestro grupo es la caracterización funcional de elementos genómicos RNA en genomas de flavivirus. El objetivo es identificar la función de elementos genómicos esenciales. Esta información deberá ser de gran utilidad para esclarecer los mecanismos moleculares que regulan el ciclo viral e infeccioso. En paralelo la identificación de elementos esenciales abre un enorme abanico de potenciales nuevas dianas de acción antiviral distintas a las proteínas virales. El estudiante se familiarizará con aspectos generales de la biología molecular de los flavivirus, técnicas de cultivo celular y transfección de células con RNAs. Se integrará en nuestra línea de investigación, participando directamente, en la aplicación de técnicas punteras "ómicas", para el análisis del conjunto de interacciones RNA/RNA del genoma viral, combinando análisis estructural y secuenciación masiva de RNA. Durante la estancia nos comprometemos a tutorizar el TFM del estudiante y ofrecemos la posibilidad de continuar con la realización de una Tesis Doctoral.	<a href="https://www.ipb.csic.es/departamentos/aberzalh.html?depto=Dpto.deBiologiaMolecular">https://www.ipb.csic.es/departamentos/aberzalh.html?depto=Dpto.deBiologiaMolecular</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1258	BLANCH MANZANO, M.GRACIA	gblanch@ictan.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIA Y TECNOLOGIA DE ALIMENTOS Y NUTRICION	Elaboración de snacks ricos en antioxidantes a partir de maíz negro	Uno de los alimentos con elevado contenido de sustancias bioactivas, caracterizado por una gran cantidad de antioxidantes, es el maíz negro Millo corvo ( <i>Zea mays L.</i> ) (1). Se cultiva en la comarca del Morrazo (Pontevedra) donde tradicionalmente se emplea para elaborar productos típicos de la comarca. Nuestro laboratorio colabora con la Asociación Millo corvo, desde el año 2014, con el objetivo de contribuir a la conservación del patrimonio alimentario mediante la recuperación de este tipo de maíz. Por ello hemos elaborado diferentes productos como pan (1), galletas y tortitas (2) y magdalenas enriquecidas con estigmas de maíz. La extrusión de alimentos es una técnica muy versátil en la producción de alimentos. Dicho proceso puede inducir a la desnaturalización de ciertas proteínas y a la disminución del contenido algunas sustancias bioactivas. Sin embargo, se ha demostrado que la extrusión también produce una mejora en la bio-accesibilidad de carotenoides, flavonoides y la actividad antioxidante (3). Por este motivo, aplicarlo a la harina de maíz Millo corvo puede proporcionar un producto con un alto contenido antioxidante. El objetivo consistirá en la elaboración de snacks obtenidos a partir de harina de Millo corvo saludables y aptos para celíacos. Hemos realizado diferentes pruebas de extrusión de maíz negro obteniendo resultados satisfactorios. Sin embargo, es necesaria una optimización de las variables del proceso y la mejora del producto final en su sabor y textura. Se realizará la adición a la harina de aromas y sabores naturales, obtenidos a partir de subproductos de origen alimentario. Posteriormente, se caracterizarán empleando diferentes técnicas analíticas como la microextracción en fase sólida y análisis mediante cromatografía de gases acoplada a espectrometría de masas para el análisis de la fracción volátil y aroma y cromatografía de líquidos acoplada a espectrometría de masas para análisis de polifenoles, especialmente antocianinas. Además, se realizará un estudio sensorial de los alimentos con el objeto de proponer un producto que sea aceptado por parte de los consumidores. El trabajo a desarrollar permitirá a la candidata o candidato obtener una amplia experiencia en el campo de la Ciencia y Tecnología de los Alimentos así como de la Química Analítica. (1) Blanch et al 2021 DOI: 10.3390/foods10061202 (2) Blanch et al 2023 DOI:10.1002/jsfa.12697 (3) Hossain et al 2022 DOI:10.1016/j.foodres.2022.111821	<a href="https://www.ictan.csic.es/grupos-de-investigacion/tecnologias-innovadoras-para-el-estudio-de-compuestos-bioactivos-en-alimentos-enantiomet/">https://www.ictan.csic.es/grupos-de-investigacion/tecnologias-innovadoras-para-el-estudio-de-compuestos-bioactivos-en-alimentos-enantiomet/</a>
JAEINT24_EX_0835	BLANCO BENAVENTE, SANDRA	sandra.blanco@csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA MOLECULAR Y CELULAR DEL CANCER DE SALAMANCA	Regulación epitranscriptómica y metabolismo mitocondrial en procesos de resistencia a quimioterapia, nuevas estrategias terapéuticas	Nuestro interés se centra en identificar los mecanismos moleculares que regulan la supervivencia de células tumorales y que son responsables de la generación de resistencias a tratamientos. En base a nuestros hallazgos más recientes, proponemos el estudio de las modificaciones de ARN como la metilación del ARN (epitranscriptoma) como nuevos mecanismos moleculares que regulan los procesos de respuestas a tratamientos tumorales, con el objetivo de identificar nuevas estrategias terapéuticas que sensibilicen los tumores resistentes a tratamientos. Con el objetivo de identificar alteraciones en el epitranscriptoma en cáncer asociados a procesos de generación de resistencia a tratamientos quimioterapéuticos llevamos a cabo dos tipos de análisis funcionales. Por un lado se desarrollaron modelos celulares resistentes a quimioterapia. Adicionalmente, mediante el uso de tecnología CRISPR de activación, se llevó a cabo un análisis funcional en líneas celulares tumorales expuestas a quimioterapéuticos, y mediante secuenciación masiva se analizaron qué genes epitranscriptómicos confieren mayor resistencia a tratamientos quimioterapéuticos. La integración de resultados en ambos ensayos funcionales demostraron que la alteración de la expresión de enzimas modificadoras de ARN mitocondrial están altamente asociadas a procesos de resistencia a quimioterapia. Por tanto estos datos demuestran que procesos de producción de energía y metabolismo mitocondrial podrían estar implicados en la capacidad de resistencia a tratamientos tumorales de las células tumorales. Por ello proponemos este proyecto de formación que tiene como objetivo comprender el papel de las modificaciones de ARN mitocondrial en regular el metabolismo mitocondrial y así los procesos tumorales como la resistencia a tratamientos. Además se pretende determinar el potencial terapéutico de enzimas modificadoras de ARN mitocondrial en líneas celulares y en modelos murinos tras el tratamiento con agentes anti-tumorales. Para ello usaremos una combinación de técnicas de biología molecular y celular (clonaje, RT-PCR, PCR, western blot), inmunocitoquímica, citometría de flujo, modelos celulares de silenciamiento o sobre-expresión (CRISPR), análisis de ganancia/pérdida de función en metabolismo mitocondrial (Seahorse, análisis de la integridad del complejo de transporte de electrones, producción de ATP), proliferación, auto-renovación, toxicidad, migración e invasión en células, y en modelos murinos.	<a href="https://blancolab.csic.es/">https://blancolab.csic.es/</a>
JAEINT24_EX_0353	BLANCO CANOSA, JUAN BAUTISTA	juanb.blanco@csic.es	INSTITUTO DE QUIMICA AVANZADA DE CATALUÑA	Aproximaciones semisintéticas de la proteína Sonic Hedgehog.	Sonic Hedgehog (Shh) es una proteína morfogénica que regula el crecimiento de tejidos y órganos durante el desarrollo embrionario. En individuos adultos controla los niveles y la proliferación de células madre. Sin embargo, se ha detectado que la señalización aberrante de Shh conduce a la aparición y proliferación de tumores: glioblastoma, carcinoma de células basales y páncreas, entre otros. Se ha demostrado que la inhibición de Shh detiene el crecimiento tumoral y, por lo tanto, se ha convertido en un objetivo muy atractivo en la investigación del cáncer. No obstante, no existe ningún fármaco clínicamente aprobado que sea eficaz contra la proteína. Los principales problemas derivan de su estructura: Shh está formada por 174 residuos y modificada postraduccionalmente con un colesterol C-terminal y un palmitoil (C16) N-terminal, que dificulta su aislamiento y producción para estudios biofísicos y farmacológicos. La expresión recombinante es compleja porque las modificaciones postraducionales sólo pueden introducirse en presencia de enzimas altamente específicas y difíciles de producir. Nuestra idea es desarrollar una síntesis de Shh que combine una aproximación química y recombinante con el objetivo futuro de desarrollar inhibidores peptídicos mediante la tecnología de "phage display". Para ello, emplearemos síntesis peptídica en fase sólida, expresión de proteínas mediante la tecnología de las inteínas y la reacción de ligación química nativa (NCL). El objetivo final del proyecto será encontrar péptidos que inhiban la señalización de Shh y que puedan funcionar como fármacos antitumorales. El plan de formación del candidato consistirá en: 1. Síntesis en fase sólida de diferentes secuencias peptídicas de la región C-terminal que contienen colesterol y His6. 2. Purificación mediante HPLC y caracterización mediante LC-MS y MALDI de estos péptidos. 3. Expresión en <i>E. coli</i> de la proteína utilizando un vector que contiene la inteína GyrA. 4. Tioesterificación de la proteína expresada. 5. Ligación (NCL) de los péptidos a la proteína tioesterificada. 6. Caracterización mediante espectrometría de masas y dicroísmo circular de la proteína sintetizada. El candidato debe ser graduado en Química o Farmacia.	<a href="https://www.iqac.csic.es/research/departments/biological-chemistry/chemical-biology/">https://www.iqac.csic.es/research/departments/biological-chemistry/chemical-biology/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1546	BLAZQUEZ RODRIGUEZ, MIGUEL ANGEL	miguel.blazquez@csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA MOLECULAR Y CELULAR DE PLANTAS PRIMO YUFERA	Desvelando la función de enzimas aldo-ceto reductasas vegetales mediante el modelo <i>Marchantia polymorpha</i>	Las aldo-ceto reductasas (AKRs) son un amplio grupo de enzimas presente en casi todos los organismos y cuyo centro catalítico presenta tal flexibilidad que permite acoger una enorme variedad de sustratos. Esta característica explica por qué las AKRs se implican en funciones fisiológicas tan diversas, desde la detoxificación de fármacos y otras sustancias tóxicas a la biosíntesis de hormonas sexuales en humanos, donde se han caracterizado con detalle debido a su interés farmacológico. No obstante, las funciones fisiológicas de estas enzimas en plantas todavía se desconocen; los pocos estudios hasta la fecha principalmente han descrito cómo la sobreexpresión de AKRs en diferentes especies vegetales confiere protección frente a estreses abióticos. El objetivo de este trabajo será caracterizar funcionalmente aquellas proteínas de la especie <i>Marchantia polymorpha</i> que presentan una alta homología de secuencia con las AKRs más relevantes en humanos y <i>Arabidopsis thaliana</i> . Para ello seguiremos dos líneas de trabajo paralelas: -Generar mediante CRISPR/Cas9 líneas de <i>Marchantia polymorpha</i> knock-out (KO) para los diferentes genes de AKRs y analizar sus características fenotípicas. -Producir en la bacteria <i>Escherichia coli</i> formas recombinantes de las diferentes AKRs de <i>Marchantia polymorpha</i> para su purificación y posterior análisis funcional mediante ensayos enzimáticos in vitro.	<a href="https://plasticity.ibmcp.csic.es">https://plasticity.ibmcp.csic.es</a>
JAEINT24_EX_1041	BOADA GARCIA, JORDI	jboada@ceab.csic.es	CENTRO DE ESTUDIOS AVANZADOS DE BLANES	Efectos de la fragmentación en bosques marinos y capacidad de recuperación	La persona seleccionada participará en el desarrollo del estudio del efecto de la fragmentación de bosques marinos. El trabajo está alineado con el objetivo de comprender la resiliencia de hábitats costeros frente a impactos relacionados con el cambio global. En concreto, se evaluará el efecto de la fragmentación de bosques de macroalgas marinas de fondos someros sobre la diversidad de la comunidad algal i animal asociada. Específicamente las tareas a realizar serán: 1) Análisis de fragmentación en el campo. Estudio mediante transectos e mosaicado de imágenes aéreas tomadas con dron. 2) Análisis de muestras de biodiversidad en el laboratorio. Análisis de la comunidad de algas y animal asociada a los distintos niveles de fragmentación. 3) Evaluación de la fragmentación mediante programación. Cálculos de fragmentación mediante GIS o R que tengan en cuenta parámetros de composición del paisaje. 4) Análisis estadístico de recuperación de bosques marinos. Análisis de resistencia y resiliencia. La persona candidata se incorporará al grupo de ecología funcional de ecosistemas costeros, en el Centro de Estudios Avanzados de Blanes en el marco del proyecto COASTFRAG, financiado por Research Council of Norway. La persona candidata contará con la supervisión y colaboración del equipo Marine Forests; un equipo diverso formado por 4 investigadores e investigadoras, 4 personas en función de técnicas de investigación y que a la vez pertenece al grupo reconocido SGR MedRecover. Los resultados obtenidos se prepararán para su publicación en revistas de alto impacto en ecología. Por ello, la persona candidata participará también en la redacción de un manuscrito científico.	<a href="https://www.ceab.csic.es/es/grupos-recerca/funcionamiento-ecosistema-bentonico/">https://www.ceab.csic.es/es/grupos-recerca/funcionamiento-ecosistema-bentonico/</a>
JAEINT24_EX_0630	BOMBARELY GOMEZ, AURELIANO	abomgom@upvnet.upv.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA MOLECULAR Y CELULAR DE PLANTAS PRIMO YUFERA	Desarrollo de Herramientas Bioinformáticas para Anotación de Genomas de Plantas	El desarrollo de las tecnologías de secuenciación de fragmentos largos de ADN como son Oxford Nanopore y Pacific Biosciences en conjunción con la generación de datos topológicos (e.j., HiC) ha trasladado el cuello de botella de obtener genomas de calidad sobre la anotación de los genomas. La anotación de los genomas puede ser dividida en dos partes. La primera, llamada anotación estructural, consiste en la identificación de los elementos del genoma como son genes y regiones repetitivas. La segunda, llamada anotación estructural, consiste en la asociación de funciones a los modelos de genes identificados en la anotación estructural. Nuestro laboratorio ha participado en la secuenciación de genomas de cultivos tan populares como el tomate, la sandía, el tabaco, el calabacín, el aguacate y la chirimoya. También ha participado en la producción de genomas de plantas modelos como <i>Nicotiana benthamiana</i> . Además, participa en iniciativas internacionales para la secuenciación de la biodiversidad como es el European Research Genome Atlas (ERGA, <a href="https://www.erga-biodiversity.eu/">https://www.erga-biodiversity.eu/</a> ), siendo relevante su implicación en el comité de anotación de genomas. La participación en todos estos proyectos ha dejado de manifiesto la falta de herramientas para evaluar la calidad de la anotación de los genomas. El proyecto que proponemos consiste en evaluar herramientas de anotación funcional de última generación como las basadas en Aprendizaje Profundo (Deep Learning, DL) y Modelos de Procesamiento del Lenguaje (Natural Language Processing, NLP) aplicadas a genomas vegetales, así como el desarrollo de herramientas para evaluar y comparar los perfiles de ontologías de genes (Gene Ontologies, GO) creados por estas herramientas. Adicionalmente parte del proyecto se centrará en evaluar la anotación de rutas metabólicas usando este tipo de herramientas. Este proyecto está pensado para que el estudiante se familiarice con las metodologías comunes en el análisis bioinformático, y más específicamente con la anotación de genomas. El estudiante podrá desarrollar habilidades de ejecución de programas con líneas de comandos, programación con lenguajes y/o entornos como Perl, Python y R, análisis y visualización de datos e interpretación crítica de resultados. El estudiante aplicará estas habilidades en el contexto de la genética y biotecnología de plantas. Durante la duración del proyecto, el estudiante estará en contacto con la comunidad internacional de anotación de genomas.	<a href="https://ibmcp.upv.es/grupos-investigacion/bioinformatica-y-genomica-evolutiva/">https://ibmcp.upv.es/grupos-investigacion/bioinformatica-y-genomica-evolutiva/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0833	BORTOLOZZI BIASSONI, ANALIA	analia.bortolozzi@ibb.csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES BIOMEDICAS DE BARCELONA	Identification of miRNAs in the anterior cingulate cortex as a neurobiological substrate of depressive disorder and potential target for therapeutic a	Major depression (MDD) is one of the most common and devastating mental disorders. It affects up to 300 million people worldwide, twice as many women as men. It leads to a higher deterioration in the quality of life than any other illness, with significant social and economic costs. Antidepressants are the treatment of choice for moderate and severe cases, but the first ones prescribed are not always effective. As more treatment changes are necessary, this reduces the likelihood of recovery, which impacts sufferers, their environment, and society. Additionally, antidepressants can take several weeks to produce their effect, so it is key to find factors that can predict response as early as possible. At present, the molecular mechanisms and brain circuits underlying MDD remain poorly understood. The ventromedial prefrontal cortex (vmPFC) is a crucial brain region linked to MDD, and miRNAs are emerging as pivotal modulators of pathological states. Stressful childhood events, trauma, and other risk factors for depression produce changes in miRNA levels and may increase the likelihood of MDD or even hinder response to certain antidepressant treatments. However, relatively few studies have yet addressed the role of miRNAs in depression, and even fewer are related to the vmPFC, a key brain area in the control of emotion, mood, and cognition. This project proposes a translational study, with miRNAs being the key actor to work with, from a clinical and preclinical point of view, to understand their aberrant expression and modulate them in patients with MDD. Activities associated with the project: (1) Assessment of miRNA networks in cross-species (human/mouse) ACCIL with depression phenotype using miRNA-sequence, (2) in-depth neurobiological characterization of prioritized miRNAs in mouse IL using molecular biology procedures, optogenetics, ephys, in vivo microdialysis, and behavior, (3) evaluation of miRNAs as clinical biomarkers involving the measurement of miRNAs in plasma exosome vesicles (EVs) from patients with MDD/suicidal behavior. The student will acquire training in highly demanding neuroscience and psychiatric biology techniques. S/he will join a Systems Neuropharmacology research team, a pioneer in the field of mental disorders and their comorbidity with neurological diseases. The student will participate in seminars, and national and international congresses of Neurosciences and Mental Health - CIBERSAM.	<a href="https://www.ibb.csic.es/es/research/54">https://www.ibb.csic.es/es/research/54</a>
JAEINT24_EX_0205	BOTELLA CUBELLS, LUISA MARIA	cibluisa@cib.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLOGICAS MARGARITA SALAS	Caracterización molecular y celular de pacientes con cavernomatosis cerebral	Las malformaciones cavernosas cerebrales (CCM," Cerebral Cavernous Malformations"), cavernomatosis o cavernomas cerebrales son alteraciones vasculares que consisten en agrupaciones de vasos sanguíneos anormales en forma de cavernas con paredes delgadas sin estroma intermedio. Este tipo de malformaciones se originan entre venas y capilares, no afectando a tejido nervioso. Existen dos formas de cavernomatosis: familiar y esporádica. Los cavernomas esporádicos no son hereditarios, y aparecen de forma aislada, no constituyendo una enfermedad rara, puesto que afectan a 1 de cada 200-300 personas. La cavernomatosis familiar es una enfermedad rara hereditaria, autosómica, dominante, caracterizada por la presencia de malformaciones cavernosas cerebrales. Existen distintos tipos de esta enfermedad dependiendo del gen que esté alterado (CCM1/KRIT1, CCM2, CCM3) en la línea germinal. La forma de cavernomatosis familiar o hereditaria representa alrededor de un 20% de los casos totales de cavernomas, con una prevalencia estimada de 1 cada 10.000 casos. A partir de plasmas de pacientes afectados de cavernomatosis familiar o esporádico, se analizará la presencia de marcadores proteicos relacionados con enfermedades vasculares como endoglin, el factor de crecimiento vascular endotelial (VEGF), la presencia de marcadores inflamatorios como IL1-β, IL-6, y la búsqueda de microRNAs que puedan distinguir entre plasma control y de pacientes con cavernomas. Si es posible, se determinará correlaciones entre marcadores y el crecimiento o fase hemorrágica de los cavernomas. A partir de 50 ml de sangre periférica se harán gradientes de Ficoll, para separar plasma y fracción de leucocitos de sangre periférica. Una pequeña parte de los leucocitos se usará para extracción del ADN para diagnóstico genético en pacientes no diagnosticados con síntomas compatibles con cavernomatosis. El ADN se secuenciará mediante un panel de genes seleccionados relacionados con patologías vasculares entre los que se encuentran los 3 genes causantes de la cavernomatosis familiar: CCM1/KRIT1, CCM2 y CCM3 /PDCD10. El resto de leucocitos se cultivará en placas recubiertas de colágeno y medio de cultivo con factores de crecimiento endotelial para intentar obtener cultivos primarios de células endoteliales a partir de precursores endoteliales circulantes en sangre. En estos cultivos se comparará expresión y función endoteliales con cultivos de células control (sanas).	<a href="http://www.cib.csic.es">www.cib.csic.es</a>
JAEINT24_EX_1021	BOTO CASTRO, ALICIA	alicia@ipna.csic.es	INSTITUTO DE PRODUCTOS NATURALES Y AGROROBIOLOGIA	Péptidos ultra-cortos como nuevos agentes antifúngicos	Una de las amenazas globales a la salud humana más importantes hoy día es la aparición de microorganismos patógenos resistentes a los antimicrobianos, incluidos los de último recurso. En los últimos años, han aumentado mucho las infecciones fúngicas, como las de Candida auris multirresistente y Candida parapsilosis resistente al fluconazol. Pese a ello, el descubrimiento de antifúngicos con nuevos mecanismos de acción es limitado, y es urgente encontrar nuevos fármacos, en especial con una baja tasa de inducción de resistencia. En trabajos preliminares hemos identificado péptidos de muy pequeño tamaño con actividad antimicrobiana, y en este proyecto el investigador JAE colaborará en el diseño y preparación de nuevos péptidos con unidades no naturales que aumenten su resistencia a la degradación por proteasas al tiempo que permitan mejorar sus propiedades farmacológicas, como potencia, selectividad o biodistribución. Además, en base a los resultados de evaluación de actividad antifúngica, participará en la determinación de relaciones estructura-actividad, con la que se identificarán los rasgos estructurales más efectivos para una óptima actividad farmacológica. El investigador JAE adquirirá experiencia en: preparación de compuestos de interés farmacéutico, purificación y caracterización de la estructura y pureza de los mismos usando Resonancia Magnética Nuclear, masas y otras técnicas, manejo de bases de datos y bibliografía, determinación de relaciones estructura-actividad en base a las evaluaciones biológicas, y presentación de resultados.	<a href="https://www.ipna.csic.es/grupo-de-investigacion/sintesis-de-farmacos-y-compuestos-bioactivos">https://www.ipna.csic.es/grupo-de-investigacion/sintesis-de-farmacos-y-compuestos-bioactivos</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1103	BRAVO CLEMENTE, LAURA	lbravo@ictan.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIA Y TECNOLOGIA DE ALIMENTOS Y NUTRICION	Valoración del potencial efecto antidiabético del aceite de orujo de oliva. Estudio agudo e intervención crónica en sujetos diabéticos y prediabéticos	El/la estudiante se formará en actividades teórico-prácticas sobre la realización de investigación nutricional en humanos (ensayos clínicos). Aprenderá los fundamentos de la realización de estudios de intervención nutricional en voluntarios, una metodología experimental de gran valor en investigación clínica y nutricional. La formación contempla los siguientes aspectos: a) Diseño, organización y realización de estudios de intervención en humanos. Tipos de estudios b) Tratamiento con voluntarios: reclutamiento, aleatorización, seguimiento, cumplimentación de cuestionarios, obtención de muestras c) Seguridad en el manejo y procesado de muestras biológicas d) Biomarcadores de interés en estudios en humanos: clínicos, bioquímicos, hormonales, antropométricos, etc. e) Metodologías analíticas: multiplexing, ELISA f) Análisis de datos: análisis estadístico g) Formación transversal: trabajo en laboratorios de seguridad biológica, prevención de riesgos laborales, etc. La formación teórica se complementará con formación práctica, participando en un estudio de intervención nutricional para valorar el efecto del consumo de aceite de orujo de oliva (AOO) en la dieta sobre la homeostasis glucídica en sujetos con intolerancia a la glucosa o en pacientes con la patología establecida. Para ello se realizará un ensayo clínico cruzado, aleatorizado, controlado y ciego en 50 pacientes diabéticos o prediabéticos que consumirán AOO o aceite de girasol alto oleico (aceite control) durante 8 semanas en un diseño cruzado. En concreto, el/la estudiante tomará parte en las siguientes actividades: - Reclutamiento, caracterización basal de la cohorte (cuestionarios), aleatorización y codificación - Realización de la intervención, gestión de citas, seguimiento de participantes - Valoración de los hábitos dietéticos (cuestionarios), actividad física (acelerometría) y composición corporal (bioimpedancia) - Análisis de los principales biomarcadores cardiometabólicos (perfil lipídico, metabolismo glucídico), de función hepática (enzimas aminotransferasas), etc. - Análisis estadístico de resultados, elaboración de informes. Se integrará en un grupo de investigación en el que participan también profesores de la Facultad de Farmacia de la UCM, obteniendo una formación amplia en un ambiente ameno y activo, de especial interés para graduados en CC de la Vida (nutricionistas, farmacéuticos, biólogos, etc.).	<a href="https://www.ictan.csic.es/grupos-de-investigacion/metabolismo-y-bioactividad-de-fitoquimicos-biocell/">https://www.ictan.csic.es/grupos-de-investigacion/metabolismo-y-bioactividad-de-fitoquimicos-biocell/</a>
JAEINT24_EX_1232	BRAVO OVIEDO, ANDRES	bravo@mncn.csic.es	MUSEO NACIONAL DE CIENCIAS NATURALES	Modelización del crecimiento secundario de árbol individual en masas mixtas	El objetivo del trabajo es introducir al beneficiario/a en la investigación sobre (i) el impacto de las actuaciones humanas en la dinámica de crecimiento de sistemas forestales; (ii) modelización del crecimiento secundario de árboles individuales en situaciones de competencia interespecífica y (iii) técnicas de análisis dendrocronológicas. El beneficiario se integrará en un grupo de investigación multidisciplinar en el ámbito de las ciencias forestales colaborando con ecólogos, ecofisiólogos e ingenieros, dentro del proyecto de investigación IMFLEX PID2021-126275OB-C21. La experiencia docente del grupo, que incluye expertos en cambio global, dasometría y modelización con R aumentará las perspectivas de aprendizaje del solicitante de la beca. Se prevén actividades de campo, laboratorio y seminarios en los que el/la beneficiario/a aprenderá la implementación de protocolos de medición de muestras dendrocronológicas. Se contará con los medios necesarios para realizar el trabajo propuesto. Se proporcionará los medios informáticos y de espacio para un correcto desarrollo de su actividad. El investigador responsable desarrolla la línea de investigación de silvicultura adaptativa y ecología forestal aplicada ( <a href="https://www.researchgate.net/lab/Adaptive-Silviculture-and-Applied-Forest-Ecology-ASAFE-Andres-Bravo-Oviedo">https://www.researchgate.net/lab/Adaptive-Silviculture-and-Applied-Forest-Ecology-ASAFE-Andres-Bravo-Oviedo</a> ) utilizando modelos de simulación y ensayos experimentales en campo. Se espera despertar en el/la beneficiario/a la vocación por la investigación en dinámica de sistemas forestales bajo una perspectiva integrada de conservar gestionando.	<a href="https://www.mncn.csic.es/es/investigacion/biogeografia-y-cambio-global">https://www.mncn.csic.es/es/investigacion/biogeografia-y-cambio-global</a>
JAEINT24_EX_1684	BRAVO SICILIA, JERONIMO	jbravo@ibv.csic.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA DE VALENCIA	La biogénesis del ribosoma como posible diana terapéutica contra el cáncer	La biogénesis de ribosomas está despertando mucho interés como diana contra el cáncer porque hay evidencias de que las células tumorales se hacen adictas a este importante y complejo proceso celular. El ensamblaje ribosomal se inicia con la transcripción de un precursor de ARN ribosómico que sufrirá toda una serie de acontecimientos coordinados como la modificación de bases, procesamiento del ARN y ensamblaje con proteínas ribosomales para finalmente formar subunidades funcionales. El ARN sale del núcleo por el poro nuclear en un proceso altamente regulado como hemos mostrado recientemente (PMID: 31680439). Los factores de ensamblaje se encargan de procesar el ARN precursor en su maduración aunque finalmente se encuentren ausentes en el ribosoma final. Dentro de este grupo algunos de los denominados factores A3 se han asociado con proliferación tumoral. Hemos resuelto la estructura atómica de un complejo de dos factores A3 (Erb1/Ytm1), esencial en la maduración de la subunidad 60S, proporcionando evidencias de qué dominios participan en la formación del complejo y que su interfaz de interacción puede utilizarse como diana a fin de obstaculizar la proliferación celular (PMID: 26476442). Gracias a esta información estructural estamos procediendo al diseño de herramientas que interfieran en la síntesis ribosomal y estudiando su efecto en células tumorales. Para ello utilizamos diversos medios para incorporar los agentes a las células (PMID: 29193344, PMID: 26448473). El plan de formación se sitúa en este contexto donde hemos desarrollado péptidos penetrantes y hemos comprobado su capacidad para inducir apoptosis en células de cáncer de colon, osteosarcoma y cáncer de mama. Queremos continuar desarrollando estos péptidos, ampliar las líneas celulares sobre las que se puede actuar y caracterizar los mecanismos moleculares por los que son capaces de inducir la muerte de células tumorales. Así mismo pretendemos continuar con los estudios estructurales de cara a la identificación de nuevas dianas dentro del complejo proceso de la maduración del ribosoma. La información estructural es muy útil a la hora de formular hipótesis sobre las vías de señalización en fenómenos biológicos complejos como los procesos de proliferación celular, tal y como hemos visto recientemente (PMID: 30971822). El trabajo puede ser compatible con un TFG, TFM o parte de tesis doctoral. Información jbravo@ibv.csic.es	<a href="https://www.ibv.csic.es/project/transduccion-de-senal/">https://www.ibv.csic.es/project/transduccion-de-senal/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1315	BREA LOPEZ, DAVID	david.brea@ibb.csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES BIOMEDICAS DE BARCELONA	La conexión neuroinmune en el infarto cerebral	El candidato tendrá la oportunidad de trabajar en un proyecto de Neuroinmunología tratando de entender cómo el sistema nervioso central y el sistema inmune se comunican y afectan mutuamente en el contexto del infarto cerebral. Para ello utilizaremos técnicas avanzadas de neurociencias e inmunología, incluyendo estudios in vivo, de neuroimagen y de citometría de flujo, además de técnicas de biología molecular.	<a href="https://www.csic.es/investigacion/grupos-de-investigacion/grupo-de-investigacion-cerebrovascular">https://www.csic.es/investigacion/grupos-de-investigacion/grupo-de-investigacion-cerebrovascular</a>
JAEINT24_EX_1169	BROULLON ACUÑA, ESMERALDA	esmeralda.broullon@csic.es	INSTITUTO DE HISTORIA	Españoles en el Atlántico Sudoccidental y mar Austral en tiempo actual. Un estado de la cuestión.	Investigación multidisciplinar acerca del impacto de la acción extractiva marítimo-pesquera en el Océano Atlántico cuyas bases portuarias se localizan entre ambas orillas atlánticas y dos bases de operaciones: Montevideo (Uruguay) y Puerto Stanley (Malvinas). Estudio sobre los antecedentes y la proyección contemporánea -desde la segunda mitad del siglo XX a la actualidad- de la actividad extractiva de los recursos naturales del mar tomando como estudio de caso la flota española que históricamente opera en diversas coordenadas del Océano Atlántico. La propuesta indaga en las razones de la actual permanencia vs. resistencia del pabellón español atendiendo a sus condiciones de reproducción desde una perspectiva multicultural y transversal de género. Tiene como objetivo aportar una cosmovisión y, al mismo tiempo, desarrollar un estado de la cuestión acerca de esta acción en el Cono Sur de América en tiempo actual. Apertura de líneas de investigación entre la etnohistoria y la ecología política. Enfoque multidisciplinar en torno al dominio de los mares y en base al competitivo acceso de sus recursos: aporte de proteínas, destinado a la población mundial por lo que, a su vez, se registrarán las diferentes percepciones socio-culturales sobre las mismas. En resumen, tres pilares conceptuales sostienen la propuesta formativa: el desarrollo científico-tecnológico, los recursos naturales y las masculinizadas fuerzas de trabajo a bordo en intersección a otros marcadores identitarios que serán explorados. - Programa de investigación iniciado en el marco de la Red LifeHub: <a href="https://lifehub.csic.es/">https://lifehub.csic.es/</a> Tareas a realizar: 1. Reuniones de coordinación y seguimiento formativo. 2. Exploración y revisión de fuentes bibliográficas multidisciplinar. 3. Prácticas de técnicas intrahistóricas y desarrollo de fuentes orales cuyos contactos y preparación metodológica serán supervisados y facilitados por la tutora. 4. En el área documental se facilitará y localizarán fuentes para su clasificación, catalogación y sistematización: fuentes hemerográficas con un tratamiento multidisciplinar. 5. Fuentes archivísticas: elaboración de una base de datos cuya información para su trasvase será igualmente facilitado. 6. Participación en jornadas y actividades divulgativas. 7. Desarrollo práctico de triangulación de fuentes: elaboración artículo divulgativo. 8. Esbozo de tesis doctoral. * Destino: Madrid y/o Sevilla en función a tareas de investigación y avances de los resultad	<a href="https://cchs.csic.es/es/org-structure/grupo-estudios-americanos-gea">https://cchs.csic.es/es/org-structure/grupo-estudios-americanos-gea</a>
JAEINT24_EX_0650	BRUMOS FUENTES, JAVIER	jbrumos@ibmcp.upv.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA MOLECULAR Y CELULAR DE PLANTAS PRIMO YUFERA	Mecanismos moleculares responsables de la regulación de la traducción	Las plantas son capaces de adaptar sus programas internos de desarrollo de acuerdo a las señales externas que reciben del entorno. Un entorno en constante cambio, en el cual las plantas han desarrollado la habilidad de percibir e integrar toda la información del medio que las rodea. Y es evidente que, en ese proceso de integración, las hormonas vegetales juegan un papel indispensable. El etileno es una hormona vegetal involucrada en diversos procesos de desarrollo. Es esencial en la maduración y pérdida de firmeza de los productos vegetales y, por tanto, es uno de los principales determinantes de la calidad y vida útil de frutas y hortalizas. Una mejor comprensión de los mecanismos moleculares de cómo el etileno regula la maduración de los frutos puede tener aplicaciones directas en el sector agroalimentario. El dogma central de la biología molecular afirma que existe una unidireccionalidad en la expresión de la información contenida en el material genético. Primero, el ADN se transcribe a ARN mensajeros, que más tarde se traducen a proteínas. El etileno tiene un claro impacto en la regulación de la expresión génica. En las últimas décadas, se ha estudiado esta regulación principalmente a nivel transcripcional. Mientras otros niveles de regulación, como los cambios en la eficiencia de la traducción, apenas han sido explorados. En nuestro laboratorio, hemos implementado la técnica del Ribosome footprinting que nos permite cuantificar los niveles de traducción de cualquier ARN mensajero. Nuestros resultados sugieren que la traducción de ciertos ARN mensajeros se encuentra bajo una firme regulación durante la maduración del fruto. Durante esta beca JAE de Introducción a la Investigación, se estudiarán ciertos mecanismos moleculares responsables de la regulación de la traducción durante la maduración del fruto. El trabajo a realizar va a enmarcarse en esta línea de investigación que se está desarrollando en nuestro grupo, sin suplir las tareas del proyecto vigente. En primer lugar, se analizarán los ARNs regulados a nivel traduccional. En segundo lugar, se identificarán y estudiarán los elementos reguladores que confieren esta regulación de la traducción de estos particulares ARNs. Por último, los elementos más interesantes serán seleccionados y testados en planta para confirmar su función en la regulación de la traducción durante la maduración. En esta beca JAE, las tareas a realizar combinan desde labores de biología molecular hasta análisis bioi	<a href="https://ibmcp.upv.es/grupos-investigacion/translate-group/">https://ibmcp.upv.es/grupos-investigacion/translate-group/</a>



REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0690	BUCETA FERNANDEZ, JAVIER	javier.buceta@csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA INTEGRATIVA DE SISTEMAS	"Under Pressure": the Regulation of the Bacterial Divisome Machinery due to Mechanical Stimuli	The World Health Organization has identified antibiotic-resistant as a major threat and burden to the public health systems. Not surprisingly, the need of novel antibiotic treatments is acknowledged as one of the grand research challenges of Biotechnology where disruptive solutions could be potentially achieved through multidisciplinary approaches. In that regard, the starting methodological hypothesis of this JAE project is that a Systems approach from the point of view of Mechanobiology is an adequate framework to provide new answers to this problem. We argue (and our preliminary data support it) that there is increasing evidence about the link between genes involved in bacterial division (one of the major targets of antibiotic treatments) and cellular mechanics. In this context, as we plan to address the following aim: to uncover the interplay between cellular mechanics and the Fts divisome and Min patterning system in E. coli. To that end in this project we will combine quantitative microscopy experiments at the single cell level resolution and microfluidics experiments. Specifically, we will track and quantify the dynamics of the Min oscillatory system (MinD) and also key proteins of the divisome machinery in E. Coli (FtsZ and FtsW) when subjected to hyper- and hypo-osmotic shocks (sorbitol 1M). Competences to be learnt by the student will include 1) preparation of sample for microscopy experiments, 2) advance fluorescence microscopy techniques (including data quantification), 3) microfluidics methods. The desire profile for this project is a student interested at the interplay between biology and physics. The training program is not limited to the tasks/research described above. The trainee will also learn how to perform bibliographic searches, how to communicate effectively (presentations in lab meetings of the groups, papers/reports writing), and how to manage and planning projects. In the context of a JAE formative project (5 months, 20 hours/week), we have defined the following, feasible, timeline. Tasks 1. Learning to operate the microscope, the microfluidics device and to prepare samples (1 MONTHS). Task 2. Implementation of the osmotic pulses protocol in the Min system (MinD protein) (1 MONTHS). Task 3. Implementation of the osmotic pulses protocol for FtsW and FtsZ proteins (1 MONTHS). Task 4. Quantitative analysis of microscopy data (1.5 MONTHS). Task 5. Final reporting (0.5 MONTHS).	<a href="http://www.thesimbiosys.com">http://www.thesimbiosys.com</a>
JAEINT24_EX_0740	BUENO GONZALEZ, GUILLERMO	gbueno@ipe.csic.es	INSTITUTO PIRENAICO DE ECOLOGIA	Las asociaciones simbióticas en leguminosas del Pirineo y su respuesta al cambio climático	El cambio climático plantea desafíos significativos para los ecosistemas terrestres, sus organismos e interacciones. Esto es especialmente relevante para las asociaciones simbióticas entre plantas y microorganismos, responsables de proveer nutrientes limitantes y resistencia al estrés a las plantas. Entre los simbioses más destacados tenemos a los hongos micorrízicos, formando asociaciones mutualistas con las raíces de las plantas, y las bacterias fijadoras de nitrógeno, presentes casi exclusivamente en leguminosas, y que son ambas esenciales para la adaptación de las leguminosas a cambios ambientales. En esta propuesta, asociada al proyecto Mycolegium, se examinará el papel crucial de las micorrizas y las bacterias fijadoras de nitrógeno en 15 especies de leguminosas en un gradiente de elevación significativo. Se analizará las diferencias de composición y estructura de asociación de ambos simbiontes y experimentaremos con cámaras de calentamiento para observar su respuesta adaptativa. Este estudio proporcionará beneficios científicos notables para l@s estudiantes con interés en ecología. A través de esta investigación, l@s estudiantes tendrán la oportunidad de aprender técnicas de identificación de micorrizas, hongos y bacterias fijadoras de nitrógeno, así como técnicas de cartografía digital, extracción de ADN y análisis relacionados. Estas habilidades prácticas y el conocimiento adquirido mejorarán la formación académica y la capacidad de comprensión e investigación de l@s estudiantes. Esta propuesta de estudio ofrece una oportunidad única para adquirir habilidades prácticas y conocimientos científicos relevantes en uno de los mejores laboratorios naturales de la Península, los Pirineos.	<a href="http://www.ipe.csic.es/conservacion-bio">http://www.ipe.csic.es/conservacion-bio</a>
JAEINT24_EX_0675	BURCHARD LEVINE, VICENTE FELIPE	vburchard@ica.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS AGRARIAS	Teledetección para un uso sostenible del agua en agricultura	Plan Formativo El aumento de la población, junto con un escenario de cambio climático, obliga a tomar medidas de adaptación a la escasez de agua, así como fomentar un uso más sostenible del agua, con el fin de asegurar la seguridad alimenticia. Para ello, la teledetección es una herramienta clave en el manejo sostenible de los recursos hídricos. En particular, el uso de imágenes térmicas en plataformas tanto aéreas, por ejemplo a bordo de drones, como satelitales permiten realizar un seguimiento en tiempo real y con suficiente detalle espacial del estado hídrico de los cultivos y del consumo de agua de los mismos. Este plan de formación pretende enseñar las técnicas e imágenes de teledetección más útiles para un uso eficiente del agua en agricultura. El/La candidato/a para ello se formará en: -Procesamiento automático de imágenes dron y de satélite. -Técnicas de fusión de imágenes térmicas y espectrales. -Cuantificación de variables biofísicas de la vegetación, como es el índice de área foliar o la concentración de clorofila o nitrógeno. -Mejor comprensión de los fenómenos físicos y fisiológicos que determinan los intercambios de calor, agua y carbono en el continuo suelo-planta-atmósfera. -Uso de modelos físicos para la estimación de la evapotranspiración y del estrés hídrico del cultivo. -Programación básica en Python. Para ello se utilizarán herramientas de código abierto, como es el software libre QGIS para el manejo de datos geoespaciales, y librerías propias en entorno Python ( <a href="https://github.com/hectornieto">https://github.com/hectornieto</a> ). Además se proporcionará el acceso a cuadernos digitales interactivos, desarrollados bajo la plataforma JupyterHub, con los que el alumno podrá profundizar su conocimiento en modelización de procesos biofísicos y en programación.	<a href="https://tec4agro.csic.es/">https://tec4agro.csic.es/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0005	BURGUILLOS GARCIA, MIGUEL ANGEL	maburguillos@us.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA DE SEVILLA	Uso de diversas técnicas para el estudio de la respuesta inmune en células microgliales	Más de 35 millones de personas viven en todo el mundo con la enfermedad de Alzheimer (EA), un trastorno neurodegenerativo progresivo caracterizado por un deterioro cognitivo progresivo. La EA genera, además de una gran angustia para los pacientes y sus familiares, una gran carga económica para los sistemas de sanidad pública. Las estimaciones actuales predicen que el número de pacientes con EA aumentará a más de 115 millones en todo el mundo para el año 2050. La neuroinflamación, impulsada por la microglía, se considera un actor clave para la etiología de la EA y últimamente se ha convertido en un objetivo terapéutico atractivo para dificultar la progresión de la EA. Esta idea está respaldada por varios estudios de asociación del genoma completo (GWAS) donde genes clave relacionados con el proceso inflamatorio se han categorizado como factores de riesgo en diferentes enfermedades neurodegenerativas, incluida la EA. El/la estudiante JAE que se unirá al grupo del Dr. Burguillos se formará en el estudio de diversas técnicas para medir la respuesta neuroinflamatoria llevada a cabo por la microglía, con un énfasis especial en el papel regulador que juegan la caspasas 3 y 7 en la enfermedad de Parkinson en la respuesta inmune en microglía. El/la estudiante aprenderá a trabajar en diversas técnicas del ámbito de: -Biología celular (cultivo de tanto líneas celulares de microglía como de cultivos primarios de microglía) -Biología molecular (Aislamiento de muestras de ARN, retrotranscripción de dichas muestras en ADNc y para por último análisis de expresión de distintos genes por Real-time PCR). -Técnicas de inmunohistoquímica e inmunofluorescencia usando distintos anticuerpos para su uso en cultivos como también en secciones de cerebros de ratones que tiene una mutación de la proteína APP. -Estudio de la expresión de distintas proteínas mediante la técnica de inmunoblot.	<a href="https://www.ibis-sevilla.es/es/investigacion/neurociencias/erv-ejecimiento-neuronal/">https://www.ibis-sevilla.es/es/investigacion/neurociencias/erv-ejecimiento-neuronal/</a>
JAEINT24_EX_1279	BUSTOS DE ABAJO, MATILDE	m.bustos@csic.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA DE SEVILLA	Impacto de la disfunción mitocondrial en la progresión de la enfermedad hepática: reprogramación metabólica e inflamación	Las líneas de investigación llevadas a cabo en nuestro laboratorio se enmarcan dentro del contexto de metabolismo e inflamación. Una de las principales líneas se centra en el estudio de las bases moleculares de la patología hepática, en concreto en los mecanismos que participan en el desarrollo de la progresión de la enfermedad crónica hepática a hepatocarcinoma. Para ello, utilizamos varios sistemas experimentales que permitirán llevar a cabo nuestros objetivos y que se incluye en el plan de trabajo de formación de la persona incorporada al grupo, a saber: modelos experimentales con ratones modificados genéticamente, estudios in vitro con cultivos de células primarias y líneas celulares y además analizamos muestras provenientes de pacientes con patología hepática (suero y biopsias hepáticas). El candidato, en estrecha relación con otros investigadores del grupo e interacciones a nivel nacional e internacional con extensa experiencia en disfunción mitocondrial aprenderá a trabajar familiarizándose con nuevas técnicas específicas de medición de metabolismo y disfunción mitocondrial con el objetivo de analizar como la afectación mitocondrial impacta en los procesos metabólicos que participan en la inflamación, daño hepático y progresión de la fibrosis a cirrosis y hepatocarcinoma. La importancia de nuestros estudios radica en poder desarrollar y validar biomarcadores de progresión de la enfermedad hepática relacionados con mitocondria. Otro aspecto importante de nuestros estudios será el desarrollo de nuevas estrategias terapéuticas dirigidas a mejorar la función hepática basadas en la terapia mitocondrial como posible tratamiento en el contexto de daño hepático y metabolismo. En resumen, el estudiante participará en la creación de colonias de ratones genéticamente modificadas, estudiará el daño hepático, regeneración y cambios metabólicos que se producen en el hígado durante estos procesos. Además, la experimentación "in vitro" será fundamental para investigar los mecanismos subyacentes a estos procesos.	<a href="https://www.ibis-sevilla.es">https://www.ibis-sevilla.es</a>
JAEINT24_EX_0514	BUTRON GOMEZ, ANA MARIA	abutron@mbg.csic.es	MISION BIOLOGICA DE GALICIA	Influencia de la sequía en la interacción planta-parásito	La coexistencia de estreses bióticos y abióticos es habitual y puede alterar la respuesta de la planta a cada uno de ellos, por lo que nos planteamos estudiar la triple interacción planta-parásito-ambiente. El maíz, debido a sus elevados requerimientos de agua, es especialmente vulnerable a la sequía a la que, en un escenario de cambio climático, cada vez es más probable que se enfrente en amplias zonas de la Península Ibérica donde se cultiva en secano (Cornisa Cantábrica). Además, sabemos que la sequía y el calor favorecen el desarrollo de las plagas de insectos, pero no sabemos cómo afectarán a la resistencia de las variedades y a los mecanismos de defensa de la planta, entre los que se encuentran distintos componentes de la pared vegetal. Por lo tanto, hemos iniciado un estudio que nos permitirá dar respuesta a estos interrogantes. En condiciones de invernadero, se han evaluado ocho líneas puras de maíz con niveles contrastantes para resistencia a la plaga del taladro mediterráneo causada por el ataque del lepidóptero Sesamia nonagrioides. La evaluación se hizo bajo cuatro tratamientos diferentes: 1) sin infestación y con riego óptimo, 2) no infestación y condiciones de sequía, 3) infestación con S. nonagrioides y riego óptimo y 4) infestación con S. nonagrioides y condiciones de sequía. En estos ensayos, además de recoger datos de desarrollo y fisiológicos, se recolectaron muestras vegetales de hoja y caña que serán analizadas para composición de la pared celular (celulosa, hemicelulosa, lignina e hidroxinamatos); ya que, como hemos dicho, la pared celular es un importante componente defensivo frente al ataque de Sesamia nonagrioides. El candidato participará en el procesado de las muestras, en las extracciones y en la cuantificación de diferentes metabolitos, bien usando espectrofotometría del infrarrojo cercano (NIRS) o mediante cromatografía líquida de alta resolución (HPLC). También recibirá formación en el análisis e interpretación de los datos obtenidos. Durante su estancia en nuestro grupo, además de participar activamente en estas tareas, se le dará la oportunidad de conocer todas las actividades que se desarrollan dentro del grupo; la mayoría de ellas en campo. El candidato adquirirá conocimientos y experiencia en distintas áreas de conocimiento: interacción planta-parásito, bioquímica, mejora vegetal y estadística básica aplicada a la investigación y el trabajo podrá orientarse a la realización de un Trabajo Fin de Máster	<a href="https://mbg.csic.es/es/departamento-de-produccion-vegetal/grupo-de-genetica-y-mejora-de-maiz/">https://mbg.csic.es/es/departamento-de-produccion-vegetal/grupo-de-genetica-y-mejora-de-maiz/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0599	CABEZON NAVARRO, ELENA	cabezona@unican.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA Y BIOTECNOLOGIA DE CANTABRIA	Caracterización bioquímica y estructural de complejos macromoleculares implicados en la transferencia de genes de resistencia a antibióticos	La resistencia a antibióticos se está convirtiendo un problema socio-sanitario de gran magnitud. Según la OMS, las infecciones por bacterias multiresistentes serán la primera causa de mortandad en el mundo. La conjugación bacteriana es la principal causa de diseminación de genes de resistencia a antibióticos y, por tanto, el estudio de los mecanismos moleculares que subyacen a este proceso es de vital interés. El estudiante para el que se solicita una beca JAE Intro en nuestro grupo de investigación colaborará en la caracterización bioquímica y estructural de las proteínas implicadas en los primeros estadios de la conjugación bacteriana. En este proceso, el plásmido conjugativo es reconocido por una proteína llamada relaxasa, que corta el ADN en un sitio específico y queda covalentemente unida formando un complejo nucleoproteico, que será el sustrato secretado por la bacteria donadora. En este mecanismo conjugativo participan además otras tres proteínas: IHF (integration host factor), TrwA (proteína auxiliar) y TrwB (proteína acopladora). El objetivo final es formar estos complejos in vitro y caracterizarlos estructuralmente por cristalografía de rayos X y microscopía electrónica. En este contexto, el trabajo del estudiante será purificar las proteínas mencionadas (tenemos ya establecidos los protocolos de purificación) y formar los diferentes complejos en presencia de ADN plasmídico. Se analizará la actividad bioquímica y se prepararán placas de cristalización y rejillas para microscopía electrónica, con el fin de realizar un posterior análisis estructural (contamos con un laboratorio de cristalización y acceso directo en la Universidad a un criomicroscopio electrónico de última generación). En el laboratorio tenemos el equipamiento necesario para llevar a cabo este trabajo (termocicladores PCR, HPLC, fluorímetros, espectrofotómetros termoregulados, centrifugas, incubadores, etc.). El estudiante también dispondrá de acceso al resto de equipamiento del IBBTec, de un espacio de poyata y un escritorio, así como acceso a nuestra biblioteca universitaria y a nuestros recursos de internet. Además, tendrá una relación constante con los dos IPs del grupo de investigación y con nuestros estudiantes predoctorales, participando en los seminarios de grupo y en los seminarios semanales del IBBTec. Los IPs del grupo han dirigido hasta la fecha varios TFM y 8 Tesis doctorales, teniendo por tanto amplia experiencia en la formación de estudiantes.	<a href="https://web.unican.es/ibbtect/i/ElenaCabezonLab">https://web.unican.es/ibbtect/i/ElenaCabezonLab</a>
JAEINT24_EX_0931	CABRERA CHAVES, JAVIER	javier.cabrera@inia.csic.es	CENTRO DE BIOTECNOLOGIA Y GENOMICA DE PLANTAS	Estudio de los mecanismos reguladores del desarrollo de las raíces de las plantas durante interacciones bióticas para una agricultura más sostenible	En nuestro grupo estudiamos los mecanismos moleculares que facilitan la ampliación del sistema radicular durante la interacción entre hongos endófitos y plantas. Las raíces anclan las plantas al suelo y les proporcionan nutrientes y agua. El aumento de la distribución espacial de las raíces en el suelo influye directamente en la mejora de la productividad de los cultivos. En el escenario actual, en el que la sequía, la reducción de la humedad y el empobrecimiento de los suelos agrícolas son efectos del cambio climático, mejorar la arquitectura del sistema radicular de los cultivos es de vital importancia. Este contexto ha hecho aumentar el uso de microorganismos de la rizosfera como enmiendas biológicas para mejorar la productividad de los cultivos, disminuyendo la dependencia de transgénicos y disminuyendo el uso de fertilizantes. Muchos estudios han descrito la capacidad de estos microorganismos de promover el crecimiento de las raíces y las plantas, pero los estudios moleculares sobre cómo los hongos promotores del crecimiento alteran de forma positiva el desarrollo de las raíces son todavía necesarios. Nuestra hipótesis de partida es que los hongos endófitos alteran los mecanismos moleculares que ocurren en diferentes puntos de control donde se determina la formación de raíces laterales, lo que resulta en un aumento de su número y/o densidad. Estos puntos de control son la zona de oscilación, los sitios de pre-ramificación y los primordios de raíz lateral. El estudiante será entrenado en microscopía confocal y técnicas moleculares para estudiar la interacción entre plantas y hongos endófitos a nivel molecular, y en el análisis de datos transcriptómicos, para la realización de los hitos del proyecto de investigación. El candidato utilizará microscopía confocal y de luminiscencia para analizar los cambios en los marcadores de expresión en respuesta a la interacción con el hongo. El ARN extraído de plantas inoculadas con hongos se analizará mediante qPCR para conocer la expresión de determinados genes. También se fenotipará a diferentes niveles (morfológico, fisiológico, molecular, metabólico, iónico) mutantes para analizar el papel de diferentes genes en el crecimiento del sistema radicular durante la interacción planta-hongo. La mayoría de estos trabajos se llevarán a cabo in vitro con la planta modelo Arabidopsis. Sin embargo, también se realizarán ensayos con cepas seleccionadas de hongos con plantas de cultivo crecidas en maceta.	<a href="https://www.cbgp.upm.es/index.php/es/?option=com_content&amp;view=article&amp;id=1039">https://www.cbgp.upm.es/index.php/es/?option=com_content&amp;view=article&amp;id=1039</a>
JAEINT24_EX_1058	CADENAS ALVAREZ, SUSANA	scadenas@cbm.csic.es	CENTRO DE BIOLOGIA MOLECULAR SEVERO OCHOA	Therapeutic potential of the Nrf2/ARE signaling pathway in doxorubicin-induced cardiotoxicity	The transcription factor Nrf2 (nuclear factor erythroid 2-related factor 2) is a redox-sensitive factor that plays an essential role in the cellular defense against oxidative stress. Nrf2 mediates the cellular response to oxidants and electrophiles by binding to an antioxidant response element (ARE) in the promoter region of cytoprotective genes. Under basal conditions, Nrf2 is sequestered in the cytoplasm by Keap1 (Kelch-like ECH-associated protein 1) that ubiquitinates and targets Nrf2 for continuous proteasomal degradation. Keap1 is a cysteine-rich protein, which also serves as a crucial sensor for oxidative stress. The highly reactive Cys residues of Keap1 are modified by electrophilic or oxidative signals, thus preventing Nrf2 ubiquitination and degradation. This allows its translocation to the nucleus where it exerts its functions as a transcription factor. Nrf2 is critical for the maintenance of the mitochondrial redox homeostasis, the efficiency of oxidative phosphorylation, and mitochondrial fatty acid oxidation. Nrf2 also maintains mitochondrial integrity under conditions of oxidative and inflammatory stress. The anthracycline anticancer drug doxorubicin (Dox) inhibits DNA replication and cellular metabolic processes in cancer cells with high proliferative potential, causing myocardial damage and heart failure as side effects, which limits its use as a chemotherapeutic agent. The activation of Nrf2 could protect against Dox-induced cardiotoxicity not only by decreasing ROS generation but also by affecting cellular metabolism, as well as mitochondrial structure and function. To test this hypothesis, we will perform a Dox dose-response experiment for ROS generation and cell death using fluorescent probes (CellROX Deep Red and DAPI) by flow cytometry and fluorescence microscopy. We will use activators of Nrf2 (dimethyl fumarate, sulforaphane, carnosic acid), and the novel protein-protein interaction (PPI) inhibitors ML 334 and RA 839 that disrupt the Nrf2-Keap1 interaction. We will also determine mitochondrial function using the Agilent Seahorse technology. Additionally, we will constitutively activate Nrf2 in cardiomyocytes by suppressing Keap1 expression using CRISPR/Cas technology. Mitochondrial ultrastructure will be analyzed by transmission electron microscopy. The results of this study will help understand the mechanisms by which Dox causes toxicity to the heart, and may help to develop new therapeutic strategies based on Nrf2 activation.	<a href="http://www.cbm.uam.es/scadenas">http://www.cbm.uam.es/scadenas</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1025	CAL CORTINA, ANTONIETA DE	cal@inia.csic.es	INSTO. NAC. DE INVESTIG Y TECNOLOGIA AGRARIA Y ALIMENTARIA	Estudio de la evolución de la resistencia a fungicidas en Monilinia spp en fruta de hueso	La podredumbre parda es una de las enfermedades más importantes causadas por hongos fitopatógenos sobre la fruta de hueso en el Valle del Ebro y el valle del Jerte, España. Hay descritas tres especies del género Monilinia causantes de la podredumbre, siendo Monilinia fructicola (G.Winter) Honey la más agresiva de las tres. Debido a que el control de esta enfermedad se lleva a cabo principalmente a través de la aplicación de fungicidas de origen químico, como fluopiram y piraclostrobin, es importante el desarrollo de programas de control para asegurar la correcta aplicación de estos, minimizando el impacto ambiental, al tiempo que mantengan su efectividad. Para ello, es necesario que se lleven a cabo estudios sobre la resistencia a dichos fungicidas en poblaciones del hongo presentes en las zonas de cultivo. El presente estudio propone conocer y caracterizar la resistencia a fluopiram por parte de poblaciones de las principales especies de Monilinia spp (M. laxa y M. fructicola) desde el inicio de la aplicación del producto en 2014 hasta la actualidad en fruta de hueso en el Valle del Ebro y del Jerte. Este estudio permitirá conocer el riesgo de fallo de control en la aplicación de dicho fungicida en la zona de estudio. Con objeto de proporcionar a los agricultores la información necesaria para mejorar la aplicación del producto, y realizar un uso sostenible de los productos químicos que contienen esta sustancia activa. Para la realización de este tipo de estudios es necesario contar con al menos 200 aislados representativos de la zona a estudiar desde 2014 en adelante. El estudio constará de la evaluación de la resistencia/susceptibilidad a fluopiram (7/C2). La detección de la resistencia se realizará en medio de cultivo enriquecido con la EC50 definida para fluopiram. Midiendo el crecimiento de cada uno de los aislados mediante espectrofotometría en microplacas de 96 pocillos. Se diseñarán marcadores moleculares para los genes de resistencia identificados para fluopiram con objeto de evaluar su presencia en las poblaciones estudiadas. 1- Generación de colección de aislados monospóricos a caracterizar. 2- Identificación fenotípica de las especies del género Monilinia spp. En caso necesario se realizará una confirmación con los marcadores moleculares de cada especie. 3- Determinación de la dosis letal 50 para M. laxa a fluopiram. 4- Estudio de la resistencia a fluopiram de las poblaciones de M. laxa mediante e	www.inia.es
JAEINT24_EX_1522	CAMACHO OLMEDO, CARLOS	ccamacho@ebd.csic.es	ESTACION BIOLOGICA DE DOÑANA	Explorando los efectos de los cambios en el paisaje sobre una especie amenazada del Espacio Natural de Doñana	Los cambios en la composición y estructura del paisaje pueden condicionar el acceso a recursos esenciales para las especies, como la comida o los sitios de reproducción, con efectos potencialmente importantes sobre la abundancia y distribución de las poblaciones. Comprender estos efectos es imprescindible para mejorar la eficacia de las medidas de conservación de especies y diseñar planes de gestión del paisaje que actúen como elemento conciliador entre las actividades antrópicas y la conservación biológica. El estudio que proponemos tiene como objetivo caracterizar los cambios en la composición y la configuración del paisaje en una zona del Espacio Natural de Doñana (END) durante las últimas dos décadas y explorar la relación entre estos cambios y la distribución y abundancia de una población de chotacabras cuellirrojo (Caprimulgus ruficollis) estudiada sistemáticamente desde el año 2009. El chotacabras es un ave nocturna amenazada que nidifica en paisajes en mosaico típicos de la región mediterránea. Como muchas otras especies asociadas a estos paisajes, se desplazan diariamente desde sus nidos, ubicados en zonas de matorral y arbolado disperso, a sus zonas de alimentación en espacios abiertos, por lo que son particularmente sensibles a cualquier alteración del paisaje. En el área del END, contamos con datos a largo plazo (2009-2023) sobre distintos aspectos de su ecología, patrones de movimiento y dinámica poblacional, pero desconocemos el efecto que podrían tener los drásticos cambios en el paisaje que se están produciendo en el entorno de Doñana como consecuencia de la acción combinada del cambio global (proliferación de la agricultura y la ganadería) y el cambio climático (sequías y olas de calor). El/la estudiante involucrado/a en este proyecto formará parte activa del grupo de investigación NIGHTJARING ( <a href="https://www.instagram.com/nightjaring/">https://www.instagram.com/nightjaring/</a> ). Recibirá formación especializada en materia de análisis de imágenes satelitales y análisis GIS y contribuirá a la recogida de datos de campo en la población de chotacabras del END. El análisis estadístico de los datos los realizará el/la estudiante bajo supervisión. Esperamos que, a través de este proyecto, el estudiante adquiera destreza en cada una de las fases propias de un estudio de investigación, incluyendo la interpretación y redacción de los resultados, contribuyendo al mismo tiempo a generar información científica esencial para la conservación de una especie tan amenazada como desconocida.	<a href="https://ccamachosite.wordpress.com/">https://ccamachosite.wordpress.com/</a>
JAEINT24_EX_0868	CAMPANERO GARCIA, MIGUEL RAMON	mcampanero@cbm.csic.es	CENTRO DE BIOLOGIA MOLECULAR SEVERO OCHOA	Identificación de dianas terapéuticas para los aneurismas aórticos	La persona seleccionada se integrará en nuestro equipo y se iniciará en la investigación de los mecanismos celulares y moleculares implicados en la formación de aneurismas aórticos (AA). Los AA cursan con dilatación progresiva y en ausencia de síntomas hasta que se produce la disección o rotura de la aorta. No existen tratamientos farmacológicos que frenen su crecimiento porque se conoce poco de los mecanismos que los producen, por lo que urge avanzar en el conocimiento de esta enfermedad. La persona incorporada aprenderá a plantear hipótesis de trabajo, diseñar y ejecutar experimentos, interpretar los resultados obtenidos, proponer conclusiones y escribir resúmenes de los resultados y exponerlos públicamente. Entre los abordajes experimentales previstos se incluyen: aislamiento de células vasculares primarias y su cultivo y criopreservación; extracción y análisis de expresión de RNA y proteínas de estas células y de tejido aórtico mediante qPCR, inmunoblot e inmunotinción; purificación de plásmidos y clonación de cDNA y shRNA; transfección celular, producción de lentivirus y transducción lentiviral; manejo de colonias de ratones y realización de procedimientos experimentales en ratones. Para lograr estos objetivos, la persona incorporada recibirá formación experimental de un postdoctoral del grupo con amplia experiencia en este campo, en estos procedimientos y en la supervisión de estudiantes de doctorado, TFG y TFM. Esta postdoctoral controlará el desarrollo del trabajo día a día, resolverá cualquier duda que pueda surgir e informará puntualmente de sus progresos al Tutor (el Dr. Campanero). El Tutor le formará directamente en el método científico y mantendrá una reunión semanal como mínimo con ambos para evaluar el cumplimiento de objetivos y revisar los de la siguiente semana. La persona seleccionada participará en los seminarios bibliográficos y de trabajo internos y en los seminarios Departamentales y de Centro y presentará mensualmente un informe escrito de los progresos realizados. El Tutor ha demostrado experiencia y capacidad para la supervisión y dirección de trabajos experimentales: 13 Tesis doctorales en la UAM calificadas con Sobresaliente cum laude; 4 Trabajos de Fin de Master en la UAM y 1 en UAM-UCM-UAH; 9 Trabajos de Fin de Grado en la UAM, 2 en la UAH y 1 en el Tecnológico de Costa Rica.	<a href="https://www.cbm.uam.es/mcampanero">https://www.cbm.uam.es/mcampanero</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0447	CAMPANO TIEDRA, CRISTINA	cristina.campano@cib.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS MARGARITA SALAS	Diseño de biomateriales avanzados basados en celulosa bacteriana	Esta propuesta JAE intro se centra en el desarrollo de nuevos biomateriales con propiedades avanzadas mediante el uso de herramientas de biotecnología bacteriana. Para ello, se utilizarán biopolímeros que son producidos naturalmente por bacterias salvajes, que presentan propiedades únicas. En concreto, se utilizará la celulosa bacteriana (BC), que presenta una forma de hidrogel reticulado microporoso, capaz de albergar en su interior una gran variedad de microorganismos vivos, así como de compuestos de interés biotecnológico, como enzimas o componentes antibacterianos. Una de las mayores peculiaridades de las bacterias productoras de BC, en este caso pertenecientes al género Komagataeibacter, es que adoptan la forma de membrana con las dimensiones del recipiente en el que son producidas. En este estudio, pretendemos conseguir BC con una forma a demanda (por ej. de malla o cilíndrica) mediante la variación de la estrategia de cultivo, modificando tanto la morfología del recipiente como el modo de aporte de oxígeno. Posteriormente, y en una segunda etapa, se introducirán compuestos activos en la BC producida mediante diferentes estrategias: colonización de la BC utilizando microorganismos conteniendo otros biopolímeros bacterianos intracelularmente y/o incubación con compuestos con interés biotecnológico y retención mediante interacción físico-química. Este estudio interdisciplinar combina conocimientos de ciencia de materiales con biotecnología bacteriana y está enmarcado en el proyecto nacional BIOCIR "Revalorización de residuos dirigida hacia la circularidad de los bioplásticos: síntesis, degradación, reciclado y diversificación de los poliésteres bacterianos", con referencia PID2020-112766RB-C21 y financiado por el Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades. El proyecto se llevará a cabo dentro del grupo de Biotecnología de Polímeros (POLYBIO) del CIB Margarita Salas, por lo que se tendrá la oportunidad de colaborar con un equipo multidisciplinar con gran experiencia en biología sintética y de sistemas, bioplásticos, revalorización biológica de residuos, ingeniería de procesos y ciencia de materiales. El estudiante se enfrentará, así, a retos derivados de la combinación de varios de estos campos de investigación, consiguiendo propulsar, de esta manera, el aprendizaje de diversas técnicas y consiguiendo abordar los mismos desde una perspectiva amplia y con gran potencial en un futuro tanto académico como industrial.	<a href="https://www.cib.csic.es/es/departamentos/biotecnologia-microbiana-y-de-plantas/biotecnologia-de-polimeros">https://www.cib.csic.es/es/departamentos/biotecnologia-microbiana-y-de-plantas/biotecnologia-de-polimeros</a>
JAEINT24_EX_1129	CAMPILLOS LLANOS, LEONARDO	leonardo.campillos@csic.es	INSTITUTO DE LENGUA, LITERATURA Y ANTHROPOLOGIA	Introducción a los recursos para el procesamiento del lenguaje de dominio médico en español	El Procesamiento del Lenguaje Natural (PLN) es un área de la Inteligencia Artificial con aplicaciones en Medicina. El uso de aprendizaje automático o redes neuronales (Deep Learning) necesita recursos lingüísticos de calidad revisados por profesionales cualificados. Esto es especialmente importante para confirmar la precisión de los datos, corregir la expresión lingüística y detectar información falsa o sesgada. El plan de introducción a la investigación pretende introducir al candidato/a en las necesidades de creación de recursos para PLN en medicina. Se propone una primera tarea de revisión de recursos lingüísticos, en concreto, de subtítulos de vídeos de dominio médico. Se utilizarán diccionarios especializados como el de la Real Academia de Medicina ( <a href="https://dptm.es/">https://dptm.es/</a> ). Los datos forman parte de un corpus en construcción para tareas como el entrenamiento de sistemas de reconocimiento de habla, entre otras. Dependiendo del avance de la tarea, y de la actitud y cualidades del/la candidato/a, se planteará una segunda tarea por concretar. Esta puede estar orientada al procesamiento de textos orientados a pacientes, la revisión de resultados de reconocimiento de entidades o la mejora de la cobertura del léxico médico MedLexSp (Campillos, 2023). <sup>*</sup> El/la candidato/a adquirirá conocimientos sobre corpus y recursos terminológicos médicos. Aprenderá a utilizar recursos informáticos para revisar y alinear texto y audio (ej. programa Wavesurfer). El supervisor garantiza la formación en dichas destrezas, proporcionará recursos formativos complementarios, y apoyo en la resolución de problemas informáticos. Las dudas sobre contenidos médicos se consultarán a un médico colaborador del proyecto CLARA-MeD, actualmente en desarrollo. También se invitará a participar en las reuniones de formación y trabajo, y a interactuar con otros investigadores del proyecto CLARA-MeD. Requisitos: - Interés en la lingüística computacional y capacidad de aprender el uso de herramientas informáticas. No se requieren conocimientos de programación. - Interés en la terminología médica y manejo de diccionarios especializados. Leonardo Campillos Llanos es IP del proyecto CLARA-MeD (PID2020-116001RA-C33) y colaboró en el Libro Blanco sobre Artificial Inteligencia del CSIC ( <a href="https://bit.ly/39ZmbBW">https://bit.ly/39ZmbBW</a> ). El Instituto de Lengua, Literatura y Antropología ha realizado investigación en terminología y corpus científicos, y colabora en la PTI ES-CIENCIA. <sup>*</sup> <a href="https://shorturl.at/ch">https://shorturl.at/ch</a>	<a href="https://www.ih.csic.es/es/org-structure/lengua-espanola-variacion-linguistica-tecnologias-lenguaje">https://www.ih.csic.es/es/org-structure/lengua-espanola-variacion-linguistica-tecnologias-lenguaje</a>
JAEINT24_EX_1601	CAMPO GARCIA-RAMOS, JAVIER DEL	jdelcampo@be.upf-csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA EVOLUTIVA	El proteoma oculto del holobionte coralino	En el del Campo Lab estudiamos la ecología y evolución de la microbiota simbiote de organismos marinos con un foco particular en corales, pero no exclusivamente. En el marco del programa JAE intro queremos ofrecer la oportunidad a los participantes de iniciarse en el estudio de la simbiosis y de la importancia que tiene esta para la conservación, en especial en el contexto actual de cambio climático. Introduciremos al alumno/a a los fundamentos teóricos del campo: diversidad de corales, principales simbioses de corales, el impacto de la simbiosis en la susceptibilidad o resistencia de los corales al cambio climático, patógenos y probióticos microbianos de corales. Presentaremos al 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. En el marco de la JAE intro el alumno/a llevará a cabo un proyecto en que analizará datos de genómicos de corales y de sus simbioses para poner en práctica los conocimientos adquiridos y para desarrollar sus habilidades como investigador/a. Durante su proyecto el alumno/a llevará a cabo de primera mano análisis de datos de proteomas de corales y simbioses utilizando modelos de procesamiento de lenguaje natural con el objetivo de revelar el "dark proteome" del holobionte coralino, revelando así nuevas funciones que hasta ahora han pasado desapercibidas mediante análisis tradicionales. En paralelo, el alumno/a hará una rotación de una semana con cada uno de los miembros senior del laboratorio (2 en total) para ver como llevan a cabo otro tipo de proyectos que van des de la transcriptómica de células individuales de corales bajo estrés térmico a la hibridación fluorescente in-situ de bacterias patógenas en corales. La intención de esta rotación es que el alumno/a tenga una experiencia tan amplia como sea posible de la investigación que llevamos a cabo. El alumno participará activamente de la vida del laboratorio, participando de los lab meetings semanales y de los journal clubs quincenales, así como cualquier otra actividad que el laboratorio lleve a cabo.	<a href="http://delcampolab.com">delcampolab.com</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0402	CAMPOS HERRERA, RAQUEL	raquel.campos@icv.es	INSTITUTO DE CIENCIAS DE LA VID Y DEL VINO	Desarrollo de nuevas bioherramientas para el control de patógenos de la vid basadas en bacterias simbioses de nematodos entomopatógenos	El Pacto Verde Europeo propone el desafío de reducir a la mitad el uso de pesticidas químicos sintéticos para 2030. Este nuevo paradigma requiere aportar nuevas herramientas de manejo de plagas/enfermedades basadas en prácticas biológicamente sólidas y de bajo impacto. Los nematodos entomopatógenos (NEPs) son organismos del suelo bien conocidos en agricultura como agentes de control biológico de plagas. Además, estudios de vanguardia han mostrado el potencial de las bacterias simbioses de los NEPs como biofábricas para buscar nuevos compuestos. Recientes evidencias apuntan su posible uso directo como bacterias entomopatógenas o incluso asociadas con las raíces en un estilo de vida libre. El principal objetivo del presente plan de investigación es asentar una base de conocimiento teórico-práctico en el estudio de bacterias simbioses de nematodos entomopatógenos como posibles bioherramientas para el manejo de patógenos del viñedo. Los objetivos específicos son (i) conocer técnicas de aislamiento de bacterias entomopatógenas de los nematodos y su mantenimiento, y (ii) evaluar el potencial de estos aislados y sus metabolitos para el manejo de patógenos seleccionados del viñedo. Los pasos metodológicos para su consecución serán: (a) aislamiento de las bacterias a partir de nematodos asépticos mediante técnicas microbiológicas y su identificación mediante técnicas moleculares; (b) preparación de microfermentaciones controladas en varios medios y optimizar su criopreservación, y, por último, (c) evaluar mediante distintas aproximaciones experimentales la actividad de las bacterias o sus metabolitos secundarios frente a patógenos relevantes de la vid. El/La investigador/a JAE-intro recibirá formación teórica apropiada de las técnicas enumeradas, y su puesta en práctica será supervisada por el investigador responsable. El investigador en formación será parte integrante del grupo de investigación y participará, por lo tanto, en todas las actividades formativas, tanto internas (lab-meeting, paper-reviews) como como aquellas organizadas por la institución de acogida (seminarios científicos, cursos).	<a href="http://www.icv.es/invid">http:// www. icv.es/invid</a>
JAEINT24_EX_0511	CAMUÑAS MESA, LUIS ALEJANDRO	camunas@imse-cnm.csic.es	INSTITUTO DE MICROELECTRONICA DE SEVILLA	Sistemas de procesamiento neuronal bio-inspirado con aprendizaje profundo para aplicaciones de reconocimiento de caracteres.	Objetivo: desarrollar algoritmos de procesamiento neuronal para reconocimiento automático de caracteres para su implementación tanto en software en una primera etapa como en plataforma hardware basada en FPGA en una fase final. Para ello se plantean las siguientes tareas formativas: - Introducción al uso en laboratorio de sensores de visión por eventos (sin fotografías) bio-inspirados, con la finalidad de conocer su funcionamiento interno y de familiarizarse con su manejo para generar datos en distintos tipos de entornos. - Aplicación de redes neuronales para procesamiento de alta velocidad de la información producida por los sensores de visión. Estas redes neuronales se basan en estructuras multicapa de computación convolucional basada en eventos. - Estudio de técnicas de aprendizaje profundo (deep learning) para entrenamiento de sistemas neuromórficos en aplicaciones de reconocimiento de objetos. Comenzando con la implementación y entrenamiento de redes pequeñas para reconocimiento de algunos símbolos geométricos sencillos, se tratará de escalar el sistema a redes más grandes que sean capaces de reconocer caracteres alfanuméricos manuscritos.	<a href="http://www2.imse-cnm.csic.es/neuromorphs/">http://www2.imse-cnm.csic.es/neuromorphs/</a>
JAEINT24_EX_1341	CANAL PIÑA, DAVID	davidcanal@mncn.csic.es	MUSEO NACIONAL DE CIENCIAS NATURALES	Microbioma y envejecimiento en un ave migratoria	El ritmo de envejecimiento, definido en términos generales como la pérdida progresiva de la integridad fisiológica con la edad, que conduce a una disminución del rendimiento reproductivo y/o de la probabilidad de supervivencia, varía significativamente entre sexos e individuos de la misma especie. En los últimos años, el microbioma intestinal, el conjunto de microorganismos que viven en el tracto gastrointestinal, se ha propuesto como un mediador fundamental del envejecimiento al desempeñar un papel crucial en diversos procesos fisiológicos (ej. relacionados con la digestión, la inmunidad y el metabolismo). El microbioma intestinal cambia a lo largo de la vida, influenciado por factores extrínsecos como la dieta o diversos estresores. Cada vez existen más evidencias de que estos cambios pueden desempeñar un papel fundamental en el deterioro de la salud y el rendimiento relacionados con la edad. Sin embargo, la mayoría de las investigaciones sobre la asociación entre el microbioma intestinal y el envejecimiento en animales salvajes se han realizado en primates humanos y no humanos. El objetivo principal de este trabajo es caracterizar el microbioma intestinal en diversas categorías de edad (volantones, individuos de primer año y adultos de edades avanzadas), así como entre sexos y tipos de hábitats. Este proceso es esencial para futuras manipulaciones experimentales que explorarán el papel del microbioma en el proceso de envejecimiento. Para el desarrollo del trabajo se usarán muestras de heces recogidas en una población de papamoscas cerrojillo ( <i>Ficedula hypoleuca</i> ) que lleva siendo monitorizada individualmente desde los años 80. El/La becario/a se integrará en el grupo de Ecología Funcional del Museo Nacional de Ciencias Naturales, constituido por investigadores de reconocido prestigio. Las tareas del becario/a incluirán trabajo de campo (si la beca se desarrolla en primavera) y laboratorio, así como tratamiento y análisis de datos.	<a href="https://www.davidcanalresearch.com/">https://www.davidcanalresearch.com/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1479	CANALS GAMONEDA, SANTIAGO	s.canals@csic.es	INSTITUTO DE NEUROCIENCIAS	Actualización de la base de conocimiento	El trabajo se enmarca dentro de un proyecto del Plan Estatal de Investigación que lleva por título Updating the brain's memory base. La hipótesis del trabajo, basada en la investigación previa de nuestro laboratorio, y otros, es que en el cerebro existe un número limitado de regiones con un peso desproporcionado en la regulación de la comunicación global. Esta característica es propia de estructuras en red con una organización fractal o scale free. Además, la hipótesis plantea que dichas regiones pueden ser desvelados mediante el análisis de redes basado en estadística física. En esta nueva investigación, empleamos una tecnología basada en el marcado de genes de expresión temprana para identificar las neuronas activas durante una tarea de aprendizaje. La resolución espacial de la técnica nos permite ganar precisión y analizar las propiedades en la red de un alto número de regiones cerebrales o nodos. Los resultados obtenidos hasta la fecha validan la hipótesis de partida y nos han permitido generar una lista o ranking de nodos por su capacidad de influencia dentro de la red. Algunos de ellos destacan por su novedad y gran peso específico entre los nodos críticos. Las siguientes fases de la investigación, en las que participará el estudiante aspirante a esta ayuda de JAE-Intro, junto con un postdoc del laboratorio (contratado Juan de la Cierva) y un estudiante de doctorado (FPI), pretenden validar el resultado teórico. Más concretamente, por medio de la inactivación o la facilitación de la actividad en los nodos listado en las primeras posiciones del ranking de nodos críticos (influencers), en animales realizando tareas de aprendizaje espacial, esperamos prevenir o facilitar, respectivamente, la formación de una nueva memoria. El plan de formación incluye, además de formación teórica necesaria y la discusión de resultados propios de la investigación y discusión de artículos científicos, las siguientes actividades: - Realización de neurocirugías para modificar genéticamente las neuronas del nodo diana y así condicionar su actividad. - Entrenamiento de animales y realización de test de conducta relacionados con la memoria espacial. - Análisis de conducta y análisis estadístico de los resultados. - Realización de estudios de histológicos para validar la manipulación experimental, localización de las inyecciones y expresión de los constructos farmacogenéticos. - Además, el estudiante asistirá a las reuniones del laboratorio y seminarios científicos	<a href="https://in.umh-csic.es/es/grupos/plasticidad-de-las-redes-neuronales/">https://in.umh-csic.es/es/grupos/plasticidad-de-las-redes-neuronales/</a>
JAEINT24_EX_1470	CANO GONZALEZ, DAVID ANTONIO	david.cano@csic.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA DE SEVILLA	Papel de los factores de hipoxia HIF en la formación y función de células beta pancreáticas	El objetivo general de este proyecto es dilucidar la relación entre los factores HIFs (con énfasis en Hif2alfa), la fosforilación oxidativa dependiente de glucosa y la formación y función de las células beta. Para ello, utilizaremos diversos ratones transgénicos y knock out condicionales en los que manipularemos la actividad de Hif2alfa así como la de la piruvato carboxilasa, una enzima clave en el metabolismo de la glucosa. El estudiante se incorporará a este proyecto trabajando con estos ratones modificados genéticamente a los que se les realizarán análisis fisiológicos, histológicos y moleculares para examinar la formación y función de las células beta pancreáticas. Para realizar estos experimentos no será necesario (aunque sí recomendable) tener certificación para trabajo con animales de experimentación. El estudiante tendrá su propio espacio de trabajo con ordenador con acceso a bases bibliográficas, etc y participará de forma activa en las actividades científicas, tanto las de nuestro grupo de investigación como las de nuestro instituto (seminarios científicos, reuniones de grupo, etc.).	<a href="https://www.ibis-sevilla.es/es/investigacion/patologia-cardiovascular-respiratoria-y-otras-patologias-sistemicas/enfermedades-endocrinas/">https://www.ibis-sevilla.es/es/investigacion/patologia-cardiovascular-respiratoria-y-otras-patologias-sistemicas/enfermedades-endocrinas/</a>
JAEINT24_EX_1047	CAÑELLAS BOLTA, NURIA	ncanellas@geo3bcn.csic.es	GEOCIENCIAS BARCELONA	Estudio de la biodiversidad del Parque Nacional del Yasuni (Amazonía Ecuatoriana) a través de muestras palinológicas	En este trabajo se pretende caracterizar una pequeña región de una de las zonas con mayor diversidad biológica, el Parque Nacional del Yasuni, en la Amazonía ecuatoriana. Para ello se analizarán muestras modernas recogidas en diferentes pantanos situados a lo largo de un transecto de 30 km de longitud. Las muestras proceden de un área previamente estudiada desde el punto de vista botánico, por lo que se hará énfasis en la comparación entre inventarios florísticos publicados y la señal proporcionada en las muestras sedimentarias, llamada "lluvia polínica". Para asegurar la precisión de las identificaciones, se usará y contribuirá a una colección de referencia de granos de polen a partir de material de herbario con taxones frecuentes en zonas de pantano, prestando especial interés en la morfología polínica de diferentes géneros de palmeras. Este tipo de análisis se conoce en paleoecología como "análogos modernos", y es indispensable para una correcta interpretación posterior del registro fósil y por lo tanto del estudio e interpretación precisa de las dinámicas de los bosques a lo largo del tiempo. - Tareas a realizar: 1) Selección del material de trabajo 2) Sub-muestreo (cada varios centímetros) 3) Procesamiento de muestras (tratamiento de laboratorio) 4) Análisis de muestras: identificación de polen (bajo microscopio) 5) Análisis estadístico (en R) con paquetes informáticos específicos 6) Revisión bibliográfica de estudios similares 7) Interpretación paleoambiental de los resultados obtenidos 8) Complementación con datos adicionales: colección de referencia Financiación disponible relacionada con el trabajo propuesto: I. A Palaeoenvironmental Investigation of Amazonian Lowland Sensitivity to Climatic Drivers Using Pollen-based Modelling Approaches (PALOMA). MSCA Postdoctoral Fellowships 2022 (ref. 101105420). Co-IPs: Dr Encarni Montoya (supervisora) & Dr Dael Sassoon (candidato). Duración: 2024 - 2026. Presupuesto aprobado: ¡165,312.96. 2. Past analogues of sustainable food production under climate change scenarios: assessing pre-Columbian large-scale practices' viability in flood-prone environments (MOMPAST). Financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación (ref. PID2022-138059NB-I00). IP: Dr Encarni Montoya. Duración: 2023 - 2027. Presupuesto aprobado: ¡175,000.00.	<a href="http://www.mauritastories.wordpress.com">www.mauritastories.wordpress.com</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0231	Capilla González, Vivian	vivian.capilla@cabimer.es	CENTRO ANDALUZ DE BIOLOGIA MOLECULAR Y MEDICINA REGENERATIVA	Desarrollo de terapias celulares para mejorar los tratamientos del cáncer infantil	El grupo de la Dra. Vivian Capilla-González desarrolla su labor científica en CABIMER, un centro de investigación biomédica multidisciplinar que integra grupos de investigación básica y aplicada con la finalidad de mejorar la salud y la calidad de vida de los ciudadanos. Las líneas de investigación del grupo están enfocadas al desarrollo de terapias celulares para el tratamiento de patologías del sistema nervioso central. En concreto, en esta convocatoria, el candidato participará en el desarrollo de estrategias basadas en células que permitan mejorar los resultados de los tratamientos oncológicos en el cáncer infantil. DESCRIPCIÓN DEL PROYECTO FORMATIVO: El plan formativo propuesto incluye diversas actividades que proporcionarán al candidato un excelente conjunto de habilidades científicas y conocimientos conceptuales de carácter básico y traslacional en el campo de la MEDICINA REGENERATIVA Y TERAPIA CELULAR. En concreto, se supervisará la formación del candidato en las siguientes actividades prácticas y teóricas: 1. Aislamiento, cultivo y caracterización de células madre humanas (medicamento celular). 2. Manipulación de muestras biológicas de ratones y/o humanas (plasma, tejidos, etc.) para evaluar el potencial terapéutico de los medicamentos celulares mediante técnicas de biología celular y molecular (RT-qPCR, western blot, ELISA, inmunohistoquímica, etc). 3. Formación especializada por los técnicos de las unidades de apoyo de CABIMER (microscopía, histología, cultivos, genómica, citometría, etc.) para su capacitación en el uso de los distintos equipos. 4. Participación en las reuniones semanales del grupo para presentar resultados, discutir problemas y diseñar nuevos experimentos. 5. Participación en las comunicaciones orales o pósters presentados en simposios y congresos científicos para difundir los resultados generados. 6. Participación en actividades de carácter científico y de divulgación (seminarios, eventos de divulgación, etc). 7. Participación en la preparación de artículos científicos para la publicación de resultados en revistas indexadas en el JCR, como primer autor o en colaboración. 8. Preparación de solicitudes de contratos de investigación (e.g. ayudas FPU, PFIS, AECC, etc.) para su continuidad en el grupo. 9. Establecimiento de sinergias con investigadores del CABIMER para fomentar el trabajo en equipo y las colaboraciones. Sin duda, esta formación de excelencia impulsará la carrera científica del candidato.	<a href="https://www.cabimer.es/en/research-groups/stem-cells-and-translational-neurology/">https://www.cabimer.es/en/research-groups/stem-cells-and-translational-neurology/</a>
JAEINT24_EX_0278	CARAZO GARCIA, JOSE MARIA	carazo@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Formación multidisciplinar entre bioinformática y biología estructural: Bioinformática estructural en cryo Electron Microscopy	: Cryo Electron Microscopy (cryoEM) se ha establecido como uno de los campos con mayor crecimiento en Biología Estructural. En este contexto, nuestro laboratorio tiene una gran proyección internacional, siendo el Centro Español de la Infraestructura Europea de Biología Estructural, con la denominación de "Instruct Image Processing Center", haciendo hincapié en nuestra gran experiencia en procesamiento de imagen. Al mismo tiempo, somos uno de los nodos Nacionales del Instituto Nacional de Bioinformática, que es el representante Nacional en la Infraestructura Europea de Bioinformática, ELIXIR. Esto es, estamos excelentemente posicionados entre la Biología Estructural y la Bioinformática, desarrollando un software 3DBionotes, reconocido como una de las muy pocas "ELIXIR recommended interoperability resources". La propuesta de Formación que presentamos introducirá al estudiante en este entorno, interrelacionando la bioinformática con la biología estructural en un entorno muy internacionalizado. Estos campos son actualmente muy activos en el uso de la Inteligencia Artificial, viviéndose una auténtica revolución que está cambiando como entendemos biomedicina. Los candidatos a este puesto deben saber programar en Python o C++, y sería deseable que tuvieran cierta familiarización con los conceptos de biología estructural y bioinformática.	<a href="http://biocomputingunit.es/">http://biocomputingunit.es/</a>
JAEINT24_EX_0401	CARBAJO GARCIA, JOSE MARIA	chema@inia.es	INSTITUTO DE CIENCIAS FORESTALES	Obtención y caracterización de papeles con propiedades mejoradas	En la sociedad actual la necesidad de reducir y/o sustituir el uso de materiales de origen fósil (plásticos) como materiales de envase y embalaje día es más acuciante ya que los residuos que generan suponen un importante problema. El papel/cartón, al ser un producto de origen natural, renovable, biodegradable y masivamente reciclado y reciclable, es un indiscutible candidato para este objetivo. No obstante, para sustituir al plástico, necesita desarrollar propiedades barrera a gases, líquidos y grasas, así como aumentar su resistencia en transportes refrigerados. El papel debe dotarse de estas capacidades sin comprometer su reciclabilidad y asegurando su aptitud para contacto alimentario. Para ello, el Grupo de Celulosa y Papel ha desarrollado varios proyectos y contratos en este campo. Actualmente está ejecutando el proyecto PID2020-114365RB-C22. "Desarrollo de alternativas sostenibles a los embalajes plásticos mediante la valorización de biomateriales residuales renovables" en el que trabaja en la obtención de papeles con propiedades mejoradas mediante la incorporación de bioproductos y su caracterización. Por tanto, la persona seleccionada se formará en la aplicación de bioproductos para obtener papeles con características mejoradas así como en la caracterización de papeles y cartones. La formación en esta línea supondrá formarse en técnicas analíticas (análisis cromatográficos y espectroscópicos entre otros). Igualmente, la persona seleccionada se formará en la determinación de propiedades físico-mecánicas y estructurales de distintas categorías de papeles y cartones, así como en ensayos microbiológicos. Muchos de los ensayos se encuentran normalizados por lo que el estudiante se formará en el manejo de estos documentos, junto con procedimientos descritos en la bibliografía. Además, el grupo realiza habitualmente ensayos y asesoría para el sector papelero y sectores afines así como entidades públicas y participa en tareas de normalización. Asimismo, tiene la categoría de "Qualified Laboratory" para la intercomparativa CTS de CEPI, por designación de ASPAPEL. El estudiante participará en estas tareas lo que le permitirá formarse en tareas complementarias que le permitirán tener un conocimiento global del sector de Celulosa y Papel. Junto con estas actividades principales, el estudiante se formará en otras tareas complementarias asistiendo a cursos y seminarios ofertados por el CSIC y participará también en tareas de difusión	<a href="https://www.inia.es/investigacion/forestal/Productos-forestales/Celulosa%20y%20papel/Pages/Home.aspx">https://www.inia.es/investigacion/forestal/Productos-forestales/Celulosa%20y%20papel/Pages/Home.aspx</a>



REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1717	CARBALLO GONZALEZ, CORROTO, JESUS ANGEL	j.carballo@csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA FUNCIONAL Y GENOMICA	Estudios genéticos y moleculares de enzimas requeridas para la reparación del ADN implicadas en cáncer y fertilidad	El objetivo del trabajo es estudiar las bases moleculares y genéticas que regulan la actividad y la función de distintas enzimas implicadas en la resolución de intermediarios de recombinación homóloga del ADN, determinando su posible relación con la infertilidad y/o el cáncer. El planteamiento de formación es el siguiente: El estudiante completará un aprendizaje introductorio para realizar un proyecto para TFG/TFM. Durante el aprendizaje se realizarán diversas técnicas genéticas y moleculares, con el objeto de determinar la función de los genes a estudio durante la recombinación del ADN y en el control de la proliferación celular. El estudio se desglosará en los siguiente: 1) Introducción teórico-práctica de las técnicas que realizará en el periodo de formación. Para ello, se realizarán ejemplos prácticos y uso de medios sociales con carácter divulgativo, como video-protocolos seleccionados, acompañado por la bibliografía necesaria para entender los principios de funcionamiento de las técnicas a aplicar. 24 horas. 2) Introducción al material biológico para el análisis de la meiosis, en este caso, la levadura <i>S. cerevisiae</i> . Introducción a los medios de crecimiento y de cultivo, seguido de inducción sincrónica de meiosis, y recolección de muestras. 24 horas. 3) Diseño de cebadores para su uso con la técnica de PCR, utilizando herramientas bioinformáticas como Primerblast, para generar secuencias de ADN para la clonación, selección, generación de proteínas de fusión, y mutagénesis de los genes a estudio de levadura. 32 horas 4) Ejecución de las técnicas: a. Primera fase: Preparación de estrategia para generación de cepas con las modificaciones descritas en el punto 3 mediante técnicas de PCR. 60 horas. b. Segunda fase. i) preparación del medio de crecimiento y de selección, ii) crecimiento de material biológico, iii) transformación y selección de clones, iv) Purificación del ADN de dichos clones, v) análisis de la correcta integración genómica de las mutaciones por PCR, electroforesis, western blot y microscopía. 100 horas. c. Tercera fase. Estudio del comportamiento meiótico de los mutantes y los distintos marcadores generados en la segunda fase. i) Cinética sincrónica de meiosis (ii) Estudio de sensibilidad a agentes que dañan el ADN mediante diluciones seriadas de los mutantes y controles, ii) Seguimiento de los niveles de expresión de las proteínas a estudio durante la meiosis y la proliferación, iv) Fertilidad de los gametos mutantes. 60 horas	<a href="https://ibfg.usal-csic.es/jesus-carballo-en.html">https://ibfg.usal-csic.es/jesus-carballo-en.html</a>
JAEINT24_EX_1395	CARBONELL BEJERANO, PABLO ANTONIO	pablo.carbonell@cvv.es	INSTITUTO DE CIENCIAS DE LA VID Y DEL VINO	Análisis genómico del origen de caracteres de interés agronómico en la vid	Esta beca JAE Intro en el Grupo de Genética y Genómica de la Vid del Instituto de Ciencias de la Vid y del Vino (ICVV) permitirá aprender y aplicar métodos de genómica comparativa para descubrir la variación molecular que subyace a la mejora clonal y la innovación varietal en la vid. Durante la propagación clonal de las variedades de vid se acumulan mutaciones somáticas que en ocasiones dan lugar a nuevos caracteres de interés agronómico que son seleccionados para mejorar las variedades. En estudios previos del grupo hemos identificado que el origen molecular de variación clonal en la vid puede ser muy diverso. En ese sentido, hemos encontrado i) variación puntual tipo SNPs no sinónimos como la que dio lugar a las variedades de uva sin semillas, ii) participación de elementos transponibles que alteran la expresión génica, iii) reorganizaciones genómicas en el origen de variantes clonales de uva blanca, y iv) un epi-alelo estable de hiper-metilación de ADN que dio lugar a una variante que produce racimos de uva menos compactos y por tanto menos susceptible a enfermedades fúngicas. En esta JAE Intro se estudiará el origen genético de variantes clonales de vid seleccionadas por desarrollar uvas sin semilla o por presentar una alteración en la forma de la hoja que puede ser más eficiente en la adaptación a sequía. Para ello, el plan de formación incluye la aplicación de análisis bioinformáticos genómicos de variant calling y análisis de transcriptómica mediante RNA-seq. Esta JAE Intro también permitirá aplicar técnicas de secuenciación de long reads usando Nanopore para estudiar cambios epigenómicos y variación estructural. Se espera que los resultados obtenidos formen parte de dos publicaciones científicas, una por cada variante clonal en estudio. El plan formativo incluye la posibilidad de cursar un Máster universitario de la Universidad de la Rioja y la realización del Trabajo Fin de Máster. El plan de formación se completará con la participación en reuniones de grupo y la asistencia a los ciclos de seminarios y cursos de formación del ICVV y del CSIC.	<a href="https://www.icvv.es/vitigen">https://www.icvv.es/vitigen</a>
JAEINT24_EX_0158	CARBONELL OLIVARES, ALBERTO TOMAS	acarbonell@ibmcp.upv.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA MOLECULAR Y CELULAR DE PLANTAS PRIMO YUFERA	Desarrollo de estrategias de RNAi de última generación basadas en pequeños RNAs artificiales	El silenciamiento génico o RNA de interferencia (RNAi) mediado por pequeños RNAs artificiales (art-sRNAs) es una valiosa herramienta biotecnológica para regular la expresión génica y que facilita la obtención de plantas mejor adaptadas a los cambios medioambientales o más resistentes a patógenos. Consiste en diseñar art-sRNAs de 21 nucleótidos, altamente específicos y con secuencia complementaria a la del transcrito del gen diana, y expresarlos en plantas para inducir el corte de dichos transcritos y silenciar el gen correspondiente. Nuestro laboratorio ha desarrollado una serie de herramientas bioinformáticas y moleculares que incluyen unos nuevos vectores de expresión de última generación que permiten el clonado ultrarrápido de diversos art-sRNAs, como son los microRNAs artificiales (amiRNAs) o los tasiRNAs sintéticos (syn-tasiRNAs), y su sobreexpresión de manera transitoria o en plantas transgénicas. A pesar del éxito de estas herramientas, la necesidad de integrar las secuencias precursoras de los art-sRNAs en el genoma de la planta limita su uso comercial debido a la estricta legislación europea que regula los organismos modificados genéticamente. En este proyecto vamos a desarrollar diferentes aproximaciones "GMO-free" para suministrar art-sRNAs a las plantas, como son i) la aplicación exógena (e.g. mediante spray) de precursores de art-sRNAs producidos eficientemente en bacterias, ii) la producción de art-sRNAs a partir de vectores virales sistémicos, y iii) la expresión de art-sRNAs a partir de genes endógenos de sRNAs previamente editados con sistemas CRISPR/Cas. La eficacia de las distintas estrategias se medirá por el grado de silenciamiento inducido tanto de genes endógenos de la planta como de diversos virus vegetales. Estamos convencidos de que el desarrollo de estas nuevas metodologías no transgénicas para suministrar art-sRNAs a las plantas facilitará la obtención de cultivos más productivos en el contexto actual de cambio climático. Este plan de trabajo está pensado para que el estudiante aprenda múltiples técnicas de biología molecular, bioquímica y fenotipado de plantas, y además es de esperar que el trabajo realizado pueda continuarse en el marco de una tesis doctoral.	<a href="http://www.albertocarbonelllab.com">www.albertocarbonelllab.com</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0638	CARCER DIEZ, GUILLERMO DE	gdecarcer@ib.uam.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES BIOMEDICAS SOLS-MORREALE	Characterization of new biomarkers associated with cell cycle-related drugs.	Cancer cells are highly proliferative compared to healthy cells, and this limitless replicative capacity is fueled by the cell cycle, the molecular mechanism that ensures cell proliferation. The cell cycle is tightly regulated by hundreds of enzymes, and these regulators are bona fide cancer therapeutic targets because their inhibition leads to cell cycle arrest and efficient tumor cell death. Therefore, in the last decades, many pharmaceutical companies have developed a wide range of cell cycle inhibitors with the intention to provide new targeted therapy strategies for cancer patients. Although cell cycle inhibitors are very efficient in vitro, and some even reached the clinical setting with great success, the reality is that many promising cell cycle drugs failed to show expected efficacy in patient clinical trials. There are many reasons for this disappointment: patient response is highly variable depending on the genetic and tumor background; some of the cell cycle drugs are highly cytotoxic to patients, preventing any good response; and the emergence of resistance mechanisms is a common problem when inhibiting kinases. Therefore, there is a strong need for the identification of biomarkers that can provide good tumor and patient selection in order to find the correct therapeutic window for cell cycle drugs. In the CCCB lab, we have applied the most advanced genome-wide CRISPR-Cas9 screening strategies and chemical screens to find resistance and susceptibility for certain cell cycle drugs. We have found some novel hits that could have a strong impact on cancer therapy. Our immediate goal is to study in detail the molecular mechanisms behind these novel genes and to translate this information into the clinical setting, thus moving closer to the goal of "personalized medicine". We are looking for candidates who are willing to join an enthusiastic and active laboratory, and who have the intention to further pursue a Ph.D. education. We offer a great opportunity to learn many techniques related to molecular oncology, and more importantly, to learn how to become a scientist! More info: <a href="https://scholar.google.es/citations?hl=es&amp;user=K-9xnrkAAAAJ&amp;view_op=list_works&amp;sortby=pubdate">https://scholar.google.es/citations?hl=es&amp;user=K-9xnrkAAAAJ&amp;view_op=list_works&amp;sortby=pubdate</a> <a href="https://www.researchgate.net/profile/Guillermo-De-Carcer/research">https://www.researchgate.net/profile/Guillermo-De-Carcer/research</a> <a href="https://gdecarcer.wixsite.com/website/">https://gdecarcer.wixsite.com/website/</a>	<a href="https://gdecarcer.wixsite.com/website">https://gdecarcer.wixsite.com/website</a>
JAEINT24_EX_0341	CARRANZA GIL-DOLZ DEL CASTELLAR, SALVADOR	salvador.carranza@ibe.upf-csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA EVOLUTIVA	Unleashing the secrets of Iberian snakes: exploring their venom evolution through multi-omics	Snake venom is a biological mixture of compounds with numerous purposes, including hunting and self-defense. The composition of this "biochemical weapon system" shows high complexity and diversity, resulting in a variable biochemical and toxicological profile that determines the pathological response. This response spans from local and systematic complications to neurotoxic reactions and poses such a threat that the World Health Organization (WHO) listed snakebites as a priority Neglected Tropical Disease in 2017. The effects produced after envenomation are very species-specific, with great intra- and interspecific variability in the genes related to venom synthesis located in the venom gland. Therefore, it is crucial to understand their systematics and phylogeny to continue toxicological research and improve snakebite treatment. Antivenoms may lack effectiveness or even be dangerous for the patient when applied to the wrong species' envenomation. Additionally, due to their diverse evolutionary history and consequent variability, venomous animals are fascinating models for understanding fundamental processes, including gene duplication, convergent evolution, genotype-phenotype mapping, and cell and tissue development. Moreover, the bioactivities of many toxins make them promising leads for the discovery of new human therapeutics. Although snake venom gene evolution has been studied intensively over the past several decades, most previous studies have lacked the context of complete snake genomes and the full context of gene expression across diverse snake tissues. This has led to conclusions that are now under question, such as the legitimacy of the Toxicofera clade. Instead, the use of high-quality genomes of venomous snakes, combined with transcriptomic and proteomic data, will enable the generation of a comprehensive catalog of venom-gland-specific toxin genes—the so-called "venom-ome-specific toxins." These genes show venom-gland-specific expression and therefore most probably encode the minimal core venom effector proteins. The overall aim of this thesis is to produce and compare high-quality genomes, transcriptomic, and proteomic data for all snake genera present in the Iberian Peninsula and for all venomous snake species native to this territory. By doing this, it aspires to generate a comprehensive catalog of "venom-ome-specific toxins," an invaluable resource to shed light on the evolution of snake toxic arsenals.	<a href="https://www.ibe.upf-csic.es/biodiversity">https://www.ibe.upf-csic.es/biodiversity</a>
JAEINT24_EX_1538	CARRASCAL PEREZ, MONSERRAT	montse.carrascal@ibb.csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES BIOMEDICAS DE BARCELONA	Explorando nuevos horizontes en la Epidemiología de Aguas Residuales: Las proteínas como biomarcadores humanos.	La epidemiología basada en aguas residuales (WBE por sus siglas en inglés) implica identificar y medir contaminantes y biomarcadores en las aguas residuales para recopilar información sobre actividades, estilos de vida y el estado de salud de una población. Estas aguas residuales se consideran un reservorio anónimo de heces y orina de la población atendida por la planta depuradora de aguas residuales (EDAR). Este enfoque, con una larga historia, se ha utilizado tradicionalmente para determinar moléculas pequeñas como productos farmacéuticos y drogas ilegales. En los últimos años, ha sido ampliamente utilizado para el seguimiento del virus SARS-CoV-2, proporcionando información valiosa sobre la evolución de la pandemia. Numerosos estudios han explorado el potencial de las proteínas como biomarcadores y la necesidad urgente de optimizar el monitoreo epidemiológico basado en aguas residuales para proteger la salud pública. Sin embargo, hasta ahora, el estudio de las proteínas en aguas residuales se ha centrado en comprender el comportamiento microbiano en ese entorno y apoyar tratamientos. Nuestro grupo, pionero en 2020 en la caracterización de biomarcadores de proteínas humanas en aguas residuales (Carrascal et al., Sci Total Environ 2020), ha demostrado la presencia de proteínas de diversos orígenes, incluidas proteínas humanas como uromodulina, α-amilasa y SI00A8, todas ellas propuestas previamente como marcadores de salud. A partir de un estudio de las aguas residuales de 10 municipios de Cataluña se establecieron marcadores proteicos relacionados con la actividad industrial, la presencia de plagas de roedores o la densidad de población, mostrando una clara relación entre las características de la actividad de la ciudad y las proteínas detectadas en las aguas residuales (Carrascal et al. EST 2023). Estos hallazgos indican la posibilidad de vigilar el estado de salud de una población utilizando biomarcadores proteicos mediante WBE. Se han seleccionado un conjunto de biomarcadores proteicos relacionados con diferentes patologías humanas que se monitorizarán en aguas residuales de distintas ciudades y en diferentes momentos. La persona receptora de este contrato estará involucrada tanto en su desarrollo como en su aplicación. Se utilizarán técnicas proteómicas basadas en espectrometría de masas de alta resolución para la identificación y cuantificación de estas proteínas, así como herramientas bioinformáticas para el procesamiento de los datos.	<a href="https://www.ibb.csic.es/es/research/37">https://www.ibb.csic.es/es/research/37</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0508	CARREIRA MORENO, AURA	acarreira@cbm.csic.es	CENTRO DE BIOLOGÍA MOLECULAR SEVERO OCHOA	Novel interacting partners of BRCA2 in replication stress conditions	Chronic replication stress (RS) is a prominent feature of cancer cells, mainly due to their continuous proliferation. Interestingly, this feature provides a therapeutic vulnerability to treat tumors. Replication in human cells is tightly regulated and requires the coordinated functions of hundreds of proteins during the S-phase of each cell cycle, one of which is the tumor suppressor BRCA2. BRCA2 stabilizes replication forks and preserves genome integrity through its established role in DNA repair by homologous recombination. BRCA2's large size (~380kDa), highly disordered nature and limited concentration in the cell pose a challenge to determine its binding partners in specific conditions. To overcome this issue, we have generated a DLD1 cell line (human colorectal cancer cells) BRCA2 deficient cells stably expressing BRCA2 tagged with GFP and TurboID (GFP-BRCA2-TurboID), a strategy that uses an engineered biotin ligase that covalently labels the proteins in proximity the protein of interest with biotin. Using protein biotinylation as a proxy, these cells will enable us to detect the protein-interacting partners of BRCA2 in different RS conditions. We have collected nuclei from BRCA2-TurboID cells to capture the biotinylated proteins using streptavidin beads either left untreated or treated with RS (HU). Three biological replicates were performed under the same conditions and sent them for proteomic analysis at the Mass Spectrometry Facility at CNB, in the same campus. The analysis is now ongoing. In this project, the student will identify the top enriched hits in 3 biological replicates together supervised by a postdoc in the lab that has performed the MS experiments. Then, she/he will confirm the top hits by Western Blotting under the same replication stress (RS) conditions. Then, the student will determine whether those partners of BRCA2 that associate with replication forks using proximity ligation assay and click-chemistry and fluorescent microscopy. Finally, she/he will map the interaction site in BRCA2 using different constructs, transient transfection and GFP-trap pulldowns. To further characterize the interaction in cells we will use variants identified in breast cancer patients predicted to alter the interaction in cells using functional assays.	<a href="https://www.cbm.uam.es/">https://www.cbm.uam.es/</a>
JAEINT24_EX_0100	CARRILLO FUMERO, ROMEN	rcarrillo@pna.csic.es	INSTITUTO DE PRODUCTOS NATURALES Y AGROBIOLOGÍA	Nanocápsulas fluorescentes como transportadores de aniones transmembrana	El transporte de aniones a través de las membranas celulares está involucrado en la regulación de multitud de procesos fisiológicos y enfermedades. El desarrollo de nuevos sistemas para controlar dicho transporte es, por tanto, un área de vital importancia. En este trabajo, se llevará a cabo la construcción de nanocápsulas capaces de albergar aniones en su interior debido a interacciones supramoleculares no convencionales. Además, dichas cápsulas serán luminiscentes, lo cual facilita su detección en células. Por último, su exterior es modelable, con lo que se podrán implementar funciones adicionales o bien controlar la solubilidad o el tejido objetivo. Esta propuesta tiene un marcado carácter multidisciplinar, con una elevada capacidad formativa. El trabajo incluirá la síntesis química de las nanocápsulas y su adecuada caracterización. Medidas de fluorescencia y determinación de constante de asociación con distintos aniones, y por último, evaluación de las habilidades como transportador.	<a href="https://www.ipna.csic.es/grupo-de-investigacion/estructura-diseno-y-funcion-molecular">https://www.ipna.csic.es/grupo-de-investigacion/estructura-diseno-y-funcion-molecular</a>
JAEINT24_EX_0684	CARRILLO VICO, ANTONIO	vico@us.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA DE SEVILLA	Valoración de los efectos combinados de biopéptidos vegetales y melatonina en la obesidad y la enfermedad del hígado graso	El trabajo ha desarrollar está enmarcado en el proyecto de investigación "Valoración de los efectos combinados de biopéptidos de lupino y melatonina en la obesidad y la enfermedad del hígado graso asociada a la disfunción metabólica" donde la estudiante abordará el siguiente objetivo del proyecto: - Valoración de la capacidad inmunomoduladora de la ingesta de biopéptidos de lupino y/o melatonina en un modelo pre-clínico murino de obesidad. Para ello utilizará la siguiente metodología: - Cuantificación relativa de la expresión génica de los marcadores inmunes en bazo, hígado y tejido adiposo visceral, que están conservados a -80°C, mediante qRT-PCR. - La cuantificación de citoquinas en sobrenadante de cultivo de esplenocitos se llevará a cabo mediante el kit "Th1/Th2/Th9/Th17/Th22/Treg Cytokine 17-Plex Mouse ProcartaPlex". La solicitante se unirá al grupo de investigación de NeuroInmunoEndocrinología Molecular del Instituto de Biomedicina de Sevilla (IBIS), bajo la supervisión del Dr. Antonio Carrillo Vico. Tendrá la oportunidad de formarse a través del programa de seminarios de área y ciclos de seminarios del IBIS, con frecuencia bimensual, y donde se actualizará sobre los avances de investigación más recientes. La solicitante desarrollará los objetivos mencionados, aprendiendo ella realización de técnicas bioquímicas, de biología celular y molecular. Además, la solicitante participará en las siguientes actividades de investigación: a) participar en sesiones de revisión de literatura para comprender el estado actual del conocimiento sobre los efectos inmunoendocrinas de péptidos bioactivos vegetales; b) Familiarizarse con los protocolos de investigación del laboratorio, las técnicas experimentales y los procedimientos de seguridad; c) Análisis de datos experimentales utilizando software estadístico y herramientas gráficas; d) Interpretar los resultados y contribuir a la preparación de informes de investigación, presentaciones y publicaciones científicas; d) Colaborar con otros investigadores para garantizar un flujo de trabajo eficiente y la integridad de los datos, para finalmente mejorar sus habilidades de pensamiento crítico y resolución de problemas mediante la participación activa en proyectos de investigación. Finalmente, se manifiesta que el centro y el laboratorio disponen de los medios materiales necesarios para la realización del trabajo de investigación propuesto y hay financiación para poder llevarlo a c	<a href="https://www.ibis-sevilla.es/investigacion/enfermedades-hepaticas-digestivas-e-inflamatorias/neuroinmunoendocrinologia-molecular/">https://www.ibis-sevilla.es/investigacion/enfermedades-hepaticas-digestivas-e-inflamatorias/neuroinmunoendocrinologia-molecular/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0320	Carrión Bravo, Víctor José	vcarrion@ihsm.uma-csic.es	INSTITUTO DE HORTOFRUTICULTURA SUBTROPICAL Y MEDITERRANEA LA MAYORA	microDISCOVER: Plataforma de microorganismos para el descubrimiento de nuevos agentes y compuestos de biocontrol	Esta beca permitirá incorporar al becario al grupo "Biología y Protección de Cultivos" del IHSM-UMA-CSIC, y desarrollar su plan de formación en el marco de proyectos actualmente en marcha como: Microbial Induction of Plant Resilience to Drought Stress, Marine Biodiversity as Sustainable Resource of Disease-Suppressive Microbes and Bioprotectants for Aquaculture and Crop Diseases and Greenhouse Gas Reduction in RICE: MICRO-biome climate smart applications, así como de otros contratos con entidades privadas como: Plant exudates to enhance beneficial host-microbe interactions under variable environmental conditions. El plan de formación consistirá en el desarrollo de una "Plataforma de trabajo basado en técnicas metagenómicas y dependientes de cultivo para el descubrimiento de productos naturales (NPs) de origen microbiano". Para ello, se elaborará un plan de trabajo en el que se desarrollarán ensayos de supresividad, empleando plantas de tomate inoculadas con patógenos fúngicos, en presencia y ausencia de enmiendas orgánicas (Mes 1 y 2). La presencia de genes codificantes para NPs y su expresión, se analizará usando secuenciación masiva. Esto nos permitirá conocer las secuencias para posibles NPs con función antifúngica (Mes 2 a 8). Se emplearán medios de cultivo para aislar los filos que con genes de interés, generando colección de aislados de suelos supresivos que se usará para rastrear los genes de interés. En este punto, se hará un análisis de los 5-10 microorganismos más prometedores (Mes 8 a 10). Se secuenciará y rastreará el genoma de las cepas bacterianas seleccionadas para la presencia de los genes de los nuevos NPs. Además, se obtendrán y procesarán los extractos bacterianos usando LC/MS-MS para la dilucidar su estructura. Finalmente, se realizará el análisis de resultados y se desarrollará un borrador para su publicación (Mes 10 a 12). El programa de formación incluirá la participación en el ciclo de seminarios del grupo de investigación, y durante este periodo deberá realizar 2 seminarios sobre la marcha de trabajos experimentales y las conclusiones. También se programarán reuniones quincenales con el tutor para elaboración y discusión de resultados, y para el diseño y planteamiento de futuros experimentos. Este plan de formación permitirá al estudiante afrontar con garantías la realización del Máster de postgrado "Biología Molecular y Celular" (UMA), así como el paso al programa de doctorado del mismo nombre	<a href="https://www.ihsm.uma-csic.es/grupos/19">https://www.ihsm.uma-csic.es/grupos/19</a>
JAEINT24_EX_1084	CARRO ARAMBURU, JUAN ROGELIO	jarro@cib.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS MARGARITA SALAS	Nuevas enzimas para la producción de bioplásticos	El ácido furandicarboxílico (FDCA) es un precursor promotor de biopolímeros plásticos, entre ellos el furanoato de polietileno (PEF), que presentan propiedades mejoradas respecto al tereftalato de polietileno (PET) de origen petroquímico. A diferencia del ácido tereftálico, precursor del PET, el FDCA es de origen renovable, ya que proviene del hidroximetilfurfural (HMF) obtenido a partir de las hexosas de la biomasa vegetal. La conversión de HMF en FDCA se realiza actualmente mediante procesos termoquímicos, aunque existe una familia de enzimas, las hidroximetilfurfural oxidasas, que catalizan las tres oxidaciones necesarias para la producción de FDCA. Estos biocatalizadores actúan bajo condiciones más sostenibles, en medio acuoso y a temperaturas moderadas. A pesar de su gran interés industrial, solo se han descrito 4 de estas enzimas hasta la fecha, que, en general, presentan baja actividad sobre alguno de los intermediarios de la reacción de transformación de HMF en FDCA. La línea de investigación en la que se enmarca este plan formativo se centra en el descubrimiento y mejora de nuevas enzimas de esta familia con el fin de adaptar la conversión enzimática para su uso industrial. Este proyecto se basa, por una parte, en la expresión y purificación de nuevas enzimas, su caracterización y su optimización (en términos de actividad o estabilidad) mediante técnicas de ingeniería de proteínas. Por otra, en el diseño de condiciones de reacción para obtener mayor producción de FDCA, sea con enzimas nativas o mejoradas, bajo condiciones industriales. Por ello, el o la beneficiaria/o podrá formarse en técnicas de expresión heteróloga de proteínas, métodos de purificación, enzimología, ingeniería de proteínas, biocatálisis y técnicas de análisis como HPLC o GC-MS. Además, el o la estudiante tendrán la oportunidad de integrarse en el grupo de "Biotecnología para la biomasa lignocelulósica", entre cuyos objetivos está el desarrollo de métodos enzimáticos como alternativa sostenible a procesos químicos industriales. Podrá desarrollar sus tareas en un ambiente multidisciplinar y con personas en distintas etapas de su carrera científica. A través del trabajo que lleve a cabo entrará en contacto con colaboradores de ámbitos industriales y computacionales, así como con grupos de la Plataforma Temática Interdisciplinar SusPlast del CSIC sobre "Plásticos Sostenibles para una Economía Circular".	<a href="https://www.cib.csic.es/research/microbial-plant-biotechnology/biotechnology-lignocellulosic-biomass">https://www.cib.csic.es/research/microbial-plant-biotechnology/biotechnology-lignocellulosic-biomass</a>
JAEINT24_EX_0890	CARTWRIGHT, JULYAN HAROLD E.	julyan.cartwright@csic.es	INSTITUTO ANDALUZ DE CIENCIAS DE LA TIERRA	Óptica Schlieren para medir propiedades de fluidos en movimiento	El proyecto consiste en utilizar un sistema de óptica Schlieren para estudiar los parámetros químico-físicos que se dan en la formación de materiales inorgánicos autoorganizados de estructura tubular donde se postula que se inició la química prebiótica que dio origen a la Vida. Se trata de un proyecto interdisciplinar donde se abordan cuestiones interesantes para la Biología (patrones en los seres vivos), Química (disolución y precipitación), Física (osmosis, difusión, cristalización) y Geología (patrones en minerales y otros sistemas geológicos) y que puede constituir una buena introducción a la experimentación en laboratorio en Ciencias Naturales. El proyecto trata de explorar diferentes condiciones químicas y físicas que permitan al estudiante observar los cambios de comportamiento e interpretarlos.	<a href="https://rmm363.csic.es">https://rmm363.csic.es</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_084I	CARVAJAL ALCARAZ, MICAELA S.S.	micaela.carvajal@csic.es	CENTRO DE EDAFOLOGIA Y BIOLOGIA APLICADA DEL SEGURA	Aplicaciones biotecnológicas de las aquaporinas de plantas	Las aquaporinas son proteínas de membrana que juegan un papel crucial en el transporte de agua y nutrientes a través de las células vegetales. Nuestros estudios sobre las aquaporinas han generado un conocimiento de alto valor sobre cómo funcionan estos canales y cómo regulan el equilibrio hídrico de las plantas. Esta comprensión ha mejorado significativamente nuestra visión de la fisiología de las plantas y ha abierto nuevas perspectivas en la investigación agrícola y la biotecnología vegetal para mejorar la optimización de la absorción de agua por las plantas. Por otro lado, nuestros estudios con aquaporinas en plantas han generado una gran cantidad de investigaciones científicas con aplicaciones tecnológicas, promoviendo avances significativos en múltiples disciplinas. Estos avances incluyen técnicas de ingeniería genética para mejorar la eficiencia de las plantas en el uso del agua, el desarrollo de membranas selectivas para aplicaciones en desalinización y tratamiento de aguas residuales, y el desarrollo de productos de encapsulación para la industria alimentaria y farmacéutica. Estas innovaciones han llevado a mejoras sustanciales en la sostenibilidad ambiental y el desarrollo de tecnologías más eficientes en el uso de recursos. Durante los meses de disfrute de esta beca proponemos para el estudiante el estudio de dos isoformas concretas de aquaporinas de brócoli que parecen tener un papel fundamental en la respuesta de las plantas a salinidad. Esto sentará las bases para establecer programas de mejora y la utilización de vesículas enriquecidas en estas aquaporinas para aplicaciones biotecnológicas.	<a href="http://www.cebas.csic.es/dep_spain/nutricion/aquaporinas/aquapo_lineas.html">http://www.cebas.csic.es/dep_spain/nutricion/aquaporinas/aquapo_lineas.html</a>
JAEINT24_EX_1296	CASACUBERTA SUÑER, MARIA ELENA	elena.casacuberta@be.upf-csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA EVOLUTIVA	Unraveling the origin of animals	Ever wonder how animals went from single-celled organisms to amazing multicellular creatures? We, at the MultiCellGenome lab, are diving deep into the secret lives of the closest unicellular relatives to animals. We work with four groups of unicellular organisms that could be the next big stars in cell biology and evolutionary research! We use a multidisciplinary approach to understand how both genes and cellular processes changed during evolution. We've developed transformation and genome-editing techniques, which basically means you can test your own ideas about how these organisms work! Imagine unlocking the secrets of how these single-celled ancestors morphed into the first animals! Check out these links for some pictures and videos of these unicellular relatives of animals: Link to MultiCellGenome Flickr: <a href="https://www.flickr.com/people/146564503@N06/">https://www.flickr.com/people/146564503@N06/</a> Link to MultiCellGenome YouTube: <a href="https://www.youtube.com/user/multicellgenomelab">https://www.youtube.com/user/multicellgenomelab</a> Link to a recent research paper: <a href="https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0960982221008903">https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0960982221008903</a> If you are a JAE-Intro student, you could join our project and become an expert on these emerging models. You will answer questions about their life cycles, how they change throughout their lives, and even edit their genomes to see what happens! Plus, you will learn awesome techniques like molecular biology, cell culture, microscopy, and computational tools.	<a href="https://multicellgenome.com">https://multicellgenome.com</a>
JAEINT24_EX_0359	CASAL ALVAREZ, JOSE IGNACIO	icasal@cib.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS MARGARITA SALAS	Función de la proteína CD109 en la metástasis del cáncer colorrectal y en resistencia a quimioterapia	La metástasis es responsable de más del 90% de las muertes debidas al cáncer. Nuestro laboratorio lleva años dedicado al estudio de la progresión y metástasis del cáncer colorrectal (CCR). Como consecuencia de este trabajo de investigación se han descubierto nuevas dianas de interés terapéutico, entre otras la cadherina 17 (CDH17) y el receptor $\alpha 2$ de la interleucina 13 (IL13Ra2), que se han utilizado para la preparación de anticuerpos y péptidos terapéuticos. Dentro de esta línea de investigación hemos identificado la sobreexpresión de la proteína CD109 en el sobrenadante de células altamente metastáticas de CCR. CD109 es una proteína asociada a mal pronóstico en diversos tumores y que podría estar relacionada con la resistencia a drogas en pacientes de CCR. Recientemente, el laboratorio ha comenzado a utilizar organoides tumorales que mimetizan mucho mejor las condiciones actuales del tumor y permiten llevar a cabo estudios de medicina personalizada, como la capacidad para decidir cuáles son las mejores combinaciones en quimioterapia para un paciente en base a las características de su tumor. TAREAS A REALIZAR. El estudiante llevará a cabo estudios de silenciamiento génico de CD109 tanto en líneas celulares metastáticas como organoides y caracterizará las propiedades metastáticas de las células silenciadas para CD109. En paralelo, se realizarán estudios de transcriptómica de las células silenciadas utilizando microarrays de expresión. En esta JAE INTRO se propone al estudiante familiarizarse con técnicas actuales de biología molecular y celular, incluido el cultivo de organoides tumorales, técnicas de microscopía y citometría, así como métodos de experimentación animal. La información obtenida en este proyecto permitirá una mejor comprensión del papel de la CD109 en la progresión tumoral, resistencia a drogas y posibles estrategias terapéuticas para bloquear su función. Finalmente, el estudiante durante su estancia en el laboratorio no sólo aprenderá nuevos métodos de trabajo experimental, sino que se integrará en un equipo de trabajo compuesto por investigadores tanto postdoctorales como predoctorales, participará en los seminarios de grupo de forma regular y se integrará en un Centro de investigación dinámico, que ofrece un amplio número de actividades formativas de diversa índole.	<a href="https://www.cib.csic.es/es/departamentos/biomedicina-molecular/mecanismos-de-metastasis-tumoral">https://www.cib.csic.es/es/departamentos/biomedicina-molecular/mecanismos-de-metastasis-tumoral</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0070	CASAR MARTINEZ, BERTA	b.casar@csic.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA Y BIOTECNOLOGIA DE CANTABRIA	Nuevas dianas terapéuticas en cáncer de mama triple negativo (TNBC)	Los cánceres de mama triple negativos (TNBCs) comprenden carcinomas mamaros que no expresan receptores de estrógeno (RE), receptores de progesterona (PR) y receptor 2 del factor de crecimiento epidérmico humano (HER-2). Los TNBCs son un subtipo de tumor agresivo, caracterizado por un alto riesgo de recurrencia dentro de los 3 años posteriores al diagnóstico y una alta tasa de mortalidad. Los TNBCs representan aproximadamente el 20% de los casos de cáncer de mama. Aunque ha habido avances en el tratamiento de los cánceres de mama con receptores hormonales positivos y receptores del factor de crecimiento epidérmico humano 2 positivos, las terapias dirigidas para los TNBC siguen sin estar disponibles y estos tumores se asocian con peores resultados en comparación con los no TNBC; además en estadios avanzados, las respuestas a la quimioterapia y la radioterapia carecen de durabilidad. Por último, las mujeres a las que se les diagnostica TNBC tienden a ser más jóvenes que las pacientes con cáncer de mama no TNBC. Por tanto, existe una necesidad urgente de desarrollar una terapia dirigida para inhibir la progresión y metástasis de TNBC. CDCPI es una proteína transmembrana que se expresa en modelos celulares de TNBC altamente agresivos. Nuestro objetivo es dilucidar los fundamentos moleculares de esta compleja enfermedad para traducirlos en oportunidades de tratamiento. En este proyecto, pretendemos desentrañar los mecanismos moleculares mediante los cuales la señalización de CDCPI regula la metástasis de TNBCs. Además, determinaremos si la escisión de CDCPI tiene un potencial significativo como diana antitumoral y podría representar una nueva herramienta de pronóstico, facilitando así el tratamiento y la detección temprana de recaídas en pacientes con TNBC. Recientemente, hemos descubierto que el bloqueo de la escisión de CDCPI utilizando un anticuerpo monoclonal específico proporciona un mecanismo potencial para la intervención terapéutica en la enfermedad metastásica. Por tanto, el bloqueo de la activación de CDCPI podría representar una nueva diana antitumoral para bloquear la metástasis y el CDCPI escindido podría usarse como un marcador de pronóstico para los TNBC	<a href="https://web.unican.es/ibbt/ec/es-es/sobre-el-ibbt/ec/equipo/directorio/detalle-miembro?d=BertaCasarLab">https://web.unican.es/ibbt/ec/es-es/sobre-el-ibbt/ec/equipo/directorio/detalle-miembro?d=BertaCasarLab</a>
JAEINT24_EX_0570	CASAS REINARES, FRANCISCO JAVIER	casas@ifca.unican.es	INSTITUTO DE FISICA DE CANTABRIA	Microwave Instrumentation Calibration for the Study of CMB Polarization	The measurement of the Cosmic Microwave Background (CMB) polarization is considered a unique tool to study the inflationary process of the universe, in particular by means of the B-mode polarization characterization. To take advantage of the instrumental sensitivity offered by present and future detection technology, specific calibration methods are required. Ground-based observations result nowadays strongly affected by systematic errors. To mitigate their effect, it is required the implementation of calibration systems allowing to correct the systematic errors to a level enough to exploit the potential sensitivity provided by hundreds or even thousands of detectors, that have already reached the quantum limit in terms of added noise. The proposed project is oriented towards the calibration of ground-based experiments using both, artificial sources onboard satellites orbiting the earth or celestial sources like the moon, planets or even some constellations like CRAB. The use of these calibrators will be oriented to the characterization of the instrumental systematic errors, both in intensity and polarization, of ground based cmb polarization experiments like QUIJOTE (Q-U-I) Joint Tenerife Experiment), BICEP (Background Imaging of Cosmic Extragalactic Polarization) or ACT (Atacama Cosmology Telescope), between others. This project is preferably dedicated to students following the Master Inter-Universitario en Física de Partículas y Física del Cosmos (UC- UIMP).	<a href="https://ifca.unican.es/es/investigacion/cosmologia-observacional-e-instrumentacion">https://ifca.unican.es/es/investigacion/cosmologia-observacional-e-instrumentacion</a>
JAEINT24_EX_1709	CASTAÑEDA DEL ALAMO, MARIA CARMEN	ccastaneda@eead.csic.es	ESTACION EXPERIMENTAL AULA DEI	Aplicación de imágenes Sentinel-2 para el seguimiento de la calidad del agua en humedales de la cuenca del Ebro	El control de la calidad del agua de lagos y lagunas es una prioridad dentro de los planes hidrológicos de la Confederación Hidrográfica del Ebro (CHE) y un requerimiento de la Directiva Marco del Agua (DMA). La teledetección permite obtener parámetros indicadores de la calidad del agua en humedales de interior, especialmente los relacionados con la clorofila-a y la turbidez del agua, aunque no ha sido suficientemente estudiada en España. El riego y la agricultura intensiva y la ganadería industrial tienen importantes consecuencias sobre la disponibilidad y calidad del agua de los humedales continentales e intermitentes. La estrategia de teledetección una excelente oportunidad para resaltar el potencial de la tecnología satelital como herramienta relevante para el seguimiento de las aguas continentales. En este contexto, el grupo de acogida en la EEAD está aplicando la teledetección para el estudio de la calidad del agua en humedales de la cuenca del Ebro afectados por la intensificación agraria, en el marco de los siguientes proyectos: 1. Proyecto PN (TED2021-130303B-I00) en el que se están llevando a cabo seguimientos de la calidad del agua de humedales protegidos. Se está desarrollando una Trabajo Fin de Máster para explorar la respuesta espectral de la superficie del agua en diferentes humedales. 2. Proyecto PRIMA MAEWA en el que se estudian humedales protegidos del Mediterráneo (Marruecos, Túnez, Argelia). Estos proyectos son una excelente oportunidad para explorar la aplicación de la teledetección en el seguimiento de la calidad del agua, y validar los resultados con los datos de campo proporcionados por las campañas previstas en los proyectos. Formación del candidato/a JAE intro. La persona candidata se formará en teledetección aplicada al estudio del agua. Se comprobará la turbidez, la concentración de clorofila a, la proliferación de algas y las condiciones oligotróficas/eutroficas. Desarrollará habilidades relacionadas con los programas de tratamiento de imágenes (SNAP, ERDAR Imagine, ENVI,) y entornos de programación Python y R. Aprenderá herramientas estadísticas para tratamiento de datos espectrales y de datos de campo (SPSS). Se formará en el uso y manejo de Sistemas de Información Geográfica, a través de la plataforma libre QGIS o mediante el acceso a ArcGIS con la licencia corporativa CSIC. Se ofrece una línea de investigación aplicada a políticas. Tendrá proyección internacional, gracias al proyecto PRIMA.	<a href="https://grupo-rama.es/">https://grupo-rama.es/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1200	CASTELLANO SANCHEZ, MARIA ESTHER	ecastellano@usal.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA MOLECULAR Y CELULAR DEL CANCER DE SALAMANCA	Caracterización del Papel del Microambiente Tumoral en la Respuesta a Fármacos de la Célula Tumoral en Cáncer de Pulmón con Mutaciones en KRAS y EGFR	La matriz extracelular (MEC) desempeña un papel crucial en la regulación del microambiente tumoral y la respuesta a fármacos. Sin embargo, su influencia específica en la resistencia o sensibilidad de las células tumorales a los tratamientos farmacológicos aún no se comprende completamente. Este estudio tiene como objetivo caracterizar el papel de la MEC en la respuesta a fármacos de las células tumorales de cáncer de pulmón con mutaciones en KRAS (G12C y G12D) y EGFR (L858R) para mejorar nuestra comprensión de los mecanismos subyacentes a la resistencia terapéutica en el cáncer. Este estudio busca evaluar la respuesta de las células tumorales quimioterapéuticas actualmente utilizados en clínica y fármacos dirigidos. Asimismo, se intentará identificar biomarcadores de la MEC asociados con la respuesta a fármacos en células tumorales con mutaciones específicas y analizar los mecanismos moleculares implicados en la interacción entre la MEC y las células tumorales en respuesta a tratamientos. Para ello, el estudio se realizará en co-cultivos complejos puestos a punto en nuestro laboratorio. Utilizaremos CAFs derivados de pacientes con adenocarcinoma de pulmón que se sembrarán en condiciones en las que son capaces de formar matriz extracelular en respuesta a las señales que son enviadas por las células tumorales. De este modo, tendremos un sistema complejo en el que coexisten las células tumorales, los CAFs y la matriz que estos generan. Además, para determinar la influencia que pueden tener los CAFs en este sistema, se realizarán en paralelo los mismos estudios, pero en un sistema en el que primero tendremos a los CAFs formando la matriz y, una vez formada, se descelularizará y se sembrarán en ella las líneas celulares en estudio. Se espera identificar la influencia de la MEC en la respuesta a fármacos de células tumorales con mutaciones específicas en KRAS y EGFR, así como biomarcadores asociados con la sensibilidad o resistencia a tratamientos. Estos hallazgos podrían contribuir al desarrollo de estrategias terapéuticas más efectivas y personalizadas para pacientes con cáncer de pulmón. En conclusión, el estudio de la interacción entre la MEC y las células tumorales en respuesta a fármacos en cáncer de pulmón con mutaciones en KRAS y EGFR proporcionará una mejor comprensión de los mecanismos de resistencia y sensibilidad a tratamientos, abriendo nuevas oportunidades para la terapia dirigida y la mejora de resultados clínicos.	<a href="https://www.cicancer.org/grupo?id=38">https://www.cicancer.org/grupo?id=38</a>
JAEINT24_EX_1364	CASTILLO GARRIGA, ARACELI	araceligcastillo@ihsm.uma-csic.es	INSTITUTO DE HORTOFRUTICULTURA SUBTROPICAL Y MEDITERRANEA LA MAYORA	Análisis genético y molecular de la interacción planta-geminivirus	En la actualidad, las enfermedades generadas por geminivirus se cuentan entre las más importantes por su impacto económico en verduras y cultivos fibrosos, incluyendo judía, mandioca, algodón, cucurbitáceas, maíz, pimiento y tomate. Como ejemplos notables, la enfermedad del rizado amarillo de la hoja de tomate limita su producción en muchas regiones del mundo (América, Europa, Asia, África y Oceanía), mientras que la enfermedad del mosaico dorado de la judía diezma la producción de judía común en el continente americano. Los geminivirus representan la familia más importante de virus de DNA de plantas, estando su genoma constituido por una molécula circular de DNA de cadena sencilla. Una vez en el interior del núcleo celular pasan a DNA de cadena doble que es empaquetado formando un minicromosoma. Con tan solo entre 6-8 proteínas estos virus son capaces de manipular y alterar la homeostasis celular con el fin de replicar, transcribir y traducir su genoma, moverse en su hospedador y transmitirse a plantas vecinas. Numerosos trabajos muestran que los mecanismos de silenciamiento génico tanto post-transcripcional como transcripcional de la célula, están implicados en la defensa frente a geminivirus. Para el desarrollo de una infección son esenciales las interacciones compatibles entre el virus y el hospedador, interacciones mediante las cuales el patógeno anula o evita los mecanismos de defensa y secuestra las funciones del hospedador que requiere para su replicación, movimiento, etc. Conocer las bases moleculares de estas interacciones es esencial para el diseño de estrategias de control eficaces y duraderas y ese será el objeto de estudio para este plan de formación.	<a href="https://www.ihsm.uma-csic.es/grupos/24">https://www.ihsm.uma-csic.es/grupos/24</a>
JAEINT24_EX_1689	CASTRILLO MELGUIZO, MARIA	castrillo@ifca.unican.es	INSTITUTO DE FISICA DE CANTABRIA	Centros de Procesamiento de Datos sostenibles: estudio de su huella hidrica	El trabajo a desarrollar se enmarca en el ámbito de la sostenibilidad de los centros de procesamiento de datos (CPD), en particular en el estudio de su huella medioambiental, tanto desde el punto de vista del consumo energético como de los recursos hídricos. El proceso de transformación digital en el que nos hayamos inmersos produce una enorme cantidad de datos que han de ser procesados, y es por ello que el número y capacidad de los CPDs no deja de crecer, pero al mismo tiempo lo hace también su demanda de energía y agua. Aunque el consumo energético y su huella de carbono han sido aspectos relevantes en el diseño y operación de los CPDs, el consumo de agua ha pasado más desapercibido, a pesar de las previsiones de la ONU de que en 2025 el 50% de la población mundial vivirá en zonas con escasez de agua. Recientemente, el consumo de agua ha empezado a cobrar interés, aunque actualmente muy pocos proveedores de recursos de computación son transparentes en cuanto a este aspecto. En estas prácticas, que se desarrollarán en un grupo multidisciplinar y en relación con el proyecto europeo Greener Future Digital Research Infrastructures, se realizará una revisión del estado del arte en el cálculo de la huella hídrica de los CPDs, así como de su modelización en función de la demanda de cómputo y de las condiciones meteorológicas utilizando como caso de estudio el propio CPD del Instituto de Física de Cantabria.	<a href="http://www.ifca.unican.es">www.ifca.unican.es</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1350	CASTRO LOPEZ, ANTONIO JESUS	antoniojesus.castro@eez.csic.es	ESTACION EXPERIMENTAL DEL ZAIDIN	Estudio del papel de las S-acilasas de proteínas (PATs) en la respuesta del olivo frente al estrés salino durante el desarrollo floral	<p>1. Antecedentes y justificación de la propuesta En el contexto actual de cambio climático, el aumento de la temperatura y la escasez de precipitaciones han propiciado y acelerado la salinización del suelo, representando uno de los mayores desafíos para la agricultura y la seguridad alimentaria del planeta. En 2050 se espera que la mitad de las tierras agrícolas estén afectadas por la salinización del suelo, originando pérdidas económicas con un valor de 27.000 millones de dólares al año. El olivo es un cultivo muy importante desde el punto de vista agronómico, social y ecológico, pero una buena parte del olivar ocupa suelos de baja calidad sujetos a salinización antropogénica. La salinización de los suelos puede generar diversos efectos sobre las plantas cultivadas durante todas las etapas del ciclo de vida dificultando el crecimiento, desarrollo y reproducción de estas. La S-acilación implica la adición reversible de palmitato a residuos de Cys de proteínas por la acción de enzimas S-aciltransferasas (PAT). Investigaciones recientes sugieren que la pérdida de la función PAT podría dar lugar a una hipersensibilidad al estrés salino. El objetivo de la presente propuesta es identificar y caracterizar las enzimas PATs implicadas en la S-acilación de proteínas en los tejidos reproductivos del olivo durante la floración en respuesta al estrés salino.</p> <p>2. Actividades científicas y formativas Los experimentos de salinidad se realizarán a partir plantones (n= 90) de olivo de 4-5 años de la variedad 'Arbequina' en condiciones de riego controlado con 0 (control), 100 y 200 mM ClNa. Los experimentos se iniciarán en el mes de enero y finalizarán tras el periodo de floración (abril-mayo), y se realizará la toma de muestras (flores) de forma periódica. Se medirán los siguientes parámetros de floración: cronología floral, número de inflorescencias y flores por planta, ratio de flores perfectas/imperfectas, viabilidad y germinabilidad del polen, receptividad estigmática, y nivel de cuajado. Los genes PAT se identificarán a partir del genoma de olivo. La expresión de los genes identificados se analizará mediante qPCR en los distintos tejidos reproductivos para los distintos tratamientos salinos. Una vez identificados qué genes PAT son activos frente al estrés salino, se obtendrán anticuerpos y se determinará los niveles de las proteínas PATs mediante Western blotting, así como la localización tisular y celular de dichas proteínas mediante inmunocitoquímica a microscopio</p>	<a href="https://www.eez.csic.es/biologia-reproductiva-y-microscopia-avanzada-de-plantas-bremap">https://www.eez.csic.es/biologia-reproductiva-y-microscopia-avanzada-de-plantas-bremap</a>
JAEINT24_EX_0458	CASTRO SOUBRIET, FERNANDO DE	fdcastro@cajal.csic.es	INSTITUTO CAJAL	Oligodendroglíogenesis y (re)mielinización en condiciones normales y patológicas	<p>Técnicas básicas de laboratorio. - Manejo de animales, perfusión transcardiaca y fijación y postfijación de tejido nervioso; aunque no es indispensable, para un mejor aprovechamiento, el candidato debería tener el certificado de experimentación animal (funciones A, B y C) en el momento de la contratación. - Técnicas de histología e inmunocitoquímica/inmunomarcaje. - Técnicas de cultivo celular primario, de explantes y organotípicos; tratamiento con inmunocitoquímica/inmunomarcaje. - Aprendizaje de técnicas de programación celular para la génesis de precursores de oligodendrocitos a partir de fibroblastos humanos (biopsias de controles sanos y de pacientes con diferentes tipos de esclerosis múltiple). - Técnicas de Biología Molecular (PCR/RT-PCR, extracción de ácidos nucleicos, diseño de primers, etc.). - Manejo de microscopios ópticos, de epifluorescencia y confocal. - Formación en desarrollo del sistema nervioso (neurogénesis, oligodendroglíogenesis y mielinización), patogenia de la desmielinización (esclerosis múltiple, enfermedades raras desmielinizantes primarias) y estudio de potencial neuroreparador de los precursores oligodendrogliales (aislados de SNC de roedores y de muestras neuroquirúrgicas humanas). - Formación en análisis de imagen, estadístico y software específico (ImageJ, SigmaPlot/SigmaStat, SPSS, Excel, Photoshop, MathLab, etc.), manejo de bases de datos. - Participación en reuniones de grupo de investigación. - Preparación/realización de seminarios internos del grupo, seminarios del Departamento, preparación/presentación de comunicaciones a congresos internacionales/nacionales.</p>	<a href="https://cajal.csic.es/laboratorios/neurobiologia-del-desarrollo/">https://cajal.csic.es/laboratorios/neurobiologia-del-desarrollo/</a>
JAEINT24_EX_0210	CAYUELA GARCIA, MARIA LUZ	mlcayuela@cebas.csic.es	CENTRO DE EDAFOLOGIA Y BIOLOGIA APLICADA DEL SEGURA	Mitigating Greenhouse Gas Emissions from Intensive Agricultural Systems	<p>Southeast Spain represents one of the main vegetable production areas in Europe, predominantly under highly intensive agronomic practices. Such systems often suffer environmental costs such as soil degradation, water pollution, and greenhouse gas emissions from intensive irrigation and fertilizer use, contributing to climate change. The candidate will participate in ongoing national and European projects aimed at mitigating greenhouse gas emissions in these systems, ultimately reducing the impact of food production on climate change. Current research projects include: 1) BIONET. Biochar as a negative emission technology in calcareous soils. 2) LIFE-CLIMAWIN. Mitigating climate change in vineyards. 3) MICRORESI. Deciphering microbiomes from extreme environments for the improvement of crop resilience to climate change, food security and safety. The fellow will have the opportunity to engage in field experiments monitoring CO<sub>2</sub>, CH<sub>4</sub>, and N<sub>2</sub>O fluxes under various fertilization strategies. He/she will become acquainted with sophisticated laboratory equipment for measuring greenhouse gas emissions from soil and innovative techniques to track carbon and nitrogen transformations at the soil-atmosphere interface. He/she will be part of a dynamic research team alongside PhD students and postdoctoral fellows, providing with a first-hand experience in scientific research on soil biogeochemistry.</p>	<a href="https://www.researchgate.net/profile/Maria-Luz-Cayuela">https://www.researchgate.net/profile/Maria-Luz-Cayuela</a>



REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0394	Cazorla López, Francisco Manuel	cazorla@uma.es	INSTITUTO DE HORTOFRUTICULTURA SUBTROPICAL Y MEDITERRANEA LA MAYORA	Papel de la regulación por quorum sensing en el biocontrol bacteriano contra hongos fitopatógenos de la rizosfera	Esta beca permitirá incorporar al becario al grupo "Microbiología y Protección de Cultivos" del Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora" (IHSM-UMA-CSIC), y desarrollar su plan de formación en el marco de proyectos actualmente en marcha (PID2021-123713OB-I00 "Bases para la interacción beneficiosa entre Pseudomonas chlororaphis y la rizosfera de aguacate", TED2021-129369B-I00 "Biodiversidad microbiana en cultivos subtropicales y su impacto durante la transición hacia el control biológico de enfermedades fúngicas emergentes" y PROYEXCEL21_00012 "La biodiversidad microbiana natural como fuente para agentes de control biológico contra enfermedades fúngicas del aguacate"), así como de otros contratos con entidades privadas (8.06/5.60.6665 "Desarrollo y transferencia de un protocolo compatible con la agricultura ecológica para la prevención y control de enfermedades fúngicas emergentes en plantaciones de mango y aguacate de Andalucía", y 8.06/6.31.286 "Analysis for soil biodiversity in agricultural plots in Spain, AgBio Syngenta"). El plan de formación consistirá en el estudio del papel de sistemas de Quorum Sensing (QS) de bacterias de biocontrol en la interacción con la rizosfera de plantas. En este estudio se van a utilizar dos cepas de Pseudomonas chlororaphis, PCL1606 y PCL1601, cuyos genomas están secuenciados, ambas aisladas de la rizosfera de aguacate y, con actividad colonizadoras eficiente, de antagonismo y de control biológico frente a hongos fitopatógenos. PCL1606 consta de dos sistemas de QS, mientras que PCL1601 tiene un solo sistema. El papel regulador de estos sistemas podría ser esencial ya que pueden regular fenotipos de la propia bacteria relacionados con la producción de metabolitos secundarios, actividades relacionadas con la promoción del crecimiento vegetal, la colonización e incluso la tolerancia frente a estrés ambientales. Para abordar el plan de formación, están ya generados mutantes limpios por deleción en los sistemas de QS de estas cepas dos cepas, que se utilizarán junto con las cepas silvestres para dilucidar el papel beneficioso que estos puedan tener en la interacción con plantas y fenotipos relacionados. Durante el primer mes, se realizará mediante cromatografía de capa fina la presencia de las diferentes moléculas de AHL en los diferentes mutantes en comparación con las cepas silvestres. Durante el segundo mes, s	<a href="https://www.ihsm.uma-csic.es/grupos/19">https://www.ihsm.uma-csic.es/grupos/19</a>
JAEINT24_EX_0473	CELESTINO PEREZ, SEBASTIAN	scelestino@iam.csic.es	INSTITUTO DE ARQUEOLOGIA-MERIDA	Tarteso. Arqueología y Arquitectura	Análisis constructivo de los edificios tartésicos de los valles del Guadalquivir y Guadiana. Se impartirá formación en fotogrametría, levantamientos planimétricos y 3D, clasificación de material arqueológico, elaboración de bases de datos y prácticas en arqueología en el Laboratorio del IAM y en el yacimiento de Casas del Turruñuelo.	<a href="http://www.iam.csic.es">www.iam.csic.es</a>
JAEINT24_EX_0130	CERVIÑO LOPEZ, SANTIAGO	santiago.cervino@eo.csic.es	CENTRO OCEANOGRAFICO DE VIGO	Desde la evaluación de poblaciones hacia la gestión de pesquerías basada en el ecosistema	El enfoque tradicional para la gestión de la pesca se basa en evaluaciones científicas que tratan de manera individual, como entidades aisladas, las diferentes poblaciones objeto de gestión. Sin embargo, a partir de la década de los años 90 este enfoque se comenzó a considerar insuficiente, frente a uno más amplio que consideraba no sólo los demás componentes del ecosistema (como el medio ambiente), sino también el conjunto de especies de interés comercial (esta doctrina se conoce como Ecosystem Approach to Fisheries Management, en inglés). Sin embargo, la gran complejidad de la dinámica de las poblaciones marinas y la escasez de datos y de información biológica hizo que este enfoque ecosistémico, aunque globalmente aceptado por los científicos, no se haya desarrollado lo suficiente como para aplicarlo de forma generalizada. El desarrollo de estas metodologías son objetivos del Grupo de Investigación MetMar (Métodos en Ecología y Evaluación de Recursos Marinos Vivos) del que el coordinador de esta propuesta es responsable y en este contexto surge el proyecto FRESCO (FRom Single stock assessment to eCOsystem-based fishery management) cuyo fin es desarrollar un modelo ecosistémico basado en la estructura de tamaños de individuos en el ecosistema (MIZER, <a href="https://sizespectrum.org/mizer/">https://sizespectrum.org/mizer/</a> ) para las aguas Atlánticas ibéricas con el cual se ajustarán y probarán hipótesis ecosistémicas (ej. interacciones entre especies, cambio climático, etc.) y se evaluará el impacto en el ecosistema de diferentes medidas de gestión. Los resultados de este proyecto se compartirán con los organismos pesqueros internacionales y nacionales a cargo de la evaluación y gestión pesquera, lo que contribuirá a su progreso efectivo hacia una gestión ecosistémica. Así, la persona contratada participará en el desarrollo del modelo MIZER ayudando en el análisis descriptivos de los datos necesarios para su calibración y estandarización, así como en la formulación de las hipótesis a atestar de cambio climático y medidas de gestión pesquera. La persona contratada colaborará activamente con los componentes del proyecto FRESCO ( <a href="https://mervex-group.github.io/MERVEX/proof/FRESCO.html">https://mervex-group.github.io/MERVEX/proof/FRESCO.html</a> ) en las respectivas actividades (ej., cursos, talleres, etc.).	<a href="https://apps.csic.es/grupos/pages/grupo/edicionGrupo.html?idGrupo=939419">https://apps.csic.es/grupos/pages/grupo/edicionGrupo.html?idGrupo=939419</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1385	CHAGOYEN QUILES, MONICA	monica.chagoyen@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Introducción a la investigación en biomedicina de sistemas computacional	El plan de formación a realizar incluye las siguientes actividades: • Fundamentos de Biomedicina: Introducción a los conceptos básicos de biología molecular y celular, así como a la fisiología humana. • Informática Biomédica: herramientas informáticas y bases de datos utilizadas en biomedicina. Se enseñarán técnicas de manejo de datos y análisis bioinformático. • Programación en Biomedicina: Aprendizaje de un lenguaje de programación relevante para la investigación en sistemas computacionales en biomedicina, como Python o R. Se cubrirán temas de manipulación de datos, visualización y modelado. • Bioestadística: Adquisición de habilidades en análisis estadístico aplicado a datos biomédicos. Se abordarán técnicas de diseño de experimentos, análisis de datos clínicos y evaluación de resultados. • Modelado de Sistemas Biológicos: Introducción a la modelización matemática y computacional de sistemas biológicos. Se estudiarán conceptos de dinámica de sistemas, modelado de redes metabólicas y simulación de procesos biológicos. • Aplicaciones en Biomedicina de Sistemas: Exploración de casos de estudio y proyectos de investigación en biomedicina de sistemas computacional. Se analizarán aplicaciones en áreas como diagnóstico médico, terapias personalizadas y descubrimiento de fármacos. • Seminarios y Conferencias: Participación en seminarios, conferencias y grupos de discusión sobre temas actuales en biomedicina de sistemas computacional. Se fomentará la interacción con otros miembros del grupo de investigación y la presentación de resultados de investigación. • Proyecto de Investigación: Desarrollo de un proyecto de investigación bajo la supervisión de un mentor académico. Se aplicarán los conocimientos adquiridos para abordar una pregunta de investigación en biomedicina de sistemas computacional, desde la formulación del problema hasta la presentación de resultados. Este plan de formación proporcionará al estudiante una sólida base teórica y práctica para iniciar su carrera en la investigación en biomedicina de sistemas computacional, combinando conocimientos de biología, informática y análisis de datos.	<a href="https://csbg.cnb.csic.es">https://csbg.cnb.csic.es</a>
JAEINT24_EX_0339	CHAMIZO DE LA PIEDRA, SONIA	schamizo@eeza.csic.es	ESTACION EXPERIMENTAL DE ZONAS ARIDAS	El papel de la biocostra en los flujos de carbono y nitrógeno del suelo y su transferencia a la vegetación en las tierras secas	El estudiante se integrará en el grupo de Desertificación y Geo-Ecología de la EEZA donde se desarrollan diferentes líneas de investigación relativas a: 1. Evaluación y monitoreo de la degradación de la tierra a escalas regionales. 2. Sostenibilidad a largo plazo de los Sistemas de Uso de la Tierra. 3. Balances de agua y carbono a diferentes escalas temporales y espaciales. 4. Interacciones geocológicas en las tierras áridas. 5. Restauración ecológica, basada en el uso de tecnosoles y microorganismos del suelo. 6. Evaluación y seguimiento de los recursos hídricos subterráneos relacionado con las oscilaciones climáticas. 7. Estudio del impacto de la contaminación química en zonas áridas y áreas protegidas. 8. Evaluación de redes de conservación. La investigación que desarrolla la IP que supervisará las actividades del estudiante durante su beca JAE se enmarca principalmente en las líneas 3, 4 y 5. Actualmente la IP en el marco del proyecto BIOPANTFLUX (Ref. CNS2023-144749): "Carbon and nitrogen fluxes in biocrusts and mechanisms for nutrient transfer to vegetation" financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación (Convocatoria Consolidación Investigadora), pretende evaluar el papel de la biocostra, en función de su grado de desarrollo, en el balance de carbono y nitrógeno del suelo, y cómo la transferencia de nutrientes de la biocostra a la vegetación adyacente afecta al funcionamiento de ésta en las zonas áridas. El estudiante participará en las diferentes tareas del proyecto relacionadas con: 1) Medidas de fijación de CO <sub>2</sub> y N <sub>2</sub> y emisiones de CO <sub>2</sub> , CH <sub>4</sub> y N <sub>2</sub> O en biocostras naturales e inducidas, en diferentes condiciones ambientales; 2) Medidas de exportación de C y N en biocostras naturales e inducidas por erosión, tanto en laboratorio en condiciones de lluvia simulada de diferente intensidad como en parcelas de campo después de diferentes lluvias; 3) Medidas estructurales y eco-fisiológicas en plantas con y sin exclusión del aporte de nutrientes por el agua de escorrentía desde áreas encostradas; 4) Medidas de transferencia de nitrógeno de la biocostra a la planta usando técnicas isotópicas. En todas las actividades, el estudiante participará en el diseño experimental, preparación y realización de los experimentos, y análisis e interpretación de los resultados, siempre bajo la supervisión de la IP. Paralelamente, podrá participar en otros experimentos en marcha realizados por el Grupo para completar su formación.	<a href="http://www.eeza.csic.es/es/d_geoe.aspx">http://www.eeza.csic.es/es/d_geoe.aspx</a>
JAEINT24_EX_0528	CHATZIEVANGELOU, DAMIANOS	damianos@icm.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS DEL MAR	Use of space by Norway Lobster Nephrops norvegicus and associated benthic fauna within an intelligent stock assessment framework	The Norway Lobster <i>Nephrops norvegicus</i> is an important European fishery resource in annual landed values, but landings have shown declining trends and signs of overexploitation. However, reliable stock assessment is challenging due to uncertainties related to the species' burrowing behavior. Trawl-based methods limit the temporal resolution of data, elevate costs, fatally extract animals and compromise the quality of soft bottom habitats. On the other hand, non-extractive alternatives such as UnderWater TeleVision (UWTV) surveys rely on counting burrows in towed sledge videos and include uncertainties over burrow cohabitation, multiple occupation by dominant adults, or empty burrows. Consequently, we need novel, technologically advanced approaches of accurate, non-destructive monitoring of this key resource. Strategically arranged robotic networks of fixed/mobile image-based data sources can assist decision-making in management and restoration programs. The proposed EoI consists in an outstanding candidate carrying out a Master's Thesis within the framework of the MSCA postdoctoral project CINNEPHILIA (GAP-101104596; starting in 09/2024) developed by the supervisor to tackle these challenges. The working plan includes: -Analysis of footage collected by seabed landers (i.e., stationary time-lapse imaging) and Autonomous Underwater Vehicles (i.e., linear transects) to detect and identify <i>N. norvegicus</i> individuals and burrows, as well as other associated fauna sharing the same habitat in the Catalan continental margin (NW Mediterranean). Tasks: Creation of a label inventory; Image annotation -Analysis of benthic species use of space, by quantifying the spatial associations between <i>N. norvegicus</i> individuals, burrows and other associated fauna. Tasks: Treatment image label output (i.e., pixel coordinates) and navigation data to derive real spatial data of benthic species; Application of spatial statistics and probabilistic principles to define relationships -Writing the MSc Thesis/report with an outlook to upgrade it later to a full, peer-reviewed paper The candidate will receive training in benthic ecology, fisheries science, image analysis and statistics. In addition to having supervised 3 MSc (1 ongoing) and 1 BSc Theses, the supervisor has experience in training (under-)graduate students, currently leading a training task within an Erasmus+ project (Into the Deep; 2022-1-DE02-KA220-ADU-000088137) on image analysis by citizen scientists.	<a href="https://www.icm.csic.es/en/research-group/functioning-and-vulnerability-marine-ecosystems">https://www.icm.csic.es/en/research-group/functioning-and-vulnerability-marine-ecosystems</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0289	CHINCHILLA RODRIGUEZ, ZAIDA	zaida.chinchilla@cchs.csic.es	INSTITUTO DE POLITICAS Y BIENES PUBLICOS	Métricas responsables para el avance de las carreras académicas	Las líneas de investigación que desarrollo se centran en los estudios cuantitativos de ciencia y tecnología. Actualmente trabajo en dos niveles de análisis: a nivel individual centrándome en la trayectoria de las carreras académicas de los investigadores y a nivel macro, donde exploro las dinámicas del sistema global científico en torno a las redes de colaboración y la movilidad científica. A nivel individual: Métricas responsables para el avance de las carreras académicas. Esta línea trata de explorar hasta qué punto las agencias de financiación y de evaluación de la investigación modulan determinadas prácticas científicas de los investigadores y cómo afectan estas prácticas a la evolución y consolidación de sus carreras académicas, con énfasis en el género y la edad académica. A nivel macro: Construyendo vínculos entre países: Colaboración y movilidad científica en las relaciones científicas mundiales. Esta línea de investigación trata de explorar los mecanismos mediante los cuales los países establecen vínculos científicos entre sí y cómo estos mecanismos pueden ayudar a crear agendas de investigación. El objetivo general es identificar la convergencia o discrepancia de los países en cuanto a patrones de movilidad y colaboración a nivel general y por disciplinas temáticas para determinar las posiciones relativas y la influencia de los países en ambos procesos. Plan formativo: Se proponen actividades formativas que se pueden dividir en dos grupos, según los intereses y el tiempo que el o la candidata que acceda a la convocatoria quiera dedicar. En primer lugar, el o la candidata se familiarizará con la investigación que desarrollo. Para ello, se sugerirán lecturas de artículos académicos y/o libros, la asistencia a conferencias y seminarios (presenciales u online). Por otro lado, si el o la candidata tienen habilidades tecnológicas o intención de desarrollarlas, una parte de su formación se puede dedicar a mostrar las fuentes de información y los programas con los que solemos trabajar para el procesamiento de grandes cantidades de información. Los candidatos tendrán espacio para trabajar de manera independiente y libertad para orientar las lecturas y trabajos hacia los temas que más les interesen. En el caso de que decidan seguir investigando, se solicitará financiación en todas aquellas convocatorias en las que estén interesados (FPU, La Caixa, etc.). También se ofrece la oportunidad de conocer otros proyectos en marcha y de incorporarse a	<a href="https://ipp.csic.es/es/org-structure/metrica-e-innovacion-ciencia-tecnologia-mist">https://ipp.csic.es/es/org-structure/metrica-e-innovacion-ciencia-tecnologia-mist</a>
JAEINT24_EX_0753	CODERCH NEGRA, M.LUISA	lcnesl@iqab.csic.es	INSTITUTO DE QUIMICA AVANZADA DE CATALUÑA	FORMULACIONES LIPÍDICAS PARA USO COMO APOSITOS PARA PIEL	Se han realizado enormes esfuerzos para desarrollar membranas artificiales como sustitutos de la piel humana. El papel fundamental de las ceramidas en la función barrera de la piel nos lleva a formular liposomas con estos lípidos con la presencia de agentes antimicrobianos como aceites esenciales o tensioactivos como el LAE para ser aplicados directamente sobre la piel o sobre alguna membrana como apósitos para la piel. El presente estudio se centrará en la formación de liposomas con diferentes lípidos de la piel conteniendo siempre ceramidas y algún agente antimicrobiano mediante diferentes técnicas. Se caracterizarán las formulaciones estudiando la estabilidad, tamaño de partícula, dispersión del tamaño y potencial Z mediante DLS. También se evaluará el orden de la bicapa lipídica mediante ATR-FTIR. Se determinará la capacidad de encapsulación de los agentes microbianos. Se evaluará la permeabilidad al agua mediante la evaluación de la pérdida de agua transepidérmica (TEWL) de las membranas sintéticas debidamente modificadas por las formulaciones. A ser posible se evaluará la actividad antimicrobiana determinando las concentraciones mínimas inhibitorias (MIC) y bactericidas (CMB).	<a href="http://www.iqab.csic.es">www.iqab.csic.es</a>
JAEINT24_EX_1127	COLELL RIERA, ANA	a.colell@csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES BIOMEDICAS DE BARCELONA	Mitochondria and neuroinflammation in Alzheimer's disease	The clinical signs of Alzheimer's disease (AD) appear after a long period of deterioration of different metabolic and signaling pathways that ultimately result in neuronal death. Epidemiologic studies have reported a reduced incidence of the disease with the use of non-steroidal anti-inflammatory drugs; however, further clinical trials have failed to show promising results in symptomatic AD patients. Therefore, although growing experimental evidence strongly indicates that chronic cerebral inflammation is an underlying mechanism of AD, a better knowledge of how inflammation is perpetuated is still needed. We have previously shown that intracellular accumulation of cholesterol alters two of the first-line cellular defense mechanisms: autophagy, which removes damaged cell material, and mitochondria, essential hubs of cellular signaling that can ultimately dictate cell fate. Alterations in these key cellular processes, described in the early stages of AD, have been shown to favor the release of pro-inflammatory mitochondrial DNA. Using different cellular models of AD and cutting-edge imaging technology, we will identify checkpoints to prevent the release of mitochondrial DNA and block the resulting vicious cycle of neuroinflammation and brain damage.	<a href="https://www.iibb.csic.es/en/research/61">https://www.iibb.csic.es/en/research/61</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1275	COLIZZI , FRANCESCO	fcollizzi@icm.csic.es	INSTITUTO DE QUIMICA AVANZADA DE CATALUÑA	Advancing the enzymatic depolymerization of PET one atom at a time	In tight collaboration with experiments, the student will contribute to develop a computational framework based on the combination of de-novo protein design by deep learning with advanced biomolecular simulations to build the next-generation of nature-inspired biotechnological catalysts for the depolymerization of PET plastics. The successful implementation of the project will open new avenues to plastic waste treatment & recycling toward a PET circular economy. By empowering circularity, it will enforce the protection of hydric and marine resources and prevent and control pollution. We are a young and ambitious team that, with computer simulations as core technology, pursues highly interdisciplinary molecular research that ranges from computational molecular biophysics, plastic-degrading enzymes, to drug discovery and molecular evolution. We develop and apply molecular simulations approaches to impulse a paradigm shift in marine sciences based on the 3D and 4D (the 4th dimension being time) representation of biomolecular processes in the Ocean. Besides our headquarter at IQAC-CSIC, we have tight collaborations with experimental groups at the Institute of Marine Sciences (ICM-CSIC) and abroad, and we are embedded in an interdisciplinary network with excellent and infrastructures at our disposal.	<a href="https://twitter.com/molecularocean">https://twitter.com/molecularocean</a>
JAEINT24_EX_1434	COLL I CEREZO, FRANCESC	fcoll@ibv.csic.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA DE VALENCIA	Aplicación de métodos avanzados de genómica comparativa al estudio de las bases genéticas de resistencia antimicrobiana	La resistencia a los antibióticos es hoy uno de los mayores problemas de salud global que ha resultado en un aumento del gasto sanitario y de la mortalidad. Para controlar este problema se recomienda acelerar la detección de resistencias mediante pruebas de diagnóstico rápido. La secuenciación genómica de bacterias infecciosas promete convertirse en una herramienta de diagnóstico preciso y completo de las resistencias antibióticas. Para ello es necesario conocer de ante mano los genes y mutaciones que causan estos fenotipos. El proyecto contempla los siguientes objetivos principales: (1) estudiar nuevos mecanismos de resistencia a antibióticos mediante métodos avanzados de genómica comparativa, incluyendo estudios de asociación del genoma completo (GWAS por sus siglas en inglés); (2) aplicar estas mismas técnicas, y métodos filogenéticos y de genética de poblaciones, para identificar mecanismos de silenciado de genes de resistencia; y (3) desarrollar herramientas bioinformáticas para procesar secuencias genómicas brutas y predecir las resistencias a antibióticos genotípicamente. La/el candidata/o seleccionada/o contribuirá a la ejecución de estos objetivos y tendrá la oportunidad de aprender de otros proyectos de investigación en marcha y sobre la variedad de aplicaciones clínicas y en salud pública de la genómica microbiana. Formación ofrecida: La/el candidata/o tendrá la oportunidad de formarse técnica y profesionalmente en métodos y habilidades relevantes para la investigación en genómica microbiana. En concreto, la formación incluirá la adquisición de: - Competencias en el procesamiento de datos genómicos mediante el uso de métodos estadísticos de agrupamiento (clustering), correlación, regresión y aprendizaje automático (machine learning); y técnicas de visualización de datos. - Competencias especializadas en técnicas avanzadas de genómica comparativa: métodos filogenéticos, de genética de poblaciones, y de asociación del genoma completo. - Conocimientos de genética bacteriana general (p. ej. mecanismos genéticos de resistencia a antibióticos) y aplicada (p. ej. marcadores genéticos para el diagnóstico de resistencias). - Habilidades organizativas, de colaboración, de trabajo en equipo y de comunicación oral y escrita.	<a href="https://www.ibv.csic.es/project/unidad-de-genomica-microbiana-aplicada/">https://www.ibv.csic.es/project/unidad-de-genomica-microbiana-aplicada/</a>
JAEINT24_EX_1377	COLL MONTON, MARTA	m.coll@csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS DEL MAR	Network modelling for marine ecological applications	Feeding behavior and ecology of organisms intervene importantly in marine connectivity as species move towards or prey upon organisms that belong to different habitats. While doing so, they establish ecological linkages that substantially contribute to the structure and functioning of marine ecosystems. Describing and understanding these linkages is essential to manage ecosystems with an integrative perspective. This study will update and use a large trophic database that details trophic interactions among marine organisms from the Mediterranean Sea, including more than 34000 records and more than 2400 entities (bacteria, chromists, protozoans, plants and animals). Most of the data is sourced from stomach content analysis, followed by stable isotopes analysis and DNA metabarcoding registries. The study will then use the Mediterranean Sea trophic database to (1) characterize the knowledge available about trophic ecology in the region, (2) quantify the relationship between main species trophic linkages and their traits (e.g. habitat, taxa), and (3) assess network properties of the marine food web.	<a href="https://martacollmarine.science/">https://martacollmarine.science/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0104	COLMENARES BRUNET, MARIA ISABEL	maria.colmenares@cib.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS MARGARITA SALAS	ANÁLISIS DE LAS CONSECUENCIAS FUNCIONALES DE LA REPROGRAMACIÓN DE MACRÓFAGOS HUMANOS EN PATOLOGÍAS INFECCIOSAS	Esta propuesta se sitúa dentro de la línea de investigación central del Grupo de Biología de las Células Mieloides, cuyo enfoque principal se dirige hacia la Reprogramación de macrófagos humanos derivados de monocitos de sangre periférica. Los macrófagos, componentes esenciales del sistema inmunitario innato, desempeñan funciones cruciales en la respuesta a la inflamación y la eliminación de patógenos. Su diferenciación y funcionalidad están influenciadas por factores estimulantes clave, entre los que destacan el factor estimulante de colonias de granulocitos/macrófagos (GM-CSF) y el factor estimulante de colonias de macrófagos (M-CSF). Mientras que el M-CSF es fundamental para la diferenciación de macrófagos residentes en tejidos y derivados de monocitos circulantes, promoviendo un perfil antiinflamatorio, profibrótico e inmunosupresor, el GM-CSF es esencial para la generación de macrófagos alveolares pulmonares, favoreciendo una respuesta robusta de presentación de antígenos y actividad pro-inflamatoria en sitios de inflamación. Como resultado, los macrófagos derivados bajo la influencia de M-CSF (M-MØ) y GM-CSF (GM-MØ) presentan perfiles transcripcionales distintivos y funciones específicas, con propiedades antiinflamatorias asociadas a los M-MØ y proinflamatorias a los GM-MØ. La plasticidad funcional de los macrófagos, es decir, su capacidad de adaptarse y cambiar su fenotipo en respuesta a señales del microambiente, se ha convertido en un área de interés clave en el ámbito terapéutico para abordar trastornos inflamatorios en los cuales la polarización desregulada de estos juega un papel patogénico significativo. En este contexto, este proyecto se enfocará en investigar la dependencia, en la diferenciación de monocitos a macrófagos, de varios factores de transcripción específicos de macrófagos homeostáticos y las consecuencias funcionales en diversas patologías donde estos macrófagos desempeñan un papel determinante, tales como tumores, infecciones virales como la provocada por el SARS-CoV-2 y otras patologías infecciosas, así como la fibrosis. Para lograr estos objetivos, se emplearán diversas técnicas y enfoques experimentales, incluyendo métodos de biología molecular (edición génica por CRISPR-CAS9, silenciamiento génico, aislamiento de ARN, secuenciación de ARN), de biología celular (generación de macrófagos in vitro, cultivos celulares primarios y de líneas celulares, ensayos de quimiotaxis) y técnicas bioquímicas (aislamiento de proteínas, a	<a href="https://www.cib.csic.es/departamentos/biologia-celular-y-molecular/biologia-de-las-celulas-mieloides">https://www.cib.csic.es/departamentos/biologia-celular-y-molecular/biologia-de-las-celulas-mieloides</a>
JAEINT24_EX_1627	COLMENERO FLORES, JOSE MANUEL	chemac@irmase.csic.es	INSTITUTO DE RECURSOS NATURALES Y AGROBIOLOGÍA DE SEVILLA	¿Existe Activación Alostérica de la Alfa-Aamilasa de plantas por Nitrato?	El Laboratorio de Regulación Iónica e Hídrica en Plantas del Dept de Biotecnología Vegetal del IRNAS (CSIC) ofrece un puesto para el desarrollo de un Trabajo en el contexto de la convocatoria JAE-Intro ICUs. Hemos reportado que la nutrición de cloruro (Cl-) aumenta el contenido de almidón en los órganos fotosintéticos de las plantas a través de un mecanismo aún desconocido (Franco-Navarro et al. 2019. Plant J. 99: 815-831). Este resultado contrasta con la conocida activación alostérica por Cl- de las $\alpha$ -amilasas de mamíferos y bacterias. Aunque el Cl- es activador alostérico específico en organismos no fotosintéticos, el NO <sub>3</sub> - también se une a estas $\alpha$ -amilasas, pudiendo activarlas débilmente. Es interesante que en las plantas el metabolismo primario del C depende fuertemente de la asimilación del NO <sub>3</sub> -, convirtiéndose este anión en una molécula señalizadora que regula la expresión génica y la actividad de proteínas que activan el metabolismo de N y C, así como su sincronización. Por ejemplo, el NO <sub>3</sub> - reprime la subunidad reguladora de la ADP-glucose pyrophosphorylase, una enzima clave de la ruta de síntesis de almidón. Objetivo El TFM propuesto pretende determinar si en las plantas superiores el activador alostérico de la $\alpha$ -amilasa es el NO <sub>3</sub> -, actuando el Cl- como un inhibidor competitivo de dicha activación alostérica. Plan de Formación 1) Familiarizarse con la Infraestructura y con los procedimientos de higiene y seguridad laboral en las diferentes dependencias: laboratorio, cámaras de cultivo, etc. y aprendizaje del manejo seguro de equipos que puedan suponer un peligro para sí mismo o sus compañeros. 2) Aprendizaje de las técnicas de laboratorio específicas que desarrollará durante su etapa de formación: purificación de ácidos nucleicos, clonación, electroforesis, PCR, qPCR, microscopía, microscopía confocal, manejo de plantas en cámaras de crecimiento e invernadero y genotipado de líneas mutantes. 3) Participación activa en los seminarios de Grupo donde comparecerá en 2 ocasiones a mitad y final de su estancia para exponer los avances de su proyecto y las dificultades encontradas. 4) Redacción de un informe final de resultados.	<a href="https://www.irmas.csic.es/regulacion-ionica-e-hidrica-en-plantas-rih/">https://www.irmas.csic.es/regulacion-ionica-e-hidrica-en-plantas-rih/</a>
JAEINT24_EX_0677	COLOMER UTRERA, IGNACIO	colomer@iqog.csic.es	INSTITUTO DE QUÍMICA ORGÁNICA GENERAL	Métodos fotoquímicos y electroquímicos en catálisis y química supramolecular	Es indiscutible la necesidad global por desarrollar estrategias sostenibles para la protección, conservación y optimización de los recursos naturales, siendo imprescindible generar nuevos procesos químicos sostenibles que reduzcan el uso de sustancias nocivas. Por ejemplo, el uso de metales de transición como catalizadores se ha convertido indispensable en la industria química, pero conlleva grandes problemas, como: 1) toxicidad, 2) sobreexplotación de recursos limitados, 3) desigualdad en zonas de extracción, 4) suministro. OBJETIVOS: Esta propuesta pretende provocar un impacto en el campo de la química orgánica con un carácter interdisciplinar, donde el uso de herramientas como la electroquímica o fotoquímica permitirá desarrollar métodos efectivos de catálisis para obtener compuestos de interés en química médica. El objetivo final es el desarrollo de nuevos métodos eficientes y sostenibles para la funcionalización selectiva de compuestos orgánicos. METODOLOGÍA Y PAQUETES DE TRABAJO ·PTI: funcionalización selectiva de anilinas empleando alquenos, alquinos, compuestos de Iodo Hipervalente o ciclos tensionados, aprovechando la energía almacenada en estas estructuras, donde la liberación de la tensión de anillo permitirá su funcionalización sin necesidad de usar metales de transición. Para más información ver referencias: Chem. Sci., 2023, 14, 12083-12090; ACS Catalysis, 2020, 10, 6023-6029; Nat. Rev. Chem., 2017, 1, 0088. ·PT2: construcción de (metalo)enzimas y protocélula sintética basado en principios de reactividad química, siguiendo un programa interdisciplinar en los campos del autoensamblaje, nanotecnología y química fuera del equilibrio. Las actividades a realizar incluyen: síntesis y purificación de lipopéptidos, caracterización química, redox y supramolecular de lipopéptidos, estudio de complejación de lipopéptidos con metales de transición o cinéticas de reacción para estudiar formación de compartimento con metabolismo sintético. Para más información ver referencias: Nat. Rev. Chem., 2023, 7, 710-731; Org. Biomol. Chem. 2021, 19, 6797-6803.	<a href="http://www.iqog.csic.es/colomerlab">www.iqog.csic.es/colomerlab</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_108I	COMAS ESPADAS, IÑAKI	icomas@ibv.csic.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA DE VALENCIA	Nuevas aproximaciones para identificar marcadores de fallo de tratamiento, resistencia a antibióticos y virulencia en el bacilo de la tuberculosis	En la Unidad de Genómica de la Tuberculosis tratamos de estudiar las enfermedades infecciosas desde el punto de vista del patógeno. Para ello aplicamos un enfoque de epidemiología genómica que nos permite interrogar al patógeno y entender su transmisión, virulencia y evolución. Nuestros resultados se aplican a la mejora del diagnóstico, personalización de los tratamientos y, desde un punto de salud pública, al control de las enfermedades. Nuestras líneas de investigación se centran en Mycobacterium tuberculosis, el patógeno causante de la tuberculosis, mayor causa de muerte por enfermedad infecciosa. Se propone una aproximación multiómica para estudiar el patógeno de la tuberculosis gracias a proyectos en marcha encaminados a entender los determinantes genéticos de la resistencia a antibióticos, transmisión y virulencia estudiando cepas de todo el mundo. El proyecto JAE intro se encontrará en el interfaz de todos ellos y particularmente en la i) identificación bioinformática de marcadores genéticos en la bacteria asociados a resistencia, virulencia y transmisión. Esto se hará tanto con metodologías convencionales (GWAS) como con metodologías desarrolladas en el seno del grupo (Chiner-Oms PNAS2022). Así mismo se dispone de un dataset único generado por ii) tecnologías secuenciación larga para caracterizar variación estructural en el genoma. La persona candidata tendrá la oportunidad de trabajar en diferentes aspectos de la investigación en tuberculosis, en cierta medida también adaptado a su perfil. Se priorizarán candidaturas con conocimientos bioinformáticos. La UGT está formada por 10 investigadores/as con diversidad formación bioinformática, molecular, genómica, biotecnológica y ha sido financiada por proyectos nacionales e internacionales en más de 5 millones de euros en los últimos años. En los últimos años el personal investigador predoctoral de la UGT ha conseguido múltiples premios en congresos así como contratos de doctorado (FPU, FPI, Generalitat, EMBO). Por otra parte, se ofrece un plan de formación muy extenso que incluye tanto formación interna como externa adaptados al tema final de la JAE Interna (adaptable a candidato/a) 1. Protocolos de biología molecular incluyendo qPCR y de secuenciación masiva aplicada a patógenos 2. Análisis bioinformático de datos de secuenciación masiva 3. Análisis estadísticos asociados a datos ómicos 4. Nociones de programación en R y otros lenguajes 5. Participación en reuniones de laboratorio y journal cl	tgu.ibv.csic.es
JAEINT24_EX_0714	Comas Martínez, David	david.comas@upf.edu	INSTITUTO DE BIOLOGIA EVOLUTIVA	Genética de poblaciones y diversidad en la población romani	La demografía de la población romani (también conocidos con el sobrenombre de gitanos) está caracterizada por sucesivos cuellos de botella y procesos de mezcla con poblaciones vecinas. El impacto de su particular historia demográfica tiene implicaciones en el riesgo genético para enfermedades. Se ha demostrado que los grupos romani presentan determinadas enfermedades mendelianas como resultado de prácticas endogámicas pero también se ha observado la presencia de variantes genéticas ligeramente deletéreas (incluyendo variantes metabólicas y cardiovasculares) como resultado de una relajación de la selección purificadora debido a cuellos de botella durante su historia demográfica. En este proyecto pretendemos explorar la influencia de la demografía en la presencia y distribución de variantes genéticas asociadas a enfermedades en diferentes grupos romani. 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 romani 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 la población romani ha tenido en la salud y la enfermedad de la población actual.	<a href="https://www.ibe.upf-csic.es/comas">https://www.ibe.upf-csic.es/comas</a>
JAEINT24_EX_105I	CONCEPCION CUEVAS, ELENA DANIELA	elena.concepcion@mncn.csic.es	MUSEO NACIONAL DE CIENCIAS NATURALES	Efectos de la Política Agraria sobre el paisaje y la biodiversidad	El objetivo general del proyecto formativo es el análisis de las respuestas de componentes clave de la biodiversidad y los servicios ecosistémicos a los cambios en la abundancia y distribución espacial de los hábitats naturales y seminaturales en el paisaje (también conocidos como infraestructura verde y azul [GBI, de sus siglas en inglés]), derivados de la implementación de las nuevas medidas de la Política Agrícola Común (PAC) en España. Esta propuesta está asociada a la plataforma temática interdisciplinar (PTI) del CSIC AGRIAMBIO, cuyo principal objetivo es la puesta en marcha de un sistema de seguimiento y asesoramiento del comportamiento ambiental y social del Plan Estratégico de la PAC 2023-2027 (PEPAC), incluyendo la definición de indicadores, su medición y la propuesta de mejoras a partir del análisis de los datos monitorizados. En concreto, se pretende evaluar si la implementación de las medidas que conforman la nueva "Arquitectura verde" de la PAC (i.e., condicionalidad reforzada, eco-regímenes y compromisos agroambientales y climáticos) favorecen la conservación de los elementos naturales y seminaturales (GBI) del paisaje y la conectividad del mismo, y si esto a su vez repercute de forma positiva en otros componentes de la biodiversidad, como las aves ligadas al medio agrario, las especies y hábitats de interés europeo, o los polinizadores silvestres. El/la beneficiario/a se integrará en un grupo multidisciplinar que participa en la PTI AGRIAMBIO a través del convenio 'Seguimiento y evaluación con base científica del Plan Estratégico de la Política Agrícola Común 2023-2027 de España' entre el Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación (MAPA) y el CSIC. Se valorarán conocimientos previos en ecología del paisaje, conservación de la biodiversidad, sistemas de información geográfica (SIG) y herramientas de análisis estadístico y de bases de datos, como R, en cuyo conocimiento y manejo el/la beneficiario/a tendrá la oportunidad de ahondar.	<a href="https://www.mncn.csic.es/es/investigacion/biogeografia-y-cambio-global">https://www.mncn.csic.es/es/investigacion/biogeografia-y-cambio-global</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1131	CONDEZO CASTRO, GABRIELA NERIDA	gncondezo@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Purificación del primer polinton-like virus aislado para estudios estructurales	Los polinton-like virus pertenecen a un linaje estructural llamado el doble barril beta (que es un tipo de plegamiento de proteínas) que incluye bacteriófagos, virus de arqueas y de eucariotas; también se le conoce como el linaje PRDI/Adenovirus, siendo estos virus sus principales representantes. Los polinton-like virus comparten muchas similitudes genéticas con los transposones llamados polintones, de ahí deriva su nombre. Hay una hipótesis que trata de explicar cómo los virus de este linaje emergieron de un bacteriófago similar a PRDI; y al alcanzar un hospedador eucariota, estos virus adoptaron una forma genética similar a los polintones antes de diversificarse en polinton-like virus, adenovirus, virofagos, asfarvirus, mimivirus, poxvirus y otros virus gigantes. TsV-NI es el primer y único polinton-like virus aislado y propagado en un laboratorio. En nuestro laboratorio hemos resuelto la estructura atómica de este virus, pero aún quedan muchas preguntas que responder acerca de su biología y las adaptaciones necesarias para el salto de un hospedador bacteriano a uno eucariótico. El proyecto de trabajo consiste en cultivar el alga Tetraselmis striata que es el hospedador de TsV-NI, propagar y purificar este virus con un alto grado de integridad estructural, comprobar esta integridad por microscopía electrónica y realizar ensayos piloto de entrada.	<a href="http://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/estructura-de-macromoleculas/determinantes-fisicos-y-estruc">http://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/estructura-de-macromoleculas/determinantes-fisicos-y-estruc</a>
JAEINT24_EX_0513	CONESA CEGARRA, ANA VICTORIA	ana.conesa@csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA INTEGRATIVA DE SISTEMAS	Análisis de datos de transcriptómica espacial	Las tecnologías ómicas de célula única y resolución espacial ha supuesto una revolución en el estudio de la complejidad de los tejidos y en el desarrollo de tratamientos considerando el microambiente de los órganos. Estas metodologías permiten entender la progresión tumoral, el desarrollo embrionario y las bases celulares de enfermedades neurodegenerativas. El ConesaLab es referencia en el desarrollo de métodos y herramientas bioinformáticas para el análisis de datos transcriptómicos. Dentro del proyecto PROMETEO Cell2Spine estudiamos el proceso de regeneración de médula espinal después de daño utilizando la transcriptómica espacial (ST). ST permite el análisis de la expresión génica de las células de un tejido preservando la información de su localización dentro del mismo. Trabajamos con un modelo de rata que sufre daño medular paralizante seguido de un tratamiento novedoso por el que recupera movilidad del que se obtienen cortes medulares. Planteamos una formación integral para estudiantes con interés en bioinformática y biomedicina que incluye aspectos generales de la bioinformática, específicos de la transcriptómica espacial, laboratorio experimental y habilidades comunicativas. El estudiante se formará en un laboratorio de proyección internacional pionero en la bioinformática de nuestro país. El objetivo es despertar la vocación investigadora en el ámbito de la bioinformática aplicada a la salud. Capacitaciones: -En herramientas bioinformáticas genéricas del ConesaLab: SQANTI3, PaintOmics, MOSIM, y Acorde. -En la obtención de datos experimentales de transcriptómica espacial de médula espinal de rata en el laboratorio. Para ello, el estudiante acudirá al laboratorio de nuestra colaboradora Dra. Moreno para conocer la experimentación origen de los datos analizados. -En el uso de herramientas bioinformáticas específicas para el análisis de datos de transcriptómica espacial: lenguaje R (programa Seurat) y lenguaje Python (programa Scanpy). -En trabajo independiente: alinear diferentes conjuntos de datos de cortes de médula analizados por ST, obtención de datos promedio de las diferentes muestras alineadas. Análisis de los tipos celulares diferenciales con resolución espacial, y el de los genes con diferencias en expresión entre dos tipos de tratamiento. -El estudiante realizará una exposición en inglés del trabajo realizado y elaborará un minipaper de 2 páginas con Introducción, Material y Métodos, Resultados, Discusión, Literatura y una figura.	<a href="http://conesalab.org">http://conesalab.org</a>
JAEINT24_EX_0190	CONESA SAURA, MARIA DEL ROSARIO	mrconesa@cebas.csic.es	CENTRO DE EDAFOLOGIA Y BIOLOGIA APLICADA DEL SEGURA	Buscando el mejor indicador de estado hídrico del cultivo	Los cítricos son uno de los cultivos frutales más importantes en el sureste de España, donde el clima es semiárido y la escasez de recursos hídricos para la agricultura precisa del uso de herramientas orientadas a mejorar la productividad del riego. El riego de precisión requiere información del estado hídrico de los cultivos en tiempo real, lo que permite ajustar los aportes de agua a las necesidades hídricas del cultivo instantáneamente. Los avances en el conocimiento de la física, la electrónica y las telecomunicaciones han facilitado el desarrollo tecnológico de sensores que permiten medir el estado hídrico del suelo y de la planta. Nuestra línea de trabajo principal se basa en el manejo eficiente de riego en cítricos con sensores de humedad del suelo de última generación, en base a valores umbrales de agotamiento máximo permisible (MAD, de sus siglas en inglés Management Allowed Depletion). Nuestro grupo de I+D, además, es pionero en el uso de novedosos sensores de medida del potencial hídrico del tronco (microtensiómetros), como indicadores robustos del estado hídrico de los cultivos. El primer paso consistirá en identificar los valores umbrales de MAD de acuerdo con los recursos hídricos disponibles y periodos fenológicos del cultivo. El contenido de agua en el suelo, será monitoreado con sensores TDR (Time Domain Reflectometry) ubicados en la zona de máxima actividad radicular, y conectados a un sistema de telemetría. Los datos se presentarán en tiempo real en un servidor web, en los que se visualizará la información para la toma de decisiones sobre el riego. Después se establecerán valores umbrales de humedad basados en el concepto MAD, que activarán y cesarán el riego de forma automática. La información registrada, será contrastada con los valores que proporcionan los microtensiómetros en cítricos. Los resultados esperables ahondarán en la mejora del uso del recurso hídrico en las explotaciones comerciales seleccionadas, con ahorros de agua de hasta el 40% sin penalizar la producción y calidad del fruto. Se validará el uso de microtensiómetros como indicador robusto del estado hídrico de los cítricos. Los candidatos mejorarán sus conocimientos en la respuesta agro-fisiológica de los cítricos al déficit hídrico, y el uso de novedosos sensores de suelo y planta para el riego de precisión. Obtendrán herramientas para el tratamiento y manejo de los datos obtenidos, y autonomía en las prácticas de campo y laboratorio realizadas.	<a href="http://www.cebas.csic.es/dep_spain/riego/riego_lineas.html">http://www.cebas.csic.es/dep_spain/riego/riego_lineas.html</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0572	CORNEJO CASTILLO, FRANCISCO MIGUEL	fmcornejo@icm.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS DEL MAR	Simbiosis entre cianobacterias y algas del plancton marino: modelos emergentes para el estudio de la evolución de la célula eucariota	La transición de la célula procarionota a la eucariota fue posible gracias al establecimiento de relaciones endosimbióticas entre microorganismos unicelulares que dieron lugar a la formación de orgánulos intracelulares como el núcleo, las mitocondrias y los cloroplastos. Estas innovaciones biológicas han sido clave para la evolución de la biodiversidad en el planeta. Sin embargo, los mecanismos que sustentan tales innovaciones biológicas son difíciles de abordar, ya que ocurrieron en escalas de tiempo geológicas. La cianobacteria marina fijadora de nitrógeno <i>C. Atelocyanobacterium thalassa</i> (conocida como UCYN-A) vive en simbiosis con algas unicelulares relacionadas con la especie <i>Braarudosphaera bigelowii</i> , y su distribución cubre múltiples regiones de los océanos del planeta. Recientemente se descubrió que la cianobacteria UCYN-A ha sufrido reordenamientos genómicos y morfológicos similares a aquellos que sufrieron las bacterias primitivas que terminaron siendo los cloroplastos y mitocondrias de la célula eucariota. Dado que no hay especies eucariotas capaces de fijar nitrógeno, que es un nutriente esencial para la vida, ahondar en el conocimiento de esta simbiosis tan peculiar podría proporcionarnos una oportunidad única para comprender los primeros pasos de la formación de orgánulos en eucariotas. Este proyecto busca ampliar los conocimientos sobre la evolución de los orgánulos a través del estudio multidisciplinario de la simbiosis entre UCYN-A y su alga hospedadora desde una perspectiva ecológica, evolutiva y metabólica. El proyecto se centrará en buscar vías de comunicación entre las especies en simbiosis, explorando el genoma del alga hospedadora de UCYN-A para buscar proteínas potencialmente involucradas en el intercambio de metabolitos. Dichas proteínas serán marcadas con técnicas inmunológicas y visualizadas a nivel subcelular con microscopía de epifluorescencia. Finalmente, se recolectarán muestras a lo largo de ciclos circadianos consecutivos para describir la dinámica temporal de dichas proteínas. Este proyecto estará dirigido por el Dr. Francisco M Cornejo Castillo en el Departamento de Biología Marina del Instituto de Ciencias del Mar (ICM-CSIC). Además de la formación necesaria para el desempeño de las tareas del proyecto, la persona beneficiaria se integrará en un equipo científico multidisciplinar, lo que le brindará una gran oportunidad para adquirir múltiples habilidades y conocimientos de investigación sobre ecología microbiana y oceanografía	<a href="https://emm.icm.csic.es/">https://emm.icm.csic.es/</a>
JAEINT24_EX_0099	CORPAS AGUIRRE, FRANCISCO JAVIER	jcopas@eez.csic.es	ESTACION EXPERIMENTAL DEL ZADAIN	Análisis de la interrelación entre la melatonina, ROS y RNS en el metabolismo de plantas de <i>Arabidopsis thaliana</i> bajo estrés simple y combinado.	La melatonina (MEL), un derivado del triptófano, ha sido definida recientemente como un regulador "maestro" de las plantas, ya que se ha demostrado que está directamente implicada en la germinación, el crecimiento, el desarrollo, los ritmos circadianos, la floración, la maduración de los frutos y, lo más importante, en la inducción de diferentes factores de respuesta al estrés. Con el objetivo de determinar la interrelación de la melatonina con el metabolismo de especies de oxígeno y nitrógeno reactivas (ROS y RNS), se utilizarán plantas mutantes de <i>Arabidopsis thaliana</i> con distintos niveles de peróxido de hidrógeno (H <sub>2</sub> O <sub>2</sub> ) y de óxido nítrico (NO), tanto en situaciones fisiológicas óptimas como de estrés abiótico simple y/o combinado como son la salinidad y a la alta temperatura. Para ello se hará un análisis metabólico como bioquímico que incluirá el evaluar los niveles de melatonina y otros compuestos relacionados mediante cromatografía líquida de alta resolución acoplada a la espectrometría de masas (LC-MS/MS) los niveles de melatonina y compuestos relacionados (triptófano, serotonina). Asimismo, se analizarán actividades enzimáticas implicadas en el metabolismo de ROS y RNS, tales como catalasa, superóxido dismutasa, ascorbato peroxidasa, nitrosoglutatione reductasa entre otras.	<a href="https://www.researchgate.net/profile/Francisco-Corpas">https://www.researchgate.net/profile/Francisco-Corpas</a>
JAEINT24_EX_0659	CORREDOIRA CASTRO, M ELENA	elenac@mbg.csic.es	MISION BIOLOGICA DE GALICIA	Aplicación de herramientas biotecnológicas basadas en el cultivo in vitro a la propagación, mejora y conservación de especies forestales	La actividad investigadora de la UTBMF de la MBG se centra en la mejora genética, propagación y conservación de las especies forestales predominantes (i.e. castaño, encina y alcornoque) en los principales sistemas agroforestales de la Península Ibérica mediante la aplicación de herramientas biotecnológicas basadas en el cultivo in vitro de tejidos vegetales. Trabajamos en el desarrollo de sistemas de propagación vegetativa mediante técnicas de micropropagación, ya sea vía embriogénica u organogénica, lo que nos permite la clonación y propagación de genotipos seleccionados ya sea por su tolerancia a enfermedades o por la calidad/producción de su madera, corcho o fruto. También desarrollamos sistemas de mejora genética para conferir resistencia a enfermedades que afectan a esas especies a través de herramientas de ingeniería genética como son la transformación genética convencional y la edición génica mediante CRISPR-Cas9 y utilizando la embriogénesis somática como método de regeneración a partir de las células editadas/transformadas. En la unidad también se aplica el cultivo in vitro en la conservación a medio y largo plazo de los recursos fitogenéticos generados y de la biodiversidad forestal mediante la aplicación de técnicas criobiotecnológicas (almacenamiento en nitrógeno líquido). Durante el periodo de beca, el alumno podrá beneficiarse de toda esta experiencia y adquirir conocimientos específicos sobre: 1-Operaciones frecuentes en laboratorios de cultivo in vitro: Preparación y esterilización de soluciones stocks y medios de cultivo. Siembra en cámaras de flujo laminar. Seguimiento de los cultivos en cámaras de crecimiento. 2-Propagación in vitro de especies leñosas vía organogénesis y embriogénesis somática: Establecimiento, proliferación y enraizamiento de brotes vía yemas axilares. Inducción, proliferación y germinación de embriones somáticos. 3-Conservación de germoplasma in vitro utilizando técnicas de criopreservación. 4-Manejo de cultivos bacterianos de <i>A. tumefaciens</i> y <i>E. coli</i> y del oomiceto <i>P. cinnamomi</i> . 5-Técnicas de ingeniería genética: Transformación genética mediante el cocultivo de embriones somáticos con <i>A. tumefaciens</i> y edición con CRISPR-Cas9. 6-Técnicas de biología molecular: Análisis del grado de edición mediante PCR y secuenciación. 7-Ensayos in vitro de tolerancia a <i>P. cinnamomi</i> en embriones somáticos y plantas transgénicas/editadas. 8-Diseño experimental, registro de datos y análisis estadístico de los mismos.	<a href="https://www.mbg.csic.es/es/la-mision-biologica-de-galicia/">https://www.mbg.csic.es/es/la-mision-biologica-de-galicia/</a> ; <a href="http://www.iiag.csic.es/">http://www.iiag.csic.es/</a>



REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0633	CORTES MENDEZ, TERESA	tcortes@ibv.csic.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA DE VALENCIA	Papel de la proteína ribosomal b51 en el inicio de la traducción en micobacterias	Aunque el papel del ribosoma en la traducción del ARN mensajero es bien conocido, estudios recientes han evidenciado una mayor complejidad en este proceso. Por ejemplo, se han descrito diferencias en la composición de ribosomas que juegan un papel importante en la adaptación biológica de los organismos. Asimismo, en bacterias se han descrito mecanismos alternativos para el inicio de la traducción que operan cuando los ARN mensajeros no contienen la secuencia Shine-Dalgarno canónica que el ribosoma reconoce. Estos mecanismos bien requieren el reconocimiento directo del codón de inicio por el ribosoma ya ensamblado cuando no existe una secuencia líder, o bien la mediación por parte de la proteína ribosomal b51 en mensajeros con secuencia leader pero sin secuencia Shine-Dalgarno. Mycobacterium tuberculosis es el agente causante de la tuberculosis en humanos. En esta bacteria más de la mitad de sus genes carecen de una secuencia Shine-Dalgarno. Previamente en nuestro grupo hemos detectado que ARN mensajeros sin secuencias canónicas están asociados con un reclutamiento diferencial de ribosomas a codones de inicio, sugiriendo que existen mecanismos alternativos para el inicio de la traducción. La proteína ribosomal b51 juega un papel importante en la regulación del inicio de la traducción, y en el caso de micobacterias cuenta con un dominio C-terminal único que podría estar involucrado en este proceso. Tanto los mecanismos de regulación del inicio de la traducción en micobacterias como el papel que b51 media en este proceso son totalmente desconocidos. En este proyecto, estudiaremos el papel de la proteína ribosomal b51 en este proceso. Para ello, se propone combinar técnicas punteras en los campos de la biología molecular, bioquímica y edición genética. Dentro del plan de trabajo se propone la utilización de CRISPRi para silenciar parcial o totalmente la expresión del gen que codifica para b51. Los mutantes obtenidos se utilizarán para caracterizar el papel de b51 en el inicio de la traducción desde los diferentes enfoques que están establecidos en el laboratorio (ómicos, bioquímicos, moleculares e incluso estructurales). El plan de formación aquí propuesto permitirá al estudiante adquirir experiencia investigadora y aprender una gran variedad de técnicas punteras. Además se ofrecerá formación especializada, inmersión en el día a día de la actividad investigadora y asistencia y participación en seminarios y reuniones científicas.	<a href="https://www.ibv.csic.es/proyecto/unidad-de-control-de-la-regulacion-genica-en-patogenos/">https://www.ibv.csic.es/proyecto/unidad-de-control-de-la-regulacion-genica-en-patogenos/</a>
JAEINT24_EX_0936	COSCOLLA DEVIS, MIREIA	mireia.coscolla@csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA INTEGRATIVA DE SISTEMAS	Análisis transcriptómico de Mycobacterium tuberculosis en infecciones	Uno de los misterios aún sin resolver sobre la tuberculosis es cómo y por qué Mycobacterium tuberculosis (la bacteria causante de la enfermedad) infecta humanos, pero también otros animales. M. tuberculosis es una bacteria clónica: encontramos muy pocas diferencias entre cepas, y pese a la escasa variación genética, se observan diferentes preferencias de hospedador. Es decir, determinados grupos de bacterias tienden a infectar humanos, mientras que otros grupos se asocian a infecciones de otros mamíferos. Para descifrar qué determina las asociaciones observadas, hemos realizado infecciones in vitro, testando varias combinaciones de bacteria-hospedador. Hemos comparado los perfiles transcripcionales de los hospedadores con cada tipo de infección, y hemos encontrado marcadores de expresión específicos de las diferentes combinaciones. Sin embargo, la fracción de transcritos bacterianos es tan baja que el análisis de la transcripción bacteriana representa un desafío. Propuesta de trabajo 1) Perfeccionar protocolos de enriquecimiento de ARN bacteriano en infección. 2) Análisis de la transcripción diferencial bacteriana en las diferentes combinaciones bacteria-hospedador. Este avance permitirá realizar análisis de RNA-seq más eficientes para estudiar la expresión de los genes, y así poder vislumbrar las diferencias genéticas que pueden influir en una mayor o menor compatibilidad con el hospedador a infectar. Este enfoque tiene el potencial no solo de ampliar nuestro entendimiento sobre M. tuberculosis, sino también de mejorar las estrategias para su manejo y control, abordando una de las enfermedades patógenas que más muertes causa en el mundo. ¿Quiénes somos? PathoGenOmics, un grupo de investigación del Instituto de Biología Integrativa de Sistemas, en Valencia. Estudiamos patógenos microbianos de gran importancia en la salud pública global, en el contexto de su huésped y la enfermedad, integrando datos ómicos desde una perspectiva evolutiva. Somos siete investigadores/as con conocimientos en diferentes técnicas de biología molecular, cultivos celulares, bioinformática, genética evolutiva entre otros, que te ayudaremos a iniciarte en a la investigación en el ámbito de la biomedicina en un ambiente estimulante donde aprender, desarrollar conocimiento científico, y comunicar tus hallazgos.	<a href="http://www.uv.es/pathogenomic">www.uv.es/pathogenomic</a>
JAEINT24_EX_0953	COUSO LIAÑEZ, INMACULADA CONCEPCION	inmaculada.couso@ibvf.csic.es	INSTITUTO DE BIOQUIMICA VEGETAL Y FOTOSINTESIS	Estudio de la regulación mediada por los inositoles polifosfato sobre el flujo de carbono en algas verdes y su impacto biotecnológico	Los inositoles polifosfatos son moléculas altamente fosforiladas que están emergiendo como señalizadores que regulan la respuesta a distintos estreses en organismos eucariotas. Concretamente nuestro grupo, ha descrito que estas moléculas están implicadas en la correcta regulación de la fotosíntesis y son moduladores de la respuesta frente a concentraciones crecientes de CO2 (Couso et al., 2021; Morales-Pineda et al., 2023). Estos estudios se han realizado en distintas microalgas incluidas el organismo modelo Chlamydomonas reinhardtii así como microalgas de alto interés biotecnológico como son Chlorella sorokiniana o Chlorella vulgaris. A pesar de que estas moléculas han sido descritas como reguladores del metabolismo del carbono en organismos fotosintéticos (Couso et al., 2016), aún nos queda por definir si esta regulación se extiende a otros puntos del proceso de fijación de carbono y en qué sentido regulan el flujo de carbono (captación, metabolismo o sumideros). En este contexto, planteamos un plan formativo para un becario JAE intro donde se englobe el uso de metodologías para el análisis "ómico" (utilizando R y sus validaciones estadísticas). Para ello, realizaremos una aproximación metabólica de un mutante de la ruta biosintética de inositoles en el organismo modelo Chlamydomonas reinhardtii y su comparación con el silvestre en distintas condiciones de estrés. Además, realizaremos un estudio más detallado de las rutas metabólicas que se encuentren alteradas en este mutante utilizando distintas aproximaciones bioquímicas (sensibilidad a drogas o a distintos estreses, medidas PAM) o de biología molecular (immunoblotting, qPCR, sobreexpresión de genes, complementación génica). El trabajo realizado en el laboratorio se complementará con reuniones periódicas con la directora y con la participación en las reuniones del grupo "Biología y Biotecnología de Sistemas en Microalgas" donde el estudiante podrá exponer y discutir sus resultados con el resto de los integrantes. Le animaremos también a participar en eventos organizados para la divulgación científica como la Semana de la Ciencia o la Feria de la Ciencia con el objetivo de aprender a diseminar sus resultados en un entorno no científico.	<a href="https://greennetwork.us.es/systems_biology_biotechnology_microalgae/">https://greennetwork.us.es/systems_biology_biotechnology_microalgae/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1397	CRESPO BARAJA, PEDRO	p.crespo@ibbttec.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA Y BIOTECNOLOGIA DE CANTABRIA	RNAs como reguladores de rutas de señalización en cáncer	<p>Recientemente, nuestro grupo ha identificado un lncRNA que se une directamente a varios componentes de la cascada de señalización molecular RAS-ERK; actuando como almacén y potenciando la actividad quinasa de ERK, tanto in vivo como in vitro. Consecuentemente, en varios tipos de células tumorales, las células que sobreexpresan este RNA muestran mayor capacidad invasora. Estos datos ponen de manifiesto un nuevo tipo de regulación de la transacción de señales absolutamente novedoso. El trabajo a desarrollar será investigar si este tipo de regulación no solo se restringe a la cascada RAS-ERK y si otras rutas de MAP quinasas -como las de p38 y JNK- y otro tipo de rutas -Wnt- pueden ser también reguladas directamente por lncRNAs. Concretamente, se centrará en identificar RNAs que se asocien directamente a p38, JNK1 y Wnt.</p>	<a href="https://web.unican.es/ibbttec/es-es/sobre-el-ibbttec/equipo/directorio/detalle-miembro?d=PieroCrespoLab">https://web.unican.es/ibbttec/es-es/sobre-el-ibbttec/equipo/directorio/detalle-miembro?d=PieroCrespoLab</a>
JAEINT24_EX_1172	CREVILLEN LOMAS, PEDRO	crevillen.pedro@inia.csic.es	CENTRO DE BIOTECNOLOGIA Y GENOMICA DE PLANTAS	Regulación epigenética en plantas	<p>El estudio de la epigenética en plantas es un área de investigación en expansión que tiene el potencial de revolucionar la agricultura. Nuestra línea de investigación actual se centra en el estudio de los mecanismos de regulación epigenética en procesos del desarrollo de plantas con interés agronómico tales como la floración, la germinación o el desarrollo del fruto. Para ello empleamos técnicas de genética molecular junto con aproximaciones de genómica funcional. Trabajamos con la planta modelo Arabidopsis thaliana y cultivos del género Brassica. El candidato realizará tareas de investigación complementarias con los distintos proyectos financiados en el laboratorio. El objetivo es que el candidato se familiarice con distintas técnicas de genética y biología molecular de plantas, así como en el manejo y cultivo de plantas tanto de plantas in vitro como en el invernadero. En función de las capacidades del candidato se realizarán análisis computacionales de datos genómicos del laboratorio obtenidos por técnicas de secuenciación masiva. Además se formará al candidato en competencias transversales esenciales para la investigación científica como son la formulación de hipótesis científicas, el diseño experimental, el análisis de resultados y la redacción de informes. En todo momento, se promoverá un espíritu de pensamiento crítico y el desarrollo de habilidades de comunicación mediante la participación en seminarios científicos y reuniones de laboratorio. El candidato se incorporará a un grupo de investigación joven y tendrá contacto con un amplio espectro de investigadores a distintos niveles. En todo momento, el plan de formación estará enfocado en promover el progreso del candidato y facilitar su desarrollo profesional.</p>	<a href="https://www.cbgp.upm.es/index.php/es/?option=com_content&amp;view=article&amp;id=28">https://www.cbgp.upm.es/index.php/es/?option=com_content&amp;view=article&amp;id=28</a>
JAEINT24_EX_0506	CRUSET SEGURA, DAVID	dcruset@geo3bcn.csic.es	GEOCIENCIAS BARCELONA	Deciphering Reservoir Properties from outcrop analogues: Petrophysical Approaches for Efficient Geothermal Systems and CCS projects	<p>Decarbonization of the economy is a global priority to limit global warming and due to the increase of the energy demand and the continuous growth of population worldwide. In accordance with these needs, part of the role of geoscientists is to identify suitable areas for CO<sub>2</sub> sequestration in the subsurface and the implementation of more efficient geothermal power systems. This identification requires the petrophysical and petrothermal characterization of reservoir rocks units considering proxies such as porosity, permeability, rock and mineral density, seismic wave velocity and thermal conductivity. Sedimentary basins are the distal part of source to sink systems that are the result of the interactions between elements such as tectonics, climate, source rock composition, sedimentary processes and diagenesis. These elements define the size, sedimentary architecture, and composition of depositional systems, which may affect the petrophysical and petrothermal properties of reservoir rocks and seals. The main aim of this formation plan is to show the student how a research project is developed, as well as providing training on the use of different methodologies and the integration of results. The project will be co-supervised by Dr. David Cruset and Dr. Mar Moragas from the GEO3BCN-CSIC and will be focused in the Ebro foreland basin as a case study due to the excellent exposures of thick sedimentary successions. This training integrates the acquisition of structural and sedimentological data with petrographic, geochemical and mineralogical, petrothermal and petrophysical characterization of outcropping sedimentary rocks. This type of work is of great scientific interest as well as for energetic companies working on the energy transition because it will bring knowledge on how multiple geological processes impact on reservoir and seal units studied for low enthalpy geothermal energy sources.</p>	<a href="https://geo3bcn.csic.es/">https://geo3bcn.csic.es/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1480	CUBAS DOMINGUEZ, PILAR	pcubas@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Evolución y función del factor de transcripción pionero NF-Y en plantas	<p>En el grupo de Pilar Cubas estamos explorando los mecanismos moleculares que controlan los patrones de ramificación en plantas. En este proceso nos hemos centrado en comprender el papel crucial de ciertos factores de transcripción (FT). Los FT actúan como interruptores moleculares de la expresión génica: se unen a regiones específicas del ADN y regulan su transcripción. Sin embargo, el ADN está a menudo compactado en forma de cromatina, dificultando el acceso a los FT. Los FT pioneros son un tipo especial de FT con habilidades únicas para penetrar la cromatina condensada y activar genes que de otro modo permanecerían silenciados. La acción de los TF pioneros es esencial para la reprogramación de la expresión génica durante el desarrollo. En nuestro equipo estamos estudiando uno de estos FT pioneros, NF-Y, muy conservado en todos los seres vivos desde levaduras hasta humanos. En la especie modelo <i>Arabidopsis thaliana</i>, NF-Y regula el tiempo de floración y posiblemente los patrones de ramificación mediante interacción con un FT de la familia TCP, BRANCHED1 (BR1). Nuestra hipótesis propone que NF-Y junto con BR1 (NF-Y/BR1) mantiene las yemas axilares durmientes e inhibidas impidiendo así la ramificación. En este proyecto el estudiante tendrá la oportunidad de estudiar el origen evolutivo del complejo NF-Y/TCP en plantas. Para ello utilizará <i>Marchantia polymorpha</i>, una especie basal con un genoma simple, que se utiliza para estudiar la transición vegetal de la vida acuática a la terrestre. En esta especie, analizará la función de los NF-Ys y su interacción con proteínas TCP similares a BR1. Para ello utilizará técnicas de vanguardia de biología molecular como la edición génica con CRISPR-Cas9, la construcción de proteínas NF-Y fluorescentes, estudios de localización subcelular mediante microscopía confocal, y ensayos de interacción proteína-proteína en levadura y/o mediante Förster resonance energy transfer (FRET). Si te interesa este proyecto de evo-devo en plantas no dudes en ponerte en contacto con nosotros: Pilar Cubas (pcubas@cnb.csic.es) y Michael Nicolas (Michael.nicolas@cnb.csic.es).</p>	<a href="http://www.cnb.csic.es/index.php/en/research/research-departments/plant-molecular-genetics/genetic-control-of-shoot-branching-patterns-in-pl">http://www.cnb.csic.es/index.php/en/research/research-departments/plant-molecular-genetics/genetic-control-of-shoot-branching-patterns-in-pl</a>
JAEINT24_EX_0012	CURIEL GAMIZ, JOSE ANTONIO	joseantonio.curiel@inia.csic.es	INSTO. NAC. DE INVESTIG Y TECNOLOGIA AGRARIA Y ALIMENTARIA	Fermentación de bebidas vegetales funcionales enriquecidas en ácido fólico	<p>El ácido fólico es una vitamina esencial y su déficit está relacionado con una variedad de enfermedades intestinales, alergias y neoplasias rectales siempre acompañadas de disbiosis intestinal. Debido que los alimentos fortificados en folatos sintetizados químicamente son ineficaces sobre la microbiota intestinal y clínicamente, una alternativa consiste en el enriquecimiento de la vitamina mediante la fermentación de matrices alimentarias a través de bacterias lácticas productoras de ácido fólico. Con este objetivo, e integrado con el proyecto SYNBIAGING, dirigido a mejorar las propiedades funcionales de la bebida de soja, se pretende enriquecer diferentes bebidas vegetales (soja, avena, alpiste y lino) mediante la fermentación de cepas tecnológicas previamente seleccionadas y mejoradas. Tarea 1. Selección de cepas productoras de ácido fólico. Además de bacterias lácticas, se incluirá en el análisis especies fructofílicas aisladas de diversas fuentes. Todas ellas se crecerán en medios definidos deficientes en ácido fólico. Los sobrenadantes de aquellas cepas que presenten mayores densidades en ausencia de folato, serán filtrados y adecuados para el desarrollo de una cepa de referencia, auxotrofa para ácido fólico, como es <i>Lactisaeibacillus rhamnosus</i> DSM 20021. Tarea 2. Mejora de la producción de ácido fólico en las bacterias seleccionadas. Por un lado, las cepas se someterán a estrés en presencia de metotrexato, un inhibidor de la enzima dihidrofolato reductasa, para comprobar aquellas productoras de la vitamina en estas condiciones. Por otro lado, la mejora de la producción de la vitamina se abordará mediante la expresión heteróloga de dos grupos de genes (folA, folB, folK, folP y folC; y pabA, pabB y pabC), implicados en dos rutas diferentes de síntesis de folato, utilizando el vector pNZ:TuR. Tarea 3. Las cepas seleccionadas y mejoradas recombinantemente y por su resistencia a metotrexato se aplicarán como cultivos iniciadores para la fermentación de las distintas bebidas vegetales. La concentración de folatos se analizará mediante HPLC-ESI/MS. Los resultados de este trabajo potencialmente son susceptibles para ser transferidos a la industria por lo que esta actividad presenta un gran impacto a la sociedad.</p>	<a href="https://www.inia.es/investigacion/Alimentos/alimentosfuncionales/Paginas/Home.aspx">https://www.inia.es/investigacion/Alimentos/alimentosfuncionales/Paginas/Home.aspx</a>
JAEINT24_EX_1213	DARDONVILLE , CHRISTOPHE IVES	dardonville@iqm.csic.es	INSTITUTO DE QUIMICA MEDICA	Síntesis de nuevos compuestos antiparasitarios para enfermedades desatendidas	<p>El candidato se incorporará al grupo de Quimioterapia Antiparasitaria del IQM que se dedica a la investigación de nuevos tratamientos para enfermedades tropicales desatendidas. Las enfermedades parasitarias causadas por protozoos patógenos o por helmintos afectan a más de tres mil millones de seres humanos y a un número muy elevado de animales, lo que supone un elevadísimo coste tanto en salud como económico, especialmente en los países menos desarrollados. Centrándonos en el caso de afecciones protozoarias en humanos, los tratamientos asequibles actualmente no resultan satisfactorios: compuestos poco efectivos, con efectos secundarios en ocasiones graves, aparición de frecuentes fenómenos de resistencia, etc. Estos medicamentos entran dentro de la clasificación de "medicamentos huérfanos" debido a que la población a la que van dirigidos (países del tercer mundo) no tiene recursos económicos, lo que produce falta de interés para las grandes empresas farmacéuticas. Nuestro grupo se interesa por la búsqueda de agentes quimioterápicos contra parásitos kinetoplastidos que son causantes de la tripanosomiasis africana humana (<i>Trypanosoma brucei</i>) y veterinaria (<i>T. congolense</i>), la enfermedad de Chagas (<i>Trypanosoma cruzi</i>), y la leishmaniosis (<i>Leishmania</i>). El candidato llevará a cabo actividades de investigación en química médica, incluyendo síntesis química, medición de las propiedades fisicoquímicas de los compuestos y estudios de relación estructura-actividad (SAR). El plan de formación del candidato/a incluye el aprendizaje en: 1) Tareas de síntesis química: - síntesis orgánica de compuestos - empleo de técnicas de purificación de compuestos orgánicos (cromatografía sobre sílice, recristalización). - análisis de datos necesarios para la caracterización estructural por métodos espectroscópicos de los compuestos sintetizados: manejo de los programas MestRenova (RMN) y Masslynx (Espectrometría de Masas). - Búsqueda bibliográfica en bases de datos de química (SciFinder, Reaxys, Science of Synthesis). 2) Técnicas físico-químicas: - Medición de pKa por potenciometría y/o por ultravioleta. - Medición de la lipofilia (logP) y solubilidad de los compuestos sintetizados. 3) Los compuestos sintetizados serán enviados a grupos colaboradores para ser probados in vitro contra los parásitos <i>T. brucei</i>, <i>T. cruzi</i> y <i>L. donovani</i>. El candidato llevará a cabo el análisis SAR de sus compuestos.</p>	<a href="http://www.iqm.csic.es/antiparasitic-drugs/">http://www.iqm.csic.es/antiparasitic-drugs/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0671	DE FILIPPO BOLLON, DANIELA ALEJANDRA	daniela.defilippo@cchs.csic.es	INSTITUTO DE FILOSOFIA	Hacia una ciencia abierta, inclusiva y responsable: los nuevos desafíos para la medición de la investigación	El candidato se integrará en el grupo de investigación ACUTE (Análisis Cuantitativo en Ciencia y Tecnología) y en el Laboratorio de Bibliometría del IFS-CSIC ( <a href="http://cchs.csic.es/laboratorio/bibliometria">http://cchs.csic.es/laboratorio/bibliometria</a> ). El equipo de trabajo está compuesto por investigadores y técnicos con una formación multidisciplinar junto a los que podrá adquirir conocimientos teóricos y experiencia práctica sobre ciencia métrica (medición de la ciencia) y uso de indicadores en evaluación de la ciencia. En estos proyectos se analizan temas como: el acceso abierto de las publicaciones, la equidad de género en la ciencia, la excelencia y las trayectorias científicas, las redes sociales como herramientas de difusión de la investigación, etc. El estudiante participará en las actividades realizadas en el marco de los proyectos de investigación en curso relacionados con ciencia abierta, métricas responsables e impacto social de la investigación. Podrá colaborar en la realización del informe "La actividad científica del CSIC a través de indicadores bibliométricos (Web of Science)", que es uno de los principales productos de la plataforma de indicadores bibliométricos ACUTE. Asimismo, podrá acceder a todos los recursos del grupo de investigación y del Laboratorio y se beneficiará de los medios disponibles en ese entorno, así como también de los propios del IFS y del Centro de Ciencias Humanas y Sociales (CCHS) ( <a href="http://cchs.csic.es/es">http://cchs.csic.es/es</a> ) en el que se ubica el instituto. Capacidades y competencias a adquirir: El estudiante adquirirá formación sobre el campo de investigación del grupo para conocer la importancia de la evaluación de la ciencia (orígenes, alcances, metodologías, limitaciones, etc.) y de su medición e impacto en la sociedad. Asimismo, obtendrá conocimientos técnicos en ámbitos como: -Recuperación de información en bases de datos especializadas para la evaluación científica -Aprendizaje del software utilizado en el laboratorio para la gestión de bases de datos -Manejo de herramientas para visualización de la información -Utilización de herramientas para medición del impacto científico en redes sociales En el ámbito personal, podrá adquirir competencias como son las relativas al trabajo en grupo, capacidad organizativa y desarrollo de iniciativa. Se prevé la asistencia del estudiante a cursos y seminarios en el marco del Departamento de Ciencia, Tecnología y Sociedad del Instituto de Filosofía del CCHS. Asimismo, podrá tener contacto con doctorandos de otras	<a href="https://ifs.csic.es/es/org-structure/grupo-analisis-cuantitativo-ciencia-tecnologia-acute">https://ifs.csic.es/es/org-structure/grupo-analisis-cuantitativo-ciencia-tecnologia-acute</a>
JAEINT24_EX_1244	DEL CERRO SANCHEZ, CARLOS	carlos.delcerro@cib.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS MARGARITA SALAS	Reciclaje biológico de lignina para la producción de building blocks moleculares mediante biología sintética de levaduras	El reciclaje de la biomasa vegetal representa uno de los grandes retos actuales en la gestión sostenible de residuos. Esto se debe a la presencia de la lignina, un polímero de un gran potencial industrial actualmente desaprovechado. Por esta razón, la conversión biológica de lignina en building blocks moleculares que permitan la síntesis de nuevos bioplásticos más respetuosos con el medio ambiente es una estrategia muy prometedora. Para ello, en este proyecto se abordará la generación de nuevos biocatalizadores basados en la levadura <i>Saccharomyces cerevisiae</i> , la cual se modificará siguiendo planteamientos de biología sintética e ingeniería metabólica. De este modo, en esta plataforma microbiana se introducirá el arsenal enzimático degradador de lignina de los hongos de la podredumbre blanca de la madera (los organismos que más eficientemente despolimerizan lignina en la naturaleza), así como rutas metabólicas sintéticas de origen bacteriano que permitan redirigir esta degradación a compuestos de interés para la síntesis de biopolímeros como el bio-nylon o análogos compostables del PET. El trabajo propuesto se enmarca dentro del proyecto RELAY (Revalorization of Lignin and Aromatics in Yeast) del programa ComFuturo (FGCSIC) (acuerdo Marie Skłodowska Curie No. 101034263) desde el cual se intenta aportar soluciones para abordar la transición a modelos de economía circular gestionando el ciclo de vida de los recursos naturales. En este proyecto se emplearán técnicas de microbiología, biología molecular, ingeniería metabólica, biología sintética de levaduras (clonaje modular, CRISPR-Cas9...) y métodos analíticos. El proyecto se realizará en el Grupo de Microbiología Medioambiental (EnviroMic Lab), que está compuesto por doctores expertos en implementar aproximaciones de biología sintética y de sistemas para la eliminación de contaminantes ambientales y la gestión sostenible de residuos. La estancia se llevará a cabo en el Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas (CIB-CSIC), el cual posee el equipamiento y las infraestructuras necesarias para llevar a cabo el trabajo propuesto y donde se tendrá la oportunidad de asistir a seminarios de especialistas nacionales e internacionales. Durante el periodo de estancia se implementará una formación equilibrada a nivel teórico, técnico, transversal y personal, fomentando el trabajo independiente a la hora de diseñar, ejecutar e interpretar los experimentos, y la correcta presentación de resultados.	<a href="https://www.cib.csic.es/departamentos/biopotecnologia-microbiana-y-de-plantas/microbiologia-medioambiental">https://www.cib.csic.es/departamentos/biopotecnologia-microbiana-y-de-plantas/microbiologia-medioambiental</a>
JAEINT24_EX_0384	DELGADO ANDRADE, CRISTINA	cristina.delgado@eez.csic.es	ESTACION EXPERIMENTAL DEL ZAIDIN	Puesta a punto y capacitación en el empleo de la técnica de digestión gastrointestinal in vitro INFOGEST adaptada al neonato	El grupo de Nutrición, Salud Gastrointestinal y Seguridad Alimentaria de la EEZ-CSIC está desarrollando el proyecto del plan estatal "Estrategias combinadas para evaluar la biodisponibilidad de nutrientes y la funcionalidad de fórmulas infantiles (IFs) suplementadas con oligosacáridos de leche humana (HMOs)", IPs: Alfonso Clemente Gimeno y Cristina Delgado Andrade. La evaluación de la bioaccesibilidad de los nutrientes y compuestos bioactivos presentes en las IFs consideradas en este proyecto necesita de la puesta a punto en nuestro laboratorio de la técnica in vitro de digestión gastrointestinal adaptada al neonato (2-5 meses de edad). Nuestro grupo de investigación tiene una larga experiencia en el empleo de dicha técnica de digestión en adultos, gracias a nuestra participación en la red internacional INFOGEST, que persigue la estandarización y armonización de los protocolos de digestión gastrointestinal en diferentes franjas de edad (Brodtkorb et al. 2019, Nat Protoc 14, 991–1014; Delgado-Andrade et al. 2023, Antioxidants 13, 118). El proceso digestivo del neonato tiene ciertas particularidades, debido a que presentan un sistema digestivo inmaduro, con baja actividad de algunas enzimas, un pH gástrico relativamente elevado y una marcada inmadurez de la barrera intestinal. Para mimetizar estas condiciones fisiológicas, el protocolo INFOGEST de adultos debe ser adaptado a la situación del neonato, lo que afectará a la composición de los fluidos gastrointestinales, a las actividades enzimáticas y de las sales biliares, a los pH de las distintas fases de la digestión y a su duración. La puesta a punto de este procedimiento se llevará a cabo empleando IFs tanto en polvo como en forma líquida, en las que se estudiará la digestibilidad proteica, la bioaccesibilidad de aminoácidos y la actividad antioxidante de la fracción bioaccesible. El mencionado proyecto supone una oportunidad formativa para un recién graduado con interés en conocer los fundamentos de la carrera científica y su aportación a la sociedad. El estudiante se involucrará en todas las tareas de puesta a punto de los procedimientos, participando con los investigadores en la implementación de la nueva metodología en el grupo de investigación. Además de capacitarlo en esta técnica, se beneficiará de participar en un entorno de trabajo altamente especializado, con acceso a seminarios formativos dentro del ciclo interno de la Estación Experimental del Zaidín y de la Universidad de G	<a href="https://www.eez.csic.es/nutricion-salud-y-seguridad-alimentaria">https://www.eez.csic.es/nutricion-salud-y-seguridad-alimentaria</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1019	DELGADO IGEÑO, MJESUS	mariajesus.delgado@eez.csic.es	ESTACION EXPERIMENTAL DEL ZAIDIN	Control de la emisión del gas invernadero óxido nítrico por bacterias endosimbióticas de leguminosas	El candidato/a se iniciará en el aprendizaje de técnicas moleculares y bioquímicas relacionadas con la regulación de los genes implicados en la síntesis y reducción del potente gas invernadero óxido nítrico (N <sub>2</sub> O) en bacterias del suelo asociadas a los cultivos de leguminosas. Para ello, el candidato/a llevará a cabo el estudio de la expresión génica utilizando la técnica de PCR cuantitativa a tiempo real (qRT-PCR) tras el aislamiento de ARN de los cultivos celulares. Por otro lado, el candidato/a llevará a cabo un estudio del control postranscripcional de estos genes mediante técnicas bioquímicas de aislamiento, detección y análisis de actividad enzimática de las proteínas que codifican. Para ello, se iniciará en el aprendizaje de técnicas relacionadas con el fraccionamiento de cultivos celulares (uso de una Prensa de French), aislamiento de fracciones soluble y de membrana de las células, separación de proteínas mediante electroforesis en geles de poliacrilamida, transferencia de proteínas a membranas, e inmunodetección de las mismas mediante el uso de anticuerpos. El análisis de las actividades enzimáticas se llevará a cabo por técnicas colorimétricas así como mediante técnicas amperométricas mediante el uso de electrodos específicos para la detección de óxido nítrico, o el uso de cromatografía gaseosa para detectar el N <sub>2</sub> O. Por último, llevará a cabo la construcción de plásmidos de expresión de proteínas. Técnicas de purificación de proteínas las cuales se utilizarán en experimentos de interacción proteína-ADN mediante calorimetría o EMSA (electrophoretic mobility shift assay). El desarrollo de estos experimentos permitirá al candidato/a de esta beca manejar técnicas de microbiología, fisiología, bioquímica y biología molecular. El carácter multidisciplinar del proyecto que se propone permitirá conseguir una formación adecuada y muy útil para el desarrollo de la futura actividad investigadora del candidato/a.	<a href="https://www.eez.csic.es/metabolismo-del-nitrogeno-en-bacterias-rizosfericas">https://www.eez.csic.es/metabolismo-del-nitrogeno-en-bacterias-rizosfericas</a>
JAEINT24_EX_0773	DELGADO PALACIO, SUSANA	sdelgado@ipla.csic.es	INSTITUTO DE PRODUCTOS LACTEOS DE ASTURIAS	CARATERIZACIÓN DE NUEVAS ESPECIES DE ESTREPTOCOCOS AISLADAS DEL INTestino DELGADO HUMANO	En el intestino delgado además de la secreción biliar, jugos pancreáticos tiene lugar la digestión de las grasas y la absorción de nutrientes. Además, esta parte del tracto intestinal alberga la mayor concentración de células inmunocompetentes en el cuerpo, desempeñando, junto con la microbiota, una función crucial al hospedador. Aunque la microbiota del intestino delgado está menos estudiada que la del intestino grueso por su difícil acceso, diversos estudios han revelado la presencia de estreptococos con niveles de entre 10 <sup>3</sup> -10 <sup>4</sup> ufc/ml. Streptococcus es un género de bacterias Gram-positivas pertenecientes al grupo de las bacterias lácticas, con especies como S. salivarius o S. mitis miembros habituales de mucosas de individuos sanos, y otras como reconocidos patógenos en humanos, si bien la diferenciación de las especies de este género es complicada. El objetivo del trabajo a realizar es la caracterización genómica y molecular de aislados de estreptococos del intestino delgado de personas con dispepsia, que han ido previamente identificados como potenciales nuevas especies dentro del grupo salivarius. Para ello el/la estudiante hará uso de diversas herramientas bioinformáticas y bases de datos genómica para determinar la identidad taxonómica, la organización cromosómica y plasmídica de los aislados, así como la posible identificación de genes de resistencia a antibióticos. Todo ello se plantea en un trabajo colaborativo a realizar en el Instituto de Productos Lácteos de Asturias del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IPLA-CSIC) dentro del grupo de investigación de Funcionalidad y Ecología de Microorganismos Beneficiosos (MicroHealth).	<a href="https://www.ipla.csic.es/microhealth/">https://www.ipla.csic.es/microhealth/</a>
JAEINT24_EX_0228	DIAZ CRUZ, SILVIA	sdcqam@cid.csic.es	INSTITUTO DE DIAGNOSTICO AMBIENTAL Y ESTUDIOS DEL AGUA	Explorando la Interacción entre Filtros Solares UV y Microplásticos	Los plásticos son materiales esenciales en la sociedad, pero su uso excesivo y la mala gestión de residuos han causado una preocupante acumulación ambiental. Esta problemática se intensifica en el medio marino. Por otra parte, las aguas costeras también están afectadas por la contaminación debida a los filtros solares UV (UVFs) que los bañistas introducen en el mar con el uso de las cremas solares. Los UVFs se adhieren y acumulan en organismos, y también pueden adherirse a los plásticos. Tras procesos como oxidación, abrasión y trituración, los microplásticos (MPs) pueden ingresar al medio acuático y adsorber contaminantes orgánicos circundantes, alterando su migración y distribución espacial. La adsorción de compuestos químicos depende de sus propiedades fisicoquímicas y del tipo de material, así como de factores ambientales como T°, pH y salinidad. Este estudio se enfoca en entender la adsorción de UVFs en MPs bajo diversas condiciones ambientales. Se ensayarán 3 tipos de plásticos: polietileno (PE), polipropileno (PP) y politereftalato de etileno (PET) y 2 UVFs: oxibenzona (BP3) y octocrileno (OC), a diferente T° y pH, tanto en agua dulce como en agua salada. Asimismo, se utilizarán los MPs en diferentes formas y tamaños para simular las distintas morfologías que se encuentran en el medio ambiente. Se desarrollará un modelo factorial considerando diversas variables, incluyendo el tipo de agua, pH, T° y forma y naturaleza del plástico para diseñar los experimentos. Usando BP3 como contaminante modelo medianamente apolar y OC como apolar, se investigará el rendimiento de adsorción en los MPs mediante experimentos en batch. Una vez alcanzado el equilibrio, que dará lugar a la eliminación adsorptiva de BP3 y OC de la disolución, se analizarán los datos de cinética del proceso de adsorción para determinar qué isoterma, ya sea Freundlich o Langmuir, describe mejor los resultados. Para evaluar la adsorción de UVFs y determinar sus perfiles de concentración, utilizaremos la cromatografía líquida de ultra alta eficacia acoplada a espectrometría de masas en tándem (UHPLC-MS/MS). Con los resultados obtenidos, identificaremos los procesos de adsorción dominantes para BP3 y OC en MPs (ej. interacciones electrostáticas, complejación superficial, interacción hidrofóbica, etc), proporcionando una base teórica para evaluar los riesgos ecológicos del cocktail de UVFs-MPs.	<a href="https://www.idaea.csic.es/research-group/enfochem/">https://www.idaea.csic.es/research-group/enfochem/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0658	DIAZ ESTEBAN, MARIO	mario.diaz@mncn.csic.es	MUSEO NACIONAL DE CIENCIAS NATURALES	Desarrollo de un indicador de los efectos de la Política Agraria sobre las aves	El proyecto formativo va ligado al desarrollo del convenio 'Seguimiento y evaluación con base científica del Plan Estratégico de la Política Agrícola Común 2023-2027 de España', cofinanciado por el Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación (MAPA) y el CSIC. Consiste en el desarrollo, medida y análisis de indicadores de la eficacia del Plan Estratégico Español (PEPAC) para alcanzar sus objetivos ambientales y sociales. El estudiante se formará en el grupo multidisciplinar (áreas de vida -medio ambiente y ciencias agrarias- y sociedad) que dirige la PTI que va a desarrollar el convenio. La investigación se centrará en la evaluación de los efectos de las medidas incluidas en el PEPAC (condicionalidad reforzada, ecoregímenes y medidas agroambientales y climáticas) sobre las aves ligadas a los medios agropecuarios. Para ello se revisarán y analizarán, en colaboración con el MAPA, el Ministerio de Transición Ecológica y SEO/BirdLife, las bases de datos disponibles sobre distribución y tendencias de las aves, y se diseñarán y analizarán muestreos adicionales dirigidos a cubrir eficaz y eficientemente las carencias de estas bases de datos. Se valorará la formación de los candidatos en ecología y conservación de aves, diseño experimental y análisis de grandes bases de datos.	<a href="https://www.mncn.csic.es/investigacion/biogeografia-y-cambio-global">https://www.mncn.csic.es/investigacion/biogeografia-y-cambio-global</a>
JAEINT24_EX_0959	DIAZ FERNANDEZ, EDUARDO	ediaz@cib.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS MARGARITA SALAS	Producción sostenible de productos de valor añadido mediante ingeniería metabólica de sistemas en bacterias	La línea de trabajo de nuestro grupo se centra en el estudio de las redes metabólicas y de regulación que controlan el metabolismo bacteriano de compuestos tóxicos y/o de desecho, muchos de ellos importantes contaminantes medioambientales. Los sistemas de señalización celular y los mecanismos de resistencia asociados e implicados en la adaptación bacteriana al estrés ocasionado por los compuestos tóxicos también son objeto de estudio. El desarrollo de tecnologías sostenibles que permitan la revalorización de contaminantes y residuos biológicos se enmarca dentro de la moderna economía circular. El proyecto propuesto se enmarca dentro de nuestra línea de trabajo financiada con dos Proyectos Nacionales I+D (PID2022 y TED2021) y un proyecto europeo (Promicon) sobre la construcción de biocatalizadores capaces de revalorizar productos de desecho, tales como los compuestos aromáticos derivados de residuos de lignocelulosa, el principal gas de efecto invernadero (CO <sub>2</sub> ), o ciertos metales/metaloideos, para la obtención de productos de mayor valor añadido tales como los bioplásticos (polihidroxibutirato), diferentes moléculas precursoras de polímeros, fármacos y nutracéuticos, o nanopartículas metálicas de gran interés en nanotecnología. Para ello se utilizarán las bacterias <i>Aromatoleum</i> sp. CIB, como chasis modelo para procesos anaeróbicos, y <i>Pseudomonas putida</i> KT2440/Cupriavidus necator HI 6, como chasis modelo para procesos aeróbicos. El becario se formará y familiarizará tanto con técnicas clásicas de microbiología (cultivo y manipulación genética de bacterias aeróbicas y anaeróbicas), biología molecular (clonación y expresión de genes, purificación de proteínas, ensayos enzimáticos, interacción proteína-DNA, etc.), y microscopía (confocal, electrónica), como con nuevas técnicas ómicas (genómica, transcriptómica, metabolómica), de biología de sistemas (utilización de modelos metabólicos), y biología sintética (editado de genomas, construcción de módulos metabólicos, etc.). La correcta formación del becario está además avalada por la disponibilidad del equipamiento e infraestructuras necesarias del Departamento de Biotecnología Microbiana y de Plantas de un centro de prestigio como el CIB Margarita Salas-CSIC, y la posibilidad de asistir a los numerosos seminarios de reputados científicos nacionales y extranjeros que se imparten en nuestro centro.	<a href="https://www.cib.csic.es/research/microbial-plant-biotechnology/environmental-microbiology">https://www.cib.csic.es/research/microbial-plant-biotechnology/environmental-microbiology</a>
JAEINT24_EX_0209	DIAZ MARRERO, ANA RAQUEL	adiazmar@ipna.csic.es	INSTITUTO DE PRODUCTOS NATURALES Y AGROBIOLOGIA	Potencial biotecnológico de microorganismos de hábitats marinos	La microbiota marina, como bacterias, cianobacterias, levaduras, hongos y microalgas, representa una fuente prometedora e inagotable para la identificación de un amplio rango de compuestos y bioproductos, como enzimas, polímeros, fármacos y otras biomoléculas con características únicas. A ello contribuye la enorme variabilidad de hábitats y condiciones medioambientales del medio marino. En este contexto, el potencial de la biotecnología marina se orientará al descubrimiento y desarrollo de sustancias de interés biomédico y agroalimentario a partir de la biodiversidad marina. El trabajo se desarrollará en el Grupo de Química de Productos Marinos del Departamento de Química de Productos Naturales y Sintéticos Bioactivos del Instituto de Productos Naturales y Agrobiología (IPNA-CSIC). La investigación se centrará en el estudio de extractos bioactivos de microorganismos y macroorganismos marinos para abordar su potencial biotecnológico a través del desarrollo de cultivos, la extracción, purificación e identificación de los productos naturales producidos los organismos de interés, una investigación orientada a la búsqueda de sustancias con aplicación agroalimentaria y biomédica. Desde el punto de vista formativo, se pretende la adquisición de conocimientos y competencias en el área de la biotecnología marina y la búsqueda de sustancias bioactivas, a la vez que supondrá una inmersión en el ámbito de la investigación, que puede ser clave para su proyección de futuro. En concreto: • Familiarización con las diferentes técnicas experimentales que se utilizan en un laboratorio de productos naturales. • Planificación, realización y adquisición de conocimientos en diferentes técnicas cromatográficas. • Uso de técnicas analíticas para la identificación de muestras: espectrometría de masas, espectroscopía IR o RMN. • Implicación en el desarrollo de experimentos de actividad biológica. • Adquisición de experiencia en un entorno de investigación internacional e interdisciplinario. • Redacción de informes y resultados de investigación. • Reuniones periódicas de seguimiento. Los interesados pueden contactar con la Dra. Ana R. Diaz Marrero (adiazmar@ipna.csic.es), Instituto de Productos Naturales y Agrobiología (IPNA-CSIC), Avda. Astrofísico F. Sánchez, 3, La Laguna (Tenerife).	<a href="https://www.ipna.csic.es/node/2479">https://www.ipna.csic.es/node/2479</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0526	DIAZ MORALES, URBANO MANUEL	udiaz@itq.upv.es	INSTITUTO DE TECNOLOGIA QUIMICA	Materiales híbridos multi-funcionales como catalizadores para el desarrollo de procesos sostenibles	En la última década el desarrollo de procesos químicos sostenibles, englobados en la denominada Química Verde, son cada vez más necesarios con el fin de llevar a cabo procesos de transformación química más efectivos, menos costosos y, además, respetuosos con el medio ambiente. Con este fin, la realización de reacciones catalíticas y procesos químicos consecutivos se hace más necesaria ya que conllevaría la reducción sistemática de etapas de reacción, anulándose por completo la obligación de aislar y recuperar productos intermedios con el ahorro que eso supondría desde un punto de vista económico y energético, sin que sea necesaria la eliminación de sub-productos generados en el proceso completo de reacción. Para llevar a cabo esta misión, se hace necesario el empleo de catalizadores multi-componente y multi-funcionales que contengan en su estructura dos o más centros activos, los cuales se encuentren perfectamente aislados y estabilizados entre sí, de manera que cada uno de ellos pudiese actuar en cada una de las etapas del proceso consecutivo, generándose en cada paso diferentes productos intermedios que sin necesidad de recuperar ni aislar actuarían como reactivos de partida de la siguiente etapa de reacción. Si la efectividad de este proceso multi-etapa fuese elevada, al utilizar un catalizador lo suficientemente activo, la rentabilidad se vería aumentada frente a los procesos catalíticos convencionales. Por todo ello, será necesario preparar materiales híbridos orgánicos-inorgánicos porosos que contengan en su estructura a nivel molecular diferentes centros activos que actúen, cada uno de ellos como catalizadores de las etapas individuales que conforman el proceso reactivo consecutivo. Esta aproximación podría ser llevada a cabo a partir de la preparación de precursores organosilíceos o ligandos específicos que contengan organocatalizadores que, al emplearlos en procesos de síntesis adecuados, se introduzcan en el entramado estructural de nuevos materiales basados en sílice o en unidades metal-orgánicas. El diseño "a priori" de materiales en los que se inserten las funcionalidades deseadas (ácido, base, redox y/o quiral) permitiría su utilización, como catalizadores, en procesos más complejos multi-etapa, pero a su vez más eficientes, para la generación de compuestos con alto valor añadido a partir de productos derivados de la biomasa, fuera del empleo de fuentes fósiles no renovables.	<a href="https://itq.upv-csic.es/">https://itq.upv-csic.es/</a>
JAEINT24_EX_0058	DIAZ MORENO, IRENE	irene@iiq.csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES QUIMICAS	Estudio del papel del Zn <sup>2+</sup> en la separación de fases de la proteína de unión al RNA TIA-1 y su relación con enfermedades neurodegenerativas	Los gránulos de estrés (SGs) son orgánulos desprovistos de membrana que se forman en respuesta al estrés celular. Estos gránulos presentan en su interior numerosos componentes entre los que destacan factores de transcripción, ARN mensajero y proteínas de unión al ARN, muchas de las cuales presentan dominios intrínsecamente desordenados como es el caso de TIA-1 (T-cell intracellular antigen-1), con un dominio similar a priones (PrLD). Gracias a interacciones proteína-proteína y proteína-ARN los SGs se encuentran separados del citosol a través de un proceso físico llamado separación de fases líquido-líquido (LLPS). La supervivencia celular se basa en la dinamicidad de este proceso, y de hecho, enfermedades tales como la miopatía distal tipo Welander, la esclerosis lateral amiotrófica o la degeneración lobar frontotemporal están ligadas a una desregulación en la separación de fases de TIA-1 que conduce a la formación de agregados irreversibles. El estudio de la separación de fases ha ganado gran relevancia en los últimos años, ya que este fenómeno parece regular diversos procesos celulares. Trabajos recientes de nuestro grupo han demostrado que el Zn <sup>2+</sup> presente a mayor concentración en los SGs, es capaz de regular la separación de fases fisiológica de TIA-1, facilitando la LLPS e inhibiendo la formación de agregados fibrilares. Esto lo hace formando un complejo que media la dimerización del dominio RRM2 de dos moléculas de TIA-1. Específicamente, el átomo de Zn <sup>2+</sup> se coordina tetraédricamente con cuatro histidinas: las histidinas 94 y 96 de los dominios RRM2 de ambas moléculas. Con este proyecto se pretende profundizar en el conocimiento acerca de la separación de fases entre los dominios plegados de TIA-1. Para ello se realizará una caracterización funcional tanto in cell como in vitro del papel de las histidinas y la relación con ciertos residuos del PrLD involucrados en el desarrollo de enfermedades neurodegenerativas. Plan de Formación - Caracterización in vitro: Purificación de versiones de la proteína TIA-1 que contengan mutaciones de las histidinas 94 y 96, sola o en combinación con las mutaciones P362L, A381T y E384K. Ensayos de separación de fases mediante cálculos de Csat (concentración de saturación) y de interacción mediante BLI (interferometría de biocapa). - Caracterización in cell: Expresión de las citadas versiones mutantes en cultivos celulares HeLa y estudio de la localización celular y frecuencia de SGs mediante microscopio	<a href="https://www.iiq.us-csic.es/biointeractomica">https://www.iiq.us-csic.es/biointeractomica</a>
JAEINT24_EX_0710	DIAZ RAVIÑA, MONTSERRAT	mdiazr@mbg.csic.es	MISION BIOLOGICA DE GALICIA	Respuesta de las comunidades microbianas de suelos agrícolas a la presencia de antibióticos	Recientemente el Grupo de Bioquímica y Calidad del Suelo de la MBG-CSIC (Jefa de Grupo: Montserrat Díaz Raviña), ha abierto una nueva línea de investigación referente a la dinámica e impacto de la presencia de contaminantes emergentes sobre el sistema suelo-microorganismo-planta. Inicialmente los estudios se han centrado en algunos grupos de antibióticos de origen veterinario y humano (procedentes de la aplicación de residuos ganaderos y lodos de depuradora, respectivamente, a los suelos agrícolas), actualmente se pretende ampliar el rango de estos contaminantes emergentes y abordar el estudio de los antibióticos ionóforos. Los microorganismos son los principales agentes responsables de la calidad del mismo y, por tanto, del funcionamiento del ecosistema edáfico. Sin embargo, a pesar de su interés y trascendencia, apenas existe la información sobre el impacto de los antibióticos ionóforos, usados para el tratamiento de ganado vacuno, porcino y aves, sobre los microorganismos de suelos donde se aplican residuos ganaderos. El proyecto del candidato a esta beca de formación se centrará, en primer lugar, en su introducción al estudio de la caracterización de suelos (propiedades físicas, químicas y biológicas) y, en segundo lugar, en la respuesta de las comunidades microbianas de diferentes suelos agrícolas localizados en Galicia a la presencia dos antibióticos ionóforos. Para ello nos centraremos en la determinación de diversos aspectos de la caracterización de la microbiota edáfica (masa, actividad y diversidad de las comunidades microbianas) utilizados como análisis de rutina de los laboratorios del grupo: biomasa microbiana por el método de fumigación-extracción, respiración del suelo, actividades enzimáticas específicas del ciclo del C, N y P, actividad bacteriana mediante el método de la incorporación celular de sustratos marcados, medidas de tolerancia de las comunidades bacterianas a diferentes tipos de compuestos orgánicos e inorgánicos, biomasa total y específica de diversos grupos microbianos, estructura o diversidad de las comunidades microbianas mediante el análisis de biomarcadores moleculares (análisis de ácidos grasos de los fosfolípidos, PLFA), etc. El candidato también se iniciará en el aprendizaje de métodos de análisis y tratamiento estadístico de los datos obtenidos en las diferentes determinaciones de estos parámetros microbianos y su posterior interpretación y relación con las propiedades del suelo (ecología microbiana).	<a href="https://mbg.csic.es/es/la-mision-biologica-de-galicia/">https://mbg.csic.es/es/la-mision-biologica-de-galicia/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1009	DIAZ VIVANCOS, PEDRO	pdv@cebas.csic.es	CENTRO DE EDAFOLOGIA Y BIOLOGIA APLICADA DEL SEGURA	Efecto del uso de un portainjerto transgénico en la respuesta a sequía de injertos de melocotonero y albaricoque a nivel fisiológico y metabólico.	Nuestro grupo generó plantas de ciruelo transgénicas que sobreexpresaban genes que codificaban para las enzimas antioxidantes superóxido dismutasa (SOD) y/o ascorbato peroxidasa (APX) (cysod y cytax). Una de estas líneas, con cuatro copias de cytax (línea J8-1), mostró tolerancia al estrés hídrico en condiciones de invernadero (Díaz-Vivancos et al. 2016, Ann. Bot. 117: 1121). En el marco de un proyecto del Plan Nacional planeamos utilizar la línea J8-1 como portainjerto de cultivares comerciales de melocotonero y albaricoque en condiciones de campo, estudiando la respuesta de los injertos al estrés hídrico desde un punto de vista fisiológico y metabólico. Para ello plantas J8-1 y de ciruelo no transgénico 'Stanley' se injertarán con yemas procedentes variedades comerciales de melocotón y albaricoque en condiciones controladas en las instalaciones del CEBAS-CSIC. Una vez comprobado que los injertos se desarrollan correctamente, las plantas se trasladarán a la Finca Experimental del CEBAS-CSIC para su cultivo en condiciones de campo. En los injertos se analizarán diferentes parámetros fisiológicos (fluorescencia de clorofilas, contenido en clorofilas y flavonoles) y se realizará un análisis metabólico de la respuesta al estrés por sequía en hojas de los injertos con el objetivo de identificar cambios metabólicos inducidos en los cultivares comerciales como consecuencia de ser injertados sobre un portainjerto transgénico. Este proyecto será pionero en abordar este objetivo en frutales.	<a href="http://www.cebas.csic.es/dep_spain/mejora/biotecnologia/biotech_lineas.html">http://www.cebas.csic.es/dep_spain/mejora/biotecnologia/biotech_lineas.html</a>
JAEINT24_EX_0330	DIEZ FERNANDEZ, RUBEN	r.diez@csic.es	INSTITUTO GEOLOGICO Y MINERO DE ESPAÑA	Ciclos orogénicos superpuestos: análisis estructural de su desarrollo	El proyecto de formación tratará de inculcar metodología de exploración para reconocer la existencia de orógenos de subducción y/o colisión a partir de la identificación de ofiolitas, zonas de sutura, y/o diferentes secciones sus placas superior e inferior usando como ejemplo el Macizo Ibérico. Para ello se utilizarán datos cartográficos (e.g., identificación de estructuras mecánicas o discordancias), el reconocimiento de asociaciones metamórficas para identificar procesos orogénicos ligados al desarrollo de cada zona de sutura que pueda encontrarse, datos geocronológicos y geoquímicos para acotar la edad y procedencia de las rocas que ayuden a elaborar modelos paleogeográficos más detallados para cada etapa orogénica, y datos estructurales para caracterizar la geometría final y reconstruir la primaria de las estructuras ligadas a cada orógeno. Objetivos concretos de formación y su relevancia: 1)- Elaboración de cartografía geológica detallada, con especial dedicación al agrupamiento de conjuntos litológicos coherentes en base a criterios litológicos, petrológicos, y estructurales, con el objetivo de identificar grandes bloques tectónicos asimilables a paleo-placas litosféricas. Esta tarea resulta esencial en cualquier trabajo que pretenda analizar la edad y composición de las rocas de cualquier sector, pues aporta referencias básicas de interrelación entre conjuntos litológicos necesarias para una correcta interpretación de todo tipo de datos. 2)- Reconocimiento y descripción de asociaciones metamórficas. Se realizará una descripción petrográfica y petroestructural de las asociaciones existentes en litologías representativas de cada unidad. Para ello se tomarán muestras de roca orientada y se estudiarán con microscopio petrográfico. Esta tarea es vital para reconocer cualitativamente la existencia de diferentes placas tectónicas y/o de secciones muy diferentes dentro de una misma placa tectónica en base a la compatibilidad o incompatibilidad entre evoluciones tectonometamórficas de conjuntos rocosos adyacentes en la actualidad. 3)- Análisis estructural basado en datos cartográficos, estructurales (toma de medidas de estratificación, foliación, lineación, etc. en campo), y petrológicos. Esta información permite reconstruir la historia tectónica de una región, pudiendo elaborarse reconstrucciones del movimiento relativo entre placas involucradas en cada orógeno.	<a href="https://scholar.google.com/citations?user=L40bBhkAAAAJ&amp;hl=es">https://scholar.google.com/citations?user=L40bBhkAAAAJ&amp;hl=es</a>
JAEINT24_EX_1495	DOMINGUEZ PETIT, MARIA ROSARIO	rosario.dominguez@eo.csic.es	IEO - CENTRO OCEANOGRÁFICO DE VIGO	Potencial reproductivo de Scomber colias, una especie en expansión en el Atlántico Nororiental	INTRODUCCIÓN: El Scomber colias es una especie pelágica de interés comercial cuyo núcleo de población en el Atlántico oriental se sitúa en las costas del Noroeste africano. En las últimas décadas se ha producido un aumento de las poblaciones en la costa atlántica de la Península Ibérica, incluido el Mar Cantábrico, probablemente derivada del calentamiento global. Este aumento ha llegado al punto de que la especie ha pasado de ser descartada a convertirse en una especie objetivo de la flota pelágica del Cantábrico. Las investigaciones previas de nuestro grupo, basadas en datos recopilados anualmente desde 2011, demuestran que existe un gradiente latitudinal en ciertos parámetros biológicos y ontogénicos, siendo los individuos más al norte los que presentan una estación reproductiva más larga y tardía, una mejor condición, una mayor talla de madurez y tasas de crecimiento más altas. OBJETIVO: Determinar el potencial reproductivo de la especie, es decir, a la capacidad de la población de producir descendencia viable, en el Cantábrico y comparar con el potencial reproductivo en otras áreas de distribución. TAREAS: 1. Análisis de la fecundidad potencial de S. colias del Cantábrico mediante estereología. 2. Análisis de la variabilidad interanual de la fecundidad de S. colias en aguas del Cantábrico 3. Análisis de los efectos maternos (talla, edad y condición) y ambientales (temperatura y producción primaria) sobre la fecundidad. 4. Análisis comparativo con estudios realizados en otras áreas de distribución. 5. Redacción de manuscrito para publicación científica. INVESTIGACIONES DEL GRUPO EN ESTA MATERIA: 1. Navarro, M.R.; Landa, J.; Villamor, B.; Domínguez-Petit, R. 2021. First approach to the growth and age corroboration of Northeast Atlantic chub mackerel (Scomber colias) in northern Iberian Waters. <a href="https://doi.org/10.1016/j.jecc.2021.107433">https://doi.org/10.1016/j.jecc.2021.107433</a> 2. Rosario Domínguez-Petit, María Rosario Navarro, Marra Coussido-Rocha, Jorge Tornero, Fernando Ramos, Alba Jurado-Ruzafo, Cristina Nunes, Carmen Hernández, Andrea V. Silva, Jorge Landa. 2022. Spatial variability of life-history parameters of the Atlantic chub mackerel (Scomber colias), an expanding species in the Northeast Atlantic. <a href="https://doi.org/10.3989/scimar.05296.048">https://doi.org/10.3989/scimar.05296.048</a> 3. M.R. Navarro, J. Landa, B. Villamor, C. Hernández and R. Domínguez. 2019. Northeast Atlantic chub mackerel (Scomber colias): growth pattern and age validation in Northern Iberian waters. ICES Scientific Reports. <a href="http://doi.org">http://doi.org</a>	<a href="https://apps.csic.es/grupos/pages/grupo/edicionGrupo.html?idGrupo=939408">https://apps.csic.es/grupos/pages/grupo/edicionGrupo.html?idGrupo=939408</a>



REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0421	DOMINGUEZ SOTO, ANGELES	ads@cib.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS MARGARITA SALAS	REPROGRAMACIÓN DE MACRÓFAGOS HUMANOS COMO ESTRATEGIA TERAPÉUTICA PARA ENFERMEDADES INFECCIOSAS	Los Toll-like Receptors 7 y 8 (TLR7/TLR8) juegan un papel crucial en la detección y "entrenamiento" de células frente al SARS-CoV2 y otros virus. Estos sensores de fragmentos de RNA monocatenario son esenciales para la inducción de respuestas inmunitarias, como la producción de interferones (IFN) y citoquinas, especialmente en células dendríticas humanas. De hecho, TLR7 se ha descrito como el gen de susceptibilidad más importante para COVID-19 severo. Este trabajo se centrará en comprender las consecuencias funcionales de la activación de TLR7 y TLR8 en macrófagos humanos y su papel en las respuestas inmunitarias. Nuestro principal objetivo es investigar los cambios transcripcionales y funcionales que ocurren en macrófagos humanos como resultado de la activación de TLR7 y TLR8, así como el impacto de esta activación en la respuesta de los macrófagos a infecciones virales. Utilizaremos estrategias de cultivos celulares combinadas con técnicas de biología molecular para caracterizar los perfiles de expresión génica, rutas de señalización y funciones adquiridas tras la estimulación de TLR7 y TLR8. Además, emplearemos análisis -ómicos en muestras de pacientes deficientes en TLR7 para una comprensión exhaustiva de la implicación de estos receptores en infecciones víricas. Datos previos de nuestro grupo han demostrado que la activación de TLR7 en macrófagos no conduce a la producción de IFN tipo I, sino a la liberación de quimioquinas y una predisposición hacia una respuesta proinflamatoria elevada. Estos hallazgos subrayan la importancia de TLR7 y TLR8 en la modulación de las respuestas inmunitarias y sugieren un mecanismo complejo de reprogramación celular que facilita una respuesta exacerbada a estímulos posteriores. La plasticidad funcional de los macrófagos y su capacidad para ser "entrenados" abre nuevas vías para el desarrollo de estrategias terapéuticas contra trastornos inflamatorios, incluido el COVID-19 severo. Este trabajo podría revelar dianas potenciales para la reprogramación de macrófagos alveolares en enfermedades respiratorias, ofreciendo un enfoque novedoso para la intervención terapéutica. La activación de TLR7 y TLR8 tiene implicaciones significativas en la respuesta inmunitaria frente a infecciones virales, particularmente en el contexto de COVID-19. Nuestra investigación buscará profundizar en el entendimiento de estos procesos, ofreciendo perspectivas cruciales para la reprogramación de macrófagos y el desarrollo de nuevas terapias.	<a href="https://www.cib.csic.es/es/departamentos/biologia-celular-y-molecular/biologia-de-las-celulas-mieloides">https://www.cib.csic.es/es/departamentos/biologia-celular-y-molecular/biologia-de-las-celulas-mieloides</a>
JAEINT24_EX_0725	DROSTEN , MATTHIAS	mdrosten@usal.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA MOLECULAR Y CELULAR DEL CANCER DE SALAMANCA	Mayor comprensión de la señalización de KRAS para prevenir la resistencia a sus inhibidores	El plan de formación se consiste en aprender distintas técnicas que permiten al estudiante avanzar un pequeño proyecto de investigación relacionado con la señalización del oncogén KRAS en el cáncer de pulmón. Este proyecto se encontrará en la línea principal de investigación del laboratorio comprendiendo mejor la señalización de KRAS en el cáncer de pulmón para encontrar nuevas formas de inhibir su actividad, dado que los inhibidores de KRAS recientemente aprobado tienen poca eficacia en la clínica. La principal causa de la escasa eficacia es la aparición de resistencia en pacientes. Por lo tanto, usando modelos celulares de resistencia permite validar nuevos tratamientos que podrían afectar células resistentes. En concreto, el proyecto se basará en las siguientes técnicas: 1. Cultivos celulares: Se cultivarán líneas tumorales del cáncer de pulmón con mutaciones en KRAS y se tratarán con inhibidores para estudiar su impacto al crecimiento celular. También se harán infecciones con vectores virales. 2. Análisis de expresión de genes y proteínas: Se extraerán ARN de las células para analizar la expresión de genes mediante PCR cuantitativa. Además, se extraerán proteínas de dichas células para estudiar la expresión de diferentes proteínas mediante Western blot. También se aplicarán métodos de fraccionamiento para detectar proteínas de distintos compartimentos celulares. 3. Manipulación de expresión mediante CRISPR/Cas9. Esta técnica permite eliminar potenciales dianas terapéuticas a validar.	<a href="https://www.cicancer.org/grupo?id=84">https://www.cicancer.org/grupo?id=84</a>
JAEINT24_EX_0440	DUEÑAS CARAZO, MARGARITA	mduenas@rjb.csic.es	REAL JARDIN BOTANICO	Describiendo la biodiversidad de hongos corticioides del bosque húmedo valdiviano: el caso de Kurtzia aff argillacea	Los hongos corticioides son un grupo polifilético de homobasidiomicetes con cuerpos fructíferos efusos, resupinados, que comparten un mismo modo de vida, la madera en diferentes grados de descomposición. Este grupo de hongos juega un papel fundamental en las dinámicas forestales, pues son los principales descomponedores de la materia orgánica presente en los troncos de árboles y ramas, adquiriendo así un papel clave en el ciclo del carbono y nutrientes entre los componentes bióticos y abióticos del sistema. Durante los estudios que, desde 2012, llevamos haciendo sobre los hongos corticioides del bosque húmedo valdiviano, recolectamos más de 3000 especímenes. El reconocimiento automático mediante UNITE, basado en la secuencia barcode (ITS nrDNA), identificó a siete de estos especímenes con, entre un 87% y un 90% de similitud, Kurtzia argillacea (Bres.) Karasinski. En este trabajo se plantea como objetivo la identificación y descripción de los especímenes chilenos, comparándolos con las tres especies que integran el género Kurtzia: K. argillacea descrita de Europa, K. macedonica (Litsch.) Karasinski de Macedonia y K. magnargillacea (Boidin & Gilles) Karasinski descrita de la isla Reunión. Para ello se realizará, en primer lugar, una búsqueda bibliográfica de las especies descritas en el género, con el objeto de analizar los caracteres morfológicos de las mismas y su distribución geográfica conocida, se llevará a cabo un análisis morfométrico de los caracteres microscópicos, utilizados en la identificación de los hongos corticioides, como son: morfología y tamaño de hifas, cistidios, basidios y esporas de los especímenes chilenos. Así mismo, para inferir con más precisión su posición taxonómica, se realizará un análisis filogenético de las secuencias ITS y LSU nrDNA obtenidas, junto con las depositadas en GenBank, mediante Máxima Parsimonia (MPbs), Máxima Verosimilitud (MLbs) e Inferencia Bayesiana (PP). La hipótesis de partida que planteamos, es que, por su localización geográfica, puede tratarse de una especie aún por describir.	<a href="https://rjb.csic.es/personal-cientifico/margarita-duenas-carazo/">https://rjb.csic.es/personal-cientifico/margarita-duenas-carazo/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1261	DURAN DIAZ, RAUL VICTOR	raul.duran@cabimer.es	CENTRO ANDALUZ DE BIOLOGIA MOLECULAR Y MEDICINA REGENERATIVA	Reprogramación metabólica y resistencia a terapia en glioblastoma	El grupo de Metabolismo y Señalización Celular está interesado en los mecanismos de interacción entre el metabolismo celular y los procesos celulares de supervivencia y crecimiento para identificar elementos clave implicados en la adaptación de las células cancerosas a los tratamientos terapéuticos. Investigamos la implicación de vías metabólicas, como el metabolismo de la glutamina, en el control de la supervivencia de las células cancerosas a través de su interacción con vías de señalización fundamentales como mTOR y Notch. Ya hemos demostrado que una activación de la señalización de mTORC1 mediada por glutamina y la inhibición de la autofagia provoca la muerte de las células cancerosas y la regresión del tumor durante el desequilibrio nutricional tanto en modelos celulares como de ratón. (Villar et al., 2017 Nat Commun; Bodineau et al., 2021 Nat Commun). También hemos descrito una interacción entre la señalización de Notch, el metabolismo de la glutamina y mTORC1 con posibles oportunidades terapéuticas (Nguyen et al., Mol Oncol 2021; Bodineau et al., 2022 Autophagy; Zarzuela et al., 2023 Mol Oncol). En particular, el glioblastoma, el tumor cerebral más agresivo y con una tasa de mortalidad de las más elevadas, aún no tiene una terapia efectiva. Esta falta de efectividad se debe a la elevada resistencia a la quimioterapia y la rápida recidiva. Los estudios en los que se enmarcan esta JAE-Intro están orientados a determinar las modificaciones metabólicas y en señalización celular que adoptan las células de glioblastoma para evadir la quimioterapia. Un mayor conocimiento de la adaptabilidad metabólica de las células de glioblastoma puede ser aprovechado para sensibilizarlas al tratamiento. Hasta el momento, nuestros estudios en modelos celulares, de RNA-seq y metabolómico, entre otros, muestran una respuesta diferencial al desequilibrio de glutamina y una reprogramación génica y metabólica al tratamiento que abre nuevas vías de estudios.	<a href="https://www.cabimer.es/en/research-groups/metabolism-and-cell-signaling/">https://www.cabimer.es/en/research-groups/metabolism-and-cell-signaling/</a>
JAEINT24_EX_0693	DURAN HUMIA, JORGE	jduran@mbg.csic.es	MISION BIOLOGICA DE GALICIA	Análisis de la capacidad de la agricultura ecológica de minimizar las emisiones de gases de efecto invernadero y mejorar la salud del suelo	La intensificación de la agricultura aumentado la productividad de los sistemas agrícolas y la disponibilidad de alimentos, pero también ha causado daños ambientales generalizados como la pérdida de biodiversidad, la degradación del suelo y un aumento de las emisiones de gases de efecto invernadero. La agricultura ecológica surge como una alternativa más sostenible a la agricultura convencional. Sin embargo, a pesar del creciente interés social y científico, sus beneficios ambientales siguen siendo controvertidos y ampliamente debatidos, especialmente en términos de efectos a largo plazo en el almacenamiento de C en el suelo y las emisiones de gases de efecto invernadero. ORGANIC-NET integrará un muestreo de campo colaborativo y coordinado a nivel regional, un experimento de campo y un ensayo de laboratorio con análisis de suelo, gases y datos para testar la hipótesis general de que los suelos de la agricultura ecológica y convencional difieren en términos de fertilidad del suelo, almacenamiento de C orgánico y de sus diferentes fracciones, emisiones de GHG del suelo y resistencia al cambio climático, pero que factores como el clima, el tipo de suelo o prácticas de manejo específicas determinarán la magnitud de estas diferencias. El candidato colaborará con nuestro equipo de investigación en alguna de las tareas principales del proyecto, es decir: (i) comparar científicamente el secuestro de C en el suelo y las emisiones de GHG en áreas de agricultura ecológica y de agricultura convencional a escala regional (Península Ibérica); (ii) investigar sus principales controles abióticos y bióticos y los mecanismos subyacentes de las diferencias observadas; (iii) explorar experimentalmente si (y en cuyo caso por qué) los suelos de las explotaciones ecológicas son más resistentes (en términos de potencial de secuestro de C y emisiones de GHG) que los suelos procedentes de agricultura convencional ante los cambios previstos en el clima; y (iv) proporcionar a los agricultores, partes interesadas y responsables políticos herramientas con base científica para mejorar el secuestro de C y minimizar las emisiones de GHG en función del contexto particular.	<a href="https://mbg.csic.es/es/departamento-de-suelos-biosistemas-y-ecologia-agroforestal/grupo-de-biogeocimica-y-cambio-global/">https://mbg.csic.es/es/departamento-de-suelos-biosistemas-y-ecologia-agroforestal/grupo-de-biogeocimica-y-cambio-global/</a>
JAEINT24_EX_0340	ECHARRI AGUIRRE, ASIER	asier.echarri@cib.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLOGICAS MARGARITA SALAS	Nuclear envelope adaptation to mechanical stress in physio-pathological processes	Our lab is interested in understanding how cellular organelles deal with mechanical stress. Our cells and their organelles are constantly exposed to mechanical signals. While moderate mechanical signals are physiological and required for multiple physiological processes, acute mechanical stress leads to cellular and tissue dysfunction. It is well established that mutations in genes associated with organelle mechanoadaptation lead to cancer, accelerated aging, or various types of dystrophies in humans. Thus, we aim to identify and understand how organelles sense and adapt to mechanical stress, so we can better understand tumor biology, aging, and tissue dystrophies. Our recent studies on mechanoadaptation of the plasma membrane (Nature Communications, 2019), and of the nuclear import (Nature Communications, 2022, see news coverage in El Mundo) have shown that mechanoadaptive programs are essential to understand how organs grow, cells proliferate, or resist plasma membrane rupture upon mechanical insults. To understand how organelles adapt to mechanical signals, we have used a bioinformatic approach to generate a map of putative genes associated with organelle mechanoadaptation. This innovative approach, applied to the nuclear envelope, has been recently funded by the MICIN (2023-2026). While some of the proteins controlling nuclear envelope integrity upon mechanical stress are important in tumor development and aging, our understanding of how the nuclear envelope is adapted to mechanical insults in the context of human disease is still limited. The student joining this project will specifically focus on understanding how the pathways/proteins identified by big data analysis and operating in the nuclear envelope respond and function in response to mechanical stress, all in the context of tumor and aging biology. Specifically, the student will be trained in molecular biology techniques (cloning, protein purification, biochemical assays), cell biology approaches (nuclear rupture, nuclear confinement), functional genetics, and proteomic approaches (BioID, organelle proteomes). All these approaches will be employed in the context of mechanical stress (physical stretching of cells, different rigidity ECM, etc.). The PI has extensive experience in training students (3 doctoral theses, 6 TFM, 6 TFG, 14 summer students) and will be heavily involved in training, project management, and development.	<a href="https://www.cib.csic.es/es/departamentos/biologia-celular-y-molecular/mecanobiologia-de-los-organulos#sec4">https://www.cib.csic.es/es/departamentos/biologia-celular-y-molecular/mecanobiologia-de-los-organulos#sec4</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1049	ECKHARD, ULRICH	ueccri@ibmb.csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA MOLECULAR DE BARCELONA	Structure Meets SynBio: Enhancing Bacterial Flagella for Next-Gen Nanomachines in Biotechnology and Biomedicine.	Introduction: Our Synthetic Structural Biology Lab at the Institute for Molecular Biology of Barcelona (IBMB-CSIC; ( <a href="https://www.ibmb.csic.es/en/department-of-structural-and-molecular-biology/synthetic-structural-biology/">https://www.ibmb.csic.es/en/department-of-structural-and-molecular-biology/synthetic-structural-biology/</a> )) focuses on three main research lines: (1) Reprogramming naturally occurring structural flagellins to encode enzymatic activities or other functionalities for biotechnology and biomedicine (e.g., toxin binding, tumor targeting, enzymatic nanomachines). (2) Elucidating the molecular and structural basis of proteolytic flagella and exploring their roles in biofilm remodeling and bacterial warfare. (3) Investigating the structural biochemistry of proteolytic enzymes and their inhibitors involved in health and disease (e.g., immunoglobulin-cleaving peptidases, collagenases). Project: We leverage recent breakthroughs in protein structure prediction and protein design to enable the flagellar display of functional domains and, thereby, to create augmented nanomachines. We have already developed a robust plasmid-based flagella restoration system and identified various F1C scaffolds optimized for hybrid designs. Additionally, we study pathogenicity factors like Ig-cleaving peptidases to understand their complex substrate-recognition interplay and to develop both variants for therapeutic applications and dedicated proteomic approaches. Training: Student training, supervision, and mentorship are integral to our lab's research vision, and as an academic researcher and group leader, I strive to guide my students to achieve their full potential. I am proud of their achievements and committed to providing them with the support they need.	<a href="https://www.ibmb.csic.es/en/staff-member/ulrich-eckhard/">https://www.ibmb.csic.es/en/staff-member/ulrich-eckhard/</a>
JAEINT24_EX_0620	EGEA LARROSA, JOSE ALBERTO	jaegea@cebas.csic.es	CENTRO DE EDAFOLOGIA Y BIOLOGIA APLICADA DEL SEGURA	Análisis de la interacción frío-calor en la floración del almendro y efectos del cambio climático	El almendro ( <i>Prunus dulcis</i> ) es un árbol de la familia de las rosáceas que experimenta el denominado letargo invernal para evitar daños causados por las bajas temperaturas durante el invierno. La salida del letargo invernal y posterior floración están gobernados por diversos factores entre los que destaca la temperatura: en una primera fase se necesitan temperaturas frías para salir de la "endo-dormancia" y posteriormente una fase de temperaturas más elevadas para abandonar la "eco-dormancia" y florecer. La cantidad de frío y calor se miden mediante modelos matemáticos que se usan temperaturas para el cálculo. Cada variedad precisa de una cantidad de frío y de calor para salir de la endodormancia y florecer, respectivamente. Tradicionalmente el proceso en global se ha planteado como dos fases secuenciales y casi independientes, pero en los últimos años se ha visto cómo ambas fases pueden solaparse e incluso llegar a compensarse. Con objeto de dilucidar nuevos mecanismos que permitan explicar la interacción entre frío y calor para una correcta floración y producción frutal, en este trabajo se analizarán fechas históricas de floración de distintas variedades de almendro en distintas localizaciones (y por tanto con distintas dinámicas de frío/calor) para modelizar el proceso y mejorar la fiabilidad de los modelos actuales en la predicción de fechas de floración. Adicionalmente, se estudiará el efecto de distintos escenarios de cambio climático, que están cambiando las dinámicas de frío / calor para anticipar el comportamiento y adaptabilidad de las distintas variedades de almendro a nuevos entornos. Los resultados del trabajo darán lugar a información valiosa para la toma de decisiones en el cultivo del almendro en el futuro. En este trabajo se abordarán aspectos multidisciplinarios de biología y fisiología de plantas, climatología, modelización matemática y programación.	<a href="http://www.cebas.csic.es/dep_spain/mejora/mejora_genetica/mejora_lineas.html">http://www.cebas.csic.es/dep_spain/mejora/mejora_genetica/mejora_lineas.html</a>
JAEINT24_EX_0986	ELVIRA SEGURA, LUIS	luis.elvira@csic.es	INSTITUTO DE TECNOLOGIAS FISICAS Y DE LA INFORMACION LEONARDO TORRES QUEVEDO	Ecografía de alta resolución	Objetivo del trabajo: Evaluar las capacidades y necesidades de nuevos sistemas de ecografía de alta resolución en modelos preclínicos y de laboratorio. Finalidad: Este trabajo se enmarca en la línea de instrumentación e ingeniería biomédica, y tiene como finalidad avanzar en la detección, caracterización y cuantificación no invasiva de patologías en modelos animales mediante ecografía de alta resolución. Se pretende poner la instrumentación más avanzada en el ámbito de la imagen por ultrasonidos a disposición de la investigación preclínica, desarrollando, evaluando y difundiendo nuevos métodos y tecnologías de imagen por ultrasonidos de alta resolución. Los nuevos avances permiten la caracterización de tejidos y, por tanto, tiene una gran potencialidad para detectar y seguir procesos tumorales, evaluar su crecimiento descontrolado, así como otros rasgos distintivos del cáncer, como la angiogénesis, la inflamación y los cambios en la perfusión y la oxigenación de los tejidos. Asimismo, los equipos de muy alta frecuencia (pequeñas longitudes de onda) permiten el estudio de problemas vasculares en modelos animales, en los que el pequeño tamaño de los vasos dificulta la aplicación de tecnologías ecográficas convencionales. Objetivos específicos: 1. Identificar necesidades específicas para la realización de ecografías de alta resolución en pequeños animales a través del trabajo experimental. 2. Evaluar la resolución espacial y penetración alcanzadas por los sistemas ecográficos de alta frecuencia en desarrollo. 3. Diseñar y realizar estudios de viabilidad para el uso de estas tecnologías. Se introduce así al alumno en la metodología científica de trabajo por proyectos, enfocando la actividad a desarrollar tecnologías para la aplicación de ultrasonidos de alta resolución en investigación preclínica en pequeños animales. El fin último del trabajo se encamina a la investigación de problemas de salud relevantes como son el estudio de procesos tumorales, patologías cardiovasculares y desarrollos en ingeniería de tejidos. el alumno trabajará en un entorno multidisciplinar formado por médicos, biólogos, físicos e ingenieros, que potenciará la riqueza formativa del trabajo. Tareas: * Revisión del estado del arte. * Ensayos en modelos físicos de tejidos y vasos. * Trabajo experimental: toma de imágenes ecográficas en modelos de rata y ratón, y en símiles de tejidos y vasos. * Evaluación de los datos ecográficos, tratamiento de datos.	<a href="https://www.itefi.csic.es/es/daend/ulab/presentacion">https://www.itefi.csic.es/es/daend/ulab/presentacion</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0844	EMMI , LUIS ALFREDO	luis.emmi@car.upm-csic.es	CENTRO DE AUTOMATICA Y ROBOTICA	Navegación de robots autónomos terrestres basada en Inteligencia Artificial (NavAI)	Las aplicaciones que incorporan robots móviles terrestres en entornos exteriores han experimentado un crecimiento significativo en los últimos años, impulsado por los avances en la tecnología robótica. La mayor demanda de automatización en diversas industrias y la expansión de las aplicaciones que incorporan estrategias de Inteligencia Artificial (IA). Varias industrias, incluidas la agricultura, la construcción, la logística, la minería y el mantenimiento de infraestructura, han reconocido los beneficios potenciales de implementar robots móviles en entornos al aire libre, los cuales ofrecen mayor eficiencia, productividad y seguridad, lo que lleva a una adopción generalizada en diferentes sectores. De todas maneras, actualmente siguen existiendo una gran cantidad de desafíos que mantienen una brecha importante en la adopción masiva de este tipo de tecnologías, como: (i) la capacidad para poder navegar en diferentes tipos de terreno, como césped, grava, arena, barro, etc., cada uno con diferentes propiedades de fricción; (ii) detección y evitación de obstáculos, especialmente obstáculos dinámicos como peatones, vehículos, animales; y la (iii) localización en entornos con falta de señal GPS, que aunque el GPS sea el sistema de localización por preferencia, no siempre se encuentra disponible o no es lo suficientemente preciso. Estos son unos de los principales desafíos que actualmente la robótica móvil terrestre en entornos abiertos debe afrontar en los próximos años. En tal sentido, este trabajo de investigación busca proponer soluciones basadas en técnicas de Inteligencia Artificial, para la identificación del terreno transitable, caracterización y evitación de obstáculos, y navegación basada en mapas topológicos y segmentación. Dichas técnicas serán desarrolladas e implementadas en un robot real, operando en condiciones reales. Las actividades planteadas son: Estudio del estado de la técnica de la inteligencia artificial aplicada a la navegación en robótica móvil (M1 – M2) Identificación de estrategias para la clasificación del terreno transitable (M3) Identificación de estrategias para la clasificación y seguimiento de obstáculos dinámicos (M4) Identificación de estrategias para la categorización semántica del entorno de trabajo, siendo la agricultura como caso de estudio (M5) Implementación y validación en un robot real de las diversas estrategias estudiadas (M6 – M7)	<a href="https://www.car.upm-csic.es">https://www.car.upm-csic.es</a>
JAEINT24_EX_0156	ESCALANTE HERNANDEZ, RICARDO	r.escalante@csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES BIOMEDICAS SOLS-MORREALE	La ameba social como modelo de la enfermedad rara BPAN y su relación con la autofagia	La conservación evolutiva de la autofagia entre la ameba social Dictyostelium y el ser humano y su facilidad de uso en el laboratorio hacen que sea un modelo excepcional para estudiar las bases moleculares y celulares de ciertas enfermedades genéticas raras. En concreto estamos interesados en el estudio de BPAN (beta-propeller associated neurodegeneration), una enfermedad neurodegenerativa sin cura, y su relación con la autofagia, un proceso de degradación intracelular de enorme relevancia para el funcionamiento de la célula eucariota. La recreación en la ameba social de mutaciones patogénicas en WDR45 (el gen mutado en BPAN) presentes en pacientes de esta enfermedad permite un análisis detallado de los defectos moleculares de la función de esta proteína. Mas información en nuestra página Web: <a href="http://www2.iib.uam.es/rescalante_lab/Sitio_web/Escalante_Lab.html">http://www2.iib.uam.es/rescalante_lab/Sitio_web/Escalante_Lab.html</a>	<a href="http://www2.iib.uam.es/rescalante_lab/Sitio_web/Escalante_Lab.html">http://www2.iib.uam.es/rescalante_lab/Sitio_web/Escalante_Lab.html</a>
JAEINT24_EX_0371	ESPAÑA PALOMARES, SAMUEL	sespana@csic.es	INSTITUTO DE TECNOLOGIAS FISICAS Y DE LA INFORMACION LEONARDO TORRES QUEVEDO	Tomografía por Emisión de Positrones	El trabajo ofertado se centra en la técnica de tomografía por emisión de positrones (PET), una técnica de imagen molecular que permite visualizar los procesos biológicos que ocurren en el organismo y que permite realizar diagnósticos en enfermedades en los ámbitos de la oncología, neurología y cardiología. Los equipos PET han evolucionado mucho en los últimos años produciendo mejoras en sensibilidad, resolución espacial y resolución temporal. Los equipos PET con tiempo de vuelo permiten delimitar la zona en la que fueron emitidos los fotones de aniquilación mediante la medida de la diferencias de tiempos de llegada de ambos fotones. Este hecho permite obtener imágenes con mejor relación señal ruido y aparte ofrece otras ventajas como la obtención de la imagen anatómica del paciente junto con la imagen funcional a partir únicamente de los datos medidos en el equipo PET. El desarrollo de detectores con cada vez mejor resolución temporal permitirá en el futuro conseguir que la técnica PET vaya ganando cada vez más relevancia en el ámbito clínico debido al gran avance que supondrá para el diagnóstico rutinario de enfermedades. En este trabajo se propone trabajar en diversas técnicas para la mejora de imágenes PET con tiempo de vuelo pudiendo desarrollar trabajos en el ámbito de las simulaciones Monte Carlo, la reconstrucción de imagen y la instrumentación.	<a href="https://www.itefi.csic.es/es/dssu/gstu/presentacion">https://www.itefi.csic.es/es/dssu/gstu/presentacion</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0102	ESPESO FERNANDEZ, EDUARDO ANTONIO	eespeso@cib.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS MARGARITA SALAS	Ingeniería de la morfología celular en hongos filamentosos, análisis funcional del citoesqueleto de actina	Nuestro grupo ha realizado numerosas contribuciones en el campo del tráfico intracelular y la organización de los citoesqueletos de actina y tubulina en hongos filamentosos. <i>Aspergillus nidulans</i> es un modelo metabólico y por su similitud en organización subcelular a las neuronas. Ambos tipos de organización celular comparten la necesidad de un transporte a larga distancia mediado por el citoesqueleto de tubulina y a media/corta distancia por el citoesqueleto de actina. El citoesqueleto de actina es esencial para el reciclado e internalización de material de la membrana plasmática, la secreción y la sublocalización de orgánulos. La actina además participa en el modelado de la forma celular y en especial el mantenimiento del crecimiento hiperpolarizado de estas células fúngicas. El plan de formación de esta propuesta JAE Intro se centra en que el/la estudiante participe activamente dentro de los proyectos en curso TED2021-129607B-I00 y PID2021-124278OB-I00. El objetivo es el estudio funcional de la gamma-actina de <i>A. nidulans</i> , única forma en este hongo, analizando los mutantes condicionales obtenidos previamente utilizando para ello marcadores fluorescentes de los filamentos de actina. Además, se estudiará la complementación con versiones de la alfa y beta actina que se expresan en conejo o humanos. Las variantes de la actina en humanos y conejos están extraordinariamente conservadas, así como estas con la gamma-actina del hongo (90% conservación). La actina esquelética de conejo se utiliza rutinariamente para evaluación de principios activos que modifican la formación de los filamentos de actina o su estabilidad. Estos análisis funcionales en el hongo aportarán información básica sobre las regiones funcionales en la actina y la posibilidad de ensayos con la forma silvestre y mutante de compuestos que modifiquen sus propiedades bioquímicas. La/el estudiante se formará en los abordajes experimentales más actuales que se emplean en el laboratorio. Se centrará en aprender las técnicas de modificación genética en <i>Aspergillus</i> y generar cepas recombinantes que expresen formas mutantes de actina (gamma-actina) fúngico y humano. Evaluará la funcionalidad de dichas formas mutantes mediante técnicas bioquímicas, modelado de proteínas (alpha fold), análisis proteómico de interactores por espectrometría de masas y de cambios en la localización subcelular usando microscopia de epifluorescencia.	<a href="https://www.cib.csic.es/departamentos/biologia-celular-y-molecular/biologia-celular-de-aspergillus">https://www.cib.csic.es/departamentos/biologia-celular-y-molecular/biologia-celular-de-aspergillus</a>
JAEINT24_EX_1065	ESTEBAN GARCIA, JOSE ANTONIO	jaesteban@cib.csic.es	CENTRO DE BIOLOGIA MOLECULAR SEVERO OCHOA	Regulación de la plasticidad sináptica y metabólica	Este proyecto está encaminado a entender cómo la función sináptica y la regulación metabólica están coordinadas en las neuronas de hipocampo. Para ello, se desarrollarán distintos biosensores fluorescentes que nos permitirán visualizar los cambios en distintos metabolitos intracelulares (ATP, lactato, piruvato, NAD <sup>+</sup> /NADH) en tiempo real en neuronas de hipocampo mientras se altera su actividad sináptica. El estudiante llevará a cabo técnicas de biología molecular para la expresión de proteínas recombinantes en cultivos organotípicos de rodajas de hipocampo. Además realizará experimentos bioquímicos para el análisis de la función metabólica en estas rodajas, así como técnicas de microscopia de fluorescencia para evaluar la expresión y distribución intracelular de distintas proteínas y metabolitos en las neuronas.	<a href="https://www.cbm.uam.es/estebanlab">https://www.cbm.uam.es/estebanlab</a>
JAEINT24_EX_0241	ESTELLA SAGRADO, CARLOS	cestella@cib.csic.es	CENTRO DE BIOLOGIA MOLECULAR SEVERO OCHOA	Estudio de la relación entre p53, la formación de tumores y la senescencia.	Una de las funciones canónicas de p53 es la inducción de la apoptosis en respuesta al daño en el ADN. Resultados de nuestro laboratorio ha determinado que las células que activan p53 pero son deficientes para inducir el programa apoptótico entran en un estado de senescencia celular caracterizado por la detención del ciclo celular y la inducción del fenotipo secretor asociado a la senescencia (SASP) (García Arias et al, 2023 Cell Death and Discovery). Además, estas células reclutan al sistema inmune, en concreto al equivalente funcional de los macrófagos de vertebrados denominados en <i>Drosophila</i> hemocitos. La adquisición de este estado senescente está mediada por la activación de la vía JNK que induce en las células vecinas la formación de sobrecrecimientos y la tumorigénesis. Nuestro objetivo es analizar en detalle la función de las células senescentes durante la formación de estos tumores en <i>Drosophila</i> y el posible papel que los hemocitos pueden tener potenciando o restringiendo el crecimiento anómalo asociado a las células senescentes. Los resultados que obtengamos serán de gran interés ya que nos permitirá describir en detalle la comunicación cruzada existente entre las células senescentes, los tumores generados por ellas y el sistema inmunitario en un sistema in vivo y de fácil manipulación genética	<a href="https://www.cbm.uam.es/baonza-estella">https://www.cbm.uam.es/baonza-estella</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1440	EUGENIO MARTIN, M.EUGENIA	mariaeugenia@inia.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS FORESTALES	Producción de films con propiedades bioactivas basados en nanocelulosa como sustituto a los plásticos convencionales	El grupo de investigación "Valorización de biomasa lignocelulósica para la obtención de bioenergía y bioproductos" tiene como objetivo general el aprovechamiento integral de biomasa lignocelulósica para obtener biocombustibles y productos de alto valor añadido a partir de los componentes principales de la misma (celulosa, hemicelulosa y lignina), contribuyendo a un modelo socioeconómico más sostenible que ayude a mitigar el cambio climático. Los objetivos concretos son: i) la caracterización de los principales componentes de diferentes biomásas lignocelulósicas; ii) el desarrollo y optimización de diferentes tecnologías de fraccionamiento de la biomasa; iii) la producción de biocombustibles y otros productos de alto valor añadido; iv) la obtención y caracterización de nuevos materiales generados a partir de la biomasa como es la nanocelulosa y v) la valorización de las corrientes residuales ricas en lignina y sus derivados. Se prevé que la persona que se incorpore adquiera las destrezas relativas a los objetivos concretos mencionados anteriormente i), ii), iv) y v) con el objeto de desarrollar un nuevo bioproducto basado en nanocelulosa funcionalizada con compuestos bioactivos para su uso en el sector del embalaje como un sustituto de los plásticos convencionales. Estos compuestos bioactivos pueden ser fenoles provenientes de las corrientes residuales enriquecidas en lignina que le otorguen a la nanocelulosa propiedades especiales (antioxidantes, antimicrobianas, etc). El uso de estos compuestos fenólicos para tal fin, contribuiría a la competitividad y sostenibilidad de estos procesos además del desarrollo del concepto de bioeconomía circular. Para ello, las actividades principales que serán asignadas a la persona incorporada, las cuales no han sido contempladas en los proyectos vigentes en el grupo, se detallan a continuación: - Aislamientos de compuestos bioactivos presentes en corrientes residuales enriquecidas en lignina mediante procesos de extracción líquido-líquido. - Optimización de la incorporación de los compuestos bioactivos para otorgarle a la CNF propiedades antioxidantes y antimicrobianas. - Producción y caracterización de films a partir de las CNF funcionalizadas como bioproducto final sustitutivo de los plásticos convencionales. Finalmente, la persona incorporada elaborará informes en los que se relacionarán las actividades realizadas con las técnicas aplicadas así como los resultados que se vayan produciendo.	<a href="https://www.inia.es/investigacion/forestal/Pr-oductos-forestales/Valorizaci%C3%B3n%20de%20biomasa%20lignocelul%C3%B3sica%20bioenerg%C3%ADa%20">https://www.inia.es/investigacion/forestal/Pr-oductos-forestales/Valorizaci%C3%B3n%20de%20biomasa%20lignocelul%C3%B3sica%20bioenerg%C3%ADa%20</a>
JAEINT24_EX_0265	EUGENIO MARTINEZ, LAURA ISABEL DE	lidem@cib.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS MARGARITA SALAS	Reciclado enzimático de polihidroxialcanoatos	La acumulación de residuos plásticos representa una amenaza ambiental que está impulsando su sustitución por bioplásticos. En concreto, los polihidroxialcanoatos tienen un enorme potencial para reemplazar a los actuales plásticos en prácticamente todas sus aplicaciones, ya que presentan diferentes propiedades en función de su estructura química, que depende sobre todo de las bacterias productoras y el medio de cultivo. La producción de bioplásticos a partir de fuentes renovables o residuos permite la incorporación de modelos sostenibles de producción en el contexto de la economía circular, reduciendo la dependencia de recursos no renovables y promoviendo la reutilización y reciclaje. Sin embargo, aunque los bioplásticos son susceptibles a la biodegradación por los microorganismos ambientales, su liberación incontrolada al medio natural puede provocar su acumulación al igual que sucede con los plásticos convencionales. Esto se debe a su formulación con plastificantes y otros compuestos que pueden dificultar su hidrólisis, que se ve limitada también a temperaturas bajas o en ausencia de un inóculo microbiano adecuado. Por ello, el reciclado enzimático de bioplásticos constituye una línea de investigación de plena actualidad que presenta numerosas posibilidades de financiación. El plan de formación propuesto se enmarca dentro de la línea de investigación de reciclado enzimático, financiada con el proyecto ReBioCycle (HORIZON-JU-CBE-2023-IA-04-101156032), donde se investigan las enzimas degradadoras de bioplástico y su producción utilizando microorganismos nativos y/o recombinantes. Para ello, se parte de un abordaje multidisciplinar, aplicando herramientas de microbiología y bioquímica clásica, así como los últimos avances en biología sintética. El estudiante que se incorpore se formará en todos estos aspectos, desde el diseño experimental, hasta la obtención de los catalizadores enzimáticos para su caracterización completa y aplicación biotecnológica. El proyecto se llevará a cabo dentro del grupo de Biotecnología de Polímeros (POLYBIO) del CIB-MS, por lo que tendrá la oportunidad de colaborar con un equipo multidisciplinar con gran experiencia en biología de sistemas, revalorización biológica de residuos, ingeniería de procesos y ciencia de materiales. El grupo de recepción está formado por varios investigadores senior y postdoctorales y estudiantes de master y doctorado, por lo que sería factible la continuación del periodo formativo tras finalizar la bec	<a href="https://www.cib.csic.es/es/departamentos/biotecnologia-microbiana-y-de-plantas/biotecnologia-de-polimeros">https://www.cib.csic.es/es/departamentos/biotecnologia-microbiana-y-de-plantas/biotecnologia-de-polimeros</a>
JAEINT24_EX_1005	FEDRIANI LAFFITTE, JOSE MARIA	fedriani@ebd.csic.es	ESTACION BIOLÓGICA DE DOÑANA	Memoria del Plan de Trabajo para Becario JAE sobre Ecología de Interacciones Planta-Animal	Introducción: El plan de trabajo detalla las actividades y el aprendizaje de un becario JAE en la Estación Biológica de Doñana (CSIC) durante siete meses. El objetivo es proporcionar una experiencia práctica en ecología de interacciones planta-animal, enfocándose en fototrampeo, manipulación de plantas, análisis de heces de mamíferos y procesamiento de datos. Objetivos Generales: 1. Familiarización con los protocolos de investigación de la Estación Biológica de Doñana. 2. Adquisición de habilidades en foto-trampeo y manejo de datos. 3. Aprendizaje de técnicas de medición y evaluación del éxito reproductivo de plantas. 4. Desarrollo de habilidades en análisis de heces para comprender interacciones entre mamíferos y plantas. 5. Introducción al procesamiento de datos obtenidos en campo y laboratorio. Metodología: El becario será supervisado por investigadores senior y predoctorales, participando en actividades prácticas y teóricas. Meses 1-2: Introducción y Fototrampeo Semana 1: Presentación de la Estación Biológica de Doñana y sus proyectos. Semana 2-4: Capacitación en fototrampeo y uso de equipo. Semana 5-6: Práctica en colocación y mantenimiento de cámaras trampa. Semana 7-8: Análisis inicial de datos fotográficos. Meses 3-4: Medición de Plantas Semana 9: Introducción a la diversidad vegetal y técnicas de muestreo. Semana 10-14: Medición de variables vegetales. Semana 15-16: Evaluación de la relación planta-mamífero. Meses 5-6: Análisis de Heces Semana 17: Identificación de especies a partir de heces. Semana 18-21: Procesamiento de muestras y extracción de información. Semana 22-23: Identificación y cuantificación de semillas en heces. Semana 24: Interpretación preliminar de resultados. Mes 7: Procesamiento de Datos y Síntesis Semana 25-26: Uso de software estadístico. Semana 27-28: Procesamiento y análisis de datos. Semana 29-30: Síntesis de resultados y preparación de presentaciones. Semana 31: Presentación de resultados al equipo de investigación. Seguimiento: Se realizará un seguimiento del desempeño del becario con retroalimentación constante para facilitar su aprendizaje y desarrollo de habilidades. Este plan busca que el becario adquiera habilidades prácticas y teóricas en ecología de interacciones planta-animal, contribuyendo a su formación.	<a href="http://www.ebd.csic.es">www.ebd.csic.es</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0901	FELIP EDO, ALICIA	afelip@iats.csic.es	INSTITUTO DE ACUICULTURA TORRE DE LA SAL	Calentamiento global y organismos acuáticos: Una exploración de su impacto en la reproducción de los peces	La temperatura es un factor ambiental determinante en la reproducción de los animales poiquilotermos. En algunas especies, la temperatura determina el sexo y modula ciertos procesos reproductivos vitales para el organismo. Las temperaturas elevadas durante las etapas de determinación y diferenciación sexual se relacionan generalmente con procesos masculinizantes, pero la tolerancia térmica que muestran los animales durante etapas posteriores del desarrollo, como la entrada en pubertad o la gametogénesis, es poco conocida. Entre los factores estresantes relacionados con el cambio climático que amenazan a los océanos, el más estudiado es el calentamiento de sus aguas. Así pues, conocer los efectos que la temperatura elevada del agua tiene sobre la reproducción de los organismos marinos es esencial para promover buenas prácticas acuícolas y mejorar la eficacia reproductiva en cautividad. Con el propósito de entender cómo los peces de acuicultura gestionan una exposición larga a temperaturas elevadas en cuanto a su fisiología reproductiva, se plantea evaluar su impacto en la aparición de la pubertad y el proceso de la gametogénesis en la lubina europea. De esta forma, animales mantenidos a temperaturas elevadas desde los 7 meses de edad, se evaluarán durante su segundo año de vida (machos y hembras), coincidiendo con el tiempo en el que alcanzan el tamaño comercial. Para ello, se llevarán a cabo las siguientes tareas: 1) seguimiento de parámetros biométricos, 2) evaluación de los niveles circulantes de hormonas reproductivas (esteroides sexuales y gonadotrofinas), 3) determinación histológica del estado gonadal e incidencia de la precocidad, 4) análisis de la calidad espermática y 5) expresión de genes de interés relacionados con el crecimiento y desarrollo gonadal. El plan de formación propuesto para esta beca incluye el aprendizaje de diferentes técnicas bioquímicas, histológicas y moleculares; también la adquisición de conocimientos básicos del control reproductivo de peces. Se prevé también una participación activa en las tareas rutinarias del laboratorio y en seminarios en el centro receptor, lo que le ayudará a la persona candidata ganar autonomía y confianza en sí misma para exponer sus resultados en público. También se animará al candidato/a a realizar cursos formativos del CSIC para ampliar su formación científica (cursos de mejora de la lengua inglesa, comunicación científica, escritura de manuscritos y estadística, entre otros).	www.iats.csic.es
JAEINT24_EX_0398	FELIPE LUCIA, MARIA ROSARIO	mariafl@pe.csic.es	INSTITUTO PIRENAICO DE ECOLOGIA	Influencia de factores naturales y antrópicos en la provisión de servicios ecosistémicos en agroecosistemas	Los servicios de los ecosistemas surgen generalmente de la co-producción de capital natural (biodiversidad y funciones ecosistémicas) y capital antropogénico (que incluye el capital humano, social, manufacturado y financiero). Comprender la importancia relativa del capital natural y antropogénico en el suministro de servicios ecosistémicos es uno de los desafíos más importantes en este campo de investigación y fundamental para la gestión sostenible de los servicios ecosistémicos en agroecosistemas mediterráneos. El área de estudio comprende un gradiente de intensificación del uso del suelo en dos tipos de agroecosistemas mediterráneos con entornos socioeconómicos diferentes: el pre-Pirineo (Huesca y Navarra) y la Cordillera Ibérica (Guadalajara y Zaragoza) e incluye municipios habitados, deshabitados y repoblados. El plan formativo consta de cuatro actividades principales: 1) recopilar indicadores de capitales antropogénicos (p.ej., nivel de estudios, número de asociaciones, infraestructuras, subvenciones e inversiones) en las áreas de estudio a partir de datos oficiales públicos; 2) identificar los principales actores sociales de las áreas de estudio; 3) contribuir al diseño y ejecución de una encuesta (en persona y online) para analizar el nivel de uso, demanda, acceso y distribución de servicios ecosistémicos por parte de los diferentes actores sociales, así como sobre la gestión de los diferentes usos del suelo (cantidad y uso de los diferentes capitales antropogénicos); 4) participar en la organización de los talleres de presentación del proyecto en cada una de las áreas de estudio. La persona candidata tendrá la posibilidad de participar en el análisis de los datos recopilados, así como en la escritura de un artículo científico derivado de los mismos. Además, formará parte del proyecto NADESUD (Plan CONSOLIDA-CSIC), integrándose en un equipo multidisciplinar internacional y tendrá la oportunidad de trabajar y conocer la investigación llevada a cabo en ambas sedes del IPE-CSIC (Jaca/Zaragoza).	<a href="https://restauracionecologica.csic.es/quienes-somos/equipo-investigador/dra-maria-felipe-lucia/">https://restauracionecologica.csic.es/quienes-somos/equipo-investigador/dra-maria-felipe-lucia/</a>
JAEINT24_EX_1230	Fernández Abascal, Jesús	jesus.fernandez@cabimer.es	CENTRO ANDALUZ DE BIOLOGIA DEL DESARROLLO	Función de las prohibitinas mitocondriales en la degeneración del sistema nervioso y envejecimiento	El aumento de la esperanza de vida ha incrementado drásticamente la incidencia de enfermedades neurodegenerativas asociadas a la edad, cuyo diagnóstico solo es posible, en la mayoría de los casos, cuando el proceso de neurodegeneración se encuentra muy avanzado. Aunque todavía se desconocen muchos de los mecanismos celulares y moleculares que regulan este proceso, las vías iniciales de neurodegeneración son similares independientemente de la enfermedad en la que desembocan, y divergen, en la mayoría de los casos, de procesos de estrés mitocondrial que pueden servir como diana para el diagnóstico temprano y el tratamiento de enfermedades. En las mitocondrias se expresa un complejo de proteínas denominadas prohibitinas (PHB) cuya función se ha conservado evolutivamente y que participa en el mantenimiento de la homeostasis mitocondrial. Las PHBs juegan un papel determinante en la regulación del envejecimiento y el metabolismo, y han sido asociadas con el desarrollo de enfermedades neurodegenerativas. Sin embargo, aún no se entiende completamente su papel en la neurodegeneración. El trabajo a desarrollar tiene como objetivo estudiar la función de PHB en el proceso de neurodegeneración y envejecimiento. Primero, se pretende caracterizar el papel de las prohibitinas en la neurodegeneración asociada al envejecimiento. Segundo, caracterizar el papel de las prohibitinas en el daño o protección neuronal utilizando modelos de C. elegans de enfermedades neurodegenerativas humanas. Tercero, descubrir los mecanismos moleculares de las prohibitinas en la regulación de la muerte neuronal. Mediante la identificación del papel de las prohibitinas en neurodegeneración caracterizaremos cuidadosamente las vías genéticas y moleculares que participan en el deterioro neuronal durante el envejecimiento, e identificaremos marcadores moleculares tempranos de estrés mitocondrial. Estos estudios profundizarán en nuestro entendimiento de las enfermedades neurodegenerativas asociadas a la edad y aportará nuevos conocimientos relevantes para la salud humana y para mejorar la calidad de vida de una población cada vez más envejecida.	<a href="https://www.cabd.es/es/research_groups/prohibitinas-mitocondriales-en-envejecimiento-y-neurodegeneracion/resumen-423.html">https://www.cabd.es/es/research_groups/prohibitinas-mitocondriales-en-envejecimiento-y-neurodegeneracion/resumen-423.html</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0567	FERNANDEZ ALVAREZ, ALFONSO	alfonso.fernandez.alvarez@csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA FUNCIONAL Y GENOMICA	Inteligencia artificial en la detección temprana de problemas de fertilidad femenina	La meiosis es un tipo especializado de división celular que da lugar a cuatro gametos haploides genéticamente distintos a partir de una célula progenitora diploide. Este proceso, también conocido como gametogénesis, es fundamental para impulsar la diversidad genética y facilitar la reproducción de nuevos individuos. Sin embargo, los fallos en la gametogénesis debido al envejecimiento de la maquinaria molecular que la sostiene pueden ocasionar problemas de fertilidad. En los seres humanos, el retraso en la edad media de las madres primerizas se ha traducido en un aumento de los problemas de fertilidad en España, y se espera que esta tendencia continúe en la próxima década. Con el fin de conciliar el deseo actual de las mujeres europeas de retrasar la maternidad con la necesidad de abordar estos problemas de fertilidad, este proyecto tiene como objetivo desarrollar nuevas estrategias para ayudar a las mujeres en sus treinta a convertirse en madres. Para lograr este objetivo, estamos trabajando en el desarrollo de una plataforma experimental llamada FEMGAM (Female gametogenesis by artificial intelligence) en nuestro laboratorio. A través de la microscopía de fluorescencia de alta resolución, hemos adquirido un conocimiento profundo de los mecanismos moleculares que subyacen en la distribución de cromosomas. Con esta información, estamos aplicando algoritmos de deep learning y machine learning para predecir posibles problemas en la gametogénesis. Nuestra meta es construir un modelo predictivo capaz de anticipar la aparición de problemas de fertilidad en mujeres jóvenes y diseñar soluciones efectivas para los mismos. Nuestro laboratorio se encuentra en el Instituto de Biología Funcional y Genómica en Salamanca (CSIC/USAL) y estamos formados por un equipo que consta de dos postdocs y dos estudiantes de tesis. Como estudiante, recibirás formación en biología molecular y genética, así como en el uso de microscopía in vivo de alta resolución (DeltaVision y Spinning Disc) y herramientas de biología computacional como R y Python. No es necesario tener conocimientos previos en programación, aunque es importante tener ganas y paciencia para aprender. La mayor parte del tiempo se dedicará a experimentación, mientras que el 20% restante se empleará en trabajo de ordenador. Además, participarás en reuniones semanales del grupo y discusiones de artículos de investigación. Creemos que nuestro equipo y el ambiente en el IBFG en general, son una excelente oportunidad	<a href="https://ibfg.usal-csic.es/alfonso-fernandez.html">https://ibfg.usal-csic.es/alfonso-fernandez.html</a>
JAEINT24_EX_0701	FERNANDEZ BABARRO, JOSE MANUEL	jbabarro@iim.csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES MARINAS	Herramientas para la monitorización y control de las vías de expansión de la ostra rizada	La ostra rizada, <i>Magallana gigas</i> , es una importante especie para la acuicultura que se ha introducido con fines comerciales en un gran número de países en todo el mundo. Cuando se naturaliza, <i>M. gigas</i> puede alcanzar altas densidades y formar arrecifes extensos. Esto puede transformar por completo los hábitats nativos y tener profundos impactos en las comunidades residentes, por lo que los beneficios de la extracción comercial de esta especie pueden ser contrarrestados por su impacto sobre las poblaciones nativas. En España, la mayor parte de la producción acuícola de <i>M. gigas</i> proviene de Galicia (NO de España), donde la preocupación por su interacción con otras actividades de marisqueo crece progresivamente debido a la expansión de esta especie. Además, se produce una situación peculiar respecto a la capacidad de establecimiento de esta especie entre las Rías del norte (Rías Altas) y las del sur (Rías Baixas). Mientras que las poblaciones naturalizadas se encuentran en las Rías del norte, donde no se lleva a cabo la acuicultura, las del sur, que concentran el sector acuícola de ostra rizada desde los 90s, sólo recientemente han comenzado a registrar asentamiento natural de <i>M. gigas</i> . Estos escenarios contrastantes representan una oportunidad muy interesante para comprender las vías de propagación y sus barreras para esta especie potencialmente invasora. Dentro del proyecto OYSTER-WATCH se están desarrollando en nuestro grupo de investigación sistemas de monitoreo rápido y preciso de la distribución de la ostra rizada a una elevada escala espacial usando AUVs y algoritmos de IA. De este modo se pretenden desarrollar metodologías de control de la expansión de la especie, que permitan desarrollar herramientas de control eficaces. La propuesta de formación que se ofrece para la JAE-INTRO, estaría asociada a los resultados de dicho proyecto, pues se propone validar estas nuevas técnicas de monitorización con metodologías clásicas de dinámica de poblaciones (transectos para la estimación de la densidad de adultos y del reclutamiento de nuevos individuos). Este programa formativo, permitirá conocer los pros y contras de las diferentes técnicas de cuantificación de la dinámica poblacional de especies bentónicas con un foco especial en el papel de las especies invasoras.	<a href="http://www.iim.csic.es">http://www.iim.csic.es</a>
JAEINT24_EX_0683	FERNANDEZ CALVO, PATRICIA	pcalvo@mbg.csic.es	MISION BIOLOGICA DE GALICIA	Origen evolutivo de la señalización por azúcares en plantas	En la última década se ha descubierto el papel inmunogénico de diversos azúcares (oligosacáridos) presentes en las paredes celulares (PC) de plantas, por ejemplo, derivados de celulosa o glucanos mixtos. En nuestro grupo intentamos entender el modo de acción de tales compuestos en cultivos de bráscica para desarrollar nuevas herramientas s bioprotectoras de cultivos. Los azúcares señalizadores se producen en respuesta a estrés (a)biótico y son percibidos por receptores de membrana que activan la respuesta inmune de la planta generando una respuesta adaptativa al estrés. Trabajos recientes han demostrado que el tipo de oligosacáridos y las rutas que activan son diferentes dependiendo de si la especie de planta es mono- o dicotiledónea. De manera que, parece existir una divergencia o especialización evolutiva que explicaría la capacidad de tales azúcares para activar diferencialmente la inmunidad de planta. Con el fin de desentrañar el origen evolutivo de la señalización por oligosacáridos en plantas se empleará la especie modelo en estudios evolutivos <i>Marchantia polymorpha</i> para la que existen ya diversas herramientas moleculares, por ejemplo, su genoma esta secuenciado y anotado, se han desarrollado protocolos de edición génica, genotipado, fenotipado, etc. En este proyecto JAE-Intro pretendemos testar el modo de acción de una batería de azúcares señalizadores en <i>Marchantia</i> para identificar el "oligosacárido activo ancestral". Por un lado, se llevará a cabo una secuenciación masiva de ARN (RNA-seq) en plantas de <i>Marchantia</i> tratadas con diversos compuestos y control a diferentes tiempos. Estos datos se comparan con análisis previos en especies modelo y de cultivo para identificar elementos moleculares conservados y nodos de señalización clave en el modo de acción de los azúcares. Por otro, se hará una caracterización bioquímica de la PC de <i>Marchantia</i> que nos permitirá identificar nuevos oligosacáridos activos (que se testarán en otras especies) y determinar el grado de similitud con las PCs de mono- y dicotiledóneas. El/la estudiante JAE-Intro seleccionado/a se formará en el manejo del cultivo de hepáticas in vitro, realización de tratamientos con los oligosacáridos activos, diversas técnicas de biología molecular y bioquímica de plantas, análisis de datos y presentación de resultados ante otros miembros del grupo.	<a href="https://mbg.csic.es/es/">https://mbg.csic.es/es/</a>



REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1633	FERNÁNDEZ CHACÓN, RAFAEL	rfchacon@us.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA DE SEVILLA	Biología lisosomal y neuroinflamación en modelos murinos de degeneración sináptica	Nuestro laboratorio estudia los mecanismos moleculares que mantienen la función y la estructura de los terminales presinápticos. Dentro de este contexto, investigamos el papel del co-chaperón Cysteine String Protein alfa (CSP alfa/DNAJC5) y las proteínas SGT A y B en la proteostasis sináptica. En ratones, la ausencia de CSPalfa/DNAJC5 lleva a la degeneración de los terminales de las neuronas con alta actividad sináptica como cierto tipo de neuronas GABAérgicas. En humanos, mutaciones en el gen DNAJC5 causa la lipofuscinosis neuronal ceroida autosómica dominante del adulto (Enfermedad de Kufs o CLN4), que es un enfermedad neurodegenerativa muy grave que afecta a adultos jóvenes. En nuestro laboratorio hemos desarrollado líneas de ratones genéticamente modificados que modelan la patología de esta enfermedad (doi: <a href="https://doi.org/10.1101/2023.05.10.540177">https://doi.org/10.1101/2023.05.10.540177</a> ) y otros modelos murinos que carecen de CSPalfa/DNAJC5 en poblaciones neuronales específicas. Nuestras investigaciones están basadas en el estudio funcional, estructural, molecular y ómico (transcriptómica en célula única y proteómica de organelos) de estos modelos animales. La persona que se incorpore como parte del programa JAE intro se familiarizará con técnicas de microscopía confocal implementadas con reconstrucción de imágenes en 3D (Imaris) para estudiar la biología de los lisosomas y la neuroinflamación en modelos murinos. Nuestro laboratorio mantiene colaboraciones con instituciones europeas y norteamericanas. Aparte de introducirse en metodologías y preguntas científicas de gran interés en neurobiología molecular, el estudiante tendrá oportunidad de desarrollar sus capacidades para la discusión y presentación de resultados en inglés. Rafael Fernández-Chacón es Catedrático de Universidad con actividad docente en Grado y Master. Nuestro grupo de investigación tiene amplia experiencia en la dirección de TFGs y de TFM's experimentales. Desde 2015, cada año nuestro grupo supervisa hasta 3 estudiantes que llevan a cabo el "Trabajo de Fin de Grado" (Grado en Biomedicina Básica y Experimental, Grado en Bioquímica, Grado en Medicina) y "Trabajo de Fin de Master" (Master in Investigación Biomédica, Master in Fisiología y Neurociencia, Master en Genética y Biología Molecular). Rafael Fernández-Chacón ha dirigido seis tesis doctorales y actualmente dirige tres.	<a href="https://www.ibis-sevilla.es/es/investigacion/neurociencias/fisiologia-molecular-de-la-sinapsis/">https://www.ibis-sevilla.es/es/investigacion/neurociencias/fisiologia-molecular-de-la-sinapsis/</a>
JAEINT24_EX_1138	FERNANDEZ CRUZ, M.LUISA	fcruz@inia.csic.es	INSTO. NAC. DE INVESTIG Y TECNOLOGIA AGRARIA Y ALIMENTARIA	Determinación de niveles de micotoxinas y/o hormonas en tejidos de pez	Los objetivos serán proporcionar al estudiante especialización en ensayos con peces, preparación de muestras y técnicas cromatográficas para determinar la bioacumulación de micotoxinas presentes en piensos y/o la alteración de los niveles hormonales tras la exposición de los peces a las micotoxinas. Plan de formación: 1) Realización de ensayos de bioacumulación de micotoxinas en trucha arcoiris. El estudiante podrá seguir la realización de estos ensayos: cómo se mantienen los peces en los acuarios, se alimentan y se realizan este tipo de ensayos. No podrá realizar los ensayos él mismo, ya que para ello se requiere disponer de los permisos de experimentación animal pero podrá realizar todas las tareas que se describen a continuación. 2) Disección de los peces y almacenamiento de los tejidos hasta su análisis. El estudiante aprenderá a identificar los diferentes tejidos de la trucha y las técnicas para su extracción. 3) Extracción de las micotoxinas presentes en tejidos y/o de niveles hormonales presentes en sangre mediante métodos apropiados de extracción. El estudiante se familiarizará con técnicas de extracción tales como columnas de extracción en fase sólida, técnicas de concentración de la muestra, etc. 4) Análisis de micotoxinas o hormonas mediante cromatografía de líquidos con detector de masas triple cuadrupolo o de diodo array. El estudiante adquirirá experiencia en el análisis de sustancias mediante cromatografía y dos detectores muy potentes. El estudiante se incorporará a un grupo de trabajo multidisciplinar en el que podrá ver otros tipos de técnicas, también adquirirá experiencia en el mantenimiento del material y equipos de laboratorio, así como en la gestión de residuos.	<a href="https://apps.csic.es/grupos/pages/grupo/edicionGrupo.html?dGrupo=922600">https://apps.csic.es/grupos/pages/grupo/edicionGrupo.html?dGrupo=922600</a>
JAEINT24_EX_0613	FERNANDEZ FERNANDEZ, AGUSTIN	agustin.fernandez@cinn.es	CENTRO DE INVESTIGACION EN NANOMATERIALES Y NANOTECNOLOGIA	Integración de datos multiómicos para el estudio del envejecimiento y el cáncer	El estudiante tendrá la oportunidad de integrarse en un equipo multidisciplinar que utiliza técnicas multiómicas para estudiar mecanismos moleculares a nivel de genoma completo implicados en envejecimiento y cáncer. Se generaran cantidades masivas de datos de varias capas ómicas y luego se utilizarán técnicas analíticas de última generación e inteligencia artificial para describir procesos moleculares complejos y para identificar biomarcadores moleculares y posibles dianas terapéuticas.	<a href="https://cinn.es/en/nanomaterials-and-nanotechnology-research-center/">https://cinn.es/en/nanomaterials-and-nanotechnology-research-center/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0486	FERNANDEZ FRAGA, MARIO	m.fraga@csic.es	CENTRO DE INVESTIGACION EN NANOMATERIALES Y NANOTECNOLOGIA	Epigenómica en envejecimiento y cáncer	El estudiante tendrá la oportunidad de integrarse en un equipo multidisciplinar que utiliza técnicas multiómicas para estudiar mecanismos moleculares a nivel de genoma completo implicados en envejecimiento y cáncer. Se generaran cantidades masivas de datos de varias capas ómicas y luego se utilizarán técnicas analíticas de última generación e inteligencia artificial para describir procesos moleculares complejos y para identificar biomarcadores moleculares y posibles dianas terapéuticas.	<a href="https://cinn.es/">https://cinn.es/</a>
JAEINT24_EX_1044	FERNANDEZ FUERTES, BEATRIZ	beatriz.fernandez@inia.csic.es	INSTO. NAC. DE INVESTIG Y TECNOLOGIA AGRARIA Y ALIMENTARIA	Desarrollo de un modelo in vitro de epidídimo bovino para el estudio del papel de este órgano en la herencia epigenética paterna	La temperatura elevada es uno de los estresantes ambientales más frecuentes para el ganado bovino y conduce a una disminución de su fertilidad. La exposición a altas temperaturas está relacionada, además, con cambios epigenéticos que pueden transmitirse a múltiples generaciones. Actualmente se desconoce cómo se regulan estos cambios en los machos y sus efectos en la progenie. La maduración de los espermatozoides en el epidídimo constituye uno de los momentos más probables en el que el ambiente masculino puede alterar los efectores epigenéticos de los espermatozoides, probablemente mediante la incorporación de miARN secretados por el epitelio epididimario. Estos miARN pueden ser incorporados al óvulo en el momento de la fecundación y tener efectos en el desarrollo embrionario y posterior salud del individuo. Sin embargo, debido a la dificultad de estudiar el ambiente epididimario in vivo, y la falta de modelos in vitro adecuados, estas hipótesis no se han explorado en modelos de grandes animales. El objetivo de este proyecto, por tanto, es participar en el desarrollo de un modelo in vitro de epidídimo bovino, en el que la Investigadora responsable está actualmente trabajando, y determinar los cambios en la secreción de miARN cuando este modelo se ve expuesto a condiciones de estrés calórico.	<a href="https://www.inia.es/investigacion/animal/Reproduccion/Reproduccion%20asistida%20y%20embriolog%C3%ADa%20preimplantacional%20bovina/Pages">https://www.inia.es/investigacion/animal/Reproduccion/Reproduccion%20asistida%20y%20embriolog%C3%ADa%20preimplantacional%20bovina/Pages</a>
JAEINT24_EX_0634	FERNANDEZ GARCIA, MARIA NIEVES	nieves@cebas.csic.es	CENTRO DE EDAFOLOGIA Y BIOLOGIA APLICADA DEL SEGURA	Moringa, una alternativa con gran potencial como cultivo ecológico y sostenible para una agricultura actual	El cultivo de la moringa es respetuoso con el medioambiente y sostenible. Nuestro objetivo es implantar su cultivo en una zona con problemas de agua y calidad de suelos como la Región de Murcia. Su potencial es debido a su contenido en nutrientes y que en los últimos años se está convirtiendo en un "superalimento" muy demandado. Pretendemos contribuir a crear una agricultura sostenible mediante la optimización de un cultivo alternativo en ecológico con fines nutricionales y sostenibles para el medio-ambiente. La moringa es tolerante a casi todo tipo de suelos, pudiendo crecer en zonas áridas o semiáridas con suelos ligeramente salinos, por lo que parte de las tierras afectadas por salinidad de nuestra región podrían ser potencialmente dedicadas a este cultivo, del cual el 100% de la planta es aprovechable. Este proyecto abre la posibilidad de implantar un nuevo cultivo que va a ser capaz de crecer en zonas adversas de nuestra región y con pocos recursos hídricos. Uno de los ODS para 2030 es mejorar la nutrición, la eliminación del hambre en el mundo, empleando para ello una agricultura sostenible y adaptarse a las necesidades mundiales actuales. La formación incluirá la realización de actividades para la mejora de sus conocimientos y destrezas en investigación. Para ello, propondremos actividades donde el estudiante aplique los conocimientos adquiridos durante su grado y que, con la ayuda del investigador, sea capaz de realizar un estudio fisiológico y metabólico de diferentes genotipos de moringa, seleccionados previamente por nuestro grupo. JUSTIFICACIÓN: Desarrollo de nuevos productos para la agricultura y medioambiente y alimentación obtenidos de la selección de variedades cultivadas y adaptadas a condiciones semiáridas. El trabajo a realizar por el estudiante se enmarcará en este ámbito. FASES DEL TRABAJO: Estudio del efecto del estrés hídrico en nuevas especies de interés agronómico como la moringa mediante caracterización fisiológica y agronómica de diferentes genotipos en diferentes tratamientos. Identificación/cuantificación de nutrientes y metabolitos relacionados con los mecanismos de tolerancia al estrés hídrico. ACTIVIDADES DE FORMACIÓN: -Desarrollo y caracterización de plantas de moringa. -Extracciones de hoja, raíz y semilla para iónica, metabólica, etc. -Análisis nutricional. -Análisis de vitaminas (Bcarotenos, vitaminasA-K-E). -Identificación-cuantificación compuestos del metabolismo-primario.	<a href="http://www.cebas.csic.es">www.cebas.csic.es</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1423	FERNANDEZ GARCIA, ROSA MARIA	rosa.fernandez@ibe.upf-csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA EVOLUTIVA	How did land animals arise? Understanding the marine-terrestrial transition in the animal kingdom through a genomic approach	Terrestrialization – the colonization of the land habitat by plants and animals – is amongst the most important events in the history of life. Understanding terrestrialization is, therefore, key to understanding the origin of terrestrial biodiversity. From marine ancestors, animals colonized the land multiple times and in different moments of Earth's history. In order for animals living in aquatic environments to colonize land, a number of physiological barriers need to be overcome, including massive changes to methods of respiration, water management and osmoregulation, reproduction or digestion, among other extreme physiological and metabolic changes. The main goal of this project is to shed light on the genomic basis of terrestrialization across animals. By comparing the genomes of terrestrial species to their marine phylogenetic siblings, we can understand which genes changed across evolutionary time and how they did it. In this context, the objectives of the TFM project are (i) to interrogate multiple genomes and transcriptomes representing different animal lineages through a phylogenomic spyglass, (ii) to annotate genes potentially related to osmoregulation, reproduction, digestion or excretion, and (iii) to explore how, when and how often these genes have been gained, duplicated or lost across the Animal Tree of Life. Tasks to perform: - De novo assembly of genomic datasets - Orthology inference. - Phylogenomic reconstruction of gene families. - Comparative genomics analyses.	<a href="http://www.metazomics.com">www.metazomics.com</a>
JAEINT24_EX_1067	FERNANDEZ HERRERO, LUIS ANGEL	lafdez@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Developing synthetic biology tools for bacterial tumor therapies	Research in our laboratory aims to engineer E. coli bacteria with novel functions for biomedical applications. Interestingly, E. coli can colonize solid tumors providing advantages for the local delivery of cytotoxins and immunomodulatory molecules against cancer. In this context, we have developed non-pathogenic E. coli strains with synthetic adhesins against tumor cells and that produce protein nanomachines for the injection of protein cargoes, including nanobodies. In this project, we propose to develop novel engineered E. coli bacteria with enhanced biosafety and specific tumor delivery of therapeutic protein cargoes that will be evaluated in controlled in vitro systems.	<a href="http://www.cnb.csic.es/index.php/en/bacterial-engineering">http://www.cnb.csic.es/index.php/en/bacterial-engineering</a>
JAEINT24_EX_0124	FERNANDEZ LORENTE, GLORIA	g.f.lorente@csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACION EN CIENCIAS DE LA ALIMENTACION	Nanoencapsulacion y estudios de biodisponibilidad de fosfolipidos de DHA destinados a la prevención de enfermedades neurodegenerativas.	La nanoencapsulación es un proceso que favorece el aislamiento de compuestos hidrofóbicos, como es el caso de fosfolípidos de DHA. Los nanoportadores ( liposomas) son el método preferido para la vehiculización del DHA para mejorar su solubilidad y estabilidad, debido a su excelente biocompatibilidad, biodegradabilidad y baja toxicidad. La biodisponibilidad de estos agentes bioactivos encapsulados a menudo aumenta cuando el tamaño de los liposomas que los contienen disminuye, debido a su digestión más rápida, su capacidad para penetrar la capa mucosa o su absorción directa por las células. Posteriormente se realizaron los estudios de digestibilidad de los fosfolípidos en el tracto gastrointestinal. Estos estudios de biodisponibilidad se llevarán a cabo en colaboración con el Grupo de Biotecnología Enólica (CIAL-CSIC), responsable del SIMGI. Teniendo en cuenta esto, lo que proponemos es evaluar la biodisponibilidad de dos fosfolípidos DHA diferentes, sintetizados enzimáticamente, estudiando su posible degradación en el tracto gastrointestinal (GI) como compuestos encapsulados como nanoportadores. Dicha línea de trabajo va asociada al proyecto: PID2022-137671OB-I00 recientemente concedido.	<a href="https://microbio.csic.es">https://microbio.csic.es</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0306	FERNANDEZ MOREIRA, VANESA	vanesa.f.m@csic.es	INSTITUTO DE SINTESIS QUIMICA Y CATALISIS HOMOGENEA	Diseño de nuevos fármacos de iridio activables con luz para el tratamiento del cáncer	El bienestar social constituye un fundamento fundamental en la mayoría de las investigaciones actuales, especialmente en el ámbito del diseño de fármacos, donde se busca alcanzar un equilibrio entre la eficacia y la economía en términos de fabricación y aplicación. Las restricciones económicas, derivadas de crisis financieras, han impulsado políticas de contención de gastos y priorización en el sector sanitario. En este contexto, la integración de tecnología existente con disciplinas como la química y la biología emerge como una solución prometedora. El cáncer, una de las enfermedades más prevalentes en nuestra sociedad, demanda enfoques terapéuticos innovadores. Entre ellos se destacan la quimioterapia, radioterapia y terapia fotodinámica (TFD), que pueden aplicarse de manera independiente o combinada. El propósito de este proyecto radica en el diseño de compuestos metálicos aptos para la TFD en el tratamiento del cáncer. Se planea sintetizar complejos de Ir(III) del tipo $[Ir(C^*N)_2(N^*N)]^+$ que sean inicialmente inofensivos y que adquieran citotoxicidad únicamente bajo una irradiación específica. Estos complejos se evaluarán en células cancerígenas de pulmón (A549), tanto en presencia como ausencia de luz, para determinar su eficacia en TFD o, en su defecto, en quimioterapia. Se investigarán también las propiedades ópticas de los compuestos y su posible aplicación como agentes de marcado celular mediante microscopía de fluorescencia. Se espera que los datos recopilados sean fundamentales para el diseño de fármacos más efectivos en el contexto de la TFD. Este proyecto formativo ofrecerá experiencia en síntesis orgánica, organometálica y de coordinación, así como en técnicas de espectroscopía (RMN de $^1H$ , $^{13}C$ y bidimensionales, UV-visible y de fluorescencia), espectrometría de masas, ensayos de citotoxicidad y fotocitotoxicidad, manipulación celular y microscopía de fluorescencia	<a href="https://sites.google.com/view/pdt-section-vfrn-group">https://sites.google.com/view/pdt-section-vfrn-group</a>
JAEINT24_EX_0050	FERNANDEZ ORTUÑO, DOLORES	dfernandez-ortuno@ihsm.uma-csic.es	INSTITUTO DE HORTOFRUTICULTURA SUBTROPICAL Y MEDITERRANEA LA MAYORA	Nueva estrategia de control de Botrytis cinerea mediante el uso, por primera vez en el sector agrícola, de aptámeros en la protección de cultivos.	RESUMEN: La producción agrícola sigue siendo afectada por una gran cantidad de plagas y enfermedades que reducen considerablemente el rendimiento de los cultivos. Para tratar de evitar estas pérdidas y mejorar su productividad, en algunos cultivos es imprescindible el uso de agroquímicos sintéticos. Sin embargo, la diversidad de pesticidas disponibles para los productores podría verse más restringida, no solo por la actual legislación europea sobre pesticidas sino también por el Pacto Verde Europeo, que pretende reducir al 50% el uso de estos compuestos para 2030. Aunque lo más sostenible y deseable sería una agricultura libre de pesticidas, como la propuesta a nivel europeo, la realidad es que hay enfermedades como la botritis, causada por el hongo Botrytis cinerea, cuyo control es muy dependiente de fungicidas. Desafortunadamente, este hongo es capaz de desarrollar resistencia a estos compuestos al poco tiempo de ser registrados para su uso y, con las medidas expuestas anteriormente, este hecho podría verse aún más potenciado en un futuro. Durante la ejecución del Proyecto PAIDI2020-FEDER-Junta de Andalucía (PY20_00048), hemos comprobado que ciertas estrategias emergentes, como la tecnología del ARN interferente, el uso de aptámeros (oligonucleótidos de ARN o ADN) y la nanoencapsulación de estas moléculas para mejorar su aplicación y eficacia en la naturaleza, podrían ser soluciones sostenibles válidas y alternativas al uso de fungicidas químicos convencionales, para el control de B. cinerea en cultivos de relevancia, no solo en Andalucía, sino en el resto del mundo. Respecto a los aptámeros, hemos desarrollado dos (SOD9.14F y SOD9.26F) capaces de unirse e inhibir a la proteína superóxido dismutasa (BcSod1), clave en la patogénesis de este patógeno fúngico. Los ensayos de sensibilidad sobre hojas de tomate cortadas y fruto, mostraron una reducción de la enfermedad en torno al 42%; además de una disminución de la biomasa fúngica del hongo sobre las hojas inoculadas en un 58%, de la inhibición de los condios a un 60% y, a través de los ensayos de fluorescencia con microscopía, como el hongo era capaz de incorporar estos oligonucleótidos en su interior. Próximamente, vamos a nanoencapsular estas moléculas y planeamos llevar a cabo ensayos en invernadero para comprobar si, en condiciones reales de campo, estas nuevas moléculas con acción fungicida podrían incluirse dentro de las rotaciones de los diferentes programas de control de la botritis, pudiendo ser	<a href="https://www.ihsm.uma-csic.es/departamentos/9">https://www.ihsm.uma-csic.es/departamentos/9</a>
JAEINT24_EX_0767	FERNANDEZ POZO, NOE	noe.fernandez.pozo@csic.es	INSTITUTO DE HORTOFRUTICULTURA SUBTROPICAL Y MEDITERRANEA LA MAYORA	Digitalización de la colección de germoplasma de subtropicales del IHSM a través de herramientas bioinformáticas	La colección de especies subtropicales del Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea (IHSM) es la más importante de Europa continental con 100 variedades de aguacate, 75 de mango, y variedades de muchas otras especies, y es la más importante del mundo de chirimoya, con 327 variedades. El objetivo de este proyecto es estudiar la variabilidad genética de los datos del banco de germoplasma de especies subtropicales del IHSM. Para ello se desarrollarán pipelines bioinformáticos para la detección de polimorfismos genéticos y se analizarán datos de secuenciación de variedades de las 3 especies mencionadas. Además se digitalizarán datos de fenotipado de individuos de estas especies, que han sido recolectados en nuestra estación experimental durante décadas. Los datos y herramientas generados se pondrán a disposición de la comunidad científica internacional, mejoradores y empresas, a través de un portal web.	<a href="https://www.ihsm.uma-csic.es/grupos/13">https://www.ihsm.uma-csic.es/grupos/13</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0336	FERNANDEZ RODRIGUEZ, JOSE JESUS	jj.fernandez@csic.es	CENTRO DE INVESTIGACION EN NANOMATERIALES Y NANOTECNOLOGIA	Herramientas basadas en biología sintética para microscopía electrónica correlativa	El estudiante en formación se incorporará a nuestra línea de investigación SynCLEM, que tiene como objetivo avanzar en el conocimiento y proporcionar recursos de uso general al campo de la crio microscopía correlativa (cryo-CLEM). En SynCLEM exploramos el potencial de herramientas del campo de la biología sintética para salvar algunas de las limitaciones actuales en la aplicación de la cryo-CLEM a estudios estructurales de moléculas biológicas en su contexto celular nativo, más concretamente, mediante criotomografía electrónica (cryo-ET). La cryo-ET ha emergido como una potente herramienta para visualizar la organización macromolecular en entornos celulares. En la cryo-ET se adquiere una serie de imágenes proyectadas de la muestra a diferentes orientaciones, a partir de las cuales se reconstruye un volumen 3D que refleja el entorno celular. En SynCLEM usamos una combinación de la tecnología de edición génica CRISPR-Cas y de la incorporación co-tradicional de aminoácidos no canónicos mediante la expansión ortogonal del código genético para marcar proteínas en residuos individuales en su contexto nativo y con resolución molecular. El estudiante recibirá formación sobre estas tecnologías innovadoras de marcaje de proteínas en su contexto nativo, sobre flujos de trabajo cryo-CLEM y cryo-ET, así como sobre los procedimientos básicos de procesamiento de imagen en cryo-ET.	<a href="http://tiny.cc/neuroarch">http://tiny.cc/neuroarch</a>
JAEINT24_EX_0523	FERNANDEZ TORNERO, CARLOS	ctornero@cib.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS MARGARITA SALAS	Estudio estructural de proteínas de unión a ADN con interés biomédico	La transferencia de la información genética codificada en el ADN es el principal determinante de la expresión génica. Las alteraciones en este proceso tienen un tremendo impacto en la homeostasis celular y están directamente relacionadas con el desarrollo de enfermedades. Las ARN polimerasas catalizan la adición de nucleótidos para producir moléculas de ARN complementarias a la cadena molde de ADN. La actividad de estas enzimas está regulada por los llamados factores de transcripción. El objetivo de este proyecto es la caracterización estructural del complejo formado por la ARN polimerasa y un factor transcripción que regula la expresión génica. Para estos estudios, se emplearán técnicas bioquímicas y crio-microscopía electrónica (cryo-EM). Nuestros estudios permitirán comprender el mecanismo de acción de dicho regulador de la transcripción en condiciones fisiológicas y patológicas. A largo plazo, nuestros resultados pueden servir de base para el desarrollo de compuestos reguladores de la transcripción. A través del desarrollo experimental del proyecto, se adquirirá un nivel avanzado de competencia en técnicas de biología molecular, el manejo de cultivos de expresión, así como en cromatografías de afinidad, intercambio iónico y exclusión por tamaño para purificar proteínas. Además, se adquirirá una elevada competencia en el análisis bioquímico de interacciones proteína-ADN y en la realización de preparación de muestras y toma de datos de cryo-EM. La determinación de la estructura proporcionará formación en el uso de programas de análisis de imagen de cryo-EM, así como en el modelado y análisis estructural de macromoléculas. Finalmente, el plan de formación incluye la redacción de informes científicos y la presentación oral de resultados, tanto en inglés como en castellano.	<a href="https://www.cib.csic.es/es/departamentos/biologia-estructural-y-quimica/estructura-de-ensamblados-macromoleculares">https://www.cib.csic.es/es/departamentos/biologia-estructural-y-quimica/estructura-de-ensamblados-macromoleculares</a>
JAEINT24_EX_1463	FERNANDEZ-CHECA TORRES, JOSE CARLOS	josecarlos.fernandezheca@iibb.csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES BIOMÉDICAS DE BARCELONA	Regulación mitocondrial en el desarrollo y terapia de la enfermedad de Alzheimer	La investigación llevada a cabo en el laboratorio se centra en el estudio del papel de lípidos, como el colesterol, en la regulación de la función mitocondrial. El grupo ha descrito que el colesterol mitocondrial podría jugar un papel clave en el desarrollo de la enfermedad de Alzheimer (EA). La acumulación de colesterol mitocondrial en el cerebro, como consecuencia de la sobreexpresión de la proteína transportadora de colesterol StARD1, resulta en la disminución de los niveles mitocondriales de glutatión (mGSH), molécula clave en la defensa antioxidante, y sensibiliza a la neurotoxicidad inducida por las placas $\beta$ amiloide (A $\beta$ ), afectando la viabilidad de las neuronas. Mediante la generación de modelos genéticos con delección celular específica de la proteína StARD1 en cerebro, queremos estudiar los mecanismos subyacentes al tráfico intracelular de colesterol en las mitocondrias y su impacto en las enfermedades neurodegenerativas como la EA. Además de investigar las bases celulares y moleculares relacionadas con la progresión de la enfermedad, se les aplicarán intervenciones terapéuticas para mejorar el resultado final de la patología. El candidato que se incorpore a esta línea de investigación, se iniciará en técnicas de biología celular y molecular, inmunohistoquímica, cultivos celulares, microscopía confocal y de fluorescencia, HPLC, ensayos de citotoxicidad y funcionalidad mitocondrial. El grupo de investigación donde se incorporará el estudiante posee el sello de calidad de la Generalitat de Catalunya (SGR) como grupo consolidado, un reconocimiento reservado sólo a los grupos de investigación con una excelente trayectoria científica y docente. Nuestro grupo de investigación ha publicado más de 200 artículos en revistas científicas peer-reviewed, que han acumulado más de 29.000 citaciones y dirigido 38 tesis doctorales (con premios extraordinarios y reconocimiento internacional). El grupo mantiene colaboraciones internacionales, acogiendo y promoviendo el intercambio de estudiantes. Se priorizarán aquellos candidatos no sólo con un buen expediente académico, sino sobre todo con un gran interés en la investigación en biomedicina. Se valorará la motivación para la realización del doctorado, ofreciendo asimismo la posibilidad de realizar TFG/TFM y posteriormente la tesis doctoral.	<a href="https://www.iibb.csic.es/es/team/96">https://www.iibb.csic.es/es/team/96</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0129	FERRAGUTI , MARTINA	mferraguti@ebd.csic.es	ESTACION BIOLOGICA DE DOÑANA	Ecología de vectores en Doñana: Impacto de los factores ambientales y climáticos en la distribución de mosquitos y Culicoides	¿Qué variables ambientales explican la distribución de los insectos vectores en entornos naturales protegidos? Se identificarán los factores ambientales y climáticos, como la distancia a fuentes de agua y la cobertura vegetal (NDVI), que explican los patrones espaciales de diferentes especies de mosquitos y Culicoides en el Parque Nacional de Doñana y sus alrededores. Objetivos generales: Caracterizar la composición de las poblaciones de vectores en el suroeste de España, su variación estacional y el impacto de las características ambientales y climáticas en la distribución de diferentes especies de insectos vectores. Predecimos que las características ambientales, incluida la proximidad a posibles áreas de cría de los insectos, pueden favorecer las abundancias y los índices de diversidad, como la riqueza de especies y el índice de Shannon. También se considerarán las condiciones climáticas a lo largo del año (por ejemplo, temperatura y precipitación) debido a sus efectos en las poblaciones de estos insectos. Metodología: Durante el año 2023, se llevaron a cabo muestreos sistemáticos de los insectos vectores en diversos puntos del Parque Nacional de Doñana y sus alrededores. Hasta la fecha, se han identificado las muestras a nivel de especie. Las tareas de la persona candidata incluirán: i) obtener información sobre las características ambientales y climáticas en las zonas de captura en colaboración con el personal del LAST-EBD mediante herramientas SIG; ii) realizar análisis estadísticos basados en Modelos Lineales Generalizados Mixtos (GLMM) y Random Forest, con supervisión activa del equipo investigador; y, finalmente, iii) redactar un artículo científico para su potencial publicación, si procede. Aunque los datos de captura de los insectos vectores ya se han recolectado para garantizar la viabilidad de este proyecto, se ofrecerá a la persona incorporada la posibilidad de participar en muestreos similares para completar su formación en el campo. Los resultados generados serán especialmente relevantes dada la capacidad de estos insectos para transmitir diversos patógenos que afectan a personas, fauna silvestre y doméstica, incluyendo las aves (por ejemplo, los parásitos de la malaria aviar).	<a href="https://martinaferraguti.com/">https://martinaferraguti.com/</a>
JAEINT24_EX_0446	FERRANDEZ ROLDAN, ALFONSO	alfonso.ferrandez@be.upf-csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA EVOLUTIVA	Insect choriogenesis	Research fields: The Project in our laboratory includes Genetics, Genetic Engineering, Transgenesis, Evolution, Bioinformatics. Project: The success of many insects in invading new areas and becoming pests is related to their high ability to produce a large number of eggs in a short period. To combat these pests, it is crucial to understand the biology and evolution of insect reproduction, particularly the mechanisms of oogenesis. In insects there are two types of ovaries, the panoistic and the meroistic, which differ in structure and type of cells forming the ovarian follicle that will become the egg. During insect oogenesis, the ovarian follicle receives a series of signals to initiate its capacitation that will subsequently lead to maturity and oviposition. Along this process, a series of genes must be transcribed and translated in the correct place and time in the ovarian follicle. While some of these genes have a conserved structure and function in both panoistic and meroistic ovaries, others are specific to one of these types. In our laboratory we work with the cockroach <i>Blattella germanica</i> , an insect model with panoistic ovaries, the most primitive ovary type of insects, to decipher how the transition from the panoistic to the meroistic ovary type occurred in evolution. Specifically, we are interested in the regulation of the choriogenesis, a crucial step for oogenesis that involves the synthesis of the multiple layers of the chorion that are secreted and deposited in the surface of the oocyte. This extracellular matrix confers a highly specialized protective shield for the embryo, allowing gas exchange while preventing water loss during embryo development. In the project that we propose, we will analyze genes related to chorion synthesis and their regulation by hormones and non-coding RNAs. The student will learn from the most basic techniques of molecular genetics (PCR, cloning, sequencing, in vitro transcription, in situ hybridization) to the most advanced applications (interference RNA and DIPA-CRISPR).	<a href="https://www.biologiaevolutiva.org/mdpiulachs/">https://www.biologiaevolutiva.org/mdpiulachs/</a>
JAEINT24_EX_0676	FERRANDIZ DIAZ, NURIA	nuria.ferrandiz@usal.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA MOLECULAR Y CELULAR DEL CANCER DE SALAMANCA	Explorando la dinámica celular durante la mitosis: Implicaciones en la integridad del genoma y el Cáncer	La mayoría de los tumores exhiben aneuploidía, un estado en el que el número o la estructura de los cromosomas es incorrecto. Además, estas células cancerígenas a menudo muestran inestabilidad cromosómica, lo que resulta en la pérdida o ganancia continua de cromosomas completos o fragmentos durante la división celular. Este fenómeno conlleva defectos recurrentes en la segregación de los cromosomas y, como resultado, la exclusión de material cromosómico mal segregado del núcleo central, formando estructuras extranucleares llamadas micronúcleos. La ruptura de las membranas de la envoltura nuclear de los micronúcleos se ha relacionado con procesos como la metástasis, la activación de células del sistema inmunológico y, en general, la progresión de los tumores. Sin embargo, aún existen incógnitas sobre las causas subyacentes de la pérdida de integridad de estas membranas. El objetivo principal de esta propuesta de investigación es comprender en detalle cómo la organización, remodelación y reensamblaje de la envoltura nuclear durante la división celular, específicamente en relación con la formación de micronúcleos, desempeñan un papel crucial en la preservación de la integridad del genoma. Nuestra hipótesis se basa en la premisa de que esta comprensión podría tener aplicaciones clínicas importantes, como la utilización de la integridad de los micronúcleos como biomarcadores en la progresión y malignidad del cáncer, así como en otros trastornos genéticos o del desarrollo.	<a href="https://www.cicancer.org/grupo?id=88">https://www.cicancer.org/grupo?id=88</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1393	FERRER GALLEGO, RAUL	raul.ferrer@csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES SOBRE DESERTIFICACION	Aplicación de suero de leche en el viñedo como adaptación sostenible a las condiciones agroclimáticas actuales.	El candidato/a trabajaría bajo la supervisión del investigador Raúl Ferrer Gallego integrado en la línea de investigación del Grupo Ecología y Cambio Global del CIDE en el marco del proyecto "Efecto del suero de leche en la composición nutricional de la vid y el color del vino. Monitorización del tratamiento mediante el uso de técnicas espectroscópicas". Aprovechando el equipo de investigación multidisciplinario, la evaluación se llevará a cabo a distintas escalas y empleando distintas metodologías tanto agronómicas como enológicas y analíticas. Las tareas a realizar serían las siguientes: 1) Seguimiento y mediciones de campo. Seguimiento de la fenología de la vid y fertilidad de la vid. Estudio de nutrición vegetal. Madera de poda e Índice de Ravaz. Seguimiento del estado sanitario y calidad de la uva. 2) Estudio de la influencia del suero de leche como antitranspirante. Estado hídrico de la vid e intercambio gaseoso foliar. También, se medirá el potencial hídrico del tallo a mediodía utilizando una cámara Scholander (PMS, modelo M600). 3) Se realizarán vinificaciones para determinar la influencia de la microbiota indígena y el efecto de los diferentes tratamientos sobre las características del vino. Las uvas serán despalladas, estrujadas y prensadas. Se tomarán muestras para análisis enológicos básicos. Se añadirán nutrientes para la fermentación. Se controlará la temperatura de fermentación durante la fermentación alcohólica. Finalmente, el vino se clarificará se estabilizará en frío y se embotellará. 4) Se realizará un estudio de la composición fenólica de las uvas y vinos. En primer lugar, se realizará un control analítico básico mediante FT-IR (OenoFoss 2). Se realizará una extracción de los compuestos fenólicos de uvas y vinos para la identificación y cuantificación de su perfil fenólico. Para el análisis de los compuestos antocianícos, los extractos y vinos se inyectarán directamente en el HPLC. Para los compuestos no antocianícos, los extractos y vinos se realizará una separación previa. La fracción libre de antocianos obtenida se utilizará para analizar flavanoles, flavonoles, ácidos hidroxicinnámicos y estilbenos. En ambos casos, las muestras de vinos y extractos (compuestos antocianícos y no antocianícos) se analizarán mediante cromatografía líquida de alta resolución (HPLC-DAD-MS). El trabajo a desarrollar puede materializarse en la presentación de un Trabajo Fin de Master que puede encajar en los distintos grados de	<a href="https://www.uv.es/uvweb/centro-investigacion-desertificacion/es/cide-1285894590643.html">https://www.uv.es/uvweb/centro-investigacion-desertificacion/es/cide-1285894590643.html</a>
JAEINT24_EX_1455	FERRIOL SAFONT, INMACULADA	iferriol@ica.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS AGRARIAS	Los virus de plantas e insectos: ¿enemigos o aliados biotecnológicos?	Los virus de plantas producen grandes pérdidas económicas en la agricultura. Esta problemática es muy dinámica porque cada año aparecen nuevas enfermedades virales. Pero, ¿son todos los virus de las plantas perjudiciales?, ¿sabías que los insectos también pueden ser infectados por virus? ¿podemos utilizarlos los virus como herramientas biotecnológicas?. Muchos de los virus animales que conocemos son transmitidos por contacto, vías respiratorias, insectos (e.j.: mosquitos), etc. Sin embargo, la mayoría de virus de plantas son transmitidos por insectos vectores, que además tienen un microbioma rico en bacterias, virus de insectos, etc. Este proyecto "Los virus de plantas e insectos: ¿enemigos o aliados biotecnológicos?" profundizará en las enfermedades que provocan los virus de plantas, su transmisión por insectos vectores, el estudio del microbioma de sus insectos vectores con el objetivo de desarrollar herramientas biotecnológicas y de control biológico para el control de estos virus y de sus insectos vectores. Nuestro laboratorio se encuentra en el Instituto de Ciencias Agrarias (ICA-CSIC, Madrid) y estudiamos cuales son los mecanismos de transmisión de enfermedades de plantas, su ciclo infeccioso o viral, cómo interactúan los virus de plantas con otros virus y sus vectores. Recientemente, hemos iniciado nuevas líneas de investigación: i) identificar el microbioma de insectos vectores con el objetivo de utilizar estos microorganismos como control biológico; ii) desarrollar herramientas biotecnológicas como "virus-like particles (VLPs)" o nanopartículas con el objetivo de identificar cómo se transmiten estos virus, así como estudiar cual es la estructura tridimensional de los virus. El investigador en formación obtendrá conocimientos básicos sobre la biología de los virus, modo de transmisión (transmisión mecánica y por insectos), así como conocimientos generales de virología, biología molecular, entomología, patología vegetal y agronomía, secuenciación masiva, etc.. Además, aprenderá técnicas básicas de biología molecular (RT-PCR, clonaje, secuenciación, extracción de ARN, western blot, DAS-ELISA, microscopía electrónica, etc.), bioinformática (análisis de secuencias y variabilidad genética etc.). Este proyecto brindará al investigador en formación la oportunidad de poder interactuar con otros estudiantes e investigadores del ICA e iniciarse en el mundo de la investigación de una manera multidisciplinaria y aplicada.	<a href="https://www.ica.csic.es/index.php/departamentos/departamento-de-proteccion-vegetal/insectos-vectores-de-patogenos-de-plantas">https://www.ica.csic.es/index.php/departamentos/departamento-de-proteccion-vegetal/insectos-vectores-de-patogenos-de-plantas</a>
JAEINT24_EX_0814	FERROL GONZALEZ, NURIA	nuria.ferrol@eez.csic.es	ESTACION EXPERIMENTAL DEL ZAIDIN	Las micorrizas arbusculares como herramienta biotecnológica para incrementar la resiliencia del olivo al cambio climático	Los estreses asociados al cambio climático ejercen un efecto negativo sobre el desarrollo de los cultivos. Para hacer frente a estos estreses, las plantas han desarrollado una serie de estrategias que les permiten percibir el estrés e inducir mecanismos de tolerancia. Otra estrategia utilizada por las plantas para protegerse de los estreses ambientales es el establecimiento de asociaciones con microorganismos beneficiosos del suelo, como los hongos micorrízicos arbusculares (hongos MA). El principal beneficio de las micorrizas arbusculares (MA) es una mejora de la nutrición mineral de la planta, aunque las MA también incrementan la tolerancia de las plantas a estreses abióticos y bióticos. De ahí, que se plantee que los hongos MA puedan ser una herramienta clave para incrementar la tolerancia y resiliencia de las plantas al cambio climático. El olivo, el cultivo más típico de la cuenca mediterránea, representa un buen modelo para estudiar la sostenibilidad ambiental y económica de nuevas estrategias de cultivo que lo protejan frente a las limitaciones climáticas. El objetivo de este trabajo, que se enmarca en un proyecto internacional PRIMA, es contribuir al conocimiento del potencial de los hongos MA para incrementar la resiliencia de plantas de olivo a los estreses asociados al cambio climático. Para la consecución de este objetivo específico se plantea el siguiente Plan de Trabajo: 1. Establecer la simbiosis MA entre plantas de olivo y varias cepas de hongos MA en condiciones óptimas y de estrés por sequía. 2. Analizar el impacto de las MA sobre la respuesta fisiológica de la planta a la sequía. 3. Analizar los mecanismos moleculares implicados en la regulación por micorrizas de la respuesta de la planta a la sequía. El plan de formación incluirá el aprendizaje de búsqueda de bibliografía científica, técnicas básicas de fisiología vegetal, manejo de micorrizas, bioquímica y biología molecular. Ella/beneficiario/a asistirá a los seminarios específicos del grupo de Micorrizas y a los del Centro. Durante toda la estancia se le motivará para que participe activamente en las discusiones de los resultados de proyecto y se le enseñará a desarrollar un sentido crítico para el análisis de los datos y el manejo de bibliografía, así como a redactar informes científicos.	<a href="https://www.eez.csic.es/micorrizas">https://www.eez.csic.es/micorrizas</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1687	FIGUERAS HUERTA, ANTONIO	antonio.figueras@csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES MARINAS	Efectos de Nanoplásticos en Mejillones: Implicaciones en la Contaminación Marina y la Salud Humana.	Se estima que en 2060 se producirán 1000 millones de toneladas de plástico al año. Actualmente son 600 millones de toneladas. Cada año terminan en el mar unas 500.000 toneladas. Los nanoplásticos son diminutas partículas de plástico menores a 1000 nanómetros. Pueden resultar de la descomposición de objetos plásticos más grandes. Además, algunos productos de consumo, como cosméticos y textiles, contienen nanoplásticos. Su pequeño tamaño los hace fácilmente ingeribles y ser internalizadas por las células produciendo diversos daños en la maquinaria celular. El mejillón ( <i>Mytilus edulis</i> , M. galloprovincialis) es un molusco bivalvo filtrador que se encuentra en todo el mundo. Desempeña un papel crucial en los ecosistemas marinos al filtrar grandes volúmenes de agua para obtener partículas de alimento. Por esto los mejillones pueden acumular contaminantes y partículas presentes en el agua, incluidos microplásticos y nanoplásticos. La persona seleccionada aprenderá y utilizará las técnicas para determinar daño celular, inflamación, bioacumulación, expresión génica inducida por la exposición a nanoplásticos, impacto sobre respuesta a patógenos. Además, determinará la capacidad de concentración de plásticos por el mejillón para comprender el proceso de biomagnificación y el posible riesgo para niveles tróficos superiores, incluidos los seres humanos. Usaremos el pez cebra, modelo de enfermedades humanas, para evaluar este aspecto.	<a href="https://www.iim.csic.es/index.php/en/research/all-groups/immunology-genomics">https://www.iim.csic.es/index.php/en/research/all-groups/immunology-genomics</a>
JAEINT24_EX_0025	FIGUEROLA BORRAS, JORDI	jordi@ebd.csic.es	ESTACION BIOLOGICA DE DOÑANA	Comprendiendo la ecología de los vectores del virus West Nile para reducir el riesgo de transmisión a humanos	Las enfermedades infecciosas emergentes son una amenaza creciente para la conservación de la biodiversidad y la salud humana. Las enfermedades transmitidas por vectores, como el virus del Nilo Occidental (WNV), pueden tener graves impactos sobre la salud humana y animal. Andalucía sufre desde 2020 un brote de WNV que produjo 77 casos graves de enfermedad y 8 muertes en 2020 y 6 casos y 1 muerte en 2021. En este proyecto pretendemos identificar cómo la ecología de los mosquitos afecta la intensidad de estos brotes y proporcionar información básica para mejorar el control de los principales mosquitos vectores del WNV. Nuestro grupo ha estudiado la ecología del WNV en el área desde hace varios años y, en consecuencia, nuestro objetivo es comparar la ecología de la transmisión del WNV en años epizooticos y no epizooticos, y proporcionar información básica para reducir la transmisión del WNV y otros patógenos transmitidos por mosquitos que pueden circular por la zona. Primero, monitorizaremos el crecimiento de las poblaciones de mosquitos y la intensidad de la circulación del WNV. Identificaremos dónde se encuentran las principales áreas de cría de <i>Culex perexiguus</i> , <i>Cx. modestus</i> y <i>Cx. pipiens</i> . En segundo lugar, caracterizaremos el comportamiento de alimentación hematofaga de estas especies de mosquitos y la prevalencia de anticuerpos frente al WNV en distintas especies de aves para identificar las especies de aves que constituyen los principales reservorios del virus WNV en áreas urbanas y naturales y comparar la ecología del WNV con la información registrada hace varios años antes de que el WNV comenzara a producir brotes en humanos. En tercer lugar, caracterizaremos las distancias de dispersión de <i>Cx. perexiguus</i> y <i>Cx. pipiens</i> para poder definir áreas de amortiguamiento alrededor de las áreas habitadas por humanos donde es necesario el control preventivo de mosquitos. El estudiante colaborará en la toma y análisis de las muestras. El objetivo final es evaluar como los cambios ambientales pueden afectar la circulación de la malaria aviar en España. La beca estará asociada a un proyecto del Plan Nacional I+D (PID2021-123761OB-I00) y al proyecto ARBOPREVENT financiado por la Fundación La Caixa. Los aspectos formativos del programa incluyen técnicas de trabajo de campo, diseño experimental, trabajo de laboratorio en ecología molecular y análisis estadístico de datos.	<a href="http://www.ebd.csic.es/jordi">http://www.ebd.csic.es/jordi</a>
JAEINT24_EX_1372	FLORES HERNANDEZ, IGNACIO	iflores@cbm.csic.es	CENTRO DE BIOLOGIA MOLECULAR SEVERO OCHOA	Análisis y función de las fusiones teloméricas en cáncer	El plan de formación propuesto tiene como objetivo equipar al investigador con las habilidades necesarias para avanzar en su carrera científica, culminando con la realización de una tesis doctoral. La actividad principal consistirá en el desarrollo del proyecto de investigación bajo la supervisión del tutor. A través de esta actividad y otras mencionadas a continuación, se adquirirán las siguientes capacidades y competencias: -Capacidad para diseñar experimentos: Se fomentará la habilidad para diseñar experimentos que permitan validar las hipótesis planteadas en el proyecto de investigación, así como analizar críticamente los resultados obtenidos. Esto se llevará a cabo mediante reuniones semanales con el tutor para establecer sinergias de trabajo, así como participando en seminarios de grupo y departamento. -Preparación de manuscritos de investigación: Se desarrollará la capacidad para preparar manuscritos de investigación con la ayuda del tutor, destinados a su publicación en revistas internacionales. -Potenciación de la interacción científica: Se fomentará la interacción científica con el tutor y otros investigadores colaboradores del proyecto. -Formación técnica avanzada: Gracias al acceso a metodologías y tecnologías de última generación, el investigador recibirá una alta capacitación técnica que le permitirá plantear el desarrollo de proyectos innovadores en el futuro. Además, podrá participar en cursos específicos organizados por las Unidades Técnicas del CBM. -Mejora de habilidades de comunicación científica: El investigador tendrá la oportunidad de exponer y discutir su trabajo en el Grupo y Departamento del Dr. Flores, lo que contribuirá significativamente a mejorar sus habilidades de comunicación, habilidades esenciales para su futura carrera científica. Propuesta de Trabajo: Los telómeros, complejos de nucleoproteínas compuestos por repeticiones TTAGGG en mamíferos y las proteínas que se unen a ellas, desempeñan un papel crucial en la génesis de la mayoría de los tumores. La evidencia muestra que en el cáncer humano, así como en modelos de ratón, se produce un acortamiento telomérico y la aparición de fusiones teloméricas, lo que conduce a la inestabilidad genómica. Recientemente, nuestro grupo ha demostrado que las fusiones teloméricas son frecuentes en el cáncer humano (Muyas, Rodríguez et al. Nat. Commun. 2014). A pesar de su relevancia, nuestra comprensión de los patrones y consecuencias de las fusiones teloméricas en	<a href="https://www.cbm.uam.es/es/investigacion/programas/dinamica-y-funcion-del-genoma/mantenimiento-e-inestabilidad-del-genoma/telomeros-en-cancer">https://www.cbm.uam.es/es/investigacion/programas/dinamica-y-funcion-del-genoma/mantenimiento-e-inestabilidad-del-genoma/telomeros-en-cancer</a>



REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1656	FOIX SALMERON, SERGIO	s.foix@csic.es	INSTITUTO DE ROBOTICA E INFORMATICA INDUSTRIAL	CNN-based models for policy learning in Robotic cloth manipulation tasks	<p>At the Perception and Manipulation Laboratory, in the context of the SOFTENABLE European project, we investigate how robots can learn, execute and understand the manipulation of garments for complex tasks such as laundry handling, opening sealed bags, folding and unfolding hospital gowns, among others. For such purposes, we have developed different intelligent grippers that are capable of mimicking the required human prehensile actions.</p> <p>Moreover, we are also developing techniques for robot transfer learning by means of kinesthetic teaching and visual human demonstration. Under these conditions, the student will dedicate the time investigating about action decision-making algorithms based on the interpretation of force and close range visual information. Her/His research will focus on: creating a benchmark dataset based on force and visual data, and developing CNN-based models for direct robot action control in manipulation of garments tasks, such as the ones listed above. The project will have a duration of 7 months that will give the student the opportunity to learn the latest Deep Learning techniques and to evaluate the solution in realistic scenarios. The student will be encouraged to collaborate with international partners and to produce a scientific publication.</p>	<a href="https://www.iri.upc.edu/research/perception">https://www.iri.upc.edu/research/perception</a>
JAEINT24_EX_0487	FONTECHA ALONSO, FRANCISCO JAVIER	j.fonoteca@csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACION EN CIENCIAS DE LA ALIMENTACION	LIPIDOS DE LA DIETA Y PREVENCIÓN DE ENFERMEDADES CRONICAS	<p>Las líneas de investigación que se abordan en el grupo están dirigidas al desarrollo de estrategias para el enriquecimiento de alimentos con componentes lipídicos minoritarios pero de elevada actividad biológica como ácidos Omega-3, fosfolípidos y esfingolípidos. Estos componentes se han asociado en estudios previos del grupo en la prevención de enfermedades cardiovasculares, prevención del deterioro cognitivo leve asociado al envejecimiento y mejora del desarrollo cognitivo de recién nacidos. La persona candidata se formará específicamente en la capacidad de evaluar el papel de ciertos lípidos biomarcadores precisos y fiables que reflejen cambios por exposición a nutrientes y a sus efectos bioactivos. Los estudios incluyen el aprendizaje en el manejo de herramientas analíticas de alta resolución como GC/MS y HPLC-ELSD ("lipidómica"), y abordar procesos de digestión in-vitro para la determinación de bioaccesibilidad y biodisponibilidad de los componentes de estudio, principalmente los lípidos bioactivos. Entre los ingredientes bioactivos a estudiar, nuestro grupo es pionero en el aislamiento y caracterización, así como la trazabilidad de la membrana del glóbulo graso lácteo (MFGM) que es una trícapa lipídica que consiste en una mezcla compleja de glicoproteínas con especial actividad en potenciar el sistema inmunitario. Igualmente contiene una fracción lipídica donde destacan los fosfolípidos y esfingolípidos que se asocian principalmente con el desarrollo del sistema nervioso central y por tanto con la actividad cognitiva. Nuestros estudios se realizan mediante intervenciones dietéticas en modelos animales y en humanos, y permiten correlacionar, mediante herramientas analíticas de elevada resolución, las variaciones que ocurren tanto a nivel fisiológico como en fluidos y tejidos biológicos con el consumo de un concentrado de MFGM y su efecto en la actividad cognitiva y específicamente la memoria. El fin último de estos estudios es contribuir al desarrollo alimentos funcionales dirigidos hacia la prevención temprana de enfermedades, en concreto el estudio del neurodesarrollo en recién nacidos, así como la prevención del deterioro cognitivo durante el envejecimiento en adultos mayores. La persona candidata tendría la oportunidad de formarse en el campo de la alimentación-salud, así como de adquirir conocimientos en técnicas analíticas de proteómica y lipidómica.</p>	<a href="https://www.cial.uam-csic.es/pagperso/blas/">https://www.cial.uam-csic.es/pagperso/blas/</a>
JAEINT24_EX_0459	FORTUNA ALCOLADO, MIGUEL ANGEL	fortuna@ebd.csic.es	ESTACION BIOLOGICA DE DOÑANA	Artificial Intelligence for designing genomes of digital organisms	<p>Digital evolution is a form of evolutionary computation in which self-replicating computer programs—digital organisms—evolve within a user-defined computational environment. Avida is the most widely used software platform for research in digital evolution and has established itself as a valuable approach in biology, bridging experimental research with computational modelling. It satisfies the three essential requirements for evolution to occur: replication, heritable variation, and differential fitness. The latter arises through competition for the limited resources of memory space and central processing unit (CPU) time. A digital organism in Avida consists of a sequence of instructions—its genome—and a virtual CPU, which executes these instructions. The sequence space for digital organisms with a genome length (number of instructions) L taken from an alphabet of available instructions A comprises <math>A^L</math> different genomes. If we consider genomes with <math>L = 100</math> instructions drawn from an alphabet of <math>A = 26</math> instructions (i.e., Avida's genetic language), the sequence space is huge: <math>26^{100} = 3.14 \times 10^{141}</math>. A genome in this space encodes a viable organism if it is capable of self-replication. Sampling viable genomes from this sequence space by taking random sequences of 100 instructions is computationally very expensive (e.g., more than a million random sequences are required to find a single viable genome). We need a much more efficient method for finding viable genomes that can be used as ancestors in our evolutionary experiments. Artificial Intelligence approaches can help us in this task. Generative Adversarial Networks (GANs) are a class of machine learning thaty mimic evolutionay arm races. A GAN consists of two artificial neural networks with multiple layers that are trained concurrently: a generative network and a discriminative network. The generative network uses Gaussian random noise to produce genomes as real as possible. Therefore, it is trained to produce fake genomes. The discriminative network receives real and fake genomes and differentiates whether the input is real or not. Both the generative and discriminative networks play concurrently against each other to maximize their objectives. This project will be focused on applying GANs to find viable genomes from the sequence space for research in digital evolution. The approach will shed light on designing novel genomes in natural organisms as well.</p>	<a href="https://fortunabio.org">https://fortunabio.org</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0717	FRANCO ZORRILLA, JOSE MANUEL	jmfranco@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Estudio de las interacciones proteína-DNA implicadas en las respuestas de las plantas a condiciones medioambientales cambiantes.	Las plantas están sometidas a multitud de estímulos externos y condiciones medioambientales cambiantes que afectan a su desarrollo. La regulación transcripcional, ejercida por los factores de transcripción (FTs), constituye el nivel más importante de regulación de la actividad génica en respuesta a estímulos ambientales. El conocimiento preciso de las bases moleculares del reconocimiento de los FTs a sus genes diana puede contribuir a la mejora y optimización del crecimiento y rendimiento de las plantas bajo situaciones medioambientales adversas. El/la candidato/a participará en el estudio funcional de diferentes FTs relacionados con combinaciones de condiciones ambientales relacionadas con el cambio climático y que suponen un estrés para las plantas. Los análisis funcionales incluirán la determinación experimental de los genes diana y la caracterización de líneas mutantes (inserción de T-DNA o CRISPR-Cas9) bajo las condiciones de crecimiento adversas en las que estén implicados los FTs. Además, contribuirá al estudio de la influencia de diferentes regiones de los FTs fuera del dominio de unión a DNA —en particular de regiones intrínsecamente desordenadas— en el reconocimiento específico de los genes diana de FTs. Las técnicas y estrategias que el/la candidato/a tendrá la oportunidad de aprender incluirán las más habituales de un laboratorio de biología molecular (diferentes estrategias de clonación de genes, expresión y purificación de proteínas, qPCR, genotipado de plantas, etc.), así como otras más propias del estudio de genomas vegetales, tanto experimentales (DAP-Seq, ChIP-seq, ATAC-seq, etc.) como computacionales. El laboratorio de acogida tiene una amplia experiencia en la aplicación de estrategias genómicas para el estudio de la regulación de la expresión génica en genomas vegetales. El/la estudiante tendrá la oportunidad de familiarizarse con las aproximaciones más punteras en el campo de la biotecnología vegetal, y se formará en un ambiente multidisciplinar, que incluye un abordaje experimental con otro puramente computacional, lo que otorga al laboratorio una característica singular. Por su parte, el CNB es un centro puntero en el ámbito de las ciencias de la vida, también con una naturaleza multidisciplinar y del que el alumno podrá participar en los diferentes seminarios y actividades formativas.	<a href="https://www.cnb.csic.es/index.php/es/component/k2/item/1908-regulation-of-gene-expression-in-plants">https://www.cnb.csic.es/index.php/es/component/k2/item/1908-regulation-of-gene-expression-in-plants</a>
JAEINT24_EX_0028	FRANQUESA FUENTETAJA, MAGIN	magi.franquesa@ipe.csic.es	INSTITUTO PIRENAICO DE ECOLOGIA	Análisis a largo plazo de la dinámica de la cubierta vegetal y su interacción con los procesos de cambio climático en la Península Ibérica e Islas Bal	El cambio climático representa uno de los mayores desafíos ambientales de nuestro tiempo, afectando no solo a los sistemas climáticos globales sino también a los ecosistemas terrestres y la biodiversidad. Dentro de este contexto, la interacción entre el clima y la vegetación emerge como un campo crítico de estudio, dado que la vegetación no solo se ve afectada por el clima, sino que también juega un papel fundamental en la regulación de procesos climáticos a través de la captura de carbono, el balance de energía y el ciclo hidrológico. Este plan de formación propone investigar el impacto del cambio climático en la dinámica de la vegetación, enfocándose principalmente en las perturbaciones y cambios de los usos del suelo que afectan a la capacidad de los ecosistemas para adaptarse a condiciones climáticas cambiantes. El trabajo se basará en el análisis de anomalías en la actividad vegetal, detectadas a través de índices de vegetación como el NDVI (Índice de Vegetación de Diferencia Normalizada) derivados de imágenes satelitales. Para ello, el estudiante dispondrá de una base de datos de anomalías de la actividad vegetal, desarrollada recientemente por nuestro grupo de investigación y que abarca desde 1981 hasta la actualidad, con el objeto de analizar distintas propiedades de la dinámica de la vegetación, así como el impacto de eventos extremos, tales como incendios o sequías extremas que han afectado la vegetación en la Península Ibérica en los último 40 años.	<a href="http://www.ipe.csic.es/hidrologia-ambiental">http://www.ipe.csic.es/hidrologia-ambiental</a>
JAEINT24_EX_1144	FRIAS AREVALILLO, MJUANA	frias@ictan.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIA Y TECNOLOGIA DE ALIMENTOS Y NUTRICION	MEJORA DE VARIETADES DE ARROZ COLOREADO Y SU APLICACIÓN EN ALIMENTOS SALUDABLES	La persona seleccionada participará en los proyectos de investigación del grupo GRAINS4HEALTH (Semillas grano para mejorar la salud) del ICTAN con el fin de contribuir a su formación y complementar sus habilidades profesionales en un entorno científico. Esta etapa formativa consistirá en su participación en actividades científicas que abarcan desde la caracterización nutricional de las harinas de legumbres, cereales y pseudocereales como fuente de nutrientes, como en la elaboración de nuevos alimentos saludables "plant-based" y su análisis sensorial, siguiendo las nuevas tendencias de los consumidores. La persona seleccionada se familiarizará con las bases de datos bibliográficas del CSIC para realizar la búsqueda de publicaciones científicas y patentes relacionadas con su trabajo, así como en el diseño y la elaboración de artículos científicos. Para ello, se implicará en todo el proceso de obtención, procesamiento e interpretación de los resultados obtenidos, así como en la elaboración de informes. De esta manera, podrá conseguir tener una visión integrativa del proceso de la investigación que se realiza en un centro de investigación del CSIC del ámbito de la Ciencia de los Alimentos y la Nutrición. Esta formación se complementará con aspectos generales de buenas prácticas de laboratorio y de gestión de la calidad en un entorno de trabajo de investigación como son la preparación de protocolos, gestión de muestras y reactivos, verificación y calibración de equipos, realización de informes y su validación, etc., así como en temas de riesgos laborales en el ámbito de trabajo, que complementarán su formación y le serán de gran utilidad para el desarrollo de su trabajo futuro. La persona seleccionada, además, asistirá a los seminarios que se realizan de manera regular en el ICTAN y en otros centros de investigación, aumentando sus conocimientos sobre las distintas disciplinas e investigaciones que se realizan en el CSIC. Por último, durante el periodo de disfrute de su beca, la persona seleccionada se le invitará a colaborar en las actividades de divulgación que se realizan por el grupo GRAINS4HEALTH, con el fin de fomentar sus habilidades comunicativas.	<a href="http://www.ictan.csic.es">www.ictan.csic.es</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1334	FRUTOS GOMEZ, MERCEDES DE	mfrutos@iqog.csic.es	INSTITUTO DE QUIMICA ORGANICA GENERAL	Análisis de complementos alimenticios proteicos. Desarrollo de métodos electroforéticos de alta resolución para control de calidad y seguridad	Los complementos alimenticios son percibidos por los consumidores como alternativas naturales a los fármacos, lo que ha potenciado su uso en una sociedad cada día más motivada por aspectos relacionados con la salud y la forma física. Su distribución a través de farmacias, herbolarios, supermercados e internet originó un mercado que superó los 167 billones de dólares en 2023. Las limitaciones de las regulaciones de estos complementos en la Unión Europea y en España facilitan las prácticas fraudulentas, originando problemas relacionados con su calidad y seguridad. Para poder detectar discrepancias cualitativas o cuantitativas entre el etiquetado y la composición real de compuestos bioactivos es necesario desarrollar métodos analíticos sensibles y selectivos. El estudio que se plantea está dirigido al control de complementos alimenticios basados en proteínas lácteas, concretamente los que contienen lactoferrina, incluyendo los complementos comercializados como "Lactoferrina" y los comercializados como "Calostro". Entre las aplicaciones descritas por los vendedores de estos complementos están las mejoras de los sistemas inmune y digestivo, la salud mental, la piel, y el rendimiento deportivo. Partiendo de la experiencia que este grupo de investigación tiene en el desarrollo de métodos de análisis de proteínas, incluyendo las de origen lácteo, y más concretamente de glicoproteínas, la persona que se incorpore a este estudio se formará en el desarrollo de métodos de electroforesis capilar para una glicoproteína que no hemos abordado hasta el momento, la lactoferrina. El estudio incluirá las fases de preparación de la muestra, separación y detección. Su aplicación posterior permitirá detectar fraudes como los realizados por sustitución por otra proteína de menor valor, así como un menor contenido en lactoferrina del declarado bien por fraude o por pérdida durante la producción y almacenamiento. La persona seleccionada se formará tanto en aspectos básicos de la química analítica como en su aplicación en campos relacionados con la alimentación y la salud. Su trabajo experimental se complementará con la formación en búsquedas bibliográficas y uso de bases de datos, el tratamiento de los datos obtenidos para elaborar resultados, la presentación de los mismos y la asistencia a cursos, conferencias y seminarios.	<a href="http://www.iqog.csic.es/es/researchline/grupo-de-analisis-instrumental-en-medio-ambiente-alimentos-y-salud">http://www.iqog.csic.es/es/researchline/grupo-de-analisis-instrumental-en-medio-ambiente-alimentos-y-salud</a>
JAEINT24_EX_1668	FUENTE JUAN, MARIA ASUNCION	afuente@cab.inta-csic.es	CENTRO DE ASTROBIOLOGIA	Chemistry of carbon chains in the interstellar medium	Interstellar medium is the prime material from which stars and planets are formed and its chemical composition is of maximum interest. The interstellar medium consists primarily of hydrogen gas but, there are small but important contributions from other gases as well, including carbon-bearing molecules, sometimes simple like carbon monoxide and carbon dioxide, but also complex like ethene, benzene, propynal, methanol and other alcohols, and cyanides. There are even some very large molecules like polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) and fullerenes with fifty or more carbon atoms (C60 and C70). Carbon chain molecules are particularly interesting because they are thought to be the starting point for a significant fraction of the known large compounds in the interstellar medium. It is even suspected that carbon-chain species are a key stage in the formation of PAHs and fullerenes. These interstellar molecules are thought to be formed in gas-phase through ion-molecule reactions (bottom-up chemistry), although some of them might also be produced by the erosion interstellar grains in a top-down scenario. Although 43% of the molecules detected in space are carbon chains, but still there are important doubts on their formation routes and their possible chemical connection with PAHs, fullerenes and interstellar grains. Gas phase Elemental abundances in Molecular Clouds (GEMS) (Pi: A. Fuente) is an IRAM 30-m Large Program aimed at determining the S, C, N, and O depletions in a set of selected prototypical star-forming regions. We will use the GEMS database to investigate the formation and destruction routes of carbon-chains in a sample of 23 starless cores located in Taurus, Perseus, and Orion. We will analyse in details the chemistry of these molecules to determine their relationship with the formation of large interstellar compounds (PAHs, fullerenes, organics). The student will carry out the following tasks: 1.- Derive the abundances of carbon chains molecules (CnH, CnS, CnO) using radiative transfer models (LTE, RADEX). 2. Determine the physical and chemical conditions in each core by fitting the obtained abundances with the fast neural chemistry emulator developed by our group. 3.- Investigate the formation and destruction routes of carbon chains in a selected sample of starless cores (2 or 3) using the chemical code Nautilus. These tasks will provide a basic formation in the analysis, reduction and interpretation of millimeter data and astro	<a href="https://cab.inta-csic.es/investigacion/lineas-de-investigacion/grupo-de-medio-interstellar-y-circunestelar/">https://cab.inta-csic.es/investigacion/lineas-de-investigacion/grupo-de-medio-interstellar-y-circunestelar/</a>
JAEINT24_EX_0624	GABRIEL BUGUÑA, GEMMA	gemma.gabriel@imb-cnm.csic.es	INSTITUTO DE MICROELECTRONICA DE BARCELONA	Comfortable EEG, EMG skin electrodes	The Biomedical Applications Group (GAB) at the Institute of Microelectronics of Barcelona (IMB-CNM, CSIC) located at the UAB Campus is looking for a student to participate in the field of skin wearable sensors development. We are exploring a novel technology for building a next generation of skin electronics devices for non-invasive sleep monitoring. Our focus lies in the development of tattoo skin electrodes, aiming to provide improved comfort and wearability. We expect to monitor sleep disorders through advanced EEG and EMG recordings in real-life. The project also aims to explore the assembly of high-density e the accuracy and efficiency of electromyography recordings. Depending on your background you can participate in some different aspects of the tattoo device development: - Setup a fabrication process for skin electronics technology by means of printing technologies (inkjet printing, screen printing) - Performance characterization of the manufactured prototypes: mechanical tests, electrical and/or electrochemical characterizations. - Conduct breathability and biocompatibility evaluation of the prototypes - Integration of the devices with the electronic system for signal processing - Validate the devices and participate in the electrophysiological measurements (EEG and EMG recordings) in collaboration with experts in the field	<a href="https://gab.imb-cnm.csic.es/">https://gab.imb-cnm.csic.es/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0409	Gaillard , Helene	helene.gaillard@cabimer.es	CENTRO ANDALUZ DE BIOLOGIA MOLECULAR Y MEDICINA REGENERATIVA	Factors and mechanisms underlying manganese-induced cell damage	Manganese (Mn) is a trace element that is essential for life by acting, among other mechanisms, as a divalent metal cofactor for enzymes such as the mitochondrial enzyme superoxide dismutase 2, the apical activator of the DNA damage response serine/threonine kinase ATM or the Mn-activated glutamine synthetase. However, Mn becomes toxic when enriched in the human body. Overexposure to Mn leads to oxidative stress and alteration of enzymatic activities including DNA polymerases, telomerase and TORC1 signalling, among others. Despite the relevance of these functions in disease state such as cancer and neurodegenerative disorders, the molecular mechanisms underlying Mn-induced cell death or 'manganotoxicity' (from manganese and thanatos) are yet poorly studied. In this project, budding yeast and human cell cultures will be used as eukaryotic model organisms to explore manganotoxicity pathways and improve our knowledge on the factors and mechanistic causes underlying Mn-induced cell damage. For this purpose, molecular and cellular techniques will be employed, including the generation of yeast strains expressing GFP-tagged repair proteins and visualization of repair centers by fluorescence microscopy in different conditions and phases of the cell cycle, molecular analysis of damage and repair kinetics in wild-type and mutant cells of interest. In human cell cultures, siRNA will be used to deplete proteins of interest and DNA damage will be assessed by immunofluorescence of reporter proteins and molecular assays such as single cell electrophoresis (comet assay).	<a href="https://www.cabimer.es/en/research-groups/mitochondrial-plasticity-and-replication/">https://www.cabimer.es/en/research-groups/mitochondrial-plasticity-and-replication/</a>
JAEINT24_EX_0259	GALAN SICILIA, BEATRIZ	bgalan@cib.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS MARGARITA SALAS	Aplicación de la biotecnología a la producción de biopolímeros y compuestos antitumorales	En el grupo de Biotecnología Medioambiental utilizamos técnicas de Biología Sintética y de Ingeniería Metabólica para el desarrollo de procesos biotecnológicos en los que aplicamos bacterias recombinantes con dos objetivos fundamentales. Por un lado, nos interesa eliminar contaminantes ambientales y por otro, queremos producir sustancias de interés industrial como por ejemplo fármacos, biocombustibles, biomateriales, enzimas, etc., de manera sostenible desde el punto de vista económico y medioambiental. El plan de formación que se propone podrá ser seleccionado por el candidato a partir de una de las dos de las líneas de trabajo que se explican a continuación: 1) Aplicación de la biotecnología a la producción de compuestos antitumorales. El objetivo de este proyecto es mejorar la producción de un compuesto antitumoral que es excretado al medio extracelular por una bacteria marina. En este proyecto se colaborará estrechamente con la empresa PharmaMar. Para conseguir una mayor producción del compuesto, la bacteria productora se modificará genéticamente utilizando técnicas de Biología Sintética, con el fin de aumentar el flujo metabólico hacia la biosíntesis. Una vez construidas las nuevas cepas se ensayarán para cuantificar el aumento de producción. 2) Aplicación de la biotecnología a la producción de biopolímeros. El principal objetivo de este proyecto es la producción de un bioplástico, biodegradable y bio-compatibles específico que es, hasta la fecha, el único cuyo uso está autorizado en aplicaciones biomédicas. Además, debido a que se obtiene con bajo rendimiento su producción no está todavía bien establecida en la industria biotecnológica. Por ello, conseguir su producción es de gran interés. Al igual que el proyecto anterior se utilizará una bacteria productora y se aplicarán técnicas de Biología Sintética para desviar el flujo metabólico hacia la producción de este compuesto y conseguir así cepas hiperproductoras. Las nuevas cepas se ensayarán para cuantificar el aumento de producción. En este proyecto formativo el estudiante será entrenado en tecnologías avanzadas, a la vez que se integra en una línea de investigación actual y de gran demanda en el ámbito académico e industrial. El alumno aprenderá a llevar a cabo de forma autónoma experimentos, desde el diseño de los mismos hasta su ejecución. La formación se complementará con la asistencia a los seminarios de los científicos nacionales y extranjeros que se imparten en el CIB.	<a href="https://www.cib.csic.es/departamentos/biotecnologia-microbiana-y-de-plantas/biotecnologia-medioambiental">https://www.cib.csic.es/departamentos/biotecnologia-microbiana-y-de-plantas/biotecnologia-medioambiental</a>
JAEINT24_EX_1338	GALIMANY SANROMA, EVA	galimany@icm.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS DEL MAR	Estado de salud de recursos pesqueros en un contexto de cambio global	Los recursos pesqueros marinos constituyen un gran porcentaje de la economía mundial; el conocimiento sobre el estado de sus poblaciones es crucial para el manejo adecuado de dichos recursos. Este campo de estudio cobra mayor relevancia en un contexto de cambio global, en el cual los recursos pueden cambiar en abundancia y distribución, adaptándose así al cambio climático. Un buen ejemplo en el litoral mediterráneo español es la gamba blanca, <i>Parapeneus longirostris</i> . Esta especie se ve favorecida por el incremento de la temperatura y de salinidad por lo cual se ha convertido en uno de los recursos pesqueros más importantes para la flota de arrastre actual ( <a href="https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2023.115838">https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2023.115838</a> ). Su estudio es de gran importancia para realizar una gestión pesquera adecuada y sostenible manteniendo a su vez la socio-economía del sector pesquero. Por ello, el objetivo del presente proyecto es conocer el estado de salud, reproductivo y las afecciones o patógenos que pueden presentar las poblaciones de gamba blanca en la costa catalana. A su vez, se pretende comparar estos parámetros en sitios con diferentes niveles de impacto antrópico (Barcelona y La Ràpita) con el fin de detectar posibles indicadores de degradación ambiental. En el marco de este proyecto se realizarán las siguientes actividades: 1) Se coleccionarán estacionalmente durante 1 año 30 ejemplares en dos zonas de pesca de la costa catalana (Barcelona y La Ràpita) utilizando el monitoreo en continuo de ICATMAR mediante barcos de arrastre. 2) Los especímenes se procesarán en fresco. Se tomarán medidas de longitud y peso, se determinará el sexo, el peso de la gónada de las hembras y el estadio gonadal. Una porción de cada órgano se fijará para histología, microscopía electrónica de transmisión (MET) y análisis moleculares. 3) Se realizarán cortes histológicos para determinar el desarrollo gonadal en hembras y para detectar parásitos, patologías o anomalías en los tejidos. 4) En el caso de encontrar parásitos o patologías se estudiarán junto con especialistas a través de MET y análisis moleculares. Dicho proyecto se llevará a cabo en colaboración de la Dra. Carmen Gilardoni, investigadora postdoctoral del ICM-CSIC que presenta experiencia en el campo de la parasitología marina.	<a href="https://www.icm.csic.es/es/grupo-investigacion/ecologia-y-conservacion-de-los-recursos-marinos-vivos">https://www.icm.csic.es/es/grupo-investigacion/ecologia-y-conservacion-de-los-recursos-marinos-vivos</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0450	GALLARDO ARMAS, BELINDA	belinda@ipe.csic.es	INSTITUTO PIRENAICO DE ECOLOGIA	APLICACIÓN DE LAS TÉCNICAS DE INTELIGENCIA ARTIFICIAL Y MODELIZACIÓN ECOLÓGICA A LA INVESTIGACIÓN SOBRE ESPECIES INVASORAS	Contexto: Las especies exóticas invasoras tienen impactos profundos sobre los ecosistemas nativos y la biodiversidad. El Panel Intergubernamental para la Biodiversidad y los Servicios Ecosistémicos (IPBES) reconoce a las invasiones biológicas como una de las 5 grandes causas de pérdida de biodiversidad global, y ha publicado recientemente la mayor recopilación de evidencia hasta el momento. Como caso de estudio, el proyecto se centra en las especies invasoras de aguas continentales (plantas, peces, moluscos, invertebrados, crustáceos), uno de los grupos que el informe IPBES señala como poco conocido. Objetivo: Explorar la aplicación de la Inteligencia Artificial (IA) y otras herramientas de modelización ecológica (modelos estadísticos en R) para abordar los retos que plantean las especies invasoras en ecosistemas acuáticos. Métodos: Exploraremos el potencial de la IA para: 1) extraer automáticamente datos acerca de la presencia (coordenadas) y características (rasgos biológicos, tolerancia ambiental) de especies invasoras acuáticas a escala global, y 2) describir los patrones espacio-temporales de invasión en ecosistemas acuáticos del mundo. Además, utilizaremos técnicas avanzadas de modelización ecológica para: 3) anticipar la expansión de especies invasoras bajo escenarios de cambio climático. Entre las habilidades que se desarrollarán en este trabajo podemos destacar: 1) optimización de prompts de IA para su uso en investigación aplicada, 2) revisión bibliográfica sistemática, 3) técnicas de modelización estadística, 4) especialización en gestión de recursos naturales. Capacidad formativa: B. Gallardo ha supervisado con éxito 15 estudiantes a distintos niveles (de grado a tesis) en España y Reino Unido. Ha supervisado una estudiante JAE-Intro 2022 que realizó su trabajo fin de máster simultáneamente, obtuvo la máxima calificación, y actualmente está en fase de enviar su trabajo a publicar en una revista internacional de alto impacto. Oportunidad de financiación para la realización de una tesis doctoral a largo plazo en el marco de proyectos nacionales e internacionales. Lugar de realización: El IPE-CSIC se encuentra a 15 km de la ciudad de Zaragoza. Se puede llegar en coche, en autobús urbano o en el bus del campus. Más info sobre el centro: <a href="https://ipepic.wordpress.com/category/actualidad/">https://ipepic.wordpress.com/category/actualidad/</a>	<a href="http://restauracionecologica.csic.es">restauracionecologica.csic.es</a>
JAEINT24_EX_0652	GALLARDO GUTIERREZ, EVA ANTONIA	eva.gallardo@icmat.es	INSTITUTO DE CIENCIAS MATEMATICAS	Subespacios invariantes para operadores normales. Extensiones.	En los años sesenta, Sarason probó que si $A$ es un operador de espacio de Hilbert complejo infinito dimensional normal (esto es $A$ conmuta con su adjunto), y si el operador $B$ deja invariante cada subespacio invariante de $A$ , entonces $B$ pertenece al álgebra débilmente cerrada generada por $A$ y la identidad. Esto puede considerarse como un refinamiento del teorema de la doble conmutante de von Neumann. El objetivo de este trabajo es el estudio de estos operadores y sus generalizaciones (en particular al caso en que $A$ sea un operador analítico de Toeplitz). Finalmente, su extensión al contexto de operadores subnormales y a la existencia de subespacios invariantes (S. Brown, Hyponormal operators with thick spectra have invariant subspaces. <i>Annals of Mathematics</i> (2) 125 (1987), no. 1, 93–103. )	<a href="https://www.icmat.es/researchers/groups/group-ou-p-b/">https://www.icmat.es/researchers/groups/group-ou-p-b/</a>
JAEINT24_EX_1414	GALLARDO HERNANZ, JOSE	jgallardo@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Caracterización por Microscopía de Fuerzas Atómicas de nuevas especies de Adenovirus	Los adenovirus (AdV) son virus icosaédricos sin envuelta con un genoma de 35kpb de dsDNA. Hay más de 100 tipos de adenovirus descritos capaces de causar infecciones en humanos, afectando especialmente a personas con el sistema inmune comprometido. Además, la aplicación de AdVs como vectores, nanoportadores y vacunas ha demostrado el potencial de estos virus como herramientas terapéuticas. La caracterización de partículas de adenovirus mediante técnicas biofísicas como la microscopía de fuerzas atómicas (AFM) ha permitido relacionar las propiedades mecánicas de estas partículas con aspectos relacionados con el ciclo viral. Así hoy entendemos mejor el desensamblaje de la partícula de adenovirus durante el ciclo infeccioso gracias a la caracterización por AFM. Tradicionalmente el adenovirus tipo C 5 (HAdV-C5) ha sido el modelo para el estudio en AFM, pero el análisis de las propiedades mecánicas de adenovirus de distintas especies, mutantes en el proceso de maduración que sufren de forma natural los adenovirus o partículas sin genoma, aportarían nueva información sobre cómo se comportan estos virus durante la infección. El adenovirus de lagarto de tipo 2 (LAdV-2), miembro de la familia Atadenoviridae, diferente a la de AdVs humanos (Mastadenoviridae), presenta diferencias en la composición de proteínas en la partícula viral, además de una mayor termoestabilidad, lo que hace de este espécimen un interesante candidato para su aplicación como herramienta terapéutica. El mutante de AdV humano HAdV-C2 ts1 produce partículas de adenovirus que no sufren maduración, siendo un modelo excelente para entender cómo la maduración afecta a las propiedades mecánicas de la partícula adenoviral. En definitiva, la caracterización por AFM de partículas de LAdV-2 y HAdV-C2 ts1 con y sin genoma aportaría nueva información sobre el ciclo de infección de estos virus. La oferta de formación se centraría en la producción de partículas virales de LAdV-2 o HAdV-C2 ts1 y su caracterización por AFM. La persona seleccionada se formará bajo la dirección de la Dra. Carmen San Martín y el Dr. José Gallardo, del grupo de Determinantes estructurales y físicos del ensamblaje viral del Centro Nacional de Biotecnología (CNB-CSIC). La caracterización por AFM se realizará en colaboración con el Prof. Pedro José de Pablo, del Departamento de Física de la Materia Condensada de la Universidad Autónoma de Madrid.	<a href="https://www.cnb.csic.es/index.php/es/component/k2/item/230-carmen-san-martin">https://www.cnb.csic.es/index.php/es/component/k2/item/230-carmen-san-martin</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0275	GALLEGO BARTOLOME, JAVIER	jagalbar@ibmcp.upv.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA MOLECULAR Y CELULAR DE PLANTAS PRIMO YUFERA	Regulación epigenética de la accesibilidad a la cromatina en plantas.	<p>La compactación de la cromatina es importante para una correcta expresión génica y organización del genoma. Esta compactación depende en gran medida de los nucleosomas, que son estructuras formadas por la asociación de histonas con el DNA, y que representan la unidad básica de la cromatina. Las células poseen diferentes complejos remodeladores de cromatina cuya función es regular la compactación de la cromatina a través de la regulación del posicionamiento de los nucleosomas. Nuestro laboratorio está interesado en cómo los complejos remodeladores de cromatina regulan la accesibilidad a la cromatina y cómo diferentes marcas epigenéticas, como la metilación del DNA y modificaciones de histonas, influyen en su actividad. Estamos particularmente interesados en los procesos dinámicos que ocurren durante la respuesta transcripcional de las plantas al estrés ambiental. Para abordar estas preguntas, utilizamos técnicas de biología molecular, bioquímica y bioinformática y trabajamos con la planta modelo <i>Arabidopsis</i>. Recientemente hemos identificado un complejo remodelador de cromatina que contiene componentes conservados en complejos remodeladores de otros organismos, como humanos, moscas o levaduras, pero también contiene componentes que solo están presentes en plantas y que son de función desconocida. El objetivo de este proyecto es la caracterización funcional de uno de estos componentes. Para ello disponemos en el laboratorio de varias herramientas que incluyen mutantes de inserción y líneas transgénicas que expresan la proteína fusionada a una etiqueta para realizar experimentos de inmunoprecipitación. Las tareas principales del estudiante serán i) la caracterización fenotípica del mutante en condiciones normales y en respuesta a diferentes estreses ambientales, ii) la generación de nuevas líneas transgénicas para caracterizar la localización de la proteína in vivo mediante proteínas fluorescentes y GUS y iii) la caracterización de los interactores de esta proteína mediante ensayos in vivo e in vitro.</p>	<a href="https://jagalbar.wixsite.com/gallego-bartolome">https://jagalbar.wixsite.com/gallego-bartolome</a>
JAEINT24_EX_1635	GALLEGO GONZALEZ, CARMEN	cggbmc@ibmb.csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA MOLECULAR DE BARCELONA	Synaptic plasticity and mental disorders: Study of mRNA condensates in schizophrenia	<p>Schizophrenia (SCZ) is a brain disease that affects how a person thinks, feels, and behaves. Evidence indicates that many aspects of the clinical manifestation of SCZ are due to alterations in synaptic function, which depends on the localisation of mRNAs at synapses for local protein synthesis. Moreover, the assembly of mRNAs into RNA condensates has emerged as an important mechanism underlying RNA trafficking in neurites. However, the molecular mechanisms that drive these processes and their relation to synaptic dysfunction are mostly unknown. Our preliminary analyses indicate that schizophrenia-associated variants are enriched in genes that encode mRNAs localised to neurites. We hypothesise that genomic/transcriptomic variability of mRNA condensates is central to synaptic connectivity impairments in SCZ and, therefore, will be associated with the risk for the disorder and will allow characterising clinical and neurobiological subgroups. The main goal of this project is to advance into the identification of molecular and cellular mechanisms underlying the pathophysiology of SCZ, as an essential step in identifying prediction markers and developing new treatments. To achieve this goal, we propose to tackle the following general objectives: 1) To study RNA condensate dynamics in dendrites focusing on dendritic spines 2) To identify putative modulators of RNA condensate entrapment and disaggregation by interatomic analysis 3) High-throughput analysis of neurite-localised transcriptome in human pluripotent stem cells (PSCs). To carry out these studies we will use different cell models: 1) Primary hippocampal neurons from E17-18 mouse embryos. 2) Organotypic brain slice cultures from mouse P4 and 3) Induced neurons (iNeurons) from PSCs. Our aim is that JAE Intro student, during the fellowship period, learns to work with the different cellular models and acquires experience in molecular and cellular biology techniques important for biological research in neurobiology.</p>	<a href="https://www.ibmb.csic.es/en/department-of-cells-and-tissues/control-of-local-mrna-expression/">https://www.ibmb.csic.es/en/department-of-cells-and-tissues/control-of-local-mrna-expression/</a>
JAEINT24_EX_0667	GALLEGOS FERNANDEZ, M.TRINIDAD	mtrini@eez.csic.es	ESTACION EXPERIMENTAL DEL ZAIDIN	Regulación de la virulencia por ARN pequeños en bacterias fitopatógenas	<p><i>Pseudomonas syringae</i> pv. <i>tomato</i> (Pto) DC3000 es una bacteria modelo utilizada para estudiar las interacciones entre plantas y fitopatógenos (Preston, 2000). Provoca la mancha bacteriana en el tomate gracias a su gran repertorio de efectores que se secretan a través del sistema de secreción tipo III y la fitotoxina coronatina, que altera la señalización mediada por el ácido jasmónico y estimula la apertura de los estomas, permitiendo la entrada de las bacterias al apoplasto. Además, Pto posee otras herramientas que contribuyen a su patogenicidad, como los flagelos y los biosurfactantes, que facilitan su movimiento, o los exopolisacáridos, que evitan la desecación. La ruta Gac-Rsm funciona como un regulador global en Pto DC3000 controlando la virulencia, la multiplicación en la planta, la eficiencia de inducción de la respuesta hipersensible (HR), la producción de sideróforos y el movimiento tipo swarming (Chatterjee, et al., 2003, Ge, et al., 2019, Nakatsu, et al., 2019, O'Malley, et al., 2019a; 2019b; Liu et al., 2021). Esta ruta combina un sistema de dos componentes (GacS/GacA) con un sistema de regulación postranscripcional compuesto por ARN no codificantes y por proteínas reguladoras de unión a ARN. Pto DC3000 posee siete ARN pequeños controlados por GacA y cinco proteínas de unión a ARN similares a CsrA/RsmA (Heeb et al., 2006; Kulkarni et al., 2006; Moll et al., 2010; Ferreiro et al., 2018; 2021; Ferreiro &amp; Gallegos, 2021; Ge, et al., 2019). El objetivo general del presente trabajo es la caracterización de la ruta Gac-Rsm de Pto DC3000 y la determinación de su papel fisiológico. Los objetivos específicos son el estudio de la expresión y regulación de: 1. Las proteínas reguladoras Rsm. 2. Los ARN reguladores de Rsm. 3. Los ARNm diana de la ruta Gac-Rsm. Este estudio se abordará desde un punto de vista multidisciplinar, utilizando nuevas metodologías (bioinformática, genómica, proteómica, etc.) combinadas con enfoques celulares y moleculares. Se construirán y caracterizarán fenotípicamente cepas mutantes en los componentes de la ruta Gac-Rsm y los genes diana. Nos centraremos en fenotipos importantes para la colonización de plantas y el desarrollo de síntomas, como swimming, swarming, producción de factores de virulencia, biosurfactantes, exopolisacáridos o síntesis de sideróforos. Además, se analizará la expresión génica en diversas condiciones (medios de laboratorio, in planta, etc.) mediante diferentes métodos in vivo e in vitro.</p>	<a href="https://www.eez.csic.es/interacciones-planta-bacteria">https://www.eez.csic.es/interacciones-planta-bacteria</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1491	GARAIGORTA DE DIOS, URTZI	ugarraigorta@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Identificación y caracterización de nuevos antivirales	La reciente pandemia causada por el SARS-CoV-2 ha puesto de manifiesto la necesidad de desarrollar moléculas antivirales que nos permitan estar preparados ante posibles epidemias o pandemias futuras causadas por virus (re)-emergentes. Con este objetivo general, en marzo del 2020 el Dr. Pablo Gastaminza y yo pusimos en marcha la Plataforma de Identificación y Caracterización de Antivirales. Desde entonces hemos cribado más de 10000 compuestos químicos experimentales provenientes de distintos laboratorios de síntesis química del CSIC y otras instituciones, dando lugar a la identificación de varias familias de compuestos con actividad antiviral frente a SARS-CoV-2 en cultivo celular. Estas familias de compuestos se han clasificado en base a la determinación del espectro antiviral frente a otros virus lo que ha permitido categorizarlas en antivirales selectivos y de amplio espectro. Además, las familias antivirales más interesantes se han optimizado químicamente mediante programas de química médica establecidos en colaboración con los químicos, dando lugar a nuevos compuestos antivirales con perfiles de actividad mejorados. Actualmente se continúa la caracterización de las familias más interesantes en cultivo celular para estudiar su modo de acción. El plan formativo incluye el aprendizaje y trabajo en cultivo celular con líneas celulares, y con virus del grupo de riesgo 2 (por ejemplo: el coronavirus 229E-GFP, el virus de la estomatitis vesicular y el virus de la gripe). El/la estudiante realizará ensayos de dosis respuesta con antivirales previamente identificados en nuestro grupo, para determinar los índices de actividad antiviral (EC50 y EC90) y la citotoxicidad (CC50). Ello permitirá calcular el índice terapéutico de los mismos y priorizar así los compuestos en base a dicho índice. Además, participará en los cribados de nuevas colecciones de compuestos siempre que dichas colecciones estén disponibles durante su estancia en el grupo. Aprenderá a validar los resultados mediante técnicas de biología molecular como la extracción y análisis de ARN mensajero por RT-qPCR. Participará en los seminarios de grupo semanales donde expondrá sus resultados y recibirá las críticas y sugerencias del resto de miembros del grupo. Además, asistirá a los seminarios de departamento y del centro para aprender aspectos no relacionados con las líneas de investigación de nuestro grupo, lo cual servirá para complementar su formación científica.	<a href="http://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/biologia-molecular-y-celular/garaigorta">http://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/biologia-molecular-y-celular/garaigorta</a>
JAEINT24_EX_0818	GARCIA ALVAREZ, JUAN ANTONIO	jagarcia@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Introducción a las bases moleculares de la interacción plantas-virus para el desarrollo de nuevas estrategias antivirales	Los virus han conseguido adaptarse con éxito a cualquier ecosistema. Aunque la mayoría de las infecciones virales naturales en plantas son asintomáticas o dan lugar a asociaciones mutualistas, los virus también pueden causar enfermedades muy graves, especialmente en agroecosistemas manipulados por el hombre. Tradicionalmente, el control de los virus que infectan plantas se ha basado en prácticas agronómicas apropiadas, prevención del tráfico de material contaminado e introducción de resistencia mediante mejora genética. Sin embargo, las fuentes de resistencia a menudo son escasas y a veces difíciles de transferir a la especie deseada. Comprender el proceso de infección viral es esencial para encontrar dianas de nuevas estrategias antivirales. El objetivo de nuestro laboratorio es contribuir a satisfacer esta necesidad. Nuestro principal tema de investigación es el plum pox virus, causante de la sharka, una de las enfermedades más importantes de árboles del género Prunus. Nuestra oferta se dirige a graduados interesados por entender las bases moleculares que definen la interacción entre las plantas y los agentes biológicos que las atacan y por estudiar las plantas como dianas y herramientas biotecnológicas. El plan de formación introducirá al titular de la beca en el estudio de la biología molecular de las plantas y de las infecciones virales. El trabajo experimental tendrá un objetivo concreto dentro del programa de investigación del laboratorio definido junto con el becario. Durante su estancia, el becario se entrenará en una variedad de técnicas: clonaje, secuenciación, ultrasecuenciación, análisis bioinformático, genómica, proteómica, PCR y RT-PCR, cultivo in vitro de plantas, obtención de plantas transgénicas, expresión transitoria por biolística y agroinfiltración o microscopía óptica, confocal y electrónica. El becario tendrá la supervisión directa de un tutor postdoctoral y de mí mismo para guiarle en el diseño y análisis de los experimentos y en el aprendizaje de las técnicas a desarrollar. Asistirá a seminarios semanales del laboratorio, e impartirá al menos uno inicial para plantear su proyecto de investigación y otro final para discutir los resultados obtenidos. Su contribución se verá acreditada en las comunicaciones a congresos (no descartándose su propia asistencia) y en las publicaciones científicas derivadas de dichos resultados.	<a href="https://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/genetica-molecular-de-plantas/interaccion-planta-patogeno-">https://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/genetica-molecular-de-plantas/interaccion-planta-patogeno-</a>
JAEINT24_EX_0503	GARCIA ARROYO, ALICIA	agarroyo@cib.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS MARGARITA SALAS	Identifying regulators of endothelial immune surveillance by patrolling monocytes to promote vascular health	Patrolling monocytes (PMo) are endowed with the ability to crawl along the apical side of the endothelium in search of damage to promote its repair. Our group proposed that PMo crawling & search mode are coupled shifting from diffusive random in healthy conditions to Lévy-like walk in the presence of damaged endothelium (Moreno-Cañadas et al., Front Immunol 2021). Maintaining the endothelium in good condition is essential to prevent cardiovascular and metabolic disorders and promote healthy aging. However, the damaging cues exposed by the endothelium to switch PMo crawling & search mode and the mechanisms underlying restoration of endothelial homeostasis remain largely unknown. In this line, our team recently found that the absence of the MT4-MMP protease increased intravascular PMo surveillance (Clemente et al., Nat Commun 2018). We hypothesize that deciphering endothelial damage signals and their crosstalk with PMo will help identify regulators whose targeting may boost the protective actions of PMo in the vasculature. The JAE Intro fellow will be trained in a variety of techniques to develop the following objectives and work plan: 1. Search for endothelial cell stimulators that promote PMo Lévy-like walk. Mouse lung endothelial cells (MLEC) will be stimulated with factors related to inflammation, hypoxia or mechanical forces and then mouse PMo-like cells will be added to Ibidi plates. Co-cultures will be recorded by multidimensional microscopy and single-cell image analysis and hierarchical clustering will be performed with ImageJ and R to characterize cell motility patterns according to Lévy-like walk descriptors. 2. Characterizing the mechanisms by which PMo recognize endothelial damage. Candidate-based damage signals will be explored in MLEC stimulated with different agents by staining fixed and live cells with Annexin probes and visualizing them with super-resolution & time-lapse confocal microscopy and 3D reconstruction (Imaris®). The impact of their blockade on PMo Lévy-like walk will be analyzed by multidimensional microscopy as in 1. Activated MLEC will be labeled with lipophilic probes, co-cultured with PMo for 3 hours and possible promotion of endothelial cell repair by PMo engulfment analyzed by conventional & image flow cytometry and quantified with FlowJo & IDEAS software. This project will lay the foundation for host-directed PMo-based immunotherapies to prevent endothelial dysfunction and reduce cardio-metabolic diseases	<a href="https://www.cib.csic.es/research/molecular-biomedicine/matrix-metalloproteinases-angiogenesis-and-inflammation">https://www.cib.csic.es/research/molecular-biomedicine/matrix-metalloproteinases-angiogenesis-and-inflammation</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0262	GARCIA BALLESTEROS, OLGA	ogarcia@ictp.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIA Y TECNOLOGIA DE POLIMEROS	Nuevas Nanopartículas Híbridas Poliméricas como Sensores Fluorescentes y Agentes Antibacterianos.	El Objetivo es sintetizar, caracterizar y optimizar nuevos sistemas híbridos nanoestructurados formados por nanopartículas (NPs) poliméricas multifuncionales, obtenidas mediante procesos de polimerización controlada inducida por auto-ensamblado (RAFT-PISA), que sirvan para la estabilización y funcionalización en agua de nanoclusters de cobre (CuNCS) y/o plata (AgNCs) fluorescentes para su empleo como sensores ópticos y/o agentes antibacterianos. Los nuevos híbridos contendrán las propiedades de ambas partes (componente orgánico e inorgánico) e incluso exhibirán otras resultantes del ensamblaje. Un ejemplo son los nanoclusters metálicos (Ag/CuNCs) que gracias a su confinamiento cuántico en sub-nanoestructuras ( $\approx 2\text{nm}$ ) adquieren nuevas propiedades fotoluminiscentes, dotándoles de la capacidad de reconocer y cuantificar especies químicas, manteniendo sus propiedades antibacterianas. Desde un punto de vista formativo, el estudiante adquirirá una formación multidisciplinar realizando actividades como: Aprender a sintetizar y modificar nuevos monómeros/polímeros funcionales. Sintetizar y manipular NPs metálicas y metal-orgánicas. Aprender el manejo y las prestaciones de los equipos disponibles en el ICTP para la caracterización de polímeros (RMN, DSC, TGA, FTIR) y para el estudio de NPs y sus materiales híbridos (STEM, AFM, DLS, Absorción y Emisión UV/Vis). El trabajo incluirá el diseño de nuevos sistemas nanohíbridos que incorporen nanopartículas metálicas de Ag y Cu con polímeros multifuncionales que contienen grupos tiol/catecol. Este objetivo incluye la síntesis de copolímeros inteligentes termosensibles mediante polimerización RAFT-PISA y su caracterización: determinando su composición química, peso molecular y dispersión. Se estudiará también el comportamiento de los copolímeros en disolución frente a la temperatura mediante espectroscopía UV/Vis para determinar la temperatura crítica en disolución. Los copolímeros sintetizados se emplearán posteriormente para la funcionalización y estabilización de puntos cuánticos luminescentes o Ag/CuNCs. La caracterización de estas NPs híbridas incluirá la determinación de su tamaño y morfología y la cuantificación de sus propiedades ópticas mediante espectroscopía UV/Vis. Finalmente, se evaluará la eficacia de los sistemas optimizados como sensores fluorescentes para la detección de metales pesados en medio acuoso y su capacidad antibacteriana para el tratamiento de heridas comprometidas (quirúrgicas, quemadu	<a href="http://www.ictp.csic.es/ICTP2/es/Nanohibridos_y_polimeros_interactivos">http://www.ictp.csic.es/ICTP2/es/Nanohibridos_y_polimeros_interactivos</a>
JAEINT24_EX_0298	GARCIA BUSTELO, XOSE RAMON	xbustelo@usal.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA MOLECULAR Y CELULAR DEL CANCER DE SALAMANCA	CARACTERIZACIÓN DE NUEVOS DRIVERS ONCOGÉNICOS EN LINFOMAS DE LINFOCITOS T	En esta línea de investigación, estarás implicado/a en la identificación de oncogenes que participan en el desarrollo y/o malignidad de linfomas periféricos de células T. Ello implica la caracterización de las mutaciones encontradas en tumores, su estudio a nivel de señalización celular usando modelos celulares y, finalmente, la validación de su función como drivers oncogénicos usando modelos animales y células derivadas de pacientes. También investigará cuál es el papel de los componentes estromales (otras células del sistema inmune, células endoteliales, fibroblastos, etc.) de los tumores en la evolución de estos. Entre otras, usarás técnicas de señalización celular, biología celular (citometría, microscópica) y de expresión génica (RNA-seq, single cell-RNA-seq, spatial transcriptomics).	<a href="https://www.cicancer.org/grupo?id=33">https://www.cicancer.org/grupo?id=33</a>
JAEINT24_EX_1573	GARCIA DE FRUTOS, PABLO	pablo.garcia@ibb.csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES BIOMEDICAS DE BARCELONA	Generation of a B16-F10 murine melanoma cell line targeted in Axl using CRISPR-Cas9	The participation of Gas6/TAM receptors axis has been studied in cancer progression. Interestingly, in Gas6 deficient animals, murine metastatic melanoma cells as B16F10, which do not express Gas6, have a reduced capacity to form metastatic nodules. Using these cells with or without GAS6 expression, we have demonstrated the transforming potential of the Gas6 ligand. Using CRISPR/Cas9 technology, we found that Tyro3 is the principal TAM receptor activated by GAS6 in melanoma metastasis. Preliminary results using shRNA to target the AXL and MerTK TAM receptors showed a lack of effect. However, the inhibition of gene expression obtained was not sufficient to rule out a role of Axl in this context. In order to proof this point, the present project will aim at the production of B16-F10 cell lines deficient in AXL using the CRISPR/Cas9 technology. gRNA DNA templates sequences for AXL are determined in order to produce an efficient mutation. For the gRNA synthesis, the Precision gRNA Synthesis kit is used, in vitro transcribed to generate the gRNA. The gRNA is purified using the gRNA Clean Up, containing with RNA purification micro columns. B16-F10 cells are seeded in 24 well plates and transfected when cells achieve 60% confluence. For cells transfection, we use Lipofectamine transfection reagent and Cas9 nuclease. The B16-F10 cells are harvested after 3 days of incubation. To detect indel in the genomic DNA we use a cleavage detection kit. The DNA containing indels are cleaved by the detection enzyme, and parental and cleaved bands are visualized in an agarose gel. Genomic DNA is isolated for those positive clones and PCR are performed using specific primers. The PCR products are cloned into TOPO-TA cloning and sequenced. The resulting clones will be tested in culture for their phenotypic characteristics and its gene expression characterized.	<a href="https://www.ibb.csic.es/es/research/49">https://www.ibb.csic.es/es/research/49</a>



REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0096	GARCIA DEL PORTILLO, FRANCISCO	fgportillo@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Capacitación en técnicas de estudio empleadas en la investigación de bacterias patógenas intracelulares	Las enfermedades infecciosas son principal causa de mortalidad y morbilidad en el ser humano. Entre ellas destacan, por la dificultad de su tratamiento, las infecciones por bacterias intracelulares las cuales invaden células eucariotas y en cuyo interior persisten y proliferan. El trabajo de formación ofertado se ha diseñado sobre la dilatada experiencia de más de dos décadas de laboratorio y con más de 130 artículos en experimentación con patógenos bacterianos intracelulares como Salmonella y Listeria. Este trabajo incluye aprendizaje en técnicas de biología molecular y genética bacteriana, cultivos celulares, microscopía de fluorescencia y técnicas cromatográficas que se aplicarán en el patógeno en condiciones de infección intracelular y en medios nutritivos de laboratorio. Otra importante capacitación de este programa de formación será el aprendizaje de herramientas bioinformáticas, en especial aquellas que se emplean para el análisis de datos genómicos y de estructuras de proteínas. En esta tarea, de gran demanda en la actualidad, se compararán secuencias completas de genomas de bacterias ambientales y patógenas. Igualmente, se analizarán secuencias y modelos de estructuras referidas a proteínas que muestran homología, pero tienen posiciones claves que han evolucionado de forma distinta en respuesta a señales ambientales intracelulares del hospedador. El plan de formación también añade el aprendizaje de diseño experimental e interpretación de resultados, además de su exposición al grupo de trabajo. Asimismo, la asistencia regular a seminarios, tanto del Departamento al que pertenecemos como del Centro Nacional de Biotecnología. Esta tarea dará la oportunidad de ampliar conocimiento en áreas punteras de las variadas disciplinas que se trabajan en nuestro instituto, desde biotecnología microbiana, inmunología, biología de sistemas, biotecnología de plantas y análisis estructural de alta resolución de biomoléculas. A destacar igualmente el reconocimiento nacional e internacional del trabajo multidisciplinar de investigación que realiza nuestro grupo, con colaboraciones materializadas en laboratorios internacionales de prestigio. Este aspecto es importante considerando será de gran beneficio para la posterior proyección internacional del estudiante. El aprendizaje de numerosas técnicas será igualmente de gran valor en el ámbito laboral para la búsqueda de empleo en el sector biomédico y sanitario.	<a href="https://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/biotecnologia-microbiana/laboratorio-de-patogenos-bacteria">https://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/biotecnologia-microbiana/laboratorio-de-patogenos-bacteria</a>
JAEINT24_EX_0372	GARCIA DOMINGUEZ, MARIO	mario.garcia@cabimer.es	CENTRO ANDALUZ DE BIOLOGIA MOLECULAR Y MEDICINA REGENERATIVA	Función de la modificación postraduccional por SUMO en cáncer	SUMO es un pequeño polipéptido similar a la ubiquitina que se une covalentemente a otras proteínas (sumoilación) como modificador postraduccional para alterar su actividad, localización o afinidad. Varios miles de proteínas son diana de SUMO en vertebrados, donde controla prácticamente todos los procesos celulares, pero con un papel destacado en la regulación de la expresión génica. Las mutaciones que afectan al proceso son letales a nivel embrionario. La modificación ocurre en residuos de lisina (K) y su mutación a arginina (conservativa) impide la modificación. Existen proteasas específicas de SUMO que escinden SUMO de las proteínas diana. En nuestro grupo hemos realizado recientemente dos estudios proteómicos: uno para identificar proteínas diferencialmente sumoiladas durante la diferenciación celular, y otro para analizar cambios de sumoilación en respuesta a condiciones limitantes de oxígeno y glucosa (oxygen and glucose deprivation, OGD), típicas del interior de tumores sólidos. La mayoría de proteínas identificadas son factores transcripcionales, algunos asociados a la aparición o progresión del cáncer. Además, hemos descrito que la proteasa de SUMO SENP7 promueve la viabilidad celular en células tumorales en condiciones de OGD. Hemos observado en particular que altos niveles de expresión de SENP7 correlacionan con una peor prognosis y un mayor grado de transformación en cáncer de colon. Las proteasas de SUMO son esenciales para la regulación de la sumoilación y recientemente publicamos una revisión sobre el impacto de su desregulación en cáncer. Nuestro objetivo es estudiar la función de la sumoilación de factores transcripcionales seleccionados en proliferación y viabilidad en células tumorales, y continuar la caracterización de la función de SENP7 en cáncer. Queremos analizar la expresión de genes mediante PCR cuantitativa o RNA-seq, investigando la localización genómica de proteínas silvestres y mutantes de sumoilación mediante inmunoprecipitación de cromatina. Además, queremos generar líneas celulares mutantes mediante la técnica CRISPR-Cas9, ya sean de pérdida de función, o con versiones mutantes puntuales no sumoilables. Estas aproximaciones ayudarán a conocer más en detalle el impacto de SUMO en cáncer y permitirán definir nuevas vías de intervención terapéutica frente a esta enfermedad.	<a href="https://www.cabimer.es/en/research-groups/cell-differentiation/">https://www.cabimer.es/en/research-groups/cell-differentiation/</a>
JAEINT24_EX_1653	GARCIA GONZALEZ, M.BEGOÑA	mariaab@ipe.csic.es	INSTITUTO PIRENAICO DE ECOLOGIA	Refugios para la biodiversidad en el actual escenario de cambio global	Las montañas del sur de Europa se consideran sistemas de inmenso valor desde el punto de vista de la biodiversidad, pero muy sensibles a los efectos del presente cambio climático y de usos del suelo. Los modelos macroclimáticos y las frecuentes alteraciones de los sistemas naturales predicen importantes pérdidas de biodiversidad en un futuro no lejano. En este desalentador panorama pretendemos desvelar algunos mecanismos gracias a los que algunos enclaves y especies son capaces de resistir el embate del cambio global, ofreciendo una visión menos simplista y más realista del futuro de la biodiversidad. El/la candidat@ se formará en el contexto de dos grandes objetivos: 1) Prospectar la existencia de refugios microclimáticos en ambientes muy heterogéneos, especialmente el gradiente ambiental Pireneos - valle del Ebro. La prospección se realizará a partir de la asociación entre la topografía (MDE, LIDAR), datos climáticos provenientes de imágenes térmicas y sensores registrando a macro- y microescala (satelitales, dron, mini-sensores de temperatura y humedad relativa...), y la riqueza y singularidad de especies de flora (endemismos, linajes muy antiguos, elementos boreoalpinos, o poblaciones en límite de distribución). 2) Evaluar el papel de refugio de los espacios Red Natura 2000 gracias al seguimiento de cientos de poblaciones de especies de plantas amenazadas, raras, e indicadoras mediante un proyecto a largo plazo (LTER) de Ciencia Ciudadana único en el mundo. La coordinación de la red de seguimiento es fundamental para determinar las tendencias y fluctuaciones de los organismos, sus amenazas, respuestas a valores climáticos extremos, y la protección que ofrecen los espacios protegidos, evaluando así la vulnerabilidad real. Colaborar en un Instituto del CSIC donde se aúna gran experiencia en trabajo de campo y nuevas tecnologías, con grandes bases de datos (Herbario JACA), proyectos de ciencia ciudadana, estudios multidisciplinares nacionales e internacionales (Biólogos, Geógrafos), y dos sedes (Jaca y Zaragoza), ofrece una oportunidad única a estudiantes con gran energía y curiosidad por el devenir de la Biodiversidad en el actual escenario de Cambio Global.	<a href="https://biodiversidadipe.csic.es">https://biodiversidadipe.csic.es</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1403	GARCIA GONZALEZ, MERCEDES	mercedes.garcia@bfv.csic.es	INSTITUTO DE BIOQUIMICA VEGETAL Y FOTOSINTESIS	Estudio de la respuesta a bajo nitrato en <i>Klebsormidium nitens</i>	El grupo está interesado en desvelar los mecanismos moleculares que controlan la acumulación de ácidos grasos en respuesta a la disponibilidad de nitrato en organismos fotosintéticos. Dentro de este objetivo global, el trabajo a desarrollar por el adjudicatario/a de esta ayuda consistiría en cultivar <i>Klebsormidium nitens</i> , como modelo del comportamiento de una microalga. Estos cultivos se desarrollarían en medio líquido con distinta disponibilidad de nitrógeno para determinar el efecto de este factor nutricional. Se tomarán muestras de las distintas condiciones para la extracción de RNA y determinación del contenido y perfil de ácidos grasos. Se secuenciará este RNA para establecer los genes del metabolismo de ácidos grasos que están sobreexpresados o reprimidos en función de la disponibilidad de N. La integración de los datos transcriptómicos y fisiológicos revelará información de interés sobre la regulación de este proceso. El estudio se completará con microscopía óptica (tinción rojo Nilo) para la observación de la evolución de los cuerpos lipídicos donde se acumulan los ácidos grasos.	<a href="https://greennetwork.us.es/systems_biology_biotechnology_microalgae/">https://greennetwork.us.es/systems_biology_biotechnology_microalgae/</a>
JAEINT24_EX_0869	GARCIA HERRERA, RICARDO	rgarciah@fis.ucm.es	INSTITUTO DE GEOCIENCIAS	Identificación y seguimiento de ciclones extratropicales	Los ciclones son sistemas meteorológicos de gran escala caracterizados por vientos intensos alrededor de un centro de baja presión acompañado de nubosidad, precipitación y cambios de temperatura. Los ciclones desempeñan un papel crucial en la dinámica atmosférica global. Los ciclones tropicales como los huracanes son ampliamente conocidos por su impacto devastador en regiones tropicales y subtropicales. En latitudes medias, los ciclones extratropicales son responsables del transporte de humedad y precipitación a regiones continentales. Los más intensos se asocian con extremos de viento y precipitación, pudiendo causar inundaciones y daños en infraestructuras, agricultura y seguridad pública. La dinámica y comportamiento de estos sistemas es fundamental para comprender las condiciones climáticas de Europa, los recursos hídricos y energéticos y el diseño de estrategias de resiliencia frente a eventos climáticos extremos. El grupo del CSIC ( <a href="https://igeo.ucm-csic.es/paleoclimatologia-y-cambio-global/">https://igeo.ucm-csic.es/paleoclimatologia-y-cambio-global/</a> ) en colaboración con el grupo STREAM ( <a href="https://stream-ucm.es/">https://stream-ucm.es/</a> ) de la UCM tiene una sólida trayectoria investigando fenómenos atmosféricos vinculados a la dinámica de sistemas meteorológicos, así como su relación con extremos climáticos e impactos asociados. En particular, el grupo está especializado en el análisis y diagnóstico de la corriente en chorro del Atlántico Norte, las dorsales subtropicales y los bloqueos en latitudes altas, sistemas meteorológicos estrechamente relacionados con los ciclones extratropicales. Para ello, combina datos (observaciones y modelos) con herramientas de diagnóstico, monitorización y seguimiento. En la actualidad existen numerosas metodologías para identificar, caracterizar y monitorizar la evolución de ciclones en diferentes partes del globo. En este trabajo se evaluará el estado del arte de este tema y se identificarán las ventajas e inconvenientes de los métodos existentes para el estudio de los ciclones extratropicales que afectan a Europa. Posteriormente el algoritmo elegido se aplicará a datos meteorológicos durante el período histórico 1940-2023 y se evaluará su capacidad de identificar tormentas históricas de alto impacto (Xynthia 2010; Ciara 2020, etc.). El/la estudiante tendrá la oportunidad de familiarizarse con el uso de datos climáticos y herramientas de diagnóstico de sistemas meteorológicos. Además, se espera que los resultados se divulguen por los canales de comunicación del CSIC-UCM.	<a href="https://igeo.ucm-csic.es/fisica-del-clima-y-cambio-climatico-clima">https://igeo.ucm-csic.es/fisica-del-clima-y-cambio-climatico-clima</a>
JAEINT24_EX_1177	GARCIA IBAÑEZ, MARIA ISABEL	maribel.garcia@ieo.csic.es	CENTRO OCEANOGRAFICO DE ILLES BALEARS	Investigación sobre el impacto del cambio global en los ciclos biogeoquímicos del Mar Mediterráneo	El objetivo principal de este proyecto es estudiar el impacto del cambio global en los ciclos biogeoquímicos del Mar Mediterráneo. El Mediterráneo, como un mar semicerrado, es especialmente vulnerable a los cambios ambientales. El proyecto aprovechará la experiencia del equipo de investigación en la monitorización y análisis de datos oceanográficos. Dicho trabajo se enfocará especialmente en la evaluación de la variabilidad espaciotemporal y la evolución temporal de los componentes inorgánicos de la biogeoquímica del Mar Mediterráneo, como el sistema del CO <sub>2</sub> en agua de mar, el oxígeno disuelto y los nutrientes inorgánicos disueltos en áreas costeras y oceánicas del Mar Mediterráneo monitorizadas mediante las campañas oceanográficas RADMED (series tempoRAles de Datos oceanográficos del MEDiterráneo). El estudiante recibirá formación en análisis de datos oceanográficos. Además, se espera que participe en seminarios y reuniones del grupo de investigación para adquirir conocimientos sobre la investigación en cambio global y biogeoquímica marina. Se espera que este trabajo genere resultados que puedan ser publicados en revistas científicas y presentados en conferencias científicas. Este plan de formación proporcionará al estudiante una experiencia práctica en investigación científica y habilidades relevantes para su desarrollo profesional en oceanografía y biogeoquímica marina, fomentando la próxima generación de científicos comprometidos con la investigación oceánica y la conservación marina.	<a href="https://www.csic.es/es/investigacion/grupos-de-investigacion/laboratorio-de-oceanografia-quimica-inorganica-inocen">https://www.csic.es/es/investigacion/grupos-de-investigacion/laboratorio-de-oceanografia-quimica-inorganica-inocen</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0284	GARCIA MARQUES, JORGE	j.garcia.marques@csic.es	INSTITUTO CAJAL	Generación de diversidad neuronal de uso terapéutico mediante herramientas CRISPR	El beneficiario se incorporará a la línea "Mecanismos de especificación neuronal", dirigida por el Dr. Jorge García Marqués (JGM). Esta línea busca aplicar mecanismos naturales de generación de diversidad neuronal a la producción de neuronas con fines terapéuticos. El plan formativo está pensado para que el beneficiario adquiera una combinación de conocimiento fundamental, competencias experimentales y otras habilidades (trabajo en equipo, etc.). El objetivo es que el beneficiario adquiera un perfil altamente competitivo para el mercado laboral dentro o fuera de la academia. Dicho plan combina formación práctica y teórica, a cargo de JGM y del resto del grupo. Esta formación se complementará con actividades dirigidas por otros investigadores del instituto y empresas externas. El plan se monitorizará y evaluará de manera continua por JGM. Plan formativo (T = teórica, P = práctica, ~560 horas) 1. Plan de acogida (Seguridad en el trabajo, gestión de residuos, etc.) (T-10h). 2. Curso de Experimentación Animal (A+B+C) (T/P-70h). 3. Análisis de datos de RNA-seq (T/P-55h) – Análisis de calidad de los datos. Alineamiento. Análisis de RNA-seq de poblaciones y célula única. 4. Técnicas de Biología Molecular – PCR. Extracción de ácidos nucleicos. Electroforesis. Clonaje de plásmidos. Diseño de cebadores. (T/P-90h). 5. Manejo de colonias de ratón – Uso de base de datos del animalario (Anibio). Gestión de colonias. Genotipajes (T/P-70h). 6. Tecnología CRISPR – Diseño de gRNA. Búsqueda de dianas inespecíficas. Cálculo de eficiencia. Predicción de sitios off-target. Diseño de donadores de ADN. Análisis de resultados de reparación. Secuenciación NGS de amplicones. (T/P-80h). 7. Inmunohistoquímica – Procesamiento de muestras. Marcaje de inmunofluorescencia. Montaje de muestras. Microscopía de epifluorescencia y confocal (T/P-60h). 8. Técnicas de transgénesis rápida por electroporación del oviducto (I-GONAD) (T/P-70h). 9. Asistencia a seminarios del Instituto y reuniones internas (T-55h). Plan de seguimiento y evaluación La formación del beneficiario será monitorizada y evaluada a través de cuatro tipos de reuniones: 1. Semanales con el grupo. 2. Mensuales con el tutor. 3. Con otros investigadores del centro (en la mitad del periodo formativo). 4. Con el tutor, al final de la formación. El plan formativo también será evaluado al final, con el fin de mejorarlo para futuras convocatorias.	neurorigins.org
JAEINT24_EX_1562	GARCIA MARTIN, RUBEN	ruben.garcia@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	¿Por qué AGO2 va al núcleo? Estudio de nuevas funciones de AGO2 en el metabolismo e inflamación	Los microRNAs juegan un papel central en la regulación de la expresión genética celular, llegando a regular hasta el 60% de nuestros genes. Es una vía de regulación ubicua en mamíferos, controlando procesos clave de diferenciación y desarrollo, homeostasis, inflamación y metabolismo y cuya alteración se asocia a numerosas enfermedades humanas. Gracias a la interacción con el complejo RISC, cuyo miembro principal es Argonaute-2 (AGO2) los microRNAs reconocen mRNAs complementarios e inhiben su expresión. Todo este proceso ocurre en el citoplasma. Sin embargo, investigaciones recientes han observado que AGO2 se transloca al núcleo mediante un proceso altamente regulado, donde lleva a cabo nuevas funciones inesperadas. Por citar ejemplos recientes, AGO2 nuclear participa promueve la inhibición de transposones móviles o la activación de la transcripción. Además, la translocación nuclear de AGO2 parece depender de la ruta de señalamiento Akt/mTOR, una de las principales reguladoras del metabolismo. A pesar de esto, este proceso de translocación de AGO2 al núcleo y sus posibles funciones alternativas no se ha analizado aún en el contexto del metabolismo y la inflamación. Dado el importante papel regulador de AGO2 en estos procesos altamente regulados como nosotros y otros laboratorios han mostrado, es muy probable que AGO2 se transloque al núcleo en respuesta a factores metabólicos y/o inflamatorios para la regulación del metabolismo e inflamación. En este plan de formación proponemos que el personal incorporado con una JAE intro estudie el tráfico de AGO2 entre el núcleo y citoplasma en respuesta a distintos estímulos metabólicos e inflamatorios como hormonas y citoquinas, respectivamente. Usando distintos modelos de líneas celulares in vitro y células primarias, se analizará estos procesos de tráfico de AGO2 y sus posibles funciones en el metabolismo e inflamación. También se analizará si esta translocación está alterada en modelos de ratón de enfermedades metabólicas e inflamatorias. Se usará un sistema de AGO2 marcada presente en nuestro laboratorio para su identificación sencilla. Además, se estudiará el mecanismo molecular que permite a AGO2 estos desplazamientos, centrándonos principalmente en posibles modificaciones transcripcionales (fosforilación, SUMOylación, ubiquitinización, etc), y sus posibles interrelaciones con rutas de señalización metabólica como PI3K/Akt/mTOR y otras. El aplicante aprenderá técnicas de análisis de niveles de proteínas, meto	<a href="https://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/inmunologia-y-oncologia/nuevas-formas-de-comunicacion-inte">https://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/inmunologia-y-oncologia/nuevas-formas-de-comunicacion-inte</a>
JAEINT24_EX_0427	GARCIA MUSE, TATIANA BEATRIZ	tatiana.muse@cabimer.es	CENTRO ANDALUZ DE BIOLOGIA MOLECULAR Y MEDICINA REGENERATIVA	Generación de herramientas para el análisis de reparación de DSBs	El objetivo general del grupo es entender los mecanismos moleculares que subyacen a reparación y estabilidad genómica durante la respuesta al daño en el ADN en células meióticas. La respuesta a daños en el ADN (DDR) inducidos por irradiación (IR) durante la división meiótica, se puede caracterizar mediante el análisis de la reparación de roturas de doble cadena generadas. Esto se realiza mediante inmunofluorescencias de RAD-51, la recombinasa implicada en la reparación por HR de dichas roturas. El objetivo del proyecto es generar una estirpe del organismo modelo <i>C. elegans</i> con RAD-51 etiquetada para no tener que recurrir al uso de anticuerpos específicos anti-RAD-51, y verificarla. Las tareas en las que colaborará para contribuir en el desarrollo de los objetivos incluyen: generación de una estirpe con RAD-51 etiquetada mediante CRISPR/Cas9, análisis de la viabilidad y supervivencia a IR, ensayos de apoptosis mediante tinción y cuantificación de los cuerpos apoptóticos; análisis de progresión del ciclo celular mediante tinción del ADN y cuantificación de núcleos la línea germinal; análisis de la respuesta DDR por seguimiento de RAD-51 etiquetada mediante inmunofluorescencia de la línea germinal con y sin IR. Se potenciará la capacidad en el diseño y la planificación de experimentos, así como el análisis, presentación y discusión de los resultados para generar hipótesis de trabajo.	<a href="https://www.cabimer.es/en/research-groups/dna-damage-response-during-meiosis/">https://www.cabimer.es/en/research-groups/dna-damage-response-during-meiosis/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0517	GARCIA PAUSAS, JULI	juli.g.pausas@csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES SOBRE DESERTIFICACION	Ecología del fuego y germinación	La germinación posincendio es una de las principales adaptaciones de las plantas al fuego. Este tipo de germinación se produce cuando el fuego rompe la dormición que presentan las semillas, ya sea a través de un golpe de calor (dormición física) o de sustancias químicas liberadas durante la combustión (dormición fisiológica). En el grupo de Ecología Evolutiva del CIDE estamos explorando los mecanismos involucrados en ambos tipos de dormición. En este marco, se plantean los siguientes experimentos (Tareas) a realizar por la persona beneficiaria de la beca JAE INTRO. Con ellas podrá aprender a utilizar el método científico, testando hipótesis mediante experimentos. Tarea 1. Plasticidad fenotípica en germinadoras facultativas: Las especies con germinación facultativa son aquellas que, además de producir semillas con dormición asociada a incendios, tienen la capacidad de rebrotar después del fuego. Estas especies presentan una oportunidad para estudiar la plasticidad de la dormición, ya que permiten estudiar las semillas producidas inmediatamente después de un incendio. Planteamos llevar a cabo experimentos de germinación con especies germinadoras facultativas como <i>Anthyllis cytisoides</i> , <i>Erica multiflora</i> o <i>Coris monspeliensis</i> . Concretamente, compararemos semillas producidas por plantas que estén rebrotando después de un incendio reciente con semillas producidas por plantas que no hayan sufrido un incendio a lo largo de su vida. Esperamos que las semillas producidas después de un incendio presenten menos dormición. Tarea 2. Efectos transgeneracionales: Se estudiarán los efectos transgeneracionales ligados a la germinación posincendio, concretamente los efectos sobre la velocidad de germinación y el "root/shoot ratio". En este caso se realizarán estudios transgeneracionales con especies como <i>Anthyllis cytisoides</i> , <i>Asphodelus cerasiferus</i> y <i>Drimys maritima</i> . Los experimentos se realizarán en invernadero. Tarea 3. Mecanismos epigenéticos: Los mecanismos involucrados en la rotura de la dormición fisiológica están poco estudiados. Proponemos que la epigenética puede ayudar a comprender este tipo de germinación. Esperamos que la firma epigenética (efecto sobre la metilación global de citosinas) que encontremos al aplicar compuestos desmetilantes e hipermetilantes sea similar a la que encontremos al aplicar agentes que rompen la dormición fisiológica (humo líquido y cenizas).	<a href="https://www.uv.es/jgpausas/index.htm">https://www.uv.es/jgpausas/index.htm</a>
JAEINT24_EX_0592	GARCIA RAMON, M.TERESA	teresa.garcia@csic.es	INSTITUTO DE QUIMICA AVANZADA DE CATALUÑA	Desarrollo y evaluación de materiales poliméricos antimicrobianos basados en mezclas de PLA y tensioactivos catiónicos biodegradables	Los biofilms son agregados microbianos de hidrogel que son secretados activamente por bacterias y favorecen su adhesión en diferentes superficies. Los biofilms constituyen un mecanismo de defensa bacteriano que protege las bacterias de ser arrastradas y hace que sean menos susceptibles a agentes tóxicos. Para superar los problemas de salud ocasionados por la formación de biofilms, se están explorando varios materiales con actividad antimicrobiana. Los materiales antimicrobianos son capaces de inhibir o matar los microbios en su superficie o dentro de su entorno. Sin embargo, algunos de ellos presentan deficiencias importantes como una baja actividad antimicrobiana o no cumplir con los requisitos para un uso seguro. El desarrollo de nuevos materiales antimicrobianos eficientes y seguros contribuirá a prevenir situaciones epidemiológicas complejas y riesgos de infección, no solo en un entorno sanitario, sino también en otras áreas como almacenamiento y envasado de alimentos, purificación de agua y sistemas de descontaminación. El objetivo de este proyecto es la caracterización y evaluación de las propiedades antimicrobianas y de la biocompatibilidad de materiales poliméricos basados en mezclas de ácido poliláctico (PLA), un biopolímero de origen natural, y tensioactivos catiónicos biodegradables con actividad antimicrobiana. Se prepararán films de PLA incorporando diferentes concentraciones de tensioactivos catiónicos mediante la técnica de "solvent casting". Los nuevos biomateriales desarrollados se caracterizarán mediante el estudio de sus propiedades termo-mecánicas, morfología superficial y humectabilidad. Se evaluará también la liberación de los tensioactivos desde la matriz polimérica. Se aplicará el método de difusión en agar para establecer las propiedades antimicrobianas de los nuevos materiales frente a bacterias y levaduras. Asimismo, se estudiará la capacidad de inhibir la formación de biofilms de estos nuevos materiales frente a bacterias y levaduras. Finalmente, se evaluará la biocompatibilidad de estos materiales mediante ensayos de citotoxicidad. Se trata de un proyecto de investigación adecuado para estudiantes de último curso de los grados de Química, Bioquímica, Biotecnología, Microbiología, Biomedicina, Biología o Farmacia o que estén realizando estudios de Máster en un área relacionada. El trabajo a desarrollar es apropiado para la realización del trabajo de fin de grado (TFG) o de fin de máster (TFM).	<a href="http://www.iqac.csic.es">www.iqac.csic.es</a>
JAEINT24_EX_0151	GARCIA RIOS, ESTEFANI	e.garcia.rios@iata.csic.es	INSTITUTO DE AGROQUIMICA Y TECNOLOGIA DE ALIMENTOS	Influencia genética y ambiental en la evolución de la resistencia a antifúngicos	Según OMS, la resistencia a los antifúngicos es un tema emergente y preocupante en el campo de la micología médica. Las infecciones fúngicas afectan a más de 300 millones de personas en todo el mundo dando lugar a 1.660.000 muertes. De hecho, el 90% de todas las muertes por infecciones fúngicas son debidas a hongos de los géneros <i>Cryptococcus</i> , <i>Candida</i> , <i>Pneumocystis</i> y <i>Aspergillus</i> . Estas resistencias pueden ser transmitidas horizontalmente a patógenos humanos, y este hecho junto con la presión selectiva del uso extendido de estos medicamentos ha facilitado la rápida propagación de las resistencias dentro de las poblaciones de hongos. La respuesta adaptativa de una población celular puede frustrar el control terapéutico de un amplio espectro de enfermedades, desde infecciones bacterianas y virales hasta el cáncer. El escenario clásico surge cuando los individuos de una población adquieren y fijan cambios hereditarios genéticos y no genéticos para adaptarse y prosperar en un nuevo entorno. En esta situación, la evolución experimental ofrece una poderosa herramienta para el estudio de la dinámica adaptativa de las mutaciones. Por lo general, el enfoque de los estudios anteriores ha estado en caracterizar pocas mutaciones a la vez bajo la suposición implícita de que las mutaciones beneficiosas son raras, tratando las mutaciones preexistentes y adquiridas por separado. Sin embargo, muchas mutaciones a menudo están presentes simultáneamente en una población, lo que resulta en diferencias fenotípicas y genotípicas entre individuos sobre los cuales la selección puede actuar. El objetivo global del proyecto es el estudio tanto de la aparición como de la evolución de las resistencias a los antifúngicos usando el modelo genético eucariota que ofrece la levadura <i>Saccharomyces cerevisiae</i> para investigar cómo el contexto genético y el ambiente influyen en la velocidad y en el modo de evolución y transferencia de la resistencia a distintas moléculas de interés biomédico. Para ello realizaremos una evolución experimental en presencia de distintos antifúngicos y en ausencia de ellos en distintas cepas de <i>S. cerevisiae</i> y secuenciaremos los genomas de las poblaciones tras la evolución experimental para identificar genes y polimorfismos que son responsables de la distinta sensibilidad.	<a href="https://www.iata.csic.es">https://www.iata.csic.es</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1461	GARCIA RUIZ, M.CARMEN	carmen.garcia@iibb.csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES BIOMEDICAS DE BARCELONA	Regulación mitocondrial y terapia antitumoral en cáncer hepático	El carcinoma hepatocelular (CHC), la forma más común de cáncer de hígado, constituye un problema de salud mundial, con claras diferencias entre hombres y mujeres. La enfermedad del hígado graso (EHG), denominada pandemia por su relación con la obesidad, se ha convertido en una de las principales causas de CHC. En España afecta a 1 de cada 4 personas y de manera preocupante está presente en el 85% de los adolescentes con sobrepeso. Aunque EHG es la tercera causa de cáncer de hígado, los factores que contribuyen a la progresión de la enfermedad no son del todo conocidos (en parte debido a la falta de aplicabilidad clínica de los resultados por uso de modelos de poca o nula relevancia en humanos), lo que justifica la necesidad de la identificación de nuevas vías y posibles dianas para la generación de nuevos tratamientos. Este proyecto plantea identificar las vías de señalización involucradas en la transición de EHG a CHC, con la mitocondria como centro neurálgico y relacionadas con la diferencia de género. La línea de investigación incluye estudios in vitro e in vivo. Se buscan candidatos dispuestos a aprender una gran variedad de técnicas: biología molecular y celular, microscopía (de fluorescencia y confocal), espectrometría líquida de alta presión (HPLC), ensayos de funcionalidad mitocondrial (Seahorse), cultivos celulares e histología. El grupo de investigación donde se incorporará el estudiante posee el sello de calidad de la Generalitat de Cataluña como grupo consolidado, un reconocimiento reservado sólo a los grupos de investigación con una excelente trayectoria científica y docente. Nuestro grupo de investigación ha publicado más de 200 artículos en revistas científicas peer-reviewed, que han acumulado más de 30.000 citas y dirigido 38 tesis doctorales (con premios extraordinarios y reconocimiento internacional). El grupo mantiene colaboraciones internacionales, acogiendo y promoviendo el intercambio de estudiantes. Se priorizarán aquellos candidatos no sólo con un buen expediente académico, sino sobre todo con una gran motivación por la investigación en biomedicina. Se valorará positivamente experiencias previas relacionadas con el trabajo a desarrollar, así como el interés del estudiante en realizar una carrera científica. El grupo ofrece la posibilidad de la realización de prácticas para el TFG/TFM y posterior realización de la tesis doctoral.	<a href="https://www.iibb.csic.es/es/team/96">https://www.iibb.csic.es/es/team/96</a>
JAEINT24_EX_1584	GARCIA SEISDEDOS, HECTOR	hgsbmc@bmb.csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA MOLECULAR DE BARCELONA	Assessing the celular response to infinite protein assemblies	The research group Structural Systems Biology led by Dr. Héctor García Seisdedos is devoted to understanding the principles of protein organization in the cell. To meet this goal, we work at the interface of Structural, Cell and Systems Biology. Accordingly, we combine the power of bioinformatics, yeast genetics and high-content microscopy with biophysical and structural techniques. Thus, the lab will offer a unique environment to train the next generation of scientists. Half of proteins of known structure form symmetric complexes. Symmetry offers key functional and energetical advantages but it also poses a risk: it makes proteins prone to form infinite polymers (also known as agglomerates). Agglomerates might be pathological as the hemoglobin fibrils causing sickle cell disease or might be used for the cell to adapt to difficult environments. To elucidate the implications of agglomeration in evolution and disease we must understand how agglomeration impacts the cell. Consequently, we will guide the student to perform proteomic, transcriptomic, and microscopy experiments to assess what impact agglomerates have on the cell and how the cellular machinery responds to their exposure. In our lab, the PI will ensure the optimal supervision of the student in experimental and computational design, execution, and critical assessment of the results. Furthermore, the PI will place a strong emphasis on the oral and written communication of the scientific output, guiding the student and encouraging her/him to take part in specific courses. Our group will hold Group Meetings every week and will actively seek to have joint meetings with national and international groups with similar or complementary research interests. Working with us will be a great opportunity for the student, as she/he will work on a cutting-edge research topic, will have a multidisciplinary training learning state-of-the-art techniques in bioinformatics, cell biology, and biophysics, and finally will be exposed to a highly collaborative and international environment.	<a href="https://www.ibmb.csic.es/en/department-of-structural-and-molecular-biology/structural-systems-biology/">https://www.ibmb.csic.es/en/department-of-structural-and-molecular-biology/structural-systems-biology/</a>
JAEINT24_EX_0921	GARCIA VILA, MARGARITA	mgarcia-vila@ias.csic.es	INSTITUTO DE AGRICULTURA SOSTENIBLE	Herramientas para la predicción de los impactos de la sequía y la evaluación de las medidas de gestión	La importancia de prever los impactos de la sequía en los sistemas agrícolas abarca tanto el ámbito productivo como el económico, y se vuelve crucial en el contexto de la gestión sostenible de recursos hídricos y la seguridad alimentaria, jugando un papel fundamental en la toma de decisiones informadas y en la implementación de estrategias de adaptación y mitigación. A este respecto, los modelos de simulación de cultivos pueden ser herramientas clave para anticipar los efectos de la sequía y contribuir a la identificación de estrategias de adaptación. Bajo este contexto, la persona que disfrute de esta beca introductora a la investigación participará en el desarrollo de nuevos módulos de optimización en modelos de cultivos para evaluar adecuadamente los impactos de la sequía y proponer estrategias de adaptación. A sí mismo, podrá contribuir al diseño de procedimientos de asimilación de datos derivados de imágenes satelitales para mejorar la capacidad predictiva de los modelos de cultivo. Todo ello le permitirá adquirir conocimientos sobre: (1) principios básicos de la productividad del agua de los cultivos; (2) modelización de la productividad del agua; (3) monitorización de los impactos de la sequía; y (4) desarrollo de herramientas de ayuda a la toma de decisiones. Conocimientos previos de programación son deseables, pero no estrictamente necesarios.	<a href="https://www.ias.csic.es/investigacion/departamentos/agronomia/manejo-y-conservacion-del-agua-y-el-suelo/">https://www.ias.csic.es/investigacion/departamentos/agronomia/manejo-y-conservacion-del-agua-y-el-suelo/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0178	GARCIA-JUNCEDA REDONDO, EDUARDO	eduardo.junceda@csic.es	INSTITUTO DE QUIMICA ORGANICA GENERAL	Enfrentando la amenaza de la resistencia bacteriana: Desarrollo de Materiales Inteligentes contra Biofilms Bacterianos	Un campo emergente en la lucha contra la resistencia bacteriana a los antibióticos es la contención de las infecciones asociadas a biofilms bacterianos, que son comunidades complejas de microorganismos que se adhieren a superficies y forman una matriz de sustancias extracelulares que las protegen del estrés ambiental. Los biofilms constituyen entre el 65% y el 80% de todas las infecciones y son resistentes a los tratamientos antibióticos estándar. La matriz extracelular hace que sea hasta 1.000 veces más difícil eliminar las bacterias del interior del biofilm que las bacterias libres o planctónicas. Se estima que los biofilms tienen un impacto económico negativo de más de 5.000 millones de dólares al año. Por lo tanto, urge explorar estrategias innovadoras para abordar el desafío que representan los biofilms. Los biomateriales inteligentes han demostrado un gran potencial para combatir las bacterias resistentes y evitar los efectos secundarios de los antibióticos tradicionales. Se han desarrollado varios sistemas de administración de fármacos que responden a estímulos exógenos o endógenos. Entre los desencadenantes externos comúnmente explorados se encuentran la temperatura, la luz y los campos magnéticos. En cuanto a los estímulos endógenos, los ejemplos más comunes son los biomateriales que responden a la disminución local del pH causada por bacterias productoras de ácido láctico y acético. Sin embargo, muchos de estos desencadenantes no son específicos de las infecciones bacterianas. Por lo tanto, el objetivo general de la propuesta se centra en el desarrollo de materiales inteligentes que respondan a estímulos específicos del microambiente bacteriano como son enzimas producidas y/o sobreexpresadas en situaciones de infección, bien por las mismas bacterias o por las células del huésped. De entre los diversos materiales a desarrollar en el contexto de este proyecto, está prevista la preparación de hidrogeles basados en quitosano. Este polisacárido natural se obtiene principalmente de residuos de la industria pesquera y ha demostrado unas importantes propiedades y funcionalidades, entre las que destacan su biodegradabilidad, biocompatibilidad y ausencia de toxicidad, así como su facilidad de modificación. Además, su empleo se enmarca dentro de los "Objetivos de Desarrollo Sostenible" (ODS), unos objetivos que promueven el crecimiento económico y desarrollo sostenible, en base a los principios de la economía circular.	<a href="http://www.iqog.csic.es/personal-www/eduardogarciajunceda">http://www.iqog.csic.es/personal-www/eduardogarciajunceda</a>
JAEINT24_EX_0004	GARCIA-NAVAS CORRALES, VICENTE	vicente.garcianavas@ebd.csic.es	ESTACION BIOLOGICA DE DOÑANA	Olivares más Vivos: Detectando umbrales críticos para las comunidades biológicas a lo largo de gradientes ambientales	El proyecto 'Olivares Vivos' es un proyecto LIFE coordinado por SEO-BirdLife y en el que participan como socios la Universidad de Jaén y el Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC). Este proyecto tiene como fin último devolver la biodiversidad a un cultivo milenario y clave en la cultura Mediterránea como es el olivar. El proyecto cuenta con una red de fincas olivareras distribuidas por el sur peninsular y manejadas con diferente grado de intensificación agrícola. Los olivares difieren también en el grado de alteración del paisaje que le rodea. De esta forma, es posible determinar, por ejemplo, el impacto que la retirada de la cubierta herbácea tiene sobre las comunidades de aves e insectos. El objetivo de esta propuesta es identificar umbrales críticos de determinadas variables ambientales (densidad de olivos, porcentaje de hábitat natural, etc.) que marcan la existencia de alteraciones significativas en la composición de las comunidades biológicas. Mediante el empleo de herramientas analíticas que permiten detectar zonas críticas a partir de las cuales se producen cambios bruscos en la identidad de las especies, se pretende establecer recomendaciones para una gestión de estos cultivos que sea compatible con la fauna que alberga. Se pretenden comparar cambios en las comunidades de diferentes grupos taxonómicos (aves, arañas, hormigas) a lo largo de distintos gradientes ambientales indicadores del grado de intensificación agrícola. El candidato adquirirá conocimientos de ecología de comunidades y se integrará en un equipo que es referente en el cultivo de la biodiversidad asociada a cultivos de leñosas pudiendo participar en los censos de fauna/muestreos de variables abióticas. Es de esperar que el resultado de esta propuesta derive en la publicación de un manuscrito científico.	<a href="https://vicentegarcianavas.weebly.com/">https://vicentegarcianavas.weebly.com/</a>
JAEINT24_EX_0919	GARCILLAN BARCIA, MARIA DEL PILAR	garcilmp@unican.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA Y BIOTECNOLOGIA DE CANTABRIA	Mobile Type VI Secretion Systems	Bacteria often exist in multi-species ecosystems, where cell-cell communication is a key player in microbial dynamics. The type VI secretion system (T6SS) is a cell-cell secretion device capable of directly injecting toxins into other bacteria, as well as into eukaryotic cells, contributing to bacterial virulence in several infectious diseases. Besides, T6SSs were found to be involved in inter-bacterial competition in several polymicrobial ecosystems, such as the mammalian gut microbiome. We are characterizing the functionality of plasmid-encoded T6SSs, and the way by which they are disseminated between bacteria. The recipient of the JAE-Intro fellowship will be involved in this project, acquiring skills in microbial genetics, molecular biology, bioinformatics, and synthetic biology.	<a href="https://web.unican.es/ibbttec/ii/MPGarcillanBarcia">https://web.unican.es/ibbttec/ii/MPGarcillanBarcia</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0932	GARMENDIA GARCIA, JUNCAL	juncal.garmendia@csic.es	INSTITUTO DE AGROBIOTECNOLOGIA	Análisis de la dinámica de interacción metabólica en biopelículas polimicrobianas residentes en el pulmón de pacientes EPOC.	La enfermedad pulmonar obstructiva crónica (EPOC) causa una obstrucción persistente y progresiva del flujo aéreo con grave limitación en de capacidad respiratoria. La EPOC presenta formas clínicas heterogéneas denominadas fenotipos. El curso clínico de esta enfermedad se ve salpicado por episodios de inestabilidad (agudizaciones) cuya aparición no sigue una distribución normal, de forma que algunos pacientes no las sufren (fenotipo no agudizador), pero otros las presentan de forma repetida, considerándose fenotipo agudizador al paciente que presenta 2 o más agudizaciones/año. Actualmente, no disponemos de marcadores pronósticos de la evolución de la EPOC, lo que condiciona sus elevadas tasas de mortalidad. La fuente principal de la microbiota pulmonar es la microaspiración de contenido orofaríngeo a través del eje boca-pulmón. En eubiosis, la microbiota pulmonar presenta baja biomasa y es transitoria. Sin embargo, los pacientes EPOC sufren disbiosis pulmonar, con detección de patógenos que se convierten en residentes. La enfermedad periodontal es un factor clave en la disbiosis pulmonar asociada a la EPOC. La enfermedad periodontal provoca disbiosis oral, lo que favorece la microaspiración de patógenos periodontales y de patógenos respiratorios que utilizan la placa dental como reservorio, contribuyendo a la disbiosis pulmonar asociada a la EPOC. Estos patógenos forman comunidades polimicrobianas respiratorio-periodontales residentes, cuya relevancia patofisiológica pone de manifiesto la necesidad de su estudio para entender las bases biológicas de la progresión de la EPOC. En este marco de conexión microbiota oral-pulmonar a través del eje boca-pulmón, incorporaremos la ecología de comunidades microbianas al estudio de las bases biológicas de la EPOC mediante análisis de interacciones metabólicas en un sistema modelo de comunidad polimicrobiana respiratorio-periodontal, para identificar firmas metabólicas asociadas a la dinámica de dicha comunidad. Emplearemos un sistema modelo de co-cultivo Haemophilus influenzae-Fusobacterium nucleatum, para evaluación de interacción metabólica inter-especie. Emplearemos una matriz de co-cultivos seleccionados; cuantificaremos formación de biopelícula sobre superficie abiótica, y haremos recuento diferencial de bacterias viables. Los sobrenadantes de cultivos y co-cultivos serán empleados para determinación no dirigida de metabolitos mediante LC-MS y RNM, y análisis estadístico (SIMCA p+, R-scripts customizados).	<a href="https://www.idab.csic.es/biologia-molecular-de-patogenos-bacterianos/">https://www.idab.csic.es/biologia-molecular-de-patogenos-bacterianos/</a>
JAEINT24_EX_0903	GARRIDO MARIN, CARLOS JESUS	carlos.garrido@csic.es	INSTITUTO ANDALUZ DE CIENCIAS DE LA TIERRA	Avances en Geocronología para Materias Primas Críticas: Revelando el Marco Temporal de los Depósitos Minerales a través de la Datación U-Pb	Este proyecto se presenta como una oportunidad para especializarse en la geocronología aplicada a las materias primas críticas, ofreciendo una experiencia de formación en uno de los laboratorios y grupos de investigación más avanzados en este campo. Centrándose en el método de datación U-Pb, y empleando técnicas de punta como la Espectrometría de Masas con Plasma Acoplado por Láser (LA-ICP-MS), el proyecto tiene como objetivo desarrollar y afinar geocronómetros que permitan una datación precisa de los depósitos de minerales críticos. A través del análisis de minerales específicos como columbita-tantalita, perovskita y casiterita, esenciales para los depósitos de tierras raras, carbonatitas y estaño, respectivamente, los participantes ganarán una comprensión profunda de las técnicas geocronológicas avanzadas y su aplicación en la geología económica. Este enfoque no solo mejora la comprensión científica de los procesos de formación y la distribución de materias primas críticas sino que también prepara a los investigadores para contribuir al desarrollo sostenible y la gestión de estos recursos esenciales. La combinación de formación teórica y práctica en un ambiente de investigación de elite ofrece una plataforma incomparable para avanzar en la carrera de los participantes y en el conocimiento global en esta área crucial.	<a href="https://www.iact.ugr-csic.es/investigacion/unidades/geoquimica-y-geoquimica/grupo/geoquimica-y-geocronologia/">https://www.iact.ugr-csic.es/investigacion/unidades/geoquimica-y-geoquimica/grupo/geoquimica-y-geocronologia/</a>
JAEINT24_EX_0856	GARRIGUES CUBELLS, SANDRA MARIA	sgarrigues@iata.csic.es	INSTITUTO DE AGROQUIMICA Y TECNOLOGIA DE ALIMENTOS	Implementación del sistema CRISPR/Mad7 para la edición genómica de hongos filamentosos del género Penicillium	Los hongos filamentosos son capaces de producir grandes cantidades de metabolitos, compuestos orgánicos, proteínas y enzimas de interés industrial. Además, presentan una gran habilidad secretora y capacidad para crecer en medios rentables, lo que justifica su interés industrial. En el grupo de Proteínas y Péptidos Bioactivos del IATA somos expertos en la producción de moléculas bioactivas utilizando hongos como biofactorías mediante biología sintética y edición genómica ( <a href="http://www.iata.csic.es/en/research/bioactive-proteins-and-peptides">www.iata.csic.es/en/research/bioactive-proteins-and-peptides</a> ). Un obstáculo para explotar el potencial de estos hongos es la falta de herramientas de ingeniería genética que permitan el descubrimiento de nuevos productos y la optimización de procesos. La introducción de la tecnología CRISPR en hongos promete reducir esta barrera, ya que nucleasas como Cas9 y Cas12a han demostrado su funcionalidad en muchas especies. Sin embargo, las incertidumbres en la propiedad intelectual y los derechos de licencia limitan el uso de esta tecnología en la industria. Por ello, es necesario ampliar el repertorio de nucleasas sin problemas de propiedad intelectual. La nucleasa Mad7 (ErCas12a) conlleva una licencia sencilla que permite el uso gratuito para investigación comercial y académica, así como con fines de desarrollo, y ha demostrado recientemente su efectividad en hongos del género Aspergillus. Sin embargo, su implementación en hongos Penicillium no se ha demostrado hasta la fecha, a pesar de su relevancia en la industria para la producción de antibióticos, metabolitos secundarios y proteínas, entre otros. Por ello, en este proyecto planteamos implementar el sistema CRISPR/Mad7 en diferentes especies de Penicillium, como P. chrysogenum -un hongo considerado seguro (GRAS)-, y los hongos patógenos de frutos P. digitatum y P. expansum, los cuales hemos demostrado que son unas excelentes biofactorías para la producción de proteínas antifúngicas (AFPs) (Garrigues et al., 2017, 2018) y para los que hemos sido capaces de implementar la tecnología CRISPR/Cas9 (Garrigues et al., 2020). Para este fin, utilizaremos vectores AMA1 autorreplicativos no integrativos que serán genéticamente manipulados mediante técnicas de clonaje USER®, y se utilizarán para transformar los hongos filamentosos mediante el método de transformación genética mediada por protoplastos. Con la implementación de esta tecnología, obtendremos cepas fúngicas con propiedades mejoradas y con mayor potencial de transferencia a la industria.	<a href="https://www.iata.csic.es/en/research/bioactive-proteins-and-peptides">https://www.iata.csic.es/en/research/bioactive-proteins-and-peptides</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1373	GARZO GONZALEZ, ELISA ISABEL	elisa.garzo@ica.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS AGRARIAS	Interacciones multitróficas y métodos naturales de control de insectos fitófagos en cultivos hortícolas	Dentro de un sistema agrario se producen interacciones entre diferentes niveles tróficos: la planta huésped, los virus vegetales, el insecto fitófago vector de virus y sus enemigos naturales (depredadores y parasitoides). Dentro de estas interacciones también se incluye la microbiota del suelo, constituida por microorganismos como la micorrizas y bacterias promotoras de crecimiento que pueden afectar a la atracción o repelencia tanto de insectos fitófagos como de enemigos naturales. Dentro de este complejo de interacciones es esencial la búsqueda de compuestos naturales que actúen como bioinsecticidas/repelentes o sean atrayentes para los enemigos naturales. Este proyecto "Interacciones multitróficas y métodos naturales de control de insectos fitófagos en cultivos hortícolas" tiene como objetivo evaluar el efecto de productos de origen natural tanto en el control del insecto fitófago como en la dispersión de virus vegetales así como su compatibilidad con los enemigos naturales. El laboratorio de Insectos Vectores de Patógenos de Plantas (IVPP), se encuentra en el Instituto de Ciencias Agrarias del CSIC en Madrid. Entre nuestras líneas de trabajo destacamos las interacciones multitróficas y su aplicación en el control biológico de insectos plaga y los patógenos que transmiten, el diseño de estrategias para interferir en los mecanismos de transmisión de organismos fitopatógenos y la preferencia, prevalencia y crecimiento poblacional de insectos vectores y sus enemigos naturales en plantas infectadas por organismos fitopatógenos y sus implicaciones epidemiológicas. El investigador en formación obtendrá conocimientos básicos sobre la biología y cría de insectos, métodos para evaluar la toxicidad, repelencia o atracción de bioinsecticidas y realizará ensayos en los que evaluará el efecto de dichos productos en la capacidad reproductiva y crecimiento poblacional del insecto plaga. Además, podrá ver cómo afecta tanto al insecto plaga como al enemigo natural la colonización de las raíces de la planta por microorganismos del suelo como los hongos micorrízicos.	<a href="https://www.ica.csic.es/index.php/departamentos/departamento-de-proteccion-vegetal/insectos-vectores-de-patogenos-de-plantas">https://www.ica.csic.es/index.php/departamentos/departamento-de-proteccion-vegetal/insectos-vectores-de-patogenos-de-plantas</a>
JAEINT24_EX_1184	GASOL PIQUE, JOSE MARIA	pepgasol@icm.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS DEL MAR	Caracterización de vesículas extracelulares asociada a floraciones de cianobacterias	El objetivo de este proyecto es caracterizar las poblaciones de vesículas extracelulares asociadas a las floraciones de cianobacterias y las posibles implicaciones en el funcionamiento del ecosistema y la calidad del agua. Las vesículas extracelulares (VE) son estructuras liberadas por las células y delimitadas por una bicapa lipídica que puede contener DNA, RNA y proteínas. Las VE son extremadamente relevantes a nivel ecológico ya que intervienen en muchas de las interacciones microbio-microbio y microbio-ambiente. De hecho, las principales funciones asociadas a las VE en ambientes acuáticos son la excreción, la comunicación celular, la transferencia de genes, la resistencia a los fagos y la transmisión de toxicidad. Mientras que la importancia de las vesículas está bien reconocida en biomedicina, la investigación al respecto en ecología microbiana todavía está en las primeras etapas. La producción de VE es una característica universal común a todos los organismos, estudios marinos recientes han demostrado que las VE son producidas por varios procariotas cultivados, incluidas diversas cianobacterias. Dada la omnipresencia de las VE y su probable papel en el flujo de información, energía y biomoléculas en las comunidades microbianas acuáticas, este proyecto tiene como objetivo caracterizar a las poblaciones de VE en sistemas acuáticos que modulan potencialmente las funciones biológicas y las interacciones microbio-microbio. Considerado este contexto el plan de formación del estudiante incluirá adquirir el conocimiento teórico y práctico para: 1) Aislamiento de vesículas en cultivos de <i>Microcystis aeruginosa</i> tramite columna de purificación por tamaño 2) Determinación de la abundancia de VE por citometría de flujo para estimar la abundancia de las VE contadas. Se utilizarán tinciones específicas para las VE, que ya están disponibles comercialmente (e.g. CarboxyFluorescein Succinimidyl Ester, CFSE) 3) Caracterización del contenido molecular (ácidos nucleicos) con el objetivo de determinar las funciones principales de las VE aisladas, en particular se utilizará secuenciación de alto rendimiento y protocolos bioinformáticos de metagenómica y metatranscriptómica. 4) Muestreos en ambiente acuáticos a lo largo del tiempo y aplicación de los mismos protocolos aplicados al cultivo.	<a href="https://emm.icm.csic.es/">https://emm.icm.csic.es/</a>
JAEINT24_EX_0644	GAVIRA GALLARDO, JOSE ANTONIO	j.gavira@csic.es	INSTITUTO ANDALUZ DE CIENCIAS DE LA TIERRA	APLICACIONES BIOTECNOLÓGICAS DE CRISTALES ENZIMÁTICOS	El empleo de enzimas en distintos procesos biotecnológicos reporta beneficios a distintos niveles, desde una mejora del control sobre la producción vinculada a su elevada efectividad y especificidad, a un aumento del rendimiento donde el consumo energético y de recursos en general se ven mejorados al tiempo que se minimiza el impacto ambiental. En nuestro grupo exploramos dos líneas de desarrollo encaminadas a valorizar el uso de cristales de enzimas entrecruzados (CLEC, del inglés Cross-Linking Enzyme Crystals) en aplicaciones biotecnológicas. Por una parte, se propone emplear medios gelificados para la producción de cristales enzimáticos a nivel industrial. Los geles no solo proveen de un medio para la obtención de muestras homogéneas de cristales, además facilita el tratamiento de entrecruzamiento y permite obtener dispersiones homogéneas de nuevos elementos (compuestos orgánicos, nanotubos, nanopartículas, etc.) que serán incorporados en los cristales durante su crecimiento dando lugar a nuevos materiales compuestos con potencial uso en catálisis combinada: bio/orgánico ó bio/inorgánico). Por otra parte, hemos acoplamos los CLECs a sistemas microfluidicos de forma que podemos hacer un seguimiento en continuo de la reacción enzimática catalizada por los CLECs a través un sistema de detección optofotónico acoplado al chip. Pretendemos ahora evaluar la posibilidad de realizar reacciones acopladas, en cadena, empleando los CLECs de varias enzimas o en combinación CLEC/enzima-inmovilizada dando un salto sustancial para la producción de compuestos de interés farmacológicos o empleando estos chips como sensores de sustancias contaminantes. El grupo de investigación al que se incorporaría el estudiante posee una amplia experiencia en la implementación de cascadas multi-enzimáticas para la producción de compuestos de interés industrial, entre ellos, D- y L-aminoácidos ópticamente puros. En este sentido, el conocido como proceso de la hidantoína permite la producción de cualquier aminoácido enantioméricamente puro con bajo coste e impacto ambiental reducido y serían estas cascadas enzimáticas las que implementaríamos con las enzimas inmovilizadas ya sean como CLECs o en forma de agregados o adheridas a la superficie del chip.	<a href="https://www.lec.csic.es/gavi/">https://www.lec.csic.es/gavi/</a>



REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0193	GELLER , RON	ron.geller@csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA INTEGRATIVA DE SISTEMAS	Caracterización de mutaciones que confieren mayor patogenicidad en cepas recientes del virus Echovirus 11	Recientemente, se observó un aumento brusco en la letalidad del Echovirus 11 en lactantes en Europa. Las razones detrás de este cambio en la patogenicidad permanecen desconocidas, en parte debido a la falta de herramientas disponibles para estudiar el virus. En el laboratorio, estamos desarrollando un sistema de clonación infecciosa para permitir la generación de virus mutantes. El estudiante tendrá la oportunidad de utilizar este sistema para descubrir qué mutaciones han causado el cambio en la patogenicidad utilizando métodos de biología molecular y virología. Además, se utilizarán análisis bioinformáticos para ayudar a enfocarse en las mutaciones relevantes. El trabajo ayudará a avanzar en nuestra comprensión de cómo los enterovirus comunes cambian la patogenicidad, lo que puede afectar nuestra comprensión y manejo tanto de variantes emergentes actuales como futuras.	<a href="http://www.uv.es/viralbiology">www.uv.es/viralbiology</a>
JAEINT24_EX_1163	GESTAL MATEO, MARIA CAMINO	cgestal@iim.csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES MARINAS	DETERMINACION DE INDICADORES DE BIENESTAR Y SALUD EN ACUICULTURA SOSTENIBLE DE PULPO: VALIDACIÓN DE MÉTODOS DE DIAGNÓSTICO NO INVASIVOS	La creciente importancia del bienestar de las especies de acuicultura tiene su base tanto en consideraciones éticas como en la necesidad de mejorar la calidad en los productos de acuicultura. El pulpo común, Octopus vulgaris, es una especie comercialmente importante con un alto potencial para la diversificación de la acuicultura. Para proteger este importante recurso pesquero en Galicia, actualmente sobreexplotado, impulsar la bioeconomía mediante un uso más eficiente de los recursos vivos y abastecer la fuerte demanda del mercado, es necesario desarrollar una acuicultura eficiente y sostenible que garantice el bienestar animal. El pulpo común es además modelo en experimentación animal, lo que requiere su mantenimiento en instalaciones de acuario en buenas condiciones de bienestar y salud. Las condiciones de cautividad y el estrés al que en ocasiones puedan estar sometidos los animales favorecen el desarrollo de enfermedades que deben ser controladas. Por tanto, una de las prioridades como estrategia para mejorar su salud y bienestar en instalaciones de acuarios y /ó cultivo es la prevención de enfermedades y el aumento de su capacidad de lucha contra patógenos y agresiones externas. El principal objetivo de esta propuesta es pues el desarrollo de metodologías no invasivas para la identificación rápida y fácil de los principales patógenos que puedan afectar a esta especie con objeto de diseñar un plan de seguimiento y vigilancia para su utilización como indicador biológico de bienestar (OWI) en plantas de cultivo de pulpo, que favorezca el diagnóstico temprano y control sanitario, mejorando su salud y evitando enfermedades. Para ello se utilizarán muestras de mucus de piel y branquias, así como heces y filtrados de agua del tanque de mantenimiento o cultivo. Se desarrollarán metodologías específicas de Q-PCR absoluta para cada uno de los principales patógenos identificados (protozoos, bacterias patógenas y virus), metodologías que serán validadas y estandarizadas en base a técnicas de diagnóstico clásico. Se utilizarán también muestras de hemolinfa extraída con un simple pinchazo para la validación de parámetros de respuesta inmune. Se analizará la expresión de genes de respuesta inmune, seleccionados a partir de resultados transcriptómicos previos, para su validación como indicadores de bienestar y salud. Los resultados que se obtengan pretenden ser una herramienta fundamental para el incipiente desarrollo de la acuicultura sostenible de pulpo común.	<a href="https://www.iim.csic.es/index.php/en/research/all-groups/marine-molecular-pathobiology">https://www.iim.csic.es/index.php/en/research/all-groups/marine-molecular-pathobiology</a>
JAEINT24_EX_0653	GIL AYUSO-GONTAN, CARMEN	carmen.gil@csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS MARGARITA SALAS	Diseño y síntesis de inhibidores de quinasas con potencial farmacológico	Las proteína-quinasas junto con las proteína-fosfatasa son enzimas que regulan el estado de fosforilación de proteínas intracelulares. Debido a su implicación en el desarrollo de diferentes patologías han sido consideradas como dianas celulares en la terapia de estas enfermedades. Fundamentalmente, los inhibidores de diferentes quinasas han sido estudiados para el tratamiento del cáncer. Sin embargo, se sabe que los inhibidores de quinasas tienen también un gran potencial en la búsqueda de fármacos para el tratamiento de diferentes enfermedades neurodegenerativas e incluso infecciosas. Así por ejemplo, existen diferentes proteína-quinasas implicadas en la fosforilación de proteínas relacionadas con el proceso neurodegenerativo, entre las que se incluyen GSK3beta, CK1, CDC7 o TTBK1. Estas quinasas en concreto están involucradas en la fosforilación patológica de TDP-43, y por tanto inhibidores de estas enzimas tienen utilidad para el tratamiento de la ELA y otras proteopatías de TDP-43. Otro problema de salud importante lo constituyen las infecciones virales. En el desarrollo de agentes antivirales la aparición de resistencias a los fármacos en uso es un problema recurrente. Una posible alternativa sería la búsqueda de antivirales que actuasen en dianas del huésped, ya que los virus dependen de numerosas proteínas celulares y procesos de fosforilación. De hecho, se han descrito numerosas quinasas humanas con potencial para el desarrollo de agentes antivirales. Tal es el caso de las quinasas AAK1 y GAK, reguladoras del tráfico mediado por clatrina, o PIKfyve, responsable de la maduración endosomal, que al estar relacionadas con el proceso de entrada de virus han sido utilizadas en la búsqueda de terapias antivirales de amplio espectro. Basandonos en la amplia experiencia del grupo de investigación, el trabajo a realizar por el candidato se centrará en el diseño y síntesis orgánica de derivados de prototipos de que se dispone con el fin de optimizar sus actividades y poder establecer relaciones estructura-actividad que nos permitan identificar nuevos inhibidores de quinasas con potencial farmacológico fundamentalmente en el área de las enfermedades neurodegenerativas e infecciosas. El candidato tendrá la posibilidad de trabajar en un grupo de Química Médica altamente multidisciplinar, participando directamente en las etapas de diseño y síntesis y asistiendo a las reuniones en las que se discutan los ensayos biológicos.	<a href="https://www.cib.csic.es/es/departamentos/biologia-estructural-y-quimica/quimica-medica-y-biologica-traslacional">https://www.cib.csic.es/es/departamentos/biologia-estructural-y-quimica/quimica-medica-y-biologica-traslacional</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1663	GIL COTO, MIGUEL	m.gil.coto@csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES MARINAS	From Inertial Measurement Units (IMU) to waves and mussel dislodgements	Under the STRAUSS research project (Effects of Ocean Waves in the Rías Baixas Upwelling System: surface dynamics on selected biological case studies) the IIM-CSIC has developed two devices to measure the high frequency movement of buoys and mussel rafts. Both electronic devices use Inertial Measurement Units (IMU) implemented in an Arduino platform with data logging and transmission (GPRS) capabilities. We expect to improve the algorithms and data processing steps needed to transform the IMU signals in ocean wave parameters and mussel raft movements (that, ultimately, produce mussel dislodgements) with the buoy and mussel raft devices, respectively. We aim to gain knowledge on the wave regimes in the Rías Baixas and their effect on the current dynamics and their impact on the ecosystem.	<a href="https://www.iim.csic.es/index.php/en/research/all-groups/oceanic-processes-global-change">https://www.iim.csic.es/index.php/en/research/all-groups/oceanic-processes-global-change</a>
JAEINT24_EX_0768	GIL PEREZ, DIEGO	diego.gil@csic.es	MUSEO NACIONAL DE CIENCIAS NATURALES	CAMBIOS EN LA COLORACION EN RELACION A LA EDAD EN EL ESTORNINO NEGRO	Las diferencias en coloración entre sexos en los organismos son evidencia de distintas presiones selectivas, a menudo relacionadas con la selección sexual. En este caso, se espera que estos caracteres sean costosos de producir y que presenten cambios en relación a la edad. En concreto se espera que las aves adultas tengan una coloración más intensa que las jóvenes, y que las aves senescentes muestren una coloración menos intensa. Se estudiarán estos patrones usando espectrofotometría en una colección de muestras de plumas de estornino negro ( <i>Sturnus unicolor</i> ) guardadas en los últimos 15 años. Por otro lado, se realizarán mediciones hormonales en las plumas de una cohorte de aves de dos años de edad, relacionando los niveles de hormonas (corticosterona y testosterona) con las diferencias en el tamaño y coloración de las plumas.	<a href="http://www.behavecol.es">www.behavecol.es</a>
JAEINT24_EX_0547	GIMENEZ IBAÑEZ, SELENA	selena.gimenez@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Bases Moleculares Evolutivas de la Inmunidad de las Plantas	Our group is a young and energetic laboratory that aims to understand broadly the Evolutionary Molecular Basis controlling Plant Resistant and Susceptibility against Phytopathogenic Bacteria. Plant pests and diseases affect food crops, cause the loss of at least 10% of global food production. In this context, plant immunity relies on a complex network of hormone signalling pathways in which salicylic acid (SA) plays a central role. Despite major advances during the past three decades has led us to understand the core SA signaling components, we are still far to understand how SA finely regulates plant immunity and survival. Arabidopsis has been an instrumental model system for elucidating how SA signaling controls disease resistance in angiosperms. Nonetheless, Arabidopsis is just one of the ~400,000 plant species on earth. In this context, it is still unclear whether the SA acts as a major hormone controlling plant immunity and survival in different plant lineages, and whether molecular mechanism identified so far represent a general mechanism for SA signaling or specificity exists. We have previously demonstrated that an ancient immune system governs plant-microbe interactions between the liverwort <i>Marchantia polymorpha</i> , which belongs to an early divergent land plant lineage, and the pathogenic bacteria <i>Pseudomonas syringae</i> , which is similar to the case in angiosperms. However, knowledge about the role of SA towards establishing the multiple layers of plant immunity in this liverwort is lacking. In our laboratory, we aim at unraveling SA pathway in bryophytes, and thereby investigate the origin and evolution of SA pathway in plants. We will approach this aim by utilizing the model liverwort <i>M. polymorpha</i> by taking genetic, biochemical, and -omic approaches. The activities to be developed by the JAE Intro Scholarship will be part of a 2022 Knowledge Generation Project (PID2022-136746OB-I00), and aim to dissect the immunary role of SA hormone in <i>M. polymorpha</i> . This Project folds into Molecular Biology and Evolutionary Genetics. The JAE Intro student will gain knowledge in molecular biology techniques, protein techniques (WB, Y2H and PD interactions), CRISPR/Cas9-mediated targeted mutagenesis, transgenesis and plant-pathogen interactions in <i>M. polymorpha</i> . The JAE Intro student will be directly trained by the IP. The JAE Intro student will also be favour to attend and participate in workshops, seminars and divulgation activities at the CNB.	<a href="https://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/genetica-molecular-de-plantas/moleculares-mechanisms-regulat">https://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/genetica-molecular-de-plantas/moleculares-mechanisms-regulat</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0419	GIMENEZ VERDUGO, JOAN	joan.gimenez@ieo.csic.es	CENTRO OCEANOGRÁFICO DE MÁLAGA	Niche conservatism in cetaceans	Within communities, species are expected to distribute themselves unevenly throughout different niche dimensions (n-hypervolume) thereby avoiding competitive exclusion. These dimensions include both biotic (i.e. resources that species use) and abiotic axes (i.e. environmental conditions where species perform). Identifying the most influential ecological niche dimensions that structure communities is fundamental to approach a panoply of important ecological questions including resource use and niche partitioning, species abundances and distribution, geographic diversity or adaptation to changing environmental conditions. Here, the student will analyse trophic and environmental segregation in cetaceans in different environmental conditions (Alboran Sea, Gulf of Cádiz, northern Portugal, and Bay of Biscay). The main objective is to test if niche conservatism is present in cetacean communities. Trophic segregation or overlap will be analysed by: a) Stable isotope analysis: Niche widths and isotopic niche overlap will be assessed with the SIBER R package; b) Stomach content analysis: Pianka's index of overlap will be calculated using information of the species consumed. The index will be calculated with the R package "EcoSimR". In addition, environmental overlap or segregation will be analysed as follows: Cetacean sightings available in OBIS-SeaMap and GBIF data repositories will be downloaded. For each sighting fixed environmental variables such as bathymetry, slope, and distance to the coast will be downloaded from the General Bathymetric Chart of the Oceans (GEBCO). Also, dynamic variables will also be downloaded from Copernicus Marine Environment Monitoring Service, such as sea surface temperature (SST) and chlorophyll-a concentration (CHL). Variables will be analysed with "Dynamic Range Boxes", which is a robust non-parametric method that quantifies the size and overlap of niches by assessing the degree of similarity between two niches based on the mean of the overlap in different dimensions. We are seeking a highly motivated and qualified student to join our initiative. Through this grant, the student will acquire a deep knowledge on how cetacean species avoid competitive exclusion using different methodologies. The student will join the MegaMAR group from IEO-CSIC, an inter-center group with researchers and technicians in the Centro Oceanográfico de Vigo (COV), Canarias (COC), and Málaga (COMA).	www.ieo.es
JAEINT24_EX_1160	GIMENO FLORIA, M.CONCEPCION	concepcion.gimeno@csic.es	INSTITUTO DE SINTESIS QUIMICA Y CATALISIS HOMOGÉNEA	METALOFÁRMACOS EN TERAPIAS DIRIGIDAS CONTRA EL CÁNCER	Los medicamentos basados en compuestos metálicos se utilizan para el tratamiento de numerosas enfermedades y son herramientas importantes en la medicina contemporánea. El cáncer es una de las principales causas de muerte en todo el mundo y el desarrollo de complejos anticancerígenos es un área activa de investigación que ha pasado de descubrir medicamentos por serendipia a diseñar medicamentos de manera racional. Entre las estrategias emergentes para mejorar la actividad antitumoral y disminuir la toxicidad de los agentes quimioterapéuticos actuales, se está buscando intensivamente el desarrollo de terapias dirigidas o agentes anticancerígenos activados de manera controlable. La combinación de dos o más moléculas biológicamente activas a través de enlaces covalentes es una estrategia establecida en el diseño de medicamentos que, en comparación con sus elementos individuales, puede exhibir funciones biológicas mejores o novedosas. Considerando que cada molécula puede inhibir selectivamente la actividad de diferentes objetivos, su combinación produciría derivados con múltiples objetivos capaces de mejorar sus propiedades anticancerígenas y reducir los efectos secundarios y la resistencia en la prevención y el tratamiento futuro del cáncer. El trabajo que se desarrollará durante la estancia de investigación se centrará en el diseño de nuevas terapias con compuestos de oro dirigidas selectivamente hacia las células cancerígenas, aumentando así su eficacia y disminuyendo los efectos adversos de la quimioterapia. Para ello se pretende realizar una funcionalización de compuestos de oro con moléculas que pueden conducir a estos compuestos a la diana biológica, como por ejemplo péptidos, hormonas o azúcares. La unión de estas moléculas a fluoróforos permitirá la visualización de estos compuestos dentro de la célula por medio de la microscopia de fluorescencia, lo que permitirá conocer su biodistribución, localización y posibles dianas biológicas de los compuestos. La estancia se iniciará llevando a cabo todas las etapas que caracterizan un trabajo de investigación, en primer lugar, la búsqueda bibliográfica para conocer el estado actual del tema que se quiere estudiar, en segundo lugar, el planteamiento de los experimentos a realizar y, posteriormente, la interpretación de los resultados obtenidos. El estudiante adquirirá una gran experiencia en las principales técnicas y métodos experimentales empleados en el campo de la química bioorgánica y en el estudio de	https://gimenogroup.com/
JAEINT24_EX_0971	GIRONA GARCIA, ANTONIO	a.girona@csic.es	INSTITUTO MIXTO DE INVESTIGACION EN BIODIVERSIDAD	¿Qué papel juega la erosión post-incendio en el ciclo del carbono?	El plan de formación propuesto se ajusta a la línea de investigación principal del Dr. Girona García, centrada en los efectos de los incendios forestales y quemaduras prescritas sobre el ciclo del carbono. Más particularmente, en evaluar si los procesos de erosión de suelo post-fuego actúan como fuente o sumidero de carbono. Las tareas a desarrollar son: (1) instalación y monitorización de parcelas de erosión (escala de ladera) en campo después de incendios forestales y quemaduras prescritas; (2) preparación y análisis de muestras de sedimentos, suelo, cenizas y biomasa para determinación de su contenido en carbono; (3) análisis de datos de campo (pluviometría, respiración del suelo) y laboratorio (contenido en carbono de las muestras); (4) interpretación de datos obtenidos, relacionando el enriquecimiento/empobrecimiento de carbono en suelos y sedimentos con las tasas de erosión y mineralización del carbono. Este plan de formación proporcionará una formación integral al/la candidato/a en el desarrollo de un trabajo de investigación, desde la obtención de datos en campo, pasando por laboratorio, hasta el análisis de los datos obtenidos. Además, se incorporará a un grupo activo, diverso y multidisciplinar de investigación en incendios forestales, que actualmente cuenta con 2 investigadores senior, 3 doctores junior, y 2 investigadores predoctorales, lo que repercutirá positivamente en su formación y adquisición de competencias. Para la consecución de las tareas propuestas, se proporcionará formación conceptual sobre los incendios forestales y cómo afectan a la dinámica erosiva del suelo y del carbono. Además, se capacitará en trabajo de laboratorio, aprendiendo los fundamentos de preparación y análisis de muestras de suelo. Por otro lado, se formará en la interpretación de los datos obtenidos y el manejo de programas estadísticos para su análisis.	https://apps.csic.es/grupos/pages/grupo/edicionGrupo.html?idGrupo=923008

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1037	GODEFROID , MARTIN ROBERT	martin.godefroid@csic.es	MUSEO NACIONAL DE CIENCIAS NATURALES	Reconstruction of trophic webs to design integrated pest management strategies	The project focuses on the development of innovative pesticide-free strategies to control the bacterium <i>Xylella fastidiosa</i> (Xf). This bacterium is a harmful insect-borne plant pathogen that causes severe damage to economically important agricultural crops in Europe (e.g. grapevine, olive, citrus, almond). The research group is working on the design of two main control strategies: (i) identification of natural enemies of the disease vectors and (ii) planting cover crops in the fields that are unsuitable for the nymphal stages of these vectors. Combining field sampling, cutting-edge metabarcoding genomic tools and field assays, the aim of the project is to: (a) characterize the community of natural enemies of Xf vectors in agrosystems at different times of the year; (b) identify candidate plants for cover crops unsuitable for nymphs of the vectors. Throughout the duration of the JAE fellowship, the student will be exposed to this research field. The training plan foresees the acquisition of a wide range of new skills through participation in the following tasks: • Fieldwork skills: sampling of insects and plants in agrosystems. • Taxonomic skills: identification of plants and insects in the laboratory. • Laboratory skills: Extraction of gut contents from sampled insects. • Laboratory skills: Advanced molecular biology techniques, including preparation of gene libraries for next generation metabarcoding approaches. The training of the student will be closely supervised by the PI of the project and a postdoctoral from the team. The student will also strongly interact with international collaborators from research centers in France (INRAE, Montpellier) and Spain (MNCN, Sanidad vegetal, Real Jardín Botánico de Madrid), specialized in different topics (entomology, food webs, ecology, genetics). In addition to the project itself, the student will benefit from weekly seminars organized at the MNCN on various scientific topics. The student will also have the opportunity to participate in dissemination events (e.g. la noche de los investigadores) and local scientific meetings (e.g. las jornadas del museo).	<a href="https://www.mncn.csic.es/es/investigacion/biogeografia-y-cambio-global">https://www.mncn.csic.es/es/investigacion/biogeografia-y-cambio-global</a>
JAEINT24_EX_0995	GODOY LOPEZ, JOSE ANTONIO	godoy@ebd.csic.es	ESTACION BIOLOGICA DE DOÑANA	Genética de la conservación de linces	El estudiante se incorporará a la dinámica del grupo de investigación, actualmente centrada en la aplicación de la genómica a la investigación y la conservación de linces. Las investigaciones en curso se centran en usar los nuevos y poderosos enfoques genómicos para caracterizar los cambios que sufre los genomas de las especies amenazadas como consecuencia del declive y el aislamiento de sus poblaciones, reconstruir la historia demográfica y evolutiva de las especies y aportar herramientas útiles para su seguimiento y gestión. En este sentido, el grupo lidera las actuaciones de seguimiento y gestión genética de la especie en el marco del proyecto LIFE Lynxconnect, que actualmente abarcan al conjunto de la especie, incluidas las poblaciones remanentes, cautivas y reintroducidas. El estudiante profundizará en sus conocimientos de genética poblacional, genética de la conservación, genética evolutiva y ecología molecular, incluidos conceptos como el vértice de la extinción, la depresión consanguínea, la deriva genética, la selección natural, el tamaño efectivo poblacional, y la gestión genética. Además, adquirirá competencias en el análisis de datos genómicos para la estima de consanguinidad individual, ancestrias poblacionales, y carga genética. Alternativamente, podrá adquirir experiencia en la aplicación de marcadores moleculares para el seguimiento genético de individuos y poblaciones. En este último caso, sus tareas se centrarán en la extracción de ADN de muestras de lince ibérico – incluidas muestras obtenidas de manera no invasiva como excrementos y pelos–, el genotipado de SNPs seleccionados y el análisis de datos para la identificación individual, la asignación de parentales, la estima de parentesco y la estima de parámetros genético-poblacionales. El grupo mantiene una línea de formación de investigadores y el estudiante podría optar a desarrollar una tesis doctoral en nuestro grupo en estos u otros temas relacionados.	<a href="https://orcid.org/0000-0001-7502-9471">https://orcid.org/0000-0001-7502-9471</a>
JAEINT24_EX_0541	GOMARA ELENA, MARIA JOSE	mariajose.gomara@iqac.csic.es	INSTITUTO DE QUIMICA AVANZADA DE CATALUÑA	Nanosistemas basados en péptidos anfífilos para la administración de fármacos anti-inflamatorios.	La propuesta de formación se basa en la obtención de nuevos sistemas de administración de fármacos basados en péptidos anfífilos. Estos péptidos, que se caracterizan por tener bien diferenciadas en su estructura una parte hidrofílica y otra hidrofóbica, tienen la capacidad de autoensamblarse en disolución acuosa para formar nanoestructuras que permiten la encapsulación de fármacos poco solubles en disoluciones acuosas. Se plantea la síntesis en fase sólida de péptidos anfífilos, su purificación y su caracterización así como el estudio de la formación de nanoestructuras y la encapsulación de fármacos con actividad anti-inflamatoria. Este tipo de nanosistemas permitirían mejorar la biodisponibilidad de fármacos poco solubles en entornos fisiológicos y reducir su toxicidad.	<a href="https://www.iqac.csic.es/es/investigacion/departamentos/quimica-biologica/sintesis-y-aplicaciones-biomedicas-de-peptidos/">https://www.iqac.csic.es/es/investigacion/departamentos/quimica-biologica/sintesis-y-aplicaciones-biomedicas-de-peptidos/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_039I	GOMEZ CORTES, PILAR	p.g.cortes@csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACION EN CIENCIAS DE LA ALIMENTACION	Las microalgas como fuente sostenible de compuestos bioactivos	<p>La industria agroalimentaria ha intensificado la búsqueda de ingredientes con potencial bioactivo que proporcionen a los alimentos una calidad nutricional reforzada. En este contexto, distintas cepas de microalgas han destacado como fuentes naturales prometedoras de componentes bioactivos, incluyendo ácidos grasos poliinsaturados omega-3, carotenoides, β-glucanos y péptidos bioactivos. Estos compuestos pueden ser extraídos de la biomasa o ser liberados extracelularmente al medio de cultivo. Las microalgas también despiertan interés desde un punto de vista medioambiental, ya que se consideran una fuente sostenible de compuestos con alto valor nutricional, haciéndose necesario esclarecer los potenciales efectos beneficiosos de su consumo.</p> <p>Nuestro programa JAE tiene como objetivo la obtención de compuestos bioactivos a partir de microalgas mediante tecnologías eco-sostenibles, como base para el desarrollo de nuevos alimentos con propiedades saludables. Se trata de un proyecto pionero enfocado a un amplio espectro de compuestos (lípidos, proteínas, hidratos de carbono y antioxidantes) que incluye la caracterización exhaustiva de los extractos y el estudio pormenorizado de su actividad biológica. El estudiante se incorporará al grupo de Lípidos del Instituto de Investigación en Ciencias de la Alimentación (CIAL) y aprenderá aspectos relacionados con (i) la extracción sostenible y selectiva de los compuestos de interés, (ii) la caracterización de los extractos mediante técnicas cromatográficas (GC y HPLC) y (iii) la evaluación de la actividad biológica mediante métodos bioquímicos y modelos celulares. En definitiva, este programa formativo pretende dotar al estudiante de los conocimientos y las herramientas necesarias para realizar los ensayos en el laboratorio y, a su vez, introducirle en un sector en pleno crecimiento y desarrollo.</p>	<a href="https://www.cial.uam-csic.es/investigacion/departamentos/departamento-de-bioactividad-y-analisis-de-alimentos/grupo-de-lipidos/">https://www.cial.uam-csic.es/investigacion/departamentos/departamento-de-bioactividad-y-analisis-de-alimentos/grupo-de-lipidos/</a>
JAEINT24_EX_0293	GOMEZ DIAZ, ELENA	elena.gomez@csic.es	INSTITUTO DE PARASITOLOGIA Y BIOMEDICINA LOPEZ NEYRA	Epigenética de la adaptación en malaria	<p>La malaria es una de las enfermedades humanas de mayor impacto para la salud global, se estima que el 40% de la población mundial está en riesgo y más de medio millón de personas mueren al año. Esta causada por parásitos protozoos del genero Plasmodium y la transmiten mosquitos. A pesar de los avances en prevención y tratamiento, el parásito ha demostrado una enorme capacidad para sobrevivir a estas estrategias y adaptarse rápidamente al ambiente heterogéneo y cambiante dentro y fuera huésped. Se conoce muy poco acerca de los mecanismos reguladores que subyacen a esta adaptabilidad. Nuestra investigación pretende responder a la pregunta de cuál es el papel de la epigenética en la adaptación del parásito de la malaria humana Plasmodium falciparum. Para ello combinamos tecnologías de célula única, edición genética por CRISPR/Cas, y tecnologías -ómicas. Con los resultados esperados pretendemos contribuir a nuevas estrategias y herramientas para combatir la malaria. Dentro del plan de investigación del grupo, el trabajo propuesto puede abordar alguno de los siguientes objetivo específicos: 1) estudiar la plasticidad regulatoria, variabilidad transcripcional y epigenética célula a célula, en parásitos aislados de diferentes áreas endémicas de malaria cuándo se les somete a diferentes ambientes. 2) editar genéticamente los reguladores de dicha plasticidad para validar su funcionalidad. El plan de formación incluye: i) Conocimientos teóricos básicos en Parasitología, Biología Celular, Biología Molecular y Evolutiva, Biología Computacional. ii) Competencias en las técnicas disponibles en nuestro laboratorio (RNA-seq, ChIP-seq, ATAC-seq, CUT&amp;RUN, CRISPR/Cas, scRNA-seq). iii) Bioinformática iv) Formación complementaria en comunicación oral, escritura científica, estadística y computación con R. v) Proyección internacional e interdisciplinar (UK, Mali).</p>	<a href="https://gomezdiazlab.wordpress.com">https://gomezdiazlab.wordpress.com</a>
JAEINT24_EX_050I	GOMEZ HOC, GUSTAVO GERMAN	gustavo.gomez@csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA INTEGRATIVA DE SISTEMAS	Regulación de la interacción organismo-ambiente mediado por RNAs circulares	<p>El cambio climático es uno de los factores que limitan el crecimiento de las plantas en todo el mundo. Las plantas poseen diversas estrategias de regulación para sobrevivir a entornos cambiantes. Los RNA no codificantes (ncRNA) son una clase de RNA que regulan la expresión génica tanto a nivel transcripcional como postranscripcional. Responden a señales ambientales (incluida la interacción planta-microorganismo) y, por lo general, intervienen en la regulación de la respuesta a estas señales. Es por esto que conocer los mecanismos que regulan la interacción planta-ambiente emerge como una de las prioridades para la mejora del rendimiento de los cultivos en este nuevo escenario condicionado tanto por el cambio climático como por las nuevas políticas europeas de regulación de la actividad agrícola. Para hacer frente a este reto proponemos como objetivo general de nuestra línea de investigación "Investigar y caracterizar funcionalmente la implicación de los ncRNAs en la regulación de las interacciones planta-ambiente". En el marco de este proyecto general de nuestro grupo de investigación, se propone como objetivo de esta estancia que el investigador en formación participe en la línea de investigación orientada a "Caracterizar los mecanismos mediados por ncRNA circulares (circRNAs) que regulan la interacción organismo-ambiente". Para ello se han definido las siguientes actividades específicas: 1- Adaptación del investigador al entorno de trabajo y a las diferentes herramientas computacionales que se utilizan en el laboratorio. 2- Capacitación para el trabajo con sistemas "on line" para la identificación de circRNAs. 3- Capacitación en purificación de extractos de RNA circulares y generación de librerías para secuenciación mediante técnicas de NGS. 4- Capacitación en clonaje de genes y expresión de transcritos en sistemas modelo (plantas, bacterias y C. elegans). 5- Identificación (mediante análisis de expresión diferencial) de circRNAs reactivos a alteraciones ambientales. 6- Predicción computacional de sus potenciales targets. 7- Participación activa en la toma de decisiones y discusión de resultados. Para ello se estimulará la participación del investigador en formación en las reuniones y seminarios internos con el objeto de que conozca el proceso de análisis de resultados y toma de decisiones en un grupo de investigación.</p>	<a href="https://www.ncrnlab.com/">https://www.ncrnlab.com/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0454	GOMEZ JIMENEZ, M.DOLORES	mdgomez@bmcp.upv.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA MOLECULAR Y CELULAR DE PLANTAS PRIMO YUFERA	Do DELLA proteins protect seed size under drought conditions?	Plants are in constant exposure to environmental stresses during their growth and development under natural conditions. As climate change aggravates meteorological events, the frequency and severity of drought events is expected to increase, and the impact on agriculture will intensify. Drought directly affects crop growth and productivity, resulting in lower yields and economic losses for farmers. Among the hormones involved in drought defense, gibberellins (GA) are primarily responsible for modulating stress-induced growth. It is well established that GA promote stem, leaf, inflorescence and root cell proliferation and expansion by inducing the degradation of growth repressive DELLA proteins. Thus, increased DELLA activity results in dwarf plants. On the other hand, GA-deficient mutants show an increased water deficit tolerance associated with a decrease in plant growth. Moreover, DELLA proteins GAI and RGA increase its expression in stress conditions providing drought tolerance in Arabidopsis. This evidence indicates that the GA play a negative role in drought response and that DELLA proteins act as key players in coordinating stress responses, mediating the crosstalk between growth and stress adaptation. Our group has demonstrated that the gain-of-function DELLA mutant gai-1 produces larger seeds as a result of an increase in the cell number in ovule integuments. This leads to an increase in ovule size and, in turn, to an increase in seed size, indicating that DELLA proteins have an opposite function in seed development compared with other plant organs. As DELLA GAI positively regulates drought stress resistance while repressing cell division and expansion, we speculate that the DELLA-dependent promotion of seed growth might be part of a trade-off mechanism that aims to ensure optimal reproductive development in stress conditions and improve the next generation. Modifying DELLA protein activity could result in the development of crops with enhanced drought tolerance. These modified plants could display optimized water-use efficiency, improved root systems, or effective osmotic adjustment. We could even go further, dissociating stress tolerance from growth decrease could provide tools to maintain growth and thus crop productivity under moderate stress conditions. Drought cannot be stopped, but the use of biotechnological approaches could significantly reduce the impact of drought on crops and ensuring food security. Participation in this project will	<a href="https://bmcp.upv.es/grupos-investigacion/senializacion-hormonal-del-desarrollo-de-frutos-y-semillas/">https://bmcp.upv.es/grupos-investigacion/senializacion-hormonal-del-desarrollo-de-frutos-y-semillas/</a>
JAEINT24_EX_1046	GOMEZ LOPEZ, PEDRO	pglopez@cebas.csic.es	CENTRO DE EDAFOLOGIA Y BIOLOGIA APLICADA DEL SEGURA	Interacción planta-virus-pulgón(-microbioma) en la epidemiología y ecología de virosis en cultivos	El trabajo estará orientado a la caracterización del microbioma (bacterioma y viroma) de pulgones responsables de enfermedades virales en cultivos de cucurbitáceas. En particular, las tareas abordarán diferentes aspectos biológicos, moleculares, ecológicos y microbiológicos para entender cómo el microbioma del pulgón puede influir en su comportamiento alimentario y en la transmisión de virus. Tareas contempladas: Preparación de reactivos moleculares. Fenotipado y procesado de muestras de pulgón. Evaluación de síntomas y detección de virus en cultivos por técnicas moleculares. Extracciones de ARN y ADN para secuenciación masiva (16S y RNA-seq). Análisis bioinformático e interpretación de datos.	<a href="http://www.cebas.csic.es/dep_spain/estres/patologia/patolog%C3%ADa_lineas.html">http://www.cebas.csic.es/dep_spain/estres/patologia/patolog%C3%ADa_lineas.html</a>
JAEINT24_EX_0578	GOMEZ MENA, MARIA CONCEPCION	cgozmez@bmcp.upv.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA MOLECULAR Y CELULAR DE PLANTAS PRIMO YUFERA	Evaluación de la termotolerancia del polen de plantas de tomate modificadas genéticamente y análisis del impacto en el proceso de fructificación.	El desarrollo del polen en plantas es un proceso posmeiótico que da lugar a granos de polen maduros a partir de microesporas. El estrés por calor es uno de los factores limitantes más importantes en la producción de los cultivos. Este estrés afecta en gran medida a las capas celulares que rodean a los microsporocitos y se han informado de anomalías en el desarrollo del tapetum causadas por el estrés por calor en muchas especies. El tapetum es muy rico en mitocondrias en comparación con los tejidos vegetativos. Bajo estrés por calor, el aumento en la generación de especies reactivas de oxígeno en este tejido puede causar daño oxidativo y muerte celular y en último término esterilidad masculina. El mantenimiento del estado redox celular es un mecanismo eficiente para minimizar el daño por estrés de calor. Las peroxididas contribuyen a la eliminación de especies reactivas de oxígeno ejerciendo una acción protectora celular. En el proyecto se participará en la caracterización de plantas de tomate que expresan una enzima ascorbato peroxidasa bajo un promotor inducible por calor. Se analizará si la expresión de esta enzima mejora la viabilidad del polen en diferentes condiciones de estrés y el efecto en la producción de frutos y semillas respecto a plantas control. Los resultados generados por este proyecto tienen un enorme potencial al ser obtenidos en un cultivo y como estrategia para obtener plantas más resistente y mejor adaptas al cambio climático. La participación en este proyecto implica recibir formación en la utilización de técnicas de Biología Molecular, microscopía y cultivo in vitro de plantas. Durante el desarrollo de la beca el/la estudiante asistirá a los seminarios del Departamento de Desarrollo y Acción Hormonal en Plantas en el cual está integrado el grupo receptor. En estas reuniones el personal del centro presenta sus resultados al resto del departamento lo que promueve la interacción entre diferentes grupos. El Instituto también cuenta con un programa de seminarios bisemanales con conferenciantes de centros de investigación de reconocido prestigio tanto nacionales como internacionales.	<a href="https://bmcp.upv.es/grupos-investigacion/biologia-y-biotecnologia-del-desarrollo-reproductivo/">https://bmcp.upv.es/grupos-investigacion/biologia-y-biotecnologia-del-desarrollo-reproductivo/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0860	GOMEZ MORALES, JAIME	jaime.gomez@csic.es	INSTITUTO ANDALUZ DE CIENCIAS DE LA TIERRA	Membrana de cáscara de huevo recubierta de apatito nanocristalino	La membrana del huevo (MH) es un material biopolimérico poroso que actúa como plantilla de nucleación de CaCO <sub>3</sub> durante la formación de la cáscara. La MH está formada por fibras de colágeno tipo I, V y X recubiertas de proteínas, glucosaminoglicanos y ácido hialurónico [1]. La composición y función de las caras externa e interna de la MH son diferentes. Mientras la cara externa promueve la nucleación de CaCO <sub>3</sub> in vivo, la interna, en contacto con la yema y la clara, la inhibe. Esta dualidad ha demostrado ser una característica singular aprovechada por la gallina para la formación de la cáscara y explorada en nuestro laboratorio para el desarrollo de un biomaterial 2D con aplicaciones en regeneración ósea guiada (ROG). La ROG es una técnica ampliamente usada en Odontología para promover la regeneración de hueso de la mandíbula antes de colocar un implante. Este material se ha obtenido mineralizando la cara externa con apatito nanocristalino con propiedades osteoinductoras mediante la técnica de difusión de vapor, mientras la interna se ha mantenido desmineralizada [2]. El material ha sido patentado [3], ha merecido el Premio a la Investigación 2023 del Instituto de Estudios del Huevo, y se ha difundido en numerosos medios de comunicación nacionales, así como en los programas ConCiencia y Tesis de Canal Sur. Nuestro grupo oferta un apasionante proyecto a desarrollar en el marco del programa JAE-Intro: Durante la primera fase (2 meses) el estudiante se sumergirá en el mundo de la cristalización de apatitos nanocristalinos mediante la técnica de difusión de vapor, su uso en el recubrimiento de membranas MH, y su caracterización mediante técnicas analíticas como la difracción de rayos X, espectroscopías FTIR y Raman, microscopía electrónica y otras. El segundo período (1.5 meses) se centrará en extender dicha metodología al recubrimiento con apatito de membranas comerciales de colágeno y su caracterización. El tercer período (3.5 meses) se dedicará a la preparación y caracterización físico-química y estructural de membranas mineralizadas con apatito dopado con metales para reforzar o inducir diferentes propiedades: Mg <sup>2+</sup> (osteogénesis), Cu <sup>2+</sup> (antimicrobiano), Eu <sup>3+</sup> y Tb <sup>3+</sup> (luminiscencia). Éstas últimas se caracterizarán además mediante espectroscopía de luminiscencia. Referencias [1] Torres-Mansilla et al. Polymers 15, 6 (2023) 1342. [2] Torres-Mansilla et al. Biomaterials Advances 154 (2023) 213605. [3] Gómez-Morales et al. PCT/ES2023/070274.	<a href="https://www.iact.csic.es/investigacion/unidades/laboratorio-de-estudios-cristalograficos/">https://www.iact.csic.es/investigacion/unidades/laboratorio-de-estudios-cristalograficos/</a>
JAEINT24_EX_1229	GOMEZ MUÑOZ, BEATRIZ	beatriz.gomez@eez.csic.es	ESTACION EXPERIMENTAL DEL ZAIDIN	Valorización del digestato obtenido del tratamiento alperujo para la producción de biogás como fertilizante	La digestión anaerobia de los residuos agroalimentarios es una excelente estrategia para producir energía renovable a la vez que reducimos problemas relacionados con la gestión de estos residuos orgánicos. Sin embargo, tras la digestión anaerobia obtenemos otro residuo llamado digestato rico en nutrientes y minerales. Una posible vía de valorización de los digestatos es como fertilizante orgánico, esto nos permitiría devolver al suelo parte de los nutrientes retirados con la cosecha y fomentar la economía circular de los agroecosistemas. En España se producen anualmente en torno a 10 millones de toneladas de alperujo que es un subproducto de la extracción de aceite de oliva. La obtención de biogás a partir del alperujo mediante digestión anaeróbica sería una buena estrategia para producir energía que puede ser utilizada en la propia almazara y evitaría problemas medioambientales asociados a la gestión de este subproducto. Finalmente, el digestato obtenido del alperujo podría ser utilizado como fertilizante orgánico en el olivar. El trabajo se centrará en investigar el valor agronómico de los digestatos obtenidos de tras la digestión anaerobia del alperujo o co-digerido con otros residuos orgánicos para mejorar la relación C/N del digestato y aumentar su valor como fertilizante. Posteriormente evaluaremos cambios físicos (pH, conductividad eléctrica, etc.), químicos (cantidad de nutrientes disponibles para la planta) o biológicos (actividad microbiana) se producen en el suelo a corto-medio plazo tras su aplicación en condiciones de laboratorio e invernadero. Por último, cuantificaremos cómo el reciclado de diferentes tipos de digestatos (alperujo solo o co-digerido con otros residuos agroalimentarios) como fertilizantes afectan a la emisión de gases efecto invernadero (CO <sub>2</sub> y N <sub>2</sub> O).	<a href="https://www.eez.csic.es/sostenibilidad-del-sistema-suelo-planta-y-descontaminacion-ambiental">https://www.eez.csic.es/sostenibilidad-del-sistema-suelo-planta-y-descontaminacion-ambiental</a>
JAEINT24_EX_1000	GOMEZ PACCARD, MIRIAM	mgoomezpaccard@csic.es	INSTITUTO DE GEOCIENCIAS	ESTUDIO ARQUEOMAGNÉTICO DE HORNOS ARQUEOLÓGICOS DE BOLIVIA Y SU APLICACIÓN A LA DATACIÓN Y RECONSTRUCCIÓN DE LA ANOMALÍA MAGNÉTICA DEL ATLÁNTICO SUR	El Campo Magnético de la Tierra (CMT) desempeña un papel muy importante para la vida en la Tierra debido a que actúa como un potente escudo protector frente a los vientos solares y las partículas de alta energía que bombardean continuamente la superficie terrestre. Este efecto protector está directamente relacionado con la intensidad del CMT. Sin embargo, las medidas directas del CMT realizadas por satélites indican que la intensidad del campo está actualmente decayendo de manera muy importante. Esta disminución está claramente relacionada con la expansión de una de las mayores anomalías del campo magnético actual: la conocida como la SAA (South Atlantic Anomaly). Incluso algunos autores han señalado esta anomalía como precursora de una inminente inversión geomagnética. En cualquier caso, y teniendo en cuenta nuestra alta dependencia de la tecnología, el posible impacto económico de una Tormenta Solar podría ser devastador si la intensidad del CMT sigue disminuyendo en el futuro al ritmo actual. Sin embargo, a pesar de la importancia de contextualizar adecuadamente estas variaciones respecto a la historia del CMT, el comportamiento de la SAA en el pasado reciente es, a día de hoy, prácticamente desconocido. Esto es debido principalmente a la dificultad de obtener medidas indirectas del CMT más allá del período cubierto por las misiones satelitales. En este trabajo se propone reconstruir la evolución de la SAA durante los últimos 2000 años a partir de la aplicación del método arqueomagnético a hornos arqueológicos de Bolivia. Estos materiales retienen una señal magnética (gracias a los óxidos de hierro en ellos presentes) que puede ser analizada en los laboratorios de paleomagnetismo con gran precisión. Los nuevos datos arqueomagnéticos permitirán, por un lado, realizar dataciones de las estructuras estudiadas mediante el método de datación arqueomagnético y, por otro, investigar el efecto de la SAA en Sudamérica. Esta temática se enmarca dentro de un contexto multidisciplinar donde se trabajará tanto con conceptos geofísicos como arqueológicos e históricos. El trabajo se desarrollará en el Instituto de Geociencias de Madrid en el seno de un grupo dinámico, joven y activo ( <a href="http://pc213fis.fis.ucm.es/index.html">http://pc213fis.fis.ucm.es/index.html</a> ). Se trata de un trabajo que puede ser abordado tanto por físicos, geofísicos, geólogos o arqueólogos e historiadores. Se adaptará el enfoque en función del candidato, adaptándose a su formación e intereses particulares.	<a href="http://pc213fis.fis.ucm.es/index.html">http://pc213fis.fis.ucm.es/index.html</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1651	GOMEZ RAMOS, MARIA ALMUDENA	almudena.gomez@cchs.csic.es	INSTITUTO DE ECONOMIA GEOGRAFIA Y DEMOGRAFIA	Convenio MAPA-CSIC para apoyo científico en el seguimiento y evaluación del PEPAC 2023-2027	El/la estudiante se incorporará al grupo de investigación de Sistemas Alimentarios y Desarrollo Territorial y se involucrará a la realización de las actividades de investigación que conlleva el convenio de colaboración entre el MAPA y el CSIC para el apoyo científico al seguimiento del PEPAC. El plan de actividades previsto se adaptará a los trabajos acordados con el equipo coordinador del MAPA focalizados en los siguientes objetivos: 1. Valoración del impacto en la sostenibilidad agraria de los instrumentos de apoyo puestas en marcha en el marco del PEPAC en los distintos sistemas agrarios. En concreto se desarrollarán herramientas para valorar la compatibilidad de los objetivos socioeconómico ligados a la sostenibilidad agraria con los objetivos ambientales mediante el uso de indicadores de impacto. 2. Generación y gestión de una batería de indicadores sociales y económicos de impacto para valorar la consecución de los objetivos específicos ligados a la sostenibilidad agraria del Plan Estratégico Nacional de la PAC. 3. Desarrollo de modelos estadísticos para evaluar el impacto neto de los instrumentos de la PAC en la mejora de la renta de las explotaciones. En concreto las actividades del candidato JAE-Intro se centrará en la gestión de los micro datos de la información contenida en la encuesta de la RECAN (encuesta sobre la contabilidad de las explotaciones agrarias) para desarrollar los modelos econométricos con datos de panel (por dimensión económica y OTES) obtener el indicador ITE (impact transfer efficiency) que para ver el impacto neto de las ayudas del PEPAC en la renta agraria (VAN /Uta).	<a href="https://cchs.csic.es/es/org-structure/sistemas-agroalimentarios-desarrollo-territorial-sadt">https://cchs.csic.es/es/org-structure/sistemas-agroalimentarios-desarrollo-territorial-sadt</a>
JAEINT24_EX_1224	GÓMEZ SCHOLL, FRANCISCO MANUEL	fgs@us.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA DE SEVILLA	Estudio de los mecanismos de disfunción sináptica y de memoria en la enfermedad de Alzheimer	En nuestro grupo estamos interesados en el estudio del sistema de adhesión sináptica neuronal, tanto en la función normal del cerebro, como sus implicaciones en la enfermedad de Alzheimer. Para ello, hemos generado modelos animales de ratón que reproducen mutaciones identificadas en pacientes. El Plan de Formación incluirá aproximaciones experimentales diversas encaminadas a la caracterización funcional de los modelos animales y celulares desarrollados en el grupo, que incluyen: - Estudio de la función sináptica neuronal mediante aproximaciones de biología molecular y celular, tanto en tejido derivado de los modelos animales, como en células en cultivo. - Estudio de tejido cerebral de los modelos animales mediante aproximaciones de inmunohistoquímica. - Caracterización amplia del fenotipo de los modelos animales de la enfermedad de Alzheimer.	<a href="https://www.ibis-sevilla.es/es/investigacion/neurociencias/disfuncion-sinaptica-y-enfermedad/">https://www.ibis-sevilla.es/es/investigacion/neurociencias/disfuncion-sinaptica-y-enfermedad/</a>
JAEINT24_EX_1417	GOMIS GARCIA, ANA MARIA	agomis@umh.es	INSTITUTO DE NEUROCIENCIAS	Estudio de la expresión del canal mecanosensible Piezo2 en un modelo animal de dolor neuropático	La mecanotransducción, la conversión de un estímulo mecánico en señales eléctricas, es fundamental en procesos fisiológicos esenciales como son el tacto, la propiocepción (el sentido de la posición del cuerpo en el espacio), la audición y el dolor. El canal iónico Piezo2, es una proteína expresada en diferentes subpoblaciones de neuronas sensoriales y es el principal sensor de las fuerzas mecánicas que dan lugar a la sensación del tacto 1 y la propiocepción2. Recientemente, hemos demostrado que Piezo2 también es un mecanotransductor en las neuronas nociceptivas3, cuya activación da lugar a la sensación de dolor. Nuestro objetivo es caracterizar la sensibilidad mecánica en diferentes poblaciones de mecanorreceptores y nociceptores en condiciones fisiológicas y patológicas, como en la neuropatía inducida por agentes quimioterapéuticos, y estudiar la función del canal mecanosensible Piezo2. El objetivo específico que se propone en este proyecto es: El análisis de la expresión del canal Piezo2 en los husos musculares de músculos esqueléticos en ratones control y en un modelo experimental de la neuropatía periférica inducida por el agente quimioterapéutico oxaliplatino. Se usarán técnicas de inmunohistoquímica, RNAScope y RT-PCR de diferentes poblaciones de neuronas. La formación consistirá en aprender a realizar cortes histológicos de músculo, la técnica de inmunohistoquímica utilizando diferentes anticuerpos y RNAScope, el cultivo primario de neuronas sensoriales y la RT-PCR de neuronas sensoriales. El/la estudiante no tendrá acceso directo a los animales si no tuviera el título necesario para ello y será un miembro del equipo de investigación quien le proporcionará el tejido para realizar los experimentos. El/la estudiante estará supervisado por un técnico especializado en cultivos celulares y por un investigador senior, encargado de la formación en la realización de los cortes de tejido y las técnicas de inmunohistoquímica, RNAScope y RT-PCR. Los resultados de este proyecto permitirán confirmar la expresión de Piezo2 en diferentes tejidos y establecer las condiciones para estudiar la función de Piezo2 en el dolor neuropático. 1. Ranade, S. S. et al. Piezo2 is the major transducer of mechanical forces for touch sensation in mice. Nature 516, 121–5 (2014). 2. Florez-Paz, D., Bali, K. K., Kuner, R. & Gomis, A. A critical role for Piezo2 channels in the mechanotransduction of mouse proprioceptive neurons. Sci Rep 6, 25923 (2016). 3. Fernández-T	<a href="http://painchannels.com/index.php/index">http://painchannels.com/index.php/index</a>



REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0432	GONZALEZ AGUILERA, CRISTINA	cristina.gonzalez@cabimer.es	CENTRO ANDALUZ DE BIOLOGIA MOLECULAR Y MEDICINA REGENERATIVA	Estudio de la replicación de la cromatina como elemento clave para entender la generación y progresión de tumores y desarrollar terapias más efectivas	La organización de la cromatina es esencial para regular los patrones transcripcionales, mantener la identidad celular y facilitar una correcta función de la célula y adaptación al ambiente que le rodea. A pesar de su importancia, cada vez que la célula se divide, durante la fase S, la organización de la cromatina se deshace por completo. Para poder copiar la información genética, la maquinaria de replicación tiene que desenrollar las dos cadenas del ADN y eso fuerza la salida de los nucleosomas por delante de la horquilla. La célula es capaz de reciclar las histonas parentales e incorporar histonas de nueva síntesis para restaurar la densidad de nucleosomas en las dos cadenas hijas, pero esto genera una serie de problemas. Por un lado, las histonas nuevas no tienen las mismas modificaciones post-traduccionales que las viejas y, por otro lado, las histonas parentales no se depositan en los mismos sitios donde estaban antes. Esto hace que tras la replicación se produzca una dilución a la mitad de la información epigenética y una disminución de la accesibilidad que afectan a capacidad de la célula de regular su actividad transcripcional. En nuestro laboratorio utilizamos técnicas bioquímicas de última generación que combinamos con secuenciación masiva (ChIP-seq, ChOR-seq, EdU-seq, ChrRNA-seq, EU-seq) con el objeto de identificar los mecanismos moleculares que permiten a la célula seguir funcionando correctamente a pesar de estos cambios. Además, exploramos cómo la regulación de estos procesos desempeña un papel central en muchos procesos fisiológicos ligados a la división celular como la diferenciación, regeneración de tejidos, inflamación, etc y cómo la desregulación de estos procesos está ligada a enfermedades humanas como el cáncer o enfermedades metabólicas. Con esta investigación se buscan desarrollar nuevas estrategias terapéuticas para dichas enfermedades. El candidato se integrará en estos proyectos y tendrá oportunidad de aprender herramientas de biología molecular y bioinformática aplicadas al estudio biomédico.	<a href="https://www.cabimer.es/en/research-groups/replication-and-nuclear-dynamics/">https://www.cabimer.es/en/research-groups/replication-and-nuclear-dynamics/</a>
JAEINT24_EX_1228	GONZALEZ ALMELA, ESTHER MARIA	em.gonzalez@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Crio-CLEM en el desensamblaje de AdV	Los adenovirus (AdV) son virus icosaédricos sin envuelta cuyo material genético es dsDNA. Hay más de 50 tipos de adenovirus que pueden causar infecciones en humanos, afectando especialmente a personas con el sistema inmune comprometido. Por otro lado, los vectores, nanoportadores y vacunas derivados de AdV han resultado ser herramientas terapéuticas eficaces. Comprender los mecanismos de desensamblaje de los AdV es vital para avanzar en la investigación de fármacos antivirales, terapias génicas, nanocarriers y vacunas. La metaestabilidad de las partículas de AdV es clave para sobrevivir a las condiciones ambientales y las defensas celulares, pero al mismo tiempo, estas partículas deben desmontarse en el momento y lugar adecuados durante la entrada del virus. El tamaño de las partículas y la velocidad del proceso dificultan la visualización de estos eventos dentro de la célula. Nuestra línea de investigación tiene como objetivo proporcionar información estructural sobre el proceso de entrada y desensamblaje del virus combinando técnicas de virología con técnicas de microscopía de vanguardia: microscopía óptica y electrónica correlativa (crio-CLEM), tomografía crioelectrónica (crio-ET), FIB y subtomogram averaging. La presente oferta de formación se enmarca en esta línea. Así, la persona seleccionada participará en la caracterización del desensamblaje de AdV. La persona seleccionada se formará bajo la dirección de la Dra. Esther González, del grupo de Determinantes estructurales y físicos del ensamblaje viral liderado por la Dra. Carmen San Martín en el Centro Nacional de Biotecnología (CNB-CSIC).	<a href="https://www.cnb.csic.es/index.php/en/research/research-departments/macromolecular-structures/structural-and-physical-determinants-of-virus-a">https://www.cnb.csic.es/index.php/en/research/research-departments/macromolecular-structures/structural-and-physical-determinants-of-virus-a</a>
JAEINT24_EX_0813	GONZÁLEZ CANDELAS, FERNANDO	fernando.gonzalez.c@csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA INTEGRATIVA DE SISTEMAS	XIPERA, extensión de la plataforma VIPERA para estudiar evolución intrapaciente de patógenos microbianos	Estudiamos patógenos microbianos de gran importancia en la salud pública global. Durante nuestras investigaciones, hemos desarrollado VIPERA (Viral Intra-Patient Evolution Reporting and Analysis), una herramienta bioinformática para el análisis de la evolución viral de SARS-CoV-2 dentro de un mismo paciente en base a datos de secuenciación masiva (HTS). Es una herramienta gratuita y de código abierto que está disponible en GitHub ( <a href="https://github.com/PathoGenOmic-Lab/VIPERA">https://github.com/PathoGenOmic-Lab/VIPERA</a> ). Permite a los investigadores: • Visualizar la diversidad genética del virus a lo largo del tiempo. • Identificar mutaciones con posible interés epidemiológico. • Inferir la tasa de evolución viral. • Comparar la evolución viral entre diferentes pacientes. Se trata de una herramienta muy útil para comprender la dinámica viral dentro de un mismo paciente. Esta información puede ser utilizada para desarrollar estrategias de tratamiento más efectivas y para comprender mejor la patogénesis viral. El proyecto XIPERA (X Intra-Process Evolution Reporting and Analyses) se basa en la herramienta VIPERA. El estudiante adaptará el pipeline para que pueda analizar otros patógenos (bacterias como Legionella pneumophila o Mycobacterium tuberculosis, y virus distintos al SARS-CoV-2), o procesos biológicos (por ejemplo, series de muestras de un mismo cultivo). Para ello, será necesario: • Estudiar cuidadosamente y adaptar los modelos estadísticos y suposiciones biológicas bajo las que opera VIPERA (por ejemplo, en cuanto a las características de los datos de secuenciación, los análisis de diversidad, la estructura poblacional, la variabilidad esperada dentro de las muestras, etc.). • Localizar fuentes de datos públicas de calidad, alternativas a las utilizadas para SARS-CoV-2, para poder automatizar los análisis poblacionales comparativos. • Desarrollar nuevas visualizaciones de datos para presentar los resultados de forma clara y efectiva para cualquier tipo de organismo o proceso de estudio	<a href="https://www.uv.es/evosalud/">https://www.uv.es/evosalud/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1558	GONZALEZ CASTRO, CARMEN MARIA	cgcastro@iim.csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES MARINAS	FLUJOS de OXÍGENO y METABOLISMO BENTÓNICO en un SISTEMA de AFLORAMIENTO COSTERO	Las zonas costeras son una frontera entre los sistemas terrestre, oceánico y atmosférico por lo que en ellas se produce un intenso gradiente tanto de energía, como de materia. Una de las singularidades de las zonas costeras es su proximidad con el sedimento, que hace que los procesos de interacción con esta frontera se vean favorecidos y juegan un papel clave en el ciclo del carbono a escala global. Por ello, para entender el funcionamiento de estos ecosistemas costeros es crítico conocer el metabolismo bentónico de los mismos, es decir el balance entre producción primaria y la respiración total en esta capa límite bentónica. Los métodos más utilizados para cuantificar in situ el metabolismo del lecho marino han sido las mediciones de cámaras bentónicas y micropelículas, principalmente aplicados a sedimentos cohesivos. Sin embargo, en la última década el método de eddy covariance se ha utilizado ampliamente debido a su mayor resolución espacial y temporal (Berg et al., 2003). No es una técnica invasiva y puede emplearse tanto en ambientes con sedimentos cohesivos como sedimentos permeables. La técnica deriva los flujos bentónicos de O <sub>2</sub> a partir de registros simultáneos de velocidad vertical y de concentración de oxígeno en un volumen dado de agua. Para ello es necesario medidas de alta frecuencia (>32Hz), empleándose un ADV (Acoustic Doppler Velocimeter) para velocidades y un optode de alta frecuencia para concentraciones de O <sub>2</sub> . De este modo se puede obtener el flujo por movimiento turbulento y de ahí el transporte neto de O <sub>2</sub> hacia el sedimento. El objetivo principal de esta propuesta es cuantificar el metabolismo neto bentónico a partir de mediciones de flujo de oxígeno aplicando la técnica de eddy covariance. Para ello se plantea que el/la candidato/a realice los datos de los fondeos del sistema ADV-O <sub>2</sub> optode obtenidos en diferentes muestreos en las Rías Baixas y si el tiempo lo permite, participe y analice datos de un fondeo del sistema ADV-O <sub>2</sub> . Como resultados del proyecto se espera que el/la candidato/a adquiera los conocimientos para desarrollar su trabajo de fin de master. El plan de trabajo consiste (1) Período inicial conocimientos y procesamiento de datos para cómputo de flujos bentónicos. (2) Realización de un fondeo adicional in situ (3) Redacción de la memoria.	<a href="https://www.iim.csic.es/en/research/all-groups/oceanic-processes-global-change">https://www.iim.csic.es/en/research/all-groups/oceanic-processes-global-change</a>
JAEINT24_EX_0422	GONZALEZ COLOMA, ANA AZUCENA	azu@ica.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS AGRARIAS	INTRODUCCIÓN AL ESTUDIO DE BIOPLAGUICIDAS BOTÁNICOS Y FÚNGICOS	Plan de actividades La actividad se centrará en la introducción a la investigación en bioplaguicidas. Específicamente en extractos vegetales y fúngicos y sus componentes activos, ensayará su efectividad insecticida, nematocida y fungicida in vitro; analizará estadísticamente los resultados y redactará los informes. Presentará los resultados en congresos. Por tanto, adquirirá competencias en análisis químicos y biocidas, análisis estadísticos adecuados al tipo de datos, elaboración y difusión de los resultados tanto de manera escrita como oral. Por otra parte, adquirirá competencias en gestión de proyectos de investigación tales como gestión del Cronograma y monitorización de la ejecución de actividades, gestión de la comunicación. Plan de formación El plan de formación incluye el trabajo experimental y la asistencia a seminarios a cargo de proyectos y contratos del grupo y la realización de cursos adecuados ofertados por el gabinete de formación del CSIC, tal como: -Introducción al diseño experimental -Técnicas cromatográficas: GC-MS y LC-MS -Análisis de compuestos volátiles -Análisis de perfiles metabolómicos -Genómica microbiana y análisis de secuencias La persona seleccionada colaborará en la investigación del grupo de investigación transversal de Bioplaguicidas en el que se desarrollan un Proyecto del Plan Nacional y contratos de apoyo tecnológico con empresas del sector de la agrobiotecnología. La supervisión de actividades será responsabilidad del Tutor, pero serán los proyectos de investigación los que se hagan cargo de los gastos de actividades y laboratorio ocasionados durante la colaboración de la persona contratada. La persona contratada ayudará en las tareas de obtención de extractos botánicos y fúngicos, análisis de sus componentes, estudio de las actividades biocidas mediante bioensayos en organismos diana, análisis de datos, elaboración de resultados y presentación de informes al Tutor. La participación en la redacción de presentaciones en congresos científicos y actividades divulgativas de los estudios realizados queda al criterio de los Investigadores / supervisores de sus actividades. El objetivo es transferir a la persona contratada conocimiento de técnicas, específicas para el estudio y desarrollo de bioplaguicidas y bioherbicidas. Las actividades dentro del grupo ICA-CSIC y en los grupos colaboradores permitirá una formación interdisciplinar amplia.	<a href="https://www.ica.csic.es/index.php/departamentos/departamento-de-proteccion-vegetal/bioplaguicidas-biotecnologia-y-quimica-de-productos-natur">https://www.ica.csic.es/index.php/departamentos/departamento-de-proteccion-vegetal/bioplaguicidas-biotecnologia-y-quimica-de-productos-natur</a>
JAEINT24_EX_0216	GONZALEZ DOBLAS, VERONICA	veroglez@ihsm.uma-csic.es	INSTITUTO DE HORTOFRUTICULTURA SUBTROPICAL Y MEDITERRANEA LA MAYORA	Caracterización de una línea CRISPR/Cas9 RALF27 de tomate	El tomate es una de las verduras/frutas más cultivadas en el mundo. Avanzar en el conocimiento de aquellos aspectos moleculares que regulan la correcta maduración del fruto es esencial para evitar grandes pérdidas en la economía. En concreto, un adecuado ablandamiento del fruto es esencial para el consumidor. La pared celular proporciona soporte mecánico a las células durante su formación, crecimiento y adaptación al ambiente, y recientemente se ha descrito que es un participante activo en la respuesta celular. El estado de la pared celular debe estar regulado de una forma muy precisa durante el crecimiento para asegurar su integridad en todo momento. En la última década se han descrito los pequeños péptidos de la familia RALF (Rapid Alkalinization Factor) que actúan como ligandos en el espacio de la pared celular (1,2). Los péptidos RALFs son reconocidos por receptores de tipo LRX (Leucine-rich extensin) que a través del dominio extensina se anclan a la pared celular. Recientemente se ha descrito que la unión RALF/LRX es esencial para el anclaje a las pectinas de la pared celular (3). La planta de tomate tiene diez péptidos de la familia RALF, y tres de ellos se expresan en el fruto de tomate. En concreto, RALF27 presenta un pico de expresión durante el estadio de fruto verde y no se expresa durante el estadio de fruto rojo. Actualmente, en el laboratorio estamos generando líneas de plantas de tomate mutantes por CRISPR/Cas9 para el péptido RALF27. El objetivo principal de este trabajo consiste en elucidar la función que tienen los péptidos RALFs durante la formación del fruto de tomate. En concreto, nos gustaría estudiar cómo el péptido RALF27 es esencial para mantener la pared celular del fruto de tomate intacta durante el estadio verde. Para ello se propone caracterizar la línea CRISPR/Cas9 de tomate mutada en el gen RALF27. El plan de trabajo consiste en: (i) estudiar el tiempo de maduración del fruto; (ii) analizar la firmeza del fruto mediante el uso de un texturómetro; (iii) cuantificación de las diferentes formas de pectinas del fruto mediante extracción de residuos de la pared celular y el uso de anticuerpos específicos usando la técnica ELISA. (1) Zhu S, Fu Q, Xu F, Zheng H and Yu F. (2021). New paradigms in cell adaptation: decades of discoveries on the CrRLK1L receptor kinase signalling network. New Phytologist. (2) Campbell L and Turner SR. (2017). A comprehensive analysis of RALF proteins in green plants suggests there are two d	<a href="https://www.ihsm.uma-csic.es/grupos/24">https://www.ihsm.uma-csic.es/grupos/24</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0363	GONZALEZ DOMINGUEZ, JOSE MIGUEL	jmgonzalez@icb.csic.es	INSTITUTO DE CARBOQUIMICA	Bionanofabricación como herramienta hacia una nanotecnología de carbono sostenible	La presente propuesta de formación está relacionada con los conceptos de nanotecnología "viva" y sostenible. Concretamente, el trabajo estará centrado en la combinación de nanoestructuras de carbono clásicas (nanotubos, derivados de grafeno, etc.) con nuevos nanomateriales emergentes provenientes de biopolímeros como la nanocelulosa o nanoquitina para obtener híbridos con nuevas y excelentes propiedades para su aplicación en campos de interés como la biomedicina o energía limpia. A lo largo de la duración de la ayuda, la persona candidata podrá abordar los siguientes aspectos: - Síntesis de nanomateriales sostenibles a través de microorganismos específicos, y también a través de procesos químicos sostenibles. - Combinación de dichos nanomateriales con otras nanoestructuras de carbono para dar nanomateriales híbridos. - Fabricación de tintas, pastas e hidrogeles de dichos híbridos con propiedades conductoras, y biocompatibles. - Abordar alguna prueba de concepto con los materiales anteriores en campos de interés relevantes.	<a href="https://www.icb.csic.es/grupo/grupo-de-nanoestructuras-de-carbono-y-nanotecnologia-gcnn/">https://www.icb.csic.es/grupo/grupo-de-nanoestructuras-de-carbono-y-nanotecnologia-gcnn/</a>
JAEINT24_EX_0735	GONZALEZ FERNANDEZ, ANA MARIA	amgonzalez@mbg.csic.es	MISION BIOLOGICA DE GALICIA	Identificación y caracterización de genes implicados en la actividad del meristemo de inflorescencia de judía común	Una característica fascinante de las plantas es que son capaces de desarrollar órganos continuamente gracias a los meristemas que son los responsables de su continuo crecimiento. La actividad de los meristemas es, por tanto, una gran alternativa para mejorar la productividad agraria. Entre las especies cultivadas, las leguminosas constituyen la segunda familia más importante después de las gramíneas, y las leguminosas de grano, como la judía común, son esenciales en la dieta humana. Además, está demostrado que la mutagénesis inducida por EMS puede contribuir a proporcionar las materias primas necesarias para generar nuevas variedades de cultivos. La persona seleccionada estará involucrada en una de las principales líneas de investigación del grupo DEVOLEG, financiada por proyectos del Plan Nacional de I+D+i, cuyo objetivo es comprender las redes genéticas que dictan la maduración del meristemo en judía. Para probar esta hipótesis se utilizarán materiales genéticos precisos (colecciones inducidas por EMS y poblaciones de mapeo) y amplios paneles de diversidad de germoplasma que varían en la arquitectura de la inflorescencia. El plan de formación consiste en el aprendizaje de las metodologías a nivel molecular (análisis genómico), morfológico (disección de la etapa de meristemo) y agronómico (componentes de floración y arquitectura vegetal). Para la adquisición de estas competencias se dispone del equipamiento científico necesario, y además se suministrará tanto material bibliográfico y fungible, como soporte técnico. Semanalmente se programarán las tareas a realizar y habrá reuniones para resolver dudas y cuestiones que puedan surgir en el desarrollo del trabajo. Con el fin de garantizar una formación completa y transversal, se facilitará la asistencia del candidato a seminarios científicos impartidos en la MBG-CSIC. El objetivo del plan de formación es que la persona seleccionada adquiera experiencia en diversas técnicas de laboratorio que incluirán: (i) Cultivo de plantas para estudios de fenotipado de caracteres de desarrollo; (ii) Aislamiento de ADN; (iii) Desarrollo de marcadores moleculares a partir de secuencias de ADN; (iv) Análisis de marcadores mediante PCR y lectura en geles de agarosa; (v) Análisis estadístico de los datos experimentales; (vi) Discusión de resultados y escritura de documentos científicos. El trabajo que realice el/la estudiante podrá ser utilizado como punto de partida para la realización de un TFG, TFM o tesis doctoral.	<a href="https://www.devoleg.es/">https://www.devoleg.es/</a>
JAEINT24_EX_0157	GONZALEZ GAMBAU, VERONICA	vgonzalez@icm.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS DEL MAR	Análisis del cambio climático en temperatura y salinidad del mar en las demarcaciones marítimas españolas	El Mar Mediterráneo ha sufrido uno de los mayores aumentos de temperatura en la última década, sufriendo olas de calor, cada vez con mayor frecuencia, que conllevan cambios drásticos en la salinidad del mar y estrés en los ecosistemas marinos. Para poder comprender estos cambios necesitamos series temporales largas tanto de temperatura como de salinidad de la superficie del mar. Los satélites nos proporcionan observaciones de estas variables de manera global y continua. En el caso de la temperatura, existen series de observaciones desde los años 80. En el caso de la salinidad, las primeras observaciones satelitales son del año 2009, con el lanzamiento de la misión SMOS, la primera con una nueva tecnología a bordo (radiometría en banda L) que permite la recuperación de la salinidad del mar desde satélite. En el Barcelona Expert Center (BEC), del Instituto de Ciencias del Mar, desarrollamos productos de salinidad superficial del mar a partir de estas observaciones satelitales. La tecnología usada para la recuperación de la temperatura superficial del mar es mucho más madura. La idea de este proyecto es aprovechar las series temporales más largas y de mejor calidad de la temperatura para poder mejorar la calidad de la salinidad e incluso inferir salinidad a partir de los datos de temperatura (a través de una relación empírica) para los periodos previos al lanzamiento de la misión SMOS. Esto nos permitirá disponer de series temporales largas (40 años) de la salinidad para poder realizar estudios climáticos. En este contexto, el estudio que proponemos consiste en la generación de una serie temporal extendida de salinidad (1980-actualidad) a partir de las sinergias de las medidas del satélite SMOS con las medidas de temperatura superficial del mar. Posteriormente, el objetivo es analizar los cambios de salinidad en los últimos 40 años y evaluar el impacto del cambio climático en las distintas demarcaciones marinas españolas. El producto resultado de este proyecto se distribuirá a usuarios finales a través del FTP del BEC para ayudar a hacer políticas de mitigación del impacto del cambio climático en las demarcaciones españolas.	<a href="https://www.icm.csic.es/grupo-investigacion/oceanografia-fisica-y-tecnologica">https://www.icm.csic.es/grupo-investigacion/oceanografia-fisica-y-tecnologica</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0199	GONZALEZ GRANDIO, EDUARDO	eduardo.gonzalez@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Desarrollo de nuevas herramientas de biología sintética de plantas	Las plantas nos han proporcionado alimentos, medicinas, herramientas y materiales de construcción desde los albores de la historia. A través de la domesticación de las plantas, hemos seleccionado rasgos favorables que mejoran la calidad y aseguran el suministro de estos recursos esenciales. Los avances tecnológicos siempre han acompañado a las mejoras en el rendimiento. Desde los más rudimentarios, como el arado, hasta los más recientes, como el uso de la mejora genética asistida por marcadores, el desarrollo de nuevas herramientas ha permitido aumentar la productividad agrícola. La agronomía se enfrenta a importantes retos mundiales, como la necesidad de hacer frente al cambio climático, la necesidad de prácticas más sostenibles y la creciente demanda de más alimentos de mayor calidad debido al aumento de la población. Para afrontarlos será necesario adoptar innovaciones transformadoras, como las tecnologías genéticas en las que se basa la Biología Sintética Vegetal (SynBio). La SynBio vegetal, a través de la transgénesis y, más recientemente, de la edición génica, nos permite alterar proactivamente el ADN de las plantas para modificar sus características y hacer frente a los retos mencionados. Además, la SynBio vegetal puede mejorar la producción de compuestos de alto valor o nuevos en las plantas mediante la agricultura molecular (por ejemplo, metabolitos vegetales anticancerígenos o producción de vacunas COVID-19). Mi proyecto pretende desarrollar un novedoso conjunto de herramientas de biología sintética de plantas que incluye los últimos avances en técnicas de producción de proteínas y edición de genes, junto con una interfaz de fácil manejo, y demostrar sus aplicaciones biotecnológicas. El estudiante que se incorpore a mi grupo participará en la optimización de herramientas de edición génica (CRISPR Prime Editing) con el objetivo de modificar los patrones de ramificación de plantas de tomate para aumentar su producción agronómica o para generar plantas biofactoria para la producción de compuestos de alto valor (más información disponible en nuestra página web o contactándonos directamente). El estudiante desarrollará un proyecto de investigación en el que aprenderá a diseñar plásmidos de edición génica usando herramientas bioinformáticas, ensayos de expresión transitoria, transformación y regeneración de plantas transgénicas de tomate y/o tabaco, y análisis de mutaciones mediante técnicas de secuenciación profunda.	<a href="https://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/genetica-molecular-de-plantas/plant-bio-factories-source-h">https://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/genetica-molecular-de-plantas/plant-bio-factories-source-h</a>
JAEINT24_EX_0374	GONZALEZ GRAU, JUAN MIGUEL	jm.gonzalez@csic.es	INSTITUTO DE RECURSOS NATURALES Y AGROBIOLOGIA DE SEVILLA	Funcionamiento y variabilidad de poblaciones microbianas	Vivimos en un planeta fundamentalmente microbiano, en el que el papel de las bacterias, y otros microorganismos, es esencial para su correcto funcionamiento. Las bacterias gobiernan los ciclos biogeoquímicos de los elementos y su actividad regula como vivimos nosotros (como individuos y como población) al igual que los demás seres vivos macroscópicos. A ello se suma la enorme diversidad del mundo microbiano que hace que los ambientes naturales presenten una enorme complejidad microbiana. El plan de formación previsto apunta a definir un par de desafíos de la Microbiología actual. Uno es determinar el comportamiento de los microorganismos en aquellos escenarios en los que su crecimiento se ve altamente limitado forzando a las células a vivir bajo tasas de crecimiento mínimas, cercanas a cero. De hecho este es el caso más habitual de los microorganismos en la naturaleza a la vez que el peor conocido ya que la mayor parte de los estudios hasta hoy han sido llevados a cabo en condiciones óptimas de laboratorio (muy lejanas a las naturales). Otro aspecto a descifrar es determinar el grado de variabilidad de las poblaciones de microorganismos, tanto intra- como inter-específica, y la diversidad (taxonómica y funcional) existente en las comunidades microbianas. Para ello proponemos el estudio en microorganismos desarrollándose a distintas tasas de crecimiento (desde un crecimiento óptimo hasta un crecimiento altamente limitado o incluso con un metabolismo de mantenimiento). Mayor limitación del crecimiento debería suponer mayor estrés y por tanto mayor diversidad intraespecífica. La persona candidata tendrá la opción de aprender diferentes técnicas de crecimiento, incluido cultivos continuos, técnicas genómicas, y su análisis bioinformático, y nuevos métodos de detección funcionales basados en medidas de fluorescencia. Para ello se iniciará el estudio con cultivos celulares mono-específicos de distintas especies bacterianas para, más adelante, ir analizando comunidades más complejas, por ejemplo, en muestras de aguas, suelos, etc. El análisis a nivel de células microbianas individuales representa una nueva aproximación a comprender el funcionamiento de los microorganismos y la variabilidad en el seno de sus poblaciones.	<a href="https://www.irnas.csic.es/diversidad-microbiana-y-microbiologia-en-ambientes-extremos/">https://www.irnas.csic.es/diversidad-microbiana-y-microbiologia-en-ambientes-extremos/</a>
JAEINT24_EX_1444	GONZALEZ HARO, CRISTINA	cgharo@icm.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS DEL MAR	Seasonal variations of ocean turbulence regimes in the Mediterranean Sea	The Sea Surface Temperature (SST) plays key role in monitoring the state of the ocean through the seasons of the year. But it is also a key variable to predict and assess the impact of climate change. SST patterns can represent an indirect result of turbulence in the upper sea, many authors have used remote sensing SST measurements to investigate properties of the upper sea turbulence. Sensors mounted in satellite platforms have provided global and synoptic observation of SST during the last forty years, which allows to investigate changes at multidecadal scales. We aim to investigate seasonal variations of ocean turbulence regimes in the Mediterranean Sea. The candidate will explore satellite SST observations of the Mediterranean region for the period (1981-2024) to analyze turbulence regimes by means of wavelet analysis. The candidate will acquire skills in scientific data formats, data analysis, remote sensing fundamentals and programming skills (python under linux).	<a href="https://www.icm.csic.es/ca/grup-recerca/oceanografia-fisica-i-tecnologica">https://www.icm.csic.es/ca/grup-recerca/oceanografia-fisica-i-tecnologica</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1281	GONZALEZ IBAÑEZ, CARLOS	c.gonzalez@csic.es	INSTITUTO DE QUIMICA FISICA BLAS CABRERA	Estructuras de DNA y XNA ("Xeno Nucleic Acids") mediante RMN	El objetivo de nuestro grupo es investigar la estructura de los ácidos nucleicos naturales (DNA y RNA) y artificiales (XNA o "Xeno Nucleic Acids"). Estudiamos la estructura y la dinámica de estas moléculas para comprender su función en la célula y sus aplicaciones en nanociencia. Además de su interés obvio en ciencia básica, la finalidad práctica de nuestra investigación es contribuir al desarrollo de dispositivos en escala del nanómetro y el desarrollo de nuevos fármacos basado en ácidos nucleicos. Para ello utilizamos diversas técnicas biofísicas y computacionales, con especial énfasis en la Resonancia Magnética Nuclear (RMN). Contamos, para ello, con el excelente equipamiento del laboratorio de RMN alto campo del CSIC ("laboratorio Manuel Rico"), equipado con algunos de los mejores espectrómetros del país. El estudiante que se incorpore en este proyecto se iniciará en el estudio estructural de ácidos nucleicos mediante técnicas de RMN y participará en nuestras investigaciones sobre lo que llamamos "motivos no-cánónicos" de ácidos nucleicos (estructuras diferentes de la doble hélice de Watson y Crick) y en ácidos nucleicos artificiales (XNAs). La formación que se recibirá será claramente multidisciplinar, incluyendo preparación de muestras de ácidos nucleicos, adquisición de espectros de RMN y análisis de los mismos, manejo de técnicas espectroscópicas diversas (UV, CD, fluorescencia, etc) y determinación de estructuras tridimensionales mediante métodos computacionales. El grupo cuenta actualmente con varias fuentes de financiación para la realización de sus proyectos con posibilidad de extender el trabajo propuesto para una tesis doctoral. Se puede encontrar información actualizada de nuestro grupo en la web: <a href="http://rnmnac.iqfr.csic.es/index.php/es/">http://rnmnac.iqfr.csic.es/index.php/es/</a>	<a href="https://rnmnac.iqfr.csic.es/en/">https://rnmnac.iqfr.csic.es/en/</a>
JAEINT24_EX_0117	GONZALEZ MENDEZ, PABLO JOSE	pabloj.gonzalez@csic.es	INSTITUTO DE PRODUCTOS NATURALES Y AGROBIOLOGIA	Caracterización cuantitativa morfométrica del paisaje volcánico de Canarias	Caracterización cuantitativa morfométrica del paisaje volcánico de Canarias: Los índices morfométricos son medidas cuantitativas utilizadas para caracterizar la forma, el tamaño y la organización espacial de las formas del relieve. En los paisajes volcánicos, algunos de los índices morfométricos más utilizados incluyen: la pendiente (importante para estudiar estabilidad y erosión), Aspecto (dirección de orientación de laderas - procesos erosivos), relieve (diferencia de elevación útil para caracterizar el tamaño y la forma general de un edificio volcánico), y/o volumen o superficie (parámetros con aplicación en la estimación de la magnitud de erupciones pasadas), etc. Estos índices morfométricos pueden utilizarse individualmente o combinados para proporcionar una caracterización exhaustiva de los paisajes volcánicos. En este proyecto se generará un protocolo de tratamiento y procesado de modelos de elevación del terreno de forma eficiente usando técnicas morfométricas modernas implementadas en paquetes informáticos disponibles en el grupo de investigación de vulcanología del IPNA-CSIC en Tenerife. El proyecto de iniciación a la investigación perseguirá varios objetivos científicos, entre ellos: a) investigar la relación entre la morfología de los volcanes y el estilo eruptivo (y su peligrosidad), b) investigar el impacto de la actividad volcánica en la evolución del paisaje, comparando las características morfométricas estimadas entre formas volcánicas constructivas y formas volcánicas no constructivas, e inferir edades relativas y tasas de evolución del paisaje, c) Analizar la relación entre la morfología de los volcanes y la geología. El/la estudiante se verá inmerso en un programa de aprendizaje, con tres pilares principales: Primero, se encaminará a familiarizarle y entrenarle en novedosas técnicas de procesado de datos de última generación de datos topográficos (e.g., LiDAR). Y segundo, a la vez, que se adquieran destrezas técnicas, se le introducirá en su aplicación a la resolución de problemas fundamentales científicos, que aporten elementos en la reducción del riesgo volcánico en Canarias. Y finalmente, adquirir destrezas en comunicación científica, preparación de informes y realización de presentaciones orales y escritas científico técnicas.	<a href="https://www.ipna.csic.es/grupo-de-investigacion/vulcanologia">https://www.ipna.csic.es/grupo-de-investigacion/vulcanologia</a>
JAEINT24_EX_0145	GONZALEZ MIGUEL, JAVIER	javier.gonzalez@irmasa.csic.es	INSTITUTO DE RECURSOS NATURALES Y AGROBIOLOGIA DE SALAMANCA	Estudio de la interacción molecular parásito-hospedador en la fasciolosis	El laboratorio ATENEA del IRNASA ( <a href="https://atenealab.org/">https://atenealab.org/</a> ) tiene como protagonista al helminto parásito Fasciola hepatica, cuya infección, la fasciolosis, causa graves problemas en la cabaña ganadera mundial al infectar diferentes especies de mamíferos herbívoros. Además, los seres humanos que cohabitan en las zonas de riesgo también pueden verse afectados. Los hospedadores definitivos se infectan tras ingerir formas de resistencia adheridas a plantas acuáticas, y una vez en el intestino, las fases juveniles del parásito lo atraviesan y comienzan una compleja ruta de migración que los llevará hasta las vías biliares del hígado. Esta habilidad migratoria es compartida por numerosos parásitos, que a través de estas estrategias son capaces de evadir la respuesta inmune del hospedador. En este contexto, nuestro principal objetivo es descifrar el diálogo molecular que existe entre F. hepatica y su hospedador, con el fin de diseñar herramientas de control, así como aplicaciones terapéuticas basadas en el conocimiento generado. Nuestro flujo de trabajo involucra tres pasos que conectan e interrelacionan todos nuestros proyectos de investigación: 1. Establecimiento de modelos parásito-hospedador: Replicamos los complejos ciclos de vida de los parásitos en el laboratorio utilizando enfoques "in vitro", "ex vivo" e "in vivo". 2. Estudio de los mecanismos moleculares: Empleamos técnicas de vanguardia en biología molecular, multiómica y edición génica para identificar y caracterizar el diálogo molecular parásito-hospedador. 3. Aplicaciones terapéuticas: Diseñamos candidatos vacunales para mejorar el control de la fasciolosis, pero también aprovechamos el potencial modulador de estos organismos para proponer otras herramientas para la salud humana. En este contexto, el plan formativo de la presente Expresión de Interés conlleva participar de forma activa en la consecución de estos objetivos mediante el aprendizaje teórico-práctico de aquellos conocimientos necesarios para el estudio de los mecanismos moleculares que rigen la interacción entre los parásitos helmintos y sus hospedadores. Esto incluye, entre otros, la obtención de material parasitario y de extractos proteicos, la puesta a punto de modelos "in vitro" de interacción parásito/hospedador mediante cultivos celulares, realización de técnicas básicas moleculares (ELISA, electroforesis, western blot) y el análisis e interpretación de datos -ómicos.	<a href="https://www.irmasa.csic.es/grupo-de-parasitosis-de-la-ganaderia-y-zoonosis-parasitarias/">https://www.irmasa.csic.es/grupo-de-parasitosis-de-la-ganaderia-y-zoonosis-parasitarias/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1567	GONZALEZ MONTORO, ANDREA	andreita_5_92@hotmail.com	INSTITUTO DE INSTRUMENTACION PARA IMAGEN MOLECULAR	Simulación y validación experimental de barreras ópticas para reducir el efecto de borde en detectores PET.	La modalidad de imagen médica PET (Positron Emission Tomography) es la técnica por excelencia para observar los procesos metabólicos del cuerpo humano in vivo, jugando un papel fundamental en el diagnóstico y seguimiento de enfermedades como el cáncer, o el Alzheimer. A pesar de su relevancia, el rendimiento de los escáneres PET está comprometido por el diseño de sus detectores. Por ejemplo, en los equipos comerciales la resolución espacial en el centro es de 2.5-4 mm y degradada hasta 5-6 mm en los bordes del campo de visión. Estos valores son insuficientes para visualizar lesiones pequeñas y, se deben, entre otras cosas, a los llamados "efectos de borde" de los detectores, causados por su geometría finita que constriñe la distribución de la luz en las zonas periféricas, dificultando así el posicionamiento de los eventos que allí ocurren. Para reducir estos efectos, proponemos el desarrollo de modelos de IA basados en Redes Neuronales (RN) que reciban como entrada las distribuciones de luz medida y devuelvan las posiciones 3D (x, y, DOI) de los impactos. El valor añadido de este proyecto es la generación de unas barreras ópticas mediante láser en las zonas cercanas a los bordes del detector para modificar la distribución de luz y, así, la red pueda aprender y calcular de forma más precisa las coordenadas de los eventos que allí impacten. Con esto, se reducirá o eliminará los efectos de borde, mejorando así la resolución espacial de los nuevos escáneres PET. El plan de formación propuesto, consiste en dos partes: i) Realización de simulaciones Monte-Carlo de uno de nuestros detectores con barreras ópticas, estudiando distintas disposiciones y geometrías de las barreras y entrenando y validando RNs para la mejora en el posicionamiento 3D de los impactos. 2.5-3 meses; ii) Implementación en uno de nuestros detectores del diseño de barreras que reporte mejores resultados en la simulación, evaluándose experimentalmente. Se compararán los valores de resolución espacial obtenidos con los reportados en el caso sin barreras ópticas, 4.5-4 meses. Consideramos este trabajo de especial interés y relevancia, por lo que ya disponemos de los materiales necesarios para su realización. Además, tenemos experiencia en la generación de dichas barreras (técnica LiOB) y, si funciona como se espera, la idea puede extenderse para construir el primer equipo PET con este tipo de prestaciones, permitiendo buscar financiación para alargar la permanencia del estudiante.	<a href="https://i3m.csic.upv.es">https://i3m.csic.upv.es</a>
JAEINT24_EX_0751	GONZALEZ ORTEGON, ENRIQUE	e.gonzalez.ortegon@csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS MARINAS DE ANDALUCIA	Evaluación de la biodiversidad de la fauna asociada a praderas de fanerógamas marinas (Cymodocea nodosa) en el Golfo de Cádiz	Este plan trata de formar al estudiante en el área de la ecología de comunidades, espacial y biodiversidad; diseño de muestreos y buceo científico, haciendo un estudio comparativo de la composición y estructura de la fauna marina asociada a una pradera de fanerógama. Para los ecosistemas marinos costeros, las praderas de fanerógamas marinas y las especies asociadas que sustentan proveen múltiples funciones y servicios relevantes al ecosistema marino. Por ejemplo, son refugios de fauna marina, zonas de cría, secuestran carbono y son indicadores clave de la biodiversidad biológica y del buen estado de salud de la zona costera. Debido a su gran deterioro por estrés antropogénico y a los efectos del cambio climático, estos ecosistemas son objetivos prioritarios para el estudio, seguimiento y la conservación desde el punto de vista ecológico, pero faltan datos pertinentes en la zona Atlántica europea. La gestión de este hábitat y su problema actual deben ser abordados no solo desde el punto de vista de la densidad o biomasa existente, sino también de la biodiversidad asociada, estructura espacial y la conectividad entre áreas, sin olvidar la conectividad con las demás zonas de puesta y áreas de cría, como las bahías y los estuarios en el Golfo de Cádiz. Este proyecto trata de conocer las comunidades de especies nativas y posibles exóticas invasoras asociadas a praderas de fanerógamas marinas (Cymodocea nodosa) en el golfo de Cádiz que aportará información relevante de la conectividad entre hábitats y los efectos que tienen las variables ambientales en estas comunidades y sus servicios y funciones ecosistémicas.	<a href="https://invblue.csic.es/">https://invblue.csic.es/</a>
JAEINT24_EX_1475	GONZALEZ PEREZ, BEATRIZ MERCEDES	xbeatriz@iqf.csic.es	INSTITUTO DE QUIMICA FISICA BLAS CABRERA	Biología estructural del metabolismo de los inositol polifosfatos en microalgas	Los inositol polifosfatos (InsPs) y pirofosfoinositoles (PP-InsPs) son moléculas cruciales para diversos procesos celulares, como la señalización celular, el metabolismo y la homeostasis. Estos participan en rutas de señalización como la vía objetivo de rapamicina (TOR), influenciando el crecimiento, la proliferación celular y la respuesta al estrés (Couso I, Plant Cell 2020). Nuestro grupo se enfoca en la biología estructural del metabolismo de los InsPs y PP-InsPs. En colaboración con el grupo de la Dra. I. Couso (Instituto de Bioquímica Vegetal y Fotosíntesis, IBVF), estamos iniciando el estudio de este metabolismo en microalgas. Este esfuerzo es clave para comprender sus mecanismos celulares y su potencial en sostenibilidad, ya que las microalgas crecen en condiciones adversas y convierten el CO <sub>2</sub> en biomasa, situándose como soluciones biotecnológicas prometedoras en la producción de biocombustibles y la captura de carbono. En este contexto, el candidato se formará trabajando con proteínas clave del metabolismo de los InsPs/PP-InsPs, como la quinasas IPMK (InsP multiquinasa) y la dual quinasas-fosfatasa VIPI. La IPMK se prevé cristalizable según análisis de su secuencia y será objeto para elucidar su estructura y función mediante técnicas avanzadas de biología estructural. Esto implicará que el candidato reciba formación en: • Diseño de construcciones de proteína adecuadas, • Expresión y purificación de proteínas recombinantes, • Identificación de interacciones proteína-proteína mediante técnicas de "pull-down", • Análisis de interacciones proteína-ligando por técnicas biofísicas, • Cristalización de proteínas, • Determinación estructural mediante difracción de rayos X, • Análisis estructural en estaciones gráficas, • Diseño de inhibidores de proteína in silico. Este estudio facilitará la comprensión molecular de IPMK en microalgas y su interacción con otras proteínas y ligandos, además del diseño de inhibidores específicos, potencialmente beneficiosos tanto en investigación básica como en la mejora de la producción de biomasa de microalgas. El candidato también comenzará el estudio del dominio fosfatasa de VIPI, desafiante por sus largas inserciones, diseñando constructos adecuados para su cristalización. Este proyecto unirá técnicas avanzadas de biología con sostenibilidad, ampliando el conocimiento científico y aplicaciones prácticas en biotecnología y medio ambiente, contribuyendo a innovación	<a href="https://www.xtaliqf.csic.es/">https://www.xtaliqf.csic.es/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0917	GONZALEZ PEREZ, JOSEFA	josefa.gonzalez@ibe.upf-csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA EVOLUTIVA	Genómica de la adaptación a medios urbanos y naturales	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.	<a href="http://www.gonzalezlab.eu">www.gonzalezlab.eu</a>
JAEINT24_EX_0433	GONZALEZ PRIETO, ROMAN	roman.gonzalez@cabimer.es	CENTRO ANDALUZ DE BIOLOGIA MOLECULAR Y MEDICINA REGENERATIVA	Ubiquitina ligasas, estrés replicativo y cáncer	Las células necesitan replicar sus genomas en el preciso momento y de manera fidedigna. Sin embargo, son múltiples los agentes dañinos para el DNA que pueden afectar a la integridad del genoma. Nuestras células están equipadas con una gran variedad de rutas de señalización y mecanismos de reparación del DNA que, en su conjunto, se conocen como Respuesta al Daño en el DNA (DDR). La DDR tiene como finalidad preservar la integridad del genoma o, en el caso de que los daños en el genoma sean tan extensos que no sean reparables, inducir la muerte celular por apoptosis. Defectos en la DDR pueden derivar en inestabilidad genómica y favorecer el desarrollo de enfermedades tales como el cáncer. La presencia de un molde de DNA dañado puede afectar al avance y estabilidad de las horquillas de replicación del DNA, dando lugar a estrés replicativo. Cuando esto ocurre, las horquillas de replicación se detienen, se estabilizan, y, posteriormente, reanudan su avance mediante distintos mecanismos. Sin embargo, una vez se reanuda el avance de las horquillas de replicación, quedan huecos de DNA de cadena sencilla (ssDNA) detrás de la horquilla replicativa. Estos huecos de ssDNA pueden rellenarse durante la fase S o permanecen sin rellenar o reparar hasta la fase G2/M del ciclo celular donde pueden actuar diversos mecanismos de reparación post-replicativa. La maquinaria de reparación del DNA mediante Recombinación Homóloga (HR) tiene un rol prominente en la reparación de cortes de doble cadena (DSBs) en el DNA. Además, la maquinaria de HR tiene un papel en la replicación del DNA, ya que viaja junto a las horquillas de replicación en condiciones normales, favoreciendo su estabilidad y que, además, cuando se produce un bloqueo en las horquillas de replicación, evitan su colapso y favorecen su reiniciación. No obstante, a diferencia de otras lesiones en el ADN, las proteínas que intervienen en la reparación y señalización de huecos de ssDNA no están descritas en detalle. Todos estos procesos están estrictamente regulados por numerosas enzimas ligasas de ubiquitinas cuyas funciones y sustratos son desconocidos. En el proyecto pretendemos caracterizar estos procesos que además se han descubierto recientemente que son una vulnerabilidad exclusiva de las células tumorales. El beneficiario de la JAE Intro se formará en técnicas de cultivos celulares, ingeniería genética, microscopía de fluorescencia y purificación, análisis e inmunoprecipitación de proteínas, así como análisis	<a href="https://www.cabimer.es/en/research-groups/genome-proteomics/">https://www.cabimer.es/en/research-groups/genome-proteomics/</a>
JAEINT24_EX_1305	GONZALEZ REY, ELENA	elenag@pb.csic.es	INSTITUTO DE PARASITOLOGIA Y BIOMEDICINA LOPEZ NEYRA	Caracterización del perfil de expresión de mediadores combinados como un potencial biomarcador en neurodegeneración	Actualmente no existen marcadores que identifiquen ni la aparición ni la evolución de las enfermedades neurodegenerativas. Al ser procesos crónicos, su aparición no es detectada hasta que ya es tarde para intervenciones terapéuticas. Por tanto, es vital reconocer los factores cuyas alteraciones puedan ayudar a identificar dichas enfermedades. En este sentido, es importante identificar la conexión entre el sistema inmunitario y el sistema nervioso y los posibles mediadores comunes. Así, algunos mediadores típicos del sistema nervioso, neuropéptidos, también pueden ser producidos por el sistema inmunitario y son cruciales en la comunicación bidireccional entre ambos sistemas. Datos preliminares del grupo indican que los niveles de alguno de estos neuropéptidos se reducen durante el envejecimiento y están asociados a neuroinflamación y neurodegeneración. Por tanto, proponemos: 1) estudiar las variaciones de dichos niveles en un determinado neuropéptido anti-inflamatorio a partir de datos de expresión publicadas para dos enfermedades neurodegenerativas y neuroinflamatorias asociadas al envejecimiento, Alzheimer y Parkinson. Identificaremos estudios en los que se hayan obtenidos valores de transcriptoma completo, tanto de muestras de células de sangre periférica (PBMCs) como en tejidos post-mortem, para realizar un re-análisis de la expresión de este neuropéptido. 2) A continuación, realizaremos ensayos de correlación entre los valores obtenidos en las diferentes muestras, el desarrollo de la enfermedad, así como los valores de expresión de genes relacionados con neurodegeneración y neuroinflamación, generando si es posible potenciales redes de regulación y expresión entre dichos genes y los cambios de dicho neuropéptido. 3) Validaremos los cambios de expresión de este mediador mediante tinciones específicas en tejidos post-mortem de pacientes, utilizando paneles específicos de cada enfermedad. Este proyecto supone una formación multidisciplinar para el/la estudiante con diversas técnicas: procesamiento histopatológico, análisis de expresión génica, técnicas-ómicas y análisis bioinformáticos y caracterización proteica por inmunofluorescencia. Asimismo, la participación en cursos, seminarios, y congresos será de relevancia para su formación.	<a href="https://www.ipb.csic.es/departamentos/elena_g.html?depto=Dpto.deBiologiaCelularInmunologia">https://www.ipb.csic.es/departamentos/elena_g.html?depto=Dpto.deBiologiaCelularInmunologia</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1487	GONZALEZ ROUCO, JESUS FIDEL	fidelgr@fs.ucm.es	INSTITUTO DE GEOCIENCIAS	Análisis de retroalimentaciones en la variabilidad y el cambio climático global	Influencias de los procesos físicos del permafrost en la variabilidad y el cambio climático global La amplificación polar y los procesos físicos en el suelo asociados a la formación y desaparición de permafrost tienen importantes repercusiones en el clima de las zonas polares. El grupo analiza esta temática realizando experimentos con una versión del modelo climático MPI-ESM (Earth System Model del Max Planck Institute). El MPI-ESM forma parte de la última generación de modelos utilizados en el informe del IPCC de 2021. En la versión que utiliza el grupo se han incluido modificaciones para representar de forma más realista procesos asociados al permafrost. El plan formativo del JAEINT24 consiste: a) en el estudio de estos procesos, cómo se incluyen en los modelos actuales y cómo han sido incluidos en la actual versión del modelo MPI-ESM; b) familiarización con la estructura del modelo MPI-ESM y con el procesado de sus salidas (el análisis de las salidas de un modelo resulta en sí mismo un reto para un estudiante) de experimentos en marcha actualmente (los experimentos de computación suelen extenderse a lo largo de varios meses); c) Representación de variables representativas en los experimentos actuales que permitan estudiar la sensibilidad del clima global a cambios en el permafrost en escalas temporales multidecadales y superiores. La persona en formación se incorporará a las actividades de desarrollo del proyecto SMILEME (Convocatoria Desarrollo del Conocimiento 2021) de forma complementaria con el objetivo de adquirir experiencia en los conceptos, planteamientos experimentales y de análisis. Su actividad no es fundamental, pero puede contribuir, al desarrollo del proyecto.	<a href="http://www.ucmfr.es/">http://www.ucmfr.es/</a>
JAEINT24_EX_1199	GONZALEZ SAGARDOY, MARIA UJUE	maria-ujue.gonzalez@csic.es	INSTITUTO DE MICRO Y NANOTECNOLOGIA	Desarrollo de circuitos electrónicos para estimulación eléctrica y monitorización en medicina regenerativa	Los trastornos neurológicos son la principal causa de discapacidad permanente y la segunda de mortalidad en todo el mundo. La enorme carga asociada a estas enfermedades exige, por lo tanto, medidas urgentes para acelerar la investigación y el desarrollo de nuevas terapias. El establecimiento y la validación de modelos in vitro es crucial para facilitar este objetivo. En nuestro laboratorio, estamos desarrollando dispositivos para estudiar la regeneración neuronal tras un daño traumático mediante estimulación eléctrica terapéutica. También buscamos identificar los protocolos de estimulación (tipo de pulso, amplitud, duración, etc.) adecuados para conseguir el efecto deseado sin dañar las células. La estimulación eléctrica es un enfoque novedoso para la medicina regenerativa que ya ha demostrado resultados prometedores en la obtención de respuestas regenerativas en diferentes células y tejidos: migración de células madre y células progenitoras al lugar de una lesión; mejora de la angiogénesis; aceleración de la regeneración mediante el retraso en la formación de cicatrices... Nuestro grupo de investigación (Electrical Stimulation for Tissue Engineering and Regenerative Medicine, ES4TERM, página web: <a href="http://es4term.csic.es">es4term.csic.es</a> ) se centra en el estudio de la estimulación eléctrica en células in vitro para intentar identificar y controlar los mecanismos que producen estas respuestas regenerativas, así como los parámetros eléctricos de estimulación óptimos en cada caso. Para poder adaptar los estudios de estimulación eléctrica a distintas plataformas de cultivo celular y métodos de estimulación, diseñamos y fabricamos los dispositivos de estimulación adecuados en cada caso. Además, queremos incorporar en los dispositivos la posibilidad de medir en tiempo real durante la estimulación el voltaje aplicado y la corriente que circula por el dispositivo, para identificar de manera más precisa los protocolos óptimos de estimulación. Esta propuesta forma parte de la línea de investigación aquí descrita, y el estudiante participará en el diseño y fabricación de los dispositivos, así como en la automatización de la aplicación de los estímulos eléctricos y de la adquisición de datos en tiempo real. Proponemos dos objetivos para este proyecto a corto plazo: Objetivo 1: Aprendizaje del diseño básico de circuitos electrónicos y placas impresas, fabricación y montaje de los dispositivos. Objetivo 2: Automatización del sistema utilizando LabView.	<a href="https://es4term.csic.es/">https://es4term.csic.es/</a>
JAEINT24_EX_1269	GONZALEZ SANTANA, ANDRES	andres.g.santana@csic.es	INSTITUTO DE PRODUCTOS NATURALES Y AGROBIOLOGIA	Glicoquímica Terapéutica	Las infecciones bacterianas multirresistentes (MDR) se han convertido en un importante problema de salud pública. Además, los medicamentos que todavía son activos contra estas infecciones MDR tienden a ser más agresivos, menos eficientes y más tóxicos que los fármacos convencionales. Las estrategias actuales para desarrollar nuevos fármacos activos contra estas infecciones se basan en el diseño de antibióticos más selectivos contra estos patógenos, así como en buscar nuevas dianas terapéuticas que no ejerzan tanta presión evolutiva. A este respecto, la enzima bacteriana EarP, descubierta recientemente, es esencial para la actividad ribosomal durante la síntesis proteica. La reacción catalizada por esta enzima forma un exótico enlace N-glicosídico utilizando el grupo funcional guanidinio de la arginina-32 como nucleófilo. Además, el monosacárido que se transfiere, un residuo de L-ramnosa, es un azúcar raro empleado principalmente por plantas y bacterias, pero no por mamíferos. Por lo tanto, ambos sustratos representan un escenario en el que una comprensión más profunda a nivel molecular podría allanar el camino hacia nuevas estructuras antibióticas basadas en la inhibición selectiva de EarP. Para lograr este objetivo, se diseñará y sintetizará una serie de miméticos no hidrolizables del nucleótido sustrato, que serán empleados tanto en estudios estructurales de cristalografía del complejo enzimático, como en ensayos de actividad antibiótica frente a cepas patógenas. La capacidad formativa de este proyecto está muy relacionada con el campo de la glicoquímica, e incluye síntesis orgánica aplicada a carbohidratos, así como el uso técnicas cromatográficas habituales, elucidación estructural por métodos espectroscópicos y fundamentos de cinética e inhibición enzimática, entre otros.	<a href="https://www.ipna.csic.es/personal/andres-gonzalez-santana">https://www.ipna.csic.es/personal/andres-gonzalez-santana</a>



REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0544	GONZALEZ SARRIAS, ANTONIO	agsarrias@cebas.csic.es	CENTRO DE EDFAFOLOGIA Y BIOLOGIA APLICADA DEL SEGURA	Actividad neuroprotectora de polifenoles de la dieta utilizando modelos celulares de enfermedades neurodegenerativas	La presente propuesta de interés se enmarca dentro del objetivo global de la línea de investigación del grupo, la interacción entre salud y dieta, que abarca la evaluación de actividades biológicas, principalmente propiedades anticancerígenas, antiinflamatorias y neuroprotectoras de diferentes polifenoles de la dieta y sus metabolitos in vivo realizando tanto en estudios preclínicos (modelos animales y celulares) como clínicos. Esta propuesta es una oportunidad por todas las técnicas y enfoques a los que tendría acceso el estudiante para el análisis del impacto de bioactivos en la salud. Los alumnos y doctorandos incorporados al grupo durante los últimos 10 años, específicamente supervisados por el Dr. González-Sarrias, han adquirido las siguientes competencias: o Cultivos celulares. o Genómica y proteómica (qPCR, WB, ELISA, etc.). o Procesado y análisis de polifenoles y sus metabolitos en fluidos biológicos, células y tejidos (HPLC-UV-DAD-ESI-MS/MS; UPLC-ESI-QTOF-MS/MS, etc.). o Análisis y discusión de resultados para la redacción de manuscritos. o Tareas de divulgación científica para comunicar la investigación avanzada a la sociedad (programa IDIES, Noche de los Investigadores, Semana de la Ciencia, etc.). En concreto, esta propuesta plantea evaluar el posible papel de metabolitos fenólicos derivados de la dieta, en su mayoría metabolitos fenólicos conjugados de origen microbiano, como moduladores de los efectos sobre la salud cerebral mediante un diseño experimental con relevancia fisiológica y así desentrañar los principales mecanismos moleculares de los metabolitos representativos que pueden ejercer un efecto neuroprotector. Este estudio lo abordaremos, a partir de los datos previamente obtenidos en un estudio animal donde se ha identificado cuáles son los metabolitos derivados de polifenoles que alcanzan el tejido cerebral tras un consumo realista (extrapolable al ser humano) de un extracto rico en polifenoles de alimentos típicos de la dieta mediterránea (granada, limón, naranja, uva tinta y olivo). Los objetivos son: 1) Evaluar el efecto neuroprotector y/o anti-neuroinflamatorio de los metabolitos detectados en tejido cerebral y/o mezclas representativas, en condiciones fisiológicas, utilizando diferentes modelos celulares de tejido cerebral representativos de procesos neurodegenerativos: • Reducción de la inflamación en células gliales inducida por estímulos inflamatorios. • Neuroprotección frente al daño neuronal inducido	<a href="https://www.researchgate.net/profile/Antonio-Gonzalez-Sarrias">https://www.researchgate.net/profile/Antonio-Gonzalez-Sarrias</a>
JAEINT24_EX_1598	GONZALEZ SOTELO, M.CARMEN	carmen@iim.csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES MARINAS	Desarrollo de procesos "verdes" para obtener colágeno marino a partir de subproductos de la pesca	El proyecto pretende que el alumno adquiera conocimientos sobre el desarrollo y puesta a punto de procesos de valorización de descartes y subproductos de la pesca utilizando metodologías de bajo impacto ambiental a partir de subproductos de pescado, en concreto el trabajo está enfocado a la obtención de colágeno y se enmarca en un proyecto de colaboración internacional WASTE2TASTE (programa "Sustainable Blue Economy Partnership" SBEP). El programa formativo incluye cuatro objetivos: 1. Conocer las características de los subproductos mediante un análisis de las características de los subproductos ricos en colágeno que se producen tanto a nivel industrial como por parte de los minoristas. Con este objetivo el candidato se familiarizará con entornos industriales y obtendrá una idea global del problema de la generación y gestión de este tipo de residuos. Además, conocerá las principales técnicas analíticas que se utilizan para su caracterización fisicoquímica en el laboratorio. 2. Conocer los procesos tanto tradicionales como aquellos de bajo impacto ambiental (extracción supercrítica, microondas o ultrasonidos) que se diseñarán en el proyecto para la obtención de colágeno a partir de los subproductos seleccionados. 3. Aprendizaje de métodos de evaluación de los procesos empleados en la extracción de colágeno, tales como análisis de rendimientos, tiempos de extracción y características fisicoquímicas del colágeno obtenido: determinación de la masa y estructura molecular mediante cromatografía de permeación en gel (GPC) e intercambio iónico (SAX-HPLC), electroforesis SDS-PAGE, microscopía, espectroscopía FTIR y difracción de rayos X (XRD); determinación de aminoácidos por HPLC. 4. Aprender a obtener información científica, analizar datos, redactar informes y participar en reuniones científicas Supervisores: Ricardo I. Pérez Martín María Blanco Carmen Glez Sotelo	<a href="https://www.iim.csic.es/index.php/es/research/all-groups/bioquimica-de-alimentos">https://www.iim.csic.es/index.php/es/research/all-groups/bioquimica-de-alimentos</a>
JAEINT24_EX_0928	Govantes Romero, Fernando	fgovrom@upo.es	CENTRO ANDALUZ DE BIOLOGIA DEL DESARROLLO	Mecanismos de regulación de la síntesis de celulosa en Pseudomonas putida	El operón bcs de Pseudomonas putida codifica los componentes estructurales y reguladores del complejo celulosa sintasa, responsable de la síntesis y exportación de celulosa, uno de los exopolisacáridos asociados a la formación de biofilm de este microorganismo. La transcripción del operón bcs está regulada negativamente por el complejo FleQ-FleN y positivamente por el segundo mensajero di-GMPc, pero los mecanismos implicados no han sido estudiado en detalle. El trabajo propuesto implica la disección de la región promotora del operón bcs y la caracterización de la interacción entre los tres elementos reguladores sobre la región promotora. Las tareas a desarrollar son las siguientes: 1. Caracterización in vivo de los sitios reguladores en cis de la región promotora de bcs. Se construirán mutantes de delección y mutaciones puntuales y se examinarán los efectos de estas mutaciones sobre la regulación de la transcripción con objeto de identificar sitios de unión de FleQ, promotores y otros posibles sitios en cis relevantes 2. Caracterización in vitro de las interacciones entre los elementos reguladores y la región promotora. Se utilizarán la región promotora silvestre y las versiones mutantes construidas en la Tarea 1 para caracterizar su efecto sobre la unión de FleQ a la región promotora mediante ensayos de unión a ADN utilizando combinaciones de los tres elementos reguladores y en su caso versiones mutantes de FleQ y FleN.	<a href="https://www.cabd.es/research_groups/mecanismos-de-regulacion-genica-y-desarrollo-de-biofilms-bacterianos/resumen-174.html">https://www.cabd.es/research_groups/mecanismos-de-regulacion-genica-y-desarrollo-de-biofilms-bacterianos/resumen-174.html</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0956	GRACIA LOSTAO, ANA ISABEL	aglostao@unizar.es	INSTITUTO DE NANOCIENCIA Y MATERIALES DE ARAGON	Análisis e integración en sensores de proteínas redox con microscopia de fuerzas atómicas	En los últimos años se ha visto la gran importancia que las propiedades cuánticas y mecánicas tienen en los procesos biológicos. Para comprender estos fenómenos es preciso su estudio mediante técnicas espectroscópicas o microscópicas, lo que no sólo permite conocer facetas poco conocidas de los sistemas vivos, sino que también se utilizan para el desarrollo de tecnologías cuánticas. En esta línea se estudian proteínas de intercambio electrónico o redox mediante microscopia de fuerzas atómicas (AFM), y se desarrollan plataformas de detección en chip de proteínas basadas en resonancia paramagnética de electrones (EPR). Los 2 objetivos planteados son realizables en paralelo con AFM y proteínas redox: -Análisis del mecanismo catalítico de importantes flavoenzimas determinando patrón de asociación, dinámica conformacional y fuerzas intermoleculares mediante la unión a ligandos y la catálisis. Las medidas se harán con AFM en medio fisiológico con resolución nanométrica, a nivel de molécula única. Se podrá estudiar uno de estos sistemas: i) el de Riboflavina quinasa y Piridoxina-5'-fosfato oxidasa, responsables de la homeostasis y canalización de cofactores de flavina FMN y FAD, centrándonos en el sistema humano y de B. ovis, bacteria que provoca graves patologías en ovejas, por lo que su estudio no sólo permitiría conocer su mecanismo de acción sino plantear su inhibición como diana terapéutica; el factor de inducción de apoptosis humano, para analizar el rol de su dominio de flavoenzima dependiendo de su estado redox, en el ensamblaje de complejos respiratorios mitocondriales, su actividad nuclear fragmentando el ADN genómico, y apoptosis, lo que abriría el desarrollo de nuevas vías terapéuticas. Se colaborará con el grupo de flavoenzimas dirigido por M. Medina (Univ. Zaragoza). -Desarrollo de una plataforma para detección ultrasensible de proteínas redox mediante EPR-en chip. Se utilizará AFM en el modo de deposición o nanolitografía de dip-pen para la integración de cantidades controladas de mioglobina en las áreas de mayor sensibilidad de resonadores superconductores LER diseñados por A. Gómez (Centro de Astrobiología, CSIC-INTA), con gran resolución en la detección de eventos cuánticos. Tras las medidas de EPR a bajas temperaturas en colaboración de F. Luis (INMA), se desea relacionar las señales con el nº de moléculas situadas en la zona de influencia sensora. La estimación de moléculas se hará a partir de imágenes de AFM, SEM y otras técnicas.	<a href="https://www.qmad.es">https://www.qmad.es</a>
JAEINT24_EX_1399	GRILLO DOLSET, MARIA JESUS	mj.grillo@csic.es	INSTITUTO DE AGROBIOTECNOLOGIA	Evaluación en ratones de la eficacia de las vacunas subunidad frente a infección virulenta por Brucella abortus	La brucelosis es una zoonosis extendida mundialmente causada por bacterias del género Brucella, con un gran impacto socioeconómico y sanitario. En los animales, la enfermedad se caracteriza por generar abortos, esterilidad y otros desórdenes reproductivos, y su transmisión al hombre se produce por contacto con animales infectados. El nuevo contratado participará en un proyecto cuyo objetivo es evaluar la eficacia en ratones de formulaciones subunidad con potencial vacunal frente a la infección virulenta por Brucella abortus. Para ello, proponemos un plan de formación en microbiología y en experimentación animal, en el que se formará al candidato en técnicas generales de laboratorio (preparación de medios y reactivos, gestión de cepas bacterianas y desinfección de materiales); experimentos in vivo en ratones; siembra y procesamiento de muestras; cultivo, aislamiento y caracterización de bacterias por métodos microbiológicos, bioquímicos y moleculares; trabajo en laboratorio en condiciones de bioseguridad tipo 2 y 3; y procesamiento de datos y análisis estadístico.	<a href="https://www.idab.csic.es/">https://www.idab.csic.es/</a>
JAEINT24_EX_0711	GUADAÑO FERRAZ, ANA CRISTINA	ana.guadano.ferraz@csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES BIOMEDICAS SOLS-MORREALE	Fisiopatología y Estrategias Terapéuticas en una Enfermedad Rara y Huérfana	Las hormonas tiroideas (HTs: T3 y T4) tienen un papel crítico en el desarrollo y función del sistema nervioso central (SNC), sin embargo, a pesar de su importancia todavía queda mucho por descubrir sobre sus mecanismos de acción y el control de su disponibilidad en el SNC. Las HTs se sintetizan en la glándula tiroidea, principalmente en forma de T4 que se desyoda en los tejidos diana a la forma transcripcionalmente activa T3 por las enzimas desyodasas. En el SNC la enzima desyodasa 2 (DIO2) en los astrocitos genera el 80% de la T3 disponible para las células neurales. Esta T3, se une a receptores nucleares modulando la expresión de un gran número de genes en las células diana. El síndrome de Allan-Herndon-Dudley (SAHD) es una enfermedad rara ligada al cromosoma X descubierta en 1944. Hace solo 20 años que se identificó su origen asociándolo a mutaciones en el gen que codifica para MCT8, un transportador transmembrana específico de HTs. Las evidencias indican que en condiciones de deficiencia de MCT8 las HTs no llegan en cantidad suficiente a las células neurales, y que la principal restricción al transporte de las HTs se encuentra en las barreras cerebrales, aunque la fisiopatología todavía no es bien conocida. Las mutaciones en MCT8 dan lugar a un síndrome endocrino con niveles elevados de T3 en suero y a un grave síndrome neurológico que se manifiesta a los 3-4 meses de edad, consistente en un importante retraso psicomotor. Actualmente no existen tratamientos efectivos para paliar o prevenir los síntomas neurológicos, con la limitación de las terapias existentes a la mejora del hipertiroidismo periférico y algunos de los síntomas. En el laboratorio estamos profundizando en la fisiopatología del SAHD en tejido cerebral de pacientes y modelos animales del SAHD que hemos generado y validado recientemente, ya que los ratones deficientes en MCT8 no presentan el síndrome neurológico. Además, estamos desarrollando a nivel preclínico distintas estrategias terapéuticas (farmacológicas y terapia génica) que permitan la disponibilidad de HTs para las células neurales cuando el transportador MCT8 no es funcional. Para ello utilizamos numerosos abordajes experimentales, como diferentes técnicas fisiológicas, anatómicas, técnicas de imagen de resonancia magnética, estudios de comportamiento, técnicas bioquímicas, de biología celular y molecular. El candidato tendrá la oportunidad de formarse en todas estas técnicas, además de adquirir conocimientos de neuroendocrin	<a href="https://www.iib.uam.es/en/web/iibm/departamentos?p_p_id=APGIportlet_WAR_IBMapportletlets_INSTANCE_kZizqVBI9jPM&amp;p_p_lifecycle=0&amp;_APGIportlet_W">https://www.iib.uam.es/en/web/iibm/departamentos?p_p_id=APGIportlet_WAR_IBMapportletlets_INSTANCE_kZizqVBI9jPM&amp;p_p_lifecycle=0&amp;_APGIportlet_W</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1202	GUASCH CAMELL, JUDIT	judit.guash@csic.es	INSTITUTO DE CIENCIA DE MATERIALES DE BARCELONA	Patient-Derived Organoids as Cancer Models based on 3D Biohybrid Hydrogels	The Max Planck Partner Group "Dynamic Biomimetics for Cancer Immunotherapy" ( <a href="https://dynamic-biomimetics.icmab.es/">https://dynamic-biomimetics.icmab.es/</a> ) is currently focused on the design and engineering of novel bionanomaterials to be used as artificial extracellular matrices (ECM) of tumor organoids. Our objective is to improve novel cancer (immuno)therapies and reduce animal experimentation in preclinical testing, thus lessening the implied ethical and economic burden, as well as decreasing the translation problems associated to variations among species. In this project, the student will be involved in the synthesis and characterization (NMR, X-ray tomography, SEM, etc.) of 3D biohybrid hydrogels to act as artificial ECMs. They will also perform cell culture studies to evaluate the effectivity of such bionanomaterials, where different patient-derived tumors will be used, such as hematological, pancreatic, lung, or colorectal tumors. The organoids will be analyzed by optical and fluorescence microscopy, ELISA, flow cytometry, etc. in collaboration with (pre)clinical settings such as IDIBAPS-Hospital Clinic of Barcelona and Vall d'Hebron Institute of Oncology (VHIO). Finally, the patient-derived cancer organoids created will be used to test novel (immuno)therapies.	<a href="https://dynamic-biomimetics.icmab.es/">https://dynamic-biomimetics.icmab.es/</a>
JAEINT24_EX_0842	GUTIERREZ ADAN, ALFONSO	agutierr@inia.csic.es	INSTITUTO NACIONAL DE INVESTIGACION Y TECNOLOGIA AGRARIA Y ALIMENTARIA	Desarrollo de organoides en reproducción: endometrio y testículo 3D	Los organoides de testículo y del endometrio, proporcionan una herramienta para estudiar el desarrollo testicular, espermatogénesis, enfermedades como el cáncer o la endometriosis, etc. Estos organoides pueden ayudar a comprender mejor la fisiopatología de las enfermedades (endometriosis, infertilidad) y a desarrollar nuevas terapias para tratarla. Su capacidad para mimetizar la estructura y función del tejido endometrial y testicular los hace valiosos para estudios in vitro y pueden servir como modelos para probar la eficacia de medicamentos y tratamientos potenciales. Representan una alternativa al uso de modelos animales en experimentación y diagnóstico. En este trabajo intentaremos autoensamblar en una matriz extracelular, los distintos tipos celulares que aparecen en un testículo neonatal, es decir células de Sertoli, Leydig, germinales y peritubulares, así como los distintos tipos que aparecen en el endometrio. Analizaremos mediante inmunofluorescencia y qPCR la presencia durante el cultivo de las estructura y tipos celulares, e intentaremos desarrollar análisis funcionales de los organoides producidos. Estas técnicas de generación de organoides proporcionan un conjunto de herramientas altamente accesible y reproducible para iniciativas de investigación en organogénesis y fisiología in vitro. El objetivo principal de trabajo será establecer un sistema de cultivo para perfeccionar la arquitectura de ambos tejidos (testículo y endometrio) y al mismo tiempo asegurar la funcionalidad celular. El plan de formación contempla: Realizará técnicas de cultivo celular, en particular cultivo 3D de organoides de testículo y endometrio de ratón. Además, realizará inmunohistoquímica para caracterizar los linajes celulares que aparezcan y PCR cuantitativa para cuantificar la expresión de marcadores de linajes celulares.	<a href="https://laborepro.wixsite.com/gutierrez-adan">https://laborepro.wixsite.com/gutierrez-adan</a>
JAEINT24_EX_1730	GUTIERREZ BELTRAN, EMILIO ENRIQUE	maito@gutierrez@us.es	INSTITUTO DE BIOQUIMICA VEGETAL Y FOTOSINTESIS	Estudio de la señalización celular asociada a la formación de condensados biomoleculares como mecanismo de adaptación al estrés en plantas	Los factores de choque térmico (HSF) son reguladores esenciales de las respuestas a altas temperaturas y otras condiciones adversas. En el laboratorio, hemos identificado recientemente que, tras una situación de estrés, Hsf4A se localiza en unos complejos citoplasmáticos conocidos como gránulos de estrés (stress granules; SGs). SGs son condensados biomoleculares (biomolecular condensates; BMCs) constituidos por moléculas de RNA y proteínas que aparecen en el citoplasma celular en situaciones de estrés. La función que la proteína de estudio desempeña en estos complejos citoplasmáticos aun se desconoce. En base a los datos disponibles, el trabajo de la persona contratada se centrará en responder a las siguientes preguntas: ¿La proteína Hsf4A es necesaria para el correcto ensamblaje de los SGs? ¿La localización de Hsf4A en los SGs es dependiente del tipo de estrés? ¿Hsf4A interactúa con otros componentes de los SGs? Para la respuesta de las preguntas planteadas se emplearán numerosas técnicas de biología molecular o/y celular, tales como co-immunoprecipitación (co-IP), complementación de fluorescencia bimolecular (BiFC), o estudios de localización celular in vivo, usando para ello marcadores fluorescentes como la GFP (verde), RFP (rojo) o YFP (amarillo). En el estudio se emplearán las plantas modelos Arabidopsis thaliana y Nicotiana benthamiana. Para una mayor descripción del proyecto no dude en ponerse en contacto con el director a través de la cuenta de correo electrónica proporcionada.	<a href="http://egutierrez.ibvf.us-csic.es/">http://egutierrez.ibvf.us-csic.es/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0892	GUTIERREZ CAPITAN, MANUEL	manuel.gutierrez@imb-cnm.csic.es	INSTITUTO DE MICROELECTRONICA DE BARCELONA	Desarrollo de bioensayos para la detección cuantitativa de biomarcadores proteicos basados en aptámeros para el diagnóstico temprano del VIH	Los aptámeros son una alternativa a los anticuerpos para la detección de proteínas. Son secuencias de oligonucleótidos con una estructura secundaria definida y que presentan una elevada afinidad y especificidad por una molécula diana a la vez que son muy estables y su coste de producción es bajo. En el proyecto donde se enmarca esta beca, se han seleccionado y caracterizado aptámeros dirigidos contra 5 proteínas del virus VIH, y estamos trabajando en la puesta a punto de ensayos tipo sándwich con estos aptámeros sobre partículas magnéticas que puedan integrarse en un dispositivo electroquímico multiplexado para la detección rápida de la infección por VIH. El dispositivo combina una celda electroquímica miniaturizada y un componente fluido de papel diseñado para encajar en una carcasa que permite alinear fácilmente ambas partes.	<a href="http://gtq.imb-cnm.csic.es">http://gtq.imb-cnm.csic.es</a>
JAEINT24_EX_1595	GUTIERREZ RODRIGUEZ, ANDRES	andres.gutierrez@ieo.csic.es	CENTRO OCEANOGRÁFICO DE GIJÓN	Integrating genomic and biogeochemical approaches to shed light on the Biological Carbon Pump	La Bomba Biológica de Carbono se refiere al conjunto de procesos biológicos que transportan el carbono orgánico fijado por fotosíntesis al interior del océano. Entre los diferentes procesos, la exportación pasiva de partículas que se hunden por gravedad se considera la más importante cuantitativamente. A pesar de su importancia para el funcionamiento de los ecosistemas marinos y el clima de la Tierra, la comprensión de los mecanismos físico, químicos y biológicos que gobiernan la variabilidad espacial y temporal de esta exportación vertical es bastante rudimentario. Esto se debe en gran medida a la dificultad de desentrañar la composición biológica de las partículas exportadas al interior del océano, que generalmente se encuentran fuertemente degradadas impidiendo su identificación morfológica. La irrupción de técnicas de secuenciación masiva (e.g. DNA metabarcoding) en el campo de la biogeoquímica marina está cambiando este escenario, ya que ofrecen la posibilidad de caracterizar la composición taxonómica de este material e iluminar los organismos responsables de su exportación así como de su transformación y remineralización. En este contexto, el trabajo a desarrollar por el estudiante consistirá en analizar datos genómicos (DNA metabarcoding del gen ARNr 18S) y biogeoquímicos (e.g. carbono, nitrógeno, silice biogénica...) tanto del material particulado exportado y recogido en trampas de sedimento ancladas (2700 m) como del material suspendido filtrado de la columna de agua, y de los datos oceanográficos recogidos en dos estaciones localizadas en aguas subtropicales (41.0 S) y subantárticas (46.6 S) del Pacífico suroeste, una región con importantes implicaciones para el ciclo de carbono global. La Bomba Biológica de Carbono se refiere al conjunto de procesos biológicos que transportan el carbono orgánico fijado por fotosíntesis al interior del océano. Entre los diferentes procesos, la exportación pasiva de partículas que se hunden por gravedad se considera la más importante cuantitativamente. A pesar de su importancia para el funcionamiento de los ecosistemas marinos y el clima de la Tierra, la comprensión de los mecanismos físico, químicos y biológicos que gobiernan la variabilidad espacial y temporal de esta exportación vertical es bastante rudimentario. Esto se debe en gran medida a la dificultad de desentrañar la composición biológica de las partículas exportadas al interior del océano, que generalmente se encuentran fuertemente degradadas.	<a href="https://bemegroup.github.io/BEME/">https://bemegroup.github.io/BEME/</a>
JAEINT24_EX_1118	GUTIERREZ RODRIGUEZ, MARTA	mgutierrez@iqm.csic.es	INSTITUTO DE QUÍMICA MÉDICA	Herramientas farmacológicas con aplicación en la búsqueda de tratamientos de enfermedades cardiovasculares	El objetivo del trabajo es el descubrimiento de nuevas moléculas (compuestos orgánicos y péptidos) como moduladores de interacciones proteína-proteína para el tratamiento de enfermedades cardiovasculares o COVID-19. En el desarrollo de nuevos fármacos es esencial el conocimiento de los procesos biológicos cuya desregulación da lugar a procesos patológicos. Las interacciones proteína-proteína (PPIs) desempeñan un papel importante en la mayoría de los procesos celulares, y constituyen un grupo de dianas muy interesante para el desarrollo de nuevas terapias. El mapa completo de PPIs se denomina interactoma, y su conocimiento contribuirá a dilucidar las bases moleculares de las enfermedades, y facilitará la identificación de nuevas dianas biológicas de interés terapéutico. Así mismo, servirá de base para el desarrollo de fármacos específicos. A pesar del gran avance en el conocimiento científico del interactoma humano y su relación con diversas patologías, todavía quedan numerosas interacciones proteína-proteína por dilucidar. Dentro de las herramientas que pueden contribuir a un mayor conocimiento de las PPIs se encuentra, por una parte, el desarrollo de moléculas pequeñas capaces de unirse a una determinada proteína y modular sus interacciones; y por otra, el desarrollo de nuevas sondas fluorescentes para su visualización. El/la estudiante llevará a cabo la síntesis orgánica, la purificación y la caracterización estructural de las moléculas propuestas. La preparación de los compuestos se llevará a cabo tanto en disolución como en fase sólida, manual y automática, y su purificación mediante HPLC-semipreparativo o Biotage, siendo una buena oportunidad para familiarizarse con técnicas de síntesis y purificación no estudiadas durante la carrera, así como de iniciarse en el I+D farmacéutico. Además, se familiarizará con la caracterización fotofísica. Teniendo en cuenta el carácter multidisciplinar del proyecto y la estrecha colaboración con los grupos de biología tanto nacionales como internacionales, el alumno se familiarizará con la diana biológica y su implicación en la patología de la enfermedad. En su conjunto el alumno se involucrará en las tareas del laboratorio y se familiarizará con técnicas punteras en el desarrollo del trabajo experimental en un laboratorio de investigación en química médica.	<a href="https://www.iqm.csic.es/grupo-peptidomimeticos/">https://www.iqm.csic.es/grupo-peptidomimeticos/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0998	HALIFA MARIN, AMAR	amar.halifa@ipe.csic.es	INSTITUTO PIRENAICO DE ECOLOGIA	Análisis de incertidumbres asociadas a proyecciones de sequía en la cuenca mediterránea en escenarios de cambio climático	La cuenca Mediterránea está identificada como una de las regiones más afectadas por el cambio climático a finales de este siglo. Entre los eventos climáticos extremos que se intensificarán, las sequías se prevén como una de las principales amenazas ambientales. Los procesos de sequía aumentarán en frecuencia y magnitud como consecuencia del incremento de temperatura (alta confianza, amplio consenso en simulaciones climáticas) y el descenso de la precipitación (baja confianza). La variabilidad de las precipitaciones en escenarios de calentamiento global continúa suscitando gran interés científico, dado que distintas simulaciones muestran gran disparidad en sus proyecciones (alta incertidumbre). Por tanto, una mejor comprensión de las incertidumbres asociadas a las proyecciones de precipitación en esta región, identificando los mecanismos físicos que promueven la disparidad entre modelos/simulaciones, es crucial. La persona seleccionada en esta expresión de interés desarrollará un proyecto de investigación enmarcado en el análisis de eventos de sequía en la región Sur de Europa/Mediterráneo proyectadas por simulaciones climáticas más avanzadas (modelos globales, CMIP6). Concretamente, su estancia JAE Intro le permitirá obtener conocimientos en descarga y manejo de simulaciones climáticas en R/Python, análisis estadístico para identificar esos eventos climáticos extremos, e indagar en las posibles causas que promueven su intensificación como consecuencia del calentamiento global. Asimismo, el trabajo pretende abordar la incertidumbre asociada, analizando que modelos son capaces de reproducir adecuadamente la dinámica atmosférica y variabilidad climática observada. En resumen, la persona beneficiaria colaborará en tareas de investigación, mediante un proyecto propio adaptado a su experiencia previa, en el que desarrollará diferentes habilidades como 1) programación y automatización de procesos computacionales; 2) análisis estadísticos aplicado a datos climáticos; y 3) profundización en conocimiento teórico sobre impactos del calentamiento global en la Península Ibérica y el resto de la región mediterránea.	<a href="https://lsc.csic.es/es/lsc/">https://lsc.csic.es/es/lsc/</a>
JAEINT24_EX_0527	HARO VILLAR, ISABEL	isabel.haro@iqac.csic.es	INSTITUTO DE QUIMICA AVANZADA DE CATALUÑA	Péptidos sintéticos en diagnóstico y terapia	El proyecto formativo consistirá en la realización de procesos de síntesis de péptidos con aplicación en el desarrollo de nuevas estrategias tanto de diagnóstico como de profilaxis y terapia de enfermedades humanas. Considerando que el tratamiento y prevención de las enfermedades inflamatorias de la mucosa son actualmente un reto todavía no resuelto, se plantea la síntesis de nanoestructuras autoensambladas, basadas en péptidos antiinflamatorios, con capacidad de dirigirse a las superficies de las mucosas, como una estrategia novedosa de prevención contra condiciones inflamatorias. Por otro lado, se estudiará el diseño y síntesis de péptidos para el estudio de nuevos biomarcadores de una enfermedad inflamatoria crónica, la artritis reumatoide.	<a href="https://www.iqac.csic.es/investigacion/departamentos/quimica-biologica/sintesis-y-aplicaciones-biomedicas-de-peptidos/">https://www.iqac.csic.es/investigacion/departamentos/quimica-biologica/sintesis-y-aplicaciones-biomedicas-de-peptidos/</a>
JAEINT24_EX_1583	HAROS, CLAUDIA MONIKA	mharos@iata.csic.es	INSTITUTO DE AGROQUIMICA Y TECNOLOGIA DE ALIMENTOS	Optimización de la obtención de fracciones proteicas de quinoa con actividad inmunonutricional para su aplicación en formulaciones alimentarias	La quinoa, un pseudocereal de alta calidad nutricional, concentra compuestos bioactivos en partes anatómicas específicas del grano, por lo que su fraccionamiento permitiría aislar proteínas de alto valor biológico, fibras antioxidantes o aceite esenciales. En este sentido, los procesos de la industria de cereales podrían adaptarse a ella, tales como la molienda seca de trigo o la molienda húmeda de maíz. El objetivo general de este plan de formación es el aislamiento y caracterización del germen de quinoa por molienda húmeda y/o seca para obtener y caracterizar aceite de quinoa, además de la fracción proteica residual tras la extracción del aceite, para el desarrollo de productos de cereales saludables. La intención es obtener nuevas formulaciones de alimentos con alta calidad tecnofuncional, sensorial y nutricional, teniendo en cuenta la biodisponibilidad mineral, sin que se afecten las propiedades organolépticas de los productos desarrollados. En cuanto al impacto en la salud, se evaluará la inclusión de ingredientes de quinoa en cuanto a su contribución a la acción preventivo/terapéutico de los alimentos desarrollados en relación a las enfermedades precedidas por el síndrome metabólico. Las actividades a desarrollar incluyen: a. Caracterización físico-química de la quinoa a investigar; b. Obtención de ingredientes de quinoa por molienda húmeda y seca a escala laboratorio y/o piloto. c. Obtención de aceite de quinoa por prensado del germen y extracción con solvente; d. Caracterización físico-química de materias primas y fracciones: humedad, fibra dietética, almidón, proteínas, lípidos, cenizas, ácido fólico, Ca, Fe y Zn; e. Caracterización tecnofuncional: color; distribución de tamaño de partícula; capacidad de absorción de agua/aceite; f. Caracterización del aceite: índice de refracción, acidez, yodo, saponificación, insaponificable, densidad relativa y perfil de ácidos grasos; g. Caracterización de la fracción residual tras la extracción del aceite: composición proximal y perfil de aminoácidos; h. Aplicación de los ingredientes en sustitución de ingredientes críticos en matrices alimentarias de cereales; i. Evaluación de la calidad tecnológica, sensorial nutricional y funcional de los alimentos desarrollados; j. Difusión de resultados en congresos/publicaciones; k. Actividades divulgativas: Exponencia, día de la mujer y la niña en la ciencia, día Internacional de Cereales/de Quinoa; l. Se prevé estancia corta en el marco de la red Nutricrop.	<a href="https://www.iata.csic.es/investigacion/cereales-y-productos-derivados">https://www.iata.csic.es/investigacion/cereales-y-productos-derivados</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1576	HERMOSO DOMINGUEZ, JUAN ANTONIO	xjuan@iqf.csic.es	INSTITUTO DE QUIMICA FISICA BLAS CABRERA	BIOLOGIA ESTRUCTURAL DE LA RESISTENCIA A ANTIBIOTICOS	La resistencia a los antimicrobianos (RAM) es una de las grandes amenazas de la salud pública mundial. Según la OMS, 1,2 millones de personas murieron en el mundo en 2019 por bacterias contra las que los antibióticos actuales se mostraron ineficaces. De ellas, alrededor de 33.000 se produjeron en el continente europeo y alrededor de 4.000 en España, una cifra que cuadruplica las registradas por los accidentes de tráfico. Se trata de un problema para la salud pública mundial que va en aumento, pues la OMS ya estima que para el año 2050 serán 10 millones de personas las que fallezcan anualmente por esta causa. Este proyecto internacional (con grupos en EU, USA y Singapur) pretende desentrañar las bases moleculares de procesos que afectan a la envoltura bacteriana y su implicación en la resistencia a los antibióticos. Se pretende la disección multidimensional (estructural, bioquímica, biofísica y preclínica) de algunos procesos bacterianos esenciales como: (1) la regulación de hidrolasas en la división celular bacteriana; (2) las interacciones huésped-patógeno mediadas por proteínas ancladas a la pared celular; (3) La remodelación de la pared celular y estabilización de la membrana externa por LD-transpeptidasas y (4) el reciclaje de la pared y los mecanismos de resistencia a antibióticos en patógenos multirresistentes. Se utilizarán enfoques experimentales de vanguardia que incluyen el uso de ingeniería de proteínas, fases cúbicas lipídicas, difracción de rayos X, cryo EM, caracterización biofísica, bioinformática y, finalmente, estudios de infección en cultivos celulares in vitro y experimentos de infección in vivo. Estos procesos son de suma relevancia tanto en el aspecto fundamental como en el aplicado. El descubrimiento de la base molecular de estos mecanismos abre el camino a la identificación de nuevas dianas farmacológicas y al desarrollo de antimicrobianos eficaces contra cepas clínicas multirresistentes y con nuevos modos de acción que harán menos probable el desarrollo de resistencia. El trabajo a desarrollar por el estudiante comprende: - Producción y purificación de proteínas recombinantes. - Cristalización de proteínas mediante técnicas de alto rendimiento (robots de cristalización). - Toma de datos de difracción de cristales de proteínas en fuentes de radiación sincrotron. - Determinación y análisis de la estructura tridimensional de proteínas. - Reuniones con los colaboradores del proyecto.	<a href="https://www.xtal.iqf.csic.es/grupo/xjuan/">https://www.xtal.iqf.csic.es/grupo/xjuan/</a>
JAEINT24_EX_1299	HERNAN MARTINEZ, GEMA	ghernan@imedea.uib-csic.es	INSTITUTO MEDITERRANEO DE ESTUDIOS AVANZADOS	Effects of a tropical invasive species in epifaunal assemblages in Balearic seagrass meadows	Invasive species can have critical effects on the ecosystems they colonize. Halimeda incrassata is a tropical invasive macroalgae that has been colonizing sandy bottoms and seagrass beds in the Balearic Islands. As it creates new habitats, it may have particularly important effects on small invertebrate faunal communities, and it could have important ecological consequences since these animals play an important role in the cycle of matter and energy in the marine system. In this regard, algae invasions can change the composition of faunal communities being particularly important when affecting prey species such as invertebrates which can have effects in the whole food web. Diverse range of invertebrates live closely associated to algae and seagrass, these are called epifauna. They are especially important for the health and functioning of benthic systems. These invertebrates act as biofilters by consuming detritus particles from the water, thus helping keep water clean. They can also be considered 'herbivores' since many species feed on epiphyte algae growing on seagrass edges or consume phytoplankton directly from seawater. Additionally, epifauna serve as food for several invertebrates and fishes. Therefore, changes in epifaunal communities can modify the whole food web. The objective of this JAE will be to assess the effects of H. incrassata invasion in composition, diversity and abundance of epifauna associated with the seagrass C. nodosa. To compare epifaunal assemblages on Cymodocea nodosa meadows invaded and not invaded by H. incrassata, we selected shallow-water C. nodosa meadows (sites) within four meadows (one invaded in Cabrera National Park, and three non-invaded; Formentor, Es Barcares and Aucanada) between ca. 1.5 to 3 m depth. Epifaunal samples have been already collected in invaded and uninvaded C. nodosa meadows by SCUBA diving. The student will participate in laboratory work by analyzing epifauna samples, gaining a holistic view of scientific work, and delving into experimental design and management training. Additionally, they will receive training in taxonomy of epifauna, statistical analysis, as well as general training, marine macrophyte biology and ecology, associated fauna, and potential human impacts. The student may also collaborate on outreach, awareness, and citizen science activities. The student will participate in the weekly laboratory meetings in which we discuss development and results of all the projects c	<a href="https://imedea.uib-csic.es/investigacion/investigacion-marina-en-sistemas-ecologicos-y-sociales/">https://imedea.uib-csic.es/investigacion/investigacion-marina-en-sistemas-ecologicos-y-sociales/</a>
JAEINT24_EX_0558	HERNANDEZ JIMENEZ, MARIA LUISA	lhernandez@ibvf.csic.es	INSTITUTO DE BIOQUIMICA VEGETAL Y FOTOSINTESIS	Influencia de los sistemas redox del cloroplasto sobre el metabolismo lipídico	El objetivo central de nuestra línea de investigación es establecer la relación entre los sistemas redox del cloroplasto y la aclimatación de las plantas frente a los cambios ambientales, como es el caso de la luz y la temperatura. Para ello, analizamos la influencia de las proteínas redox del cloroplasto sobre la eficiencia fotosintética y el metabolismo del carbono y de los lípidos, con especial interés en los mecanismos que controlan el nivel de insaturación de los ácidos grasos ya que están relacionados con la tolerancia de las plantas a las temperaturas extremas. La relevancia de nuestros resultados viene avalada por nuestras contribuciones científicas en congresos nacionales e internacionales y las publicaciones en revistas científicas de alto impacto dentro nuestra área de investigación (Plant Physiology, Redox Biology, Molecular Plant, PNAS, etc). Nuestras investigaciones se realizan fundamentalmente en la planta modelo Arabidopsis thaliana, estudiando tanto hojas adultas, como fases tempranas del desarrollo vegetal, como es el caso de semillas en desarrollo y durante su germinación y crecimiento de la plántula. Además, para investigar el potencial biotecnológico de nuestras investigaciones utilizamos la planta Camélina sativa, cultivo oleaginoso de gran interés agronómico cuya productividad se ve comprometida por el estrés térmico. Las tareas que se desarrollan en nuestro grupo de investigación incluyen la generación y caracterización de plantas transgénicas y mutantes mediante edición génica con CRISPR/Cas9 y expresión de transgenes, estudios fisiológicos de parámetros fotosintéticos, análisis bioquímicos y estudios de expresión mediante PCR cuantitativa en tiempo real y Western blot, así como estudios de actividades enzimáticas con enzimas purificadas. También realizamos estudios de biología celular basados en microscopía confocal y microscopía electrónica de transmisión, y análisis de lípidos mediante técnicas cromatográficas. Por lo tanto, el carácter multidisciplinar del trabajo que realizamos en el grupo será de gran utilidad para que el estudiante adquiera una excelente formación.	<a href="https://www.ibvf.us-csic.es/category/12/12g2-biotecnolog%C3%ADa-de-semillas-de-cereales">https://www.ibvf.us-csic.es/category/12/12g2-biotecnolog%C3%ADa-de-semillas-de-cereales</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1508	HERNANDEZ JUAREZ, BEATRIZ	bh.juarez@csic.es	INSTITUTO DE CIENCIA DE MATERIALES DE MADRID	Nanothermometers in biological media based on colloidal inorganic nanoparticles	Currently, applications where inorganic nanoparticles are employed range from nanomedicine [1] to optics [2]. In our lab, we carry out synthesis of mainly semiconductor nanoparticles and quantum dots by colloidal means. ( <a href="https://sites.google.com/view/juarezlab">https://sites.google.com/view/juarezlab</a> ) We focus on the development of synthetic approaches to control size, size distribution, and surface chemistry, aspects that mainly influence the optical properties of these low dimensional systems. We further characterize the colloids by mainly transmission electron microscopy, (TEM), and absorption and emission spectroscopies (both static and time-resolved). This particular project includes the synthesis of semiconductor nanoparticles operating in near infrared (NIR) range and their characterization as nanothermometers. This application arises from the change of the emission properties of semiconducting nanoparticles with temperature. [3] Therefore, we take advantage of this property to evaluate temperature changes in both ex-vivo and in in-vivo experiments, in collaboration with groups of biologists. As an example, we recently employed nanoparticles as nanothermometers to measure temperature changes during the eradication of a solid tumor in a mouse by magnetic hyperthermia. [4] These nanoparticles can be also used as imaging contrast agents in ophthalmology. [5] [1] Nanoscale 11 (41), 19251-19264, (2019) Advanced drug delivery reviews, 65, 5, 703-718, (2013) [2] ACS Nano 2023, 17, 3, 2089-2100 [3] Advanced Functional Materials 27 (6), 1604629, (2017) [4] Advanced Materials 33 (30), 2100077, (2021) [5] Small <a href="https://doi.org/10.1002/sml.202305026">https://doi.org/10.1002/sml.202305026</a>	<a href="https://sites.google.com/view/2dfoundry?pli=1">https://sites.google.com/view/2dfoundry?pli=1</a>
JAEINT24_EX_0727	HERNANDEZ LEDESMA, BLANCA	b.hernandez@csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACION EN CIENCIAS DE LA ALIMENTACION	Microalgas como fuente de compuestos beneficiosos frente a la obesidad	Se ha demostrado que la obesidad, causada por un aumento del peso corporal y la acumulación de grasa, es uno de los principales responsables de la diabetes mellitus de tipo 2. La prevalencia de ambas enfermedades crónicas está aumentando de forma exponencial en todo el mundo. Tanto la obesidad como la diabetes están fuertemente asociadas al consumo de una dieta poco saludable, alta en grasas y carbohidratos. Además de los medicamentos antidiabéticos y anti-obesidad existentes, se sabe que algunos compuestos bioactivos de los alimentos son beneficiosos para reducir el riesgo de estas dos enfermedades. Entre estos compuestos, los péptidos bioactivos se han perfilado recientemente como una alternativa prometedora. Actualmente, el incremento exponencial de la población y de la demanda de alimentos, junto con la mayor concienciación del impacto medioambiental resultante de la producción de dichos alimentos, han promovido la búsqueda de nuevos recursos naturales sostenibles, así como de procesos de fabricación respetuosos con el medioambiente. De forma paralela, las organizaciones gubernamentales a nivel internacional están impulsando sistemas de bioeconomía sostenible y circular. Dentro de las áreas prioritarias reconocidas por dichas organizaciones, se encuentran de forma destacable la producción y consumo de las microalgas como una fuente alternativa de proteínas. Dichas proteínas, además de la alta cantidad en la que se encuentran en las microalgas y su elevada calidad nutricional, son una fuente interesante de hidrolizados y péptidos con efectos promotores sobre la salud. Sin embargo, las evidencias sobre el papel de dichos péptidos sobre la obesidad son todavía limitadas, con un bajo número de especies exploradas, lo que indica claramente el potencial para nuevos estudios y descubrimientos. Dentro del Proyecto ALGACTIVE, concedido al grupo INNOVAPROT, y en vigor desde septiembre de 2022, se está iniciando una línea de investigación enfocada en la obtención de péptidos a partir de microalgas con efectos beneficiosos frente a la obesidad y las alteraciones metabólicas asociadas. Las tareas que desarrollará el estudiante serán: - Aprendizaje del manejo de la línea celular de adipocitos. - Evaluación del comportamiento de las microalgas bajo condiciones de digestión gastrointestinal simulada. - Estudio del efecto de las microalgas y sus derivados gastrointestinales sobre biomarcadores asociados al proceso de adipogénesis.	<a href="https://innovaprot.csic.es/">https://innovaprot.csic.es/</a>
JAEINT24_EX_0524	HERNANDEZ LOPEZ DE MUNAIN, M.CRISTINA	chmunain@ipb.csic.es	INSTITUTO DE PARASITOLOGIA Y BIOMEDICINA LOPEZ NEYRA	Regulación transcripcional en la generación de diversidad de receptores de antígeno en linfocitos T	La respuesta inmune adaptativa en vertebrados depende de la expresión de millones de receptores distintos en linfocitos T y B, capaces de reconocer un universo ilimitado de antígenos presentes en patógenos y células cancerosas. Cada linfocito expresa un receptor único, lo cual da lugar a la diversidad de los receptores de antígeno. Después de reconocer un antígeno, los linfocitos proliferan para generar numerosas células con la misma especificidad capaces de desencadenar una eficiente respuesta específica. Tras esa fase de activación y una vez desaparece la situación de peligro, la mayoría de esos linfocitos desaparecen, quedando una pequeña población que va a permitir una respuesta más eficiente en caso de una segunda exposición a ese mismo antígeno, lo que se conoce como memoria inmunológica. La diversidad de las cadenas de los receptores de antígeno deriva de la estructura de los genes que las codifican. Estos genes están formados por segmentos génicos dispersos en el genoma que al recombinar por un mecanismo denominado "recombinación V(D)J" da lugar a la gran variabilidad existente de receptores distintos. Este proceso está muy regulado durante el desarrollo de los linfocitos mediante el control de la arquitectura y la estructura de la cromatina. Nuestro laboratorio pretende entender los mecanismos moleculares implicados en la generación de diversidad de los receptores de linfocitos T. En concreto, esta propuesta propone el estudio de la implicación de determinadas secuencias y factores de transcripción en la regulación de los enhancers responsables de la transcripción y recombinación de estos genes durante el desarrollo celular. Este proyecto implica experimentación en biología molecular y celular, utilizando distintos modelos celulares y animales. El conocimiento derivado de este proyecto es importante para entender cómo se regula la expresión de los genes que dan lugar al receptor de linfocitos T en condiciones normales y patológicas, como es el caso de leucemias causadas por translocaciones aberrantes derivadas de fallos en el proceso de recombinación V(D)J o inmunodeficiencias causadas por la expresión defectuosa del receptor. Este conocimiento es también de interés para el diseño de receptores específicos en terapias CAR-T usadas en tratamientos de inmunoterapia contra el cáncer.	<a href="https://www.ipb.csic.es/departamentos/chmunain.html?depto=Dpto.deBiologiaCelularInmunologia">https://www.ipb.csic.es/departamentos/chmunain.html?depto=Dpto.deBiologiaCelularInmunologia</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1247	HERNANDEZ MESA, DACIL	dacil@ipna.csic.es	INSTITUTO DE PRODUCTOS NATURALES Y AGROBIOLOGIA	Modificación estructural de péptidos para la mejora de sus propiedades farmacológicas	La modificación estructural de péptidos para mejorar sus propiedades farmacológicas es un área candente en el desarrollo de nuevos fármacos. Los péptidos son moléculas con un amplio espectro de potenciales clínicos, que abarca desde la detección y el diagnóstico de enfermedades, hasta su uso como fármacos, o transportadores de los mismos. La gran variedad de bioactividades que presentan, su potencia y selectividad, baja toxicidad, biodegradabilidad, y disponibilidad sintética, hacen que los péptidos sean un complemento prometedor, o incluso una alternativa a las moléculas pequeñas o a las terapias biológicas. Sin embargo, presentan problemas de estabilidad in vivo, mala penetración a través de barreras biológicas y baja biodisponibilidad oral. En este proyecto el contratado JAE participará en el desarrollo de nuevas metodologías sintéticas dirigidas a mejorar la estabilidad y otras propiedades farmacológicas de los péptidos. Se trata de introducir modificaciones químicas en las cadenas peptídicas, que contribuyan a aumentar su rigidez, modificar su conformación, y, en definitiva, aumentar su resistencia a la acción enzimática de las proteasas. La introducción de grupos funcionales susceptibles a reacciones de tipo "click", ciclaciones, o inducción de giros de cadena, contribuirán a la preparación de péptidos de interés para el desarrollo de nuevos fármacos.	<a href="https://www.ipna.csic.es/grupo-de-investigacion/sintesis-de-farmacos-y-compuestos-bioactivos">https://www.ipna.csic.es/grupo-de-investigacion/sintesis-de-farmacos-y-compuestos-bioactivos</a>
JAEINT24_EX_0484	HERNANDEZ MORENO, DAVID	david.hernandez@inia.csic.es	INSTO. NAC. DE INVESTIG Y TECNOLOGIA AGRARIA Y ALIMENTARIA	Evaluación in vitro de la efectividad y toxicidad de sustancias alternativas al uso de anticoagulantes rodenticidas.	En la actualidad, el uso de rodenticidas anticoagulantes es el principal método disponible para el control de roedores, realizándose un uso intensivo de ellos. Este tipo de sustancias ha demostrado tener una gran efectividad durante años, aunque recientemente se están descubriendo múltiples resistencias en los organismos diana. Además, estos compuestos se consideran contaminantes persistentes y tienen efectos nocivos sobre otros habitantes de los ecosistemas a los que llegan. Por estos motivos, se hace necesario plantear nuevos compuestos teniendo en cuenta su influencia en la cadena trófica. Las potenciales sustancias alternativas deberán confirmar su efectividad frente a los organismos diana. Por otro lado, a nivel medioambiental, es necesario evaluar el potencial efecto tóxico que puedan generar en los organismos no diana, como son los peces (letalidad o efectos subletales). En los últimos años, han cobrado gran importancia los estudios realizados in vitro, mediante el uso de líneas celulares, debido principalmente a la nueva regulación sobre bienestar animal y uso de animales de experimentación y, en segundo lugar, a que han probado su utilidad para aportar información relevante sobre un posible efecto en organismos vivos. En diversos estudios, algunos desarrollados en nuestro grupo, se ha podido comprobar que los efectos en células pueden ser correlacionados con los observados in vivo. Además de este efecto agudo, hay que considerar un posible efecto subletal cuando las concentraciones aparecidas son tan bajas que no provocan la muerte del animal. El presente trabajo, por tanto, tendrá como objetivo la evaluación de la efectividad y del efecto tóxico generado tras la exposición a rodenticidas anticoagulantes y potenciales sustancias alternativas usando líneas celulares de roedores y pez. Para ello, se evaluará la reducción en la viabilidad celular, además de realizar diversos ensayos encaminados a ver la posible alteración a nivel enzimático (biotransformación y estrés oxidativo).	<a href="https://www.inia.es/investigacion/Medio%20ambiente%20y%20agronomia/Ecotoxicolog%C3%ADa/Efectos%20de%20Contaminantes%20Ambientales/Pages/Home">https://www.inia.es/investigacion/Medio%20ambiente%20y%20agronomia/Ecotoxicolog%C3%ADa/Efectos%20de%20Contaminantes%20Ambientales/Pages/Home</a>
JAEINT24_EX_0181	HERNANDEZ MUÑOZ, PILAR	pherman@iata.csic.es	INSTITUTO DE AGROQUIMICA Y TECNOLOGIA DE ALIMENTOS	Desarrollo de procesos verdes de funcionalización de biopolímeros para que respondan a estímulos externos	Se propone el desarrollo de nuevos sistemas de liberación de moléculas de elevada volatilidad que proceden de extractos naturales y aceites esenciales vegetales. Dichas moléculas presentan probada actividad antifúngica y/o antibacteriana contra microorganismos alterantes de alimentos y algunas que son patógenos para el ser humano. En concreto, este estudio se va a centrar en los aldehídos benzaldehído y trans-2-hexenal. Ambos volátiles permitidos en alimentación y empleados como saborizantes. Se van a estabilizar en sustratos sólidos mediante enlaces covalentes reversibles cuya reversibilidad está favorecida por un estímulo externo como un cambio de pH o temperatura en el medio. Se va a estudiar métodos de síntesis de dichos materiales y mecanismos de activación siguiendo los principios de la química verde. Dichos materiales se integrarán en envases para alimentos y se estudiará su efectividad en alargar la vida útil de alimentos poscosecha. Dichos materiales sostenibles son una alternativa a los materiales activos para la conservación de alimentos basados en la encapsulación de aceites esenciales en matrices poliméricas procesadas en forma de película. Los materiales desarrollados cubren las carencias de los desarrollados hasta ahora que no permitan una liberación inteligente de los volátiles, por otro lado, el atrapamiento de dichos aceites y su estabilización en la matriz polimérica carecía de eficiencia debido a las grandes pérdidas del volátil durante el procesado y almacenamiento del material. Es necesario que el estudiante posea un alto grado de motivación y creatividad, y una buena formación en química orgánica y métodos espectroscópicos y cromatográficos de análisis. El estudiante se incorporará en el grupo de envases del IATA, un grupo multidisciplinar que cuenta con todos los medios necesarios para llevar a cabo la investigación. Asistirá a seminarios y cursos internos que tengan que ver con el objeto de su investigación. Tendrá la posibilidad de realizar el doctorado en el ámbito de investigación a desarrollar.	<a href="http://www.iata.csic.es">www.iata.csic.es</a>



REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0015	HERNANDEZ PLAZA, MARIA EVA	eva.hernandez@inia.csic.es	INSTO. NAC. DE INVESTIG Y TECNOLOGIA AGRARIA Y ALIMENTARIA	El papel de la diversidad de los cultivos y de las comunidades arvenses en los sistemas agrarios	El plan de formación tiene como objetivo que la persona adquiera conocimientos en agroecología, biodiversidad y ecología vegetal. La persona beneficiaria de la beca colaborará en las líneas de investigación del grupo de Malherbología del INIA-CSIC encaminadas a lograr un manejo sostenible de la vegetación arvense ("malas hierbas"). En concreto, proponemos un plan de formación enfocado en dos de las líneas de investigación del grupo: a) el estudio de la relación entre la diversidad de las comunidades arvenses y el rendimiento de los cultivos, identificando las características que definen comunidades arvenses poco perjudiciales, y b) la diversificación de cultivos como una estrategia para favorecer la transición agroecológica, reducir la abundancia de malas hierbas y fomentar la resiliencia de los cultivos a las variaciones climáticas. El objetivo es que al final de la beca la persona sea capaz de desarrollar de forma autónoma un proyecto de investigación sencillo. Para ello se fomentará que la persona beneficiaria de la beca adquiera competencias en i) el desarrollo de una rutina de trabajo de investigación, familiarizándose con todas sus etapas (concepción, desarrollo, difusión, divulgación de los resultados), ii) la realización de muestreos de vegetación, iii) la caracterización funcional de plantas (especies arvenses y cultivos), iv) el cálculo de índices de diversidad taxonómica y funcional, v) el trabajo con matrices de datos, vi) el manejo básico del lenguaje de programación R para realizar análisis estadísticos y vii) la síntesis de información procedente de publicaciones científicas. Para lograr los objetivos del plan de formación, la persona participará en el proyecto CEREDIV en el que trabajamos en colaboración con el IMIDRA y la Universidad Rey Juan Carlos (URJC). Este proyecto trabaja a diferentes escalas: experimentos controlados en invernadero, experimentos en campo a gran escala y trabajo con agricultores. Para evaluar y asegurar que los objetivos de formación se cumplen, el contacto con la persona será diario, lo que permitirá evaluar el progreso realizado para la consecución de las competencias descritas anteriormente, y responder a una necesidad de mayor formación. Además, la persona interaccionará con miembros del grupo con diferentes roles en la investigación. La formación adquirida durante la beca favorecerá la integración laboral en el ámbito de la investigación y la consultoría agronómica o ambiental.	<a href="https://www.inia.es/investigacion/vegetal/Proteccion%20de%20cultivos/vegetal/Malherbolog%C3%A1a/Pages/Home.aspx">https://www.inia.es/investigacion/vegetal/Proteccion%20de%20cultivos/vegetal/Malherbolog%C3%A1a/Pages/Home.aspx</a>
JAEINT24_EX_0476	HERNANDEZ URCERA, JORGE	jorge.hernandez@ieo.csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES MARINAS	Ecología y comportamiento de cefalópodos	El plan de formación está enfocado en el estudio de la ecología y comportamiento de cefalópodos en su hábitat natural. El alumno/a tendrá la oportunidad de abordar diferentes aspectos de la ecología de los cefalópodos, una clase de animales con una excepcional capacidad para desarrollar una amplia gama de comportamientos. Su impresionante capacidad neuronal modula estratégicamente el cerebro, los brazos y la piel, configurando un comportamiento sincronizado que permite a estos invertebrados encontrar la mejor manera de sobrevivir y perpetuar la especie. Muchos de estos comportamientos, que juegan un papel clave en la ecología de estas especies, ya han sido descritos gracias principalmente a experimentos realizados en cautividad, pero muchos otros están a la espera de ser descubiertos por la ciencia. Recientemente, la ciencia ciudadana ha adquirido un papel fundamental para abordar cuestiones de investigación inalcanzables a través de proyectos científicos convencionales. Aprovechando esta nueva ventana de investigación, hemos potenciado y aumentado exponencialmente nuestra capacidad para conseguir material audiovisual con el que explorar comportamientos de cefalópodos que permanecen ocultos en el ámbito marino. Actualmente contamos con la colaboración de varios científicos ciudadanos, principalmente buceadores recreativos y fotógrafos submarinos, que nos están proporcionando material de alto valor científico para explicar interesantes comportamientos de sepias, pulpos y calamares. Por medio de la curación y tratamiento de estos datos, el/la estudiante abordará diferentes aspectos de la ecología y el comportamiento de estas especies, como la cópula, la depredación, la alimentación, las relaciones interespecíficas, etc. Asimismo, el/la estudiante podría participar en salidas de campo dedicadas al estudio de cefalópodos en su medio natural. El objetivo del plan de formación es el análisis de toda esta información para situarla en un contexto ecológico, pudiendo así definir las estrategias utilizadas por estos animales para sobrevivir en un medio tan hostil. El proyecto formativo constará de tres etapas: a) visualización y curación del banco de imágenes de cefalópodos y b) análisis de la información relevante registrada y c) definición de nuevos comportamientos de las especies estudiadas. Los resultados del proyecto formativo podrían dar lugar a publicaciones científicas, que repercutirán de forma notable en la formación científica del candidato/a.	<a href="https://www.iim.csic.es/index.php/es/research/all-groups/ecologia-y-recursos-marinos">https://www.iim.csic.es/index.php/es/research/all-groups/ecologia-y-recursos-marinos</a>
JAEINT24_EX_0628	HERNANDEZ VELASCO, REBECA	rhernandez@ictp.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIA Y TECNOLOGIA DE POLIMEROS	Diseño de hidrogeles poliméricos para su aplicación como biotintas en impresión 3D/4D	El plan de formación de esta beca JAE INTRO está diseñado para que, partiendo del conocimiento consolidado en el grupo de investigación acerca de hidrogeles poliméricos como materiales precursores de aplicaciones avanzadas en biomedicina, el candidato/a pueda iniciarse en el mundo de la investigación mediante la realización de un proyecto de investigación. El objetivo de este proyecto es el diseño de hidrogeles para su aplicación como biotintas en impresión 3D. Para ello, se emplearán polímeros de origen natural, principalmente polisacáridos y proteínas y se optimizarán las formulaciones y condiciones experimentales para la bioimpresión 3D (temperatura, velocidad y fuerza de extrusión, tiempo, etc.) de andamios poliméricos para aplicaciones biomédicas. También se utilizarán polímeros naturales modificados con grupos funcionales que proporcionen respuesta a estímulos presentes en ambientes biológicos (pH, temperatura, especies reactivas de oxígeno (ROS), etc.) dando lugar a la bioimpresión 4D de andamios poliméricos. El plan de formación estará supervisado por la Dra. Rebeca Hernández y por la Dra. Miryam Criado-González pertenecientes al grupo de Polímeros Nanoestructurados y Geles del Instituto de Ciencia y Tecnología de Polímeros (ICTP-CSIC). Bajo estrecha supervisión de las tutoras, se facilitará a el/la candidato/a todos los medios necesarios y la información detallada de los servicios y técnicas para el desarrollo del proyecto. Se le formará en la gestión de los experimentos, consecución de objetivos e implementación del cuaderno de laboratorio. Se organizarán reuniones frecuentes con todos los miembros del grupo. Se facilitará que el/la candidato/a pueda cursar el Máster universitario en Alta Especialización en Plásticos y Caucho, impartido en nuestro propio centro lo que redundará en el aumento de sus competencias. Con este proyecto JAE-INTRO se pretende que el estudiante adquiera un conocimiento amplio dentro del área de hidrogeles poliméricos con énfasis en el aprendizaje de impresión 3D y aplicaciones biomédicas de estos materiales. El/la estudiante desarrollará una amplia serie de competencias y capacidades en el campo de investigación de los hidrogeles poliméricos para aplicaciones biomédicas que incluyen: 1) Aprendizaje de técnicas de caracterización reológica de materiales poliméricos y otras (química (FTIR) y análisis termogravimétrico (TGA)); 2) Aprendizaje de técnicas de bioimpresión 3D de hidrogeles poliméricos; 3) Adquisición de destr	<a href="https://www.nanopolyandgel.ictp.csic.es/">https://www.nanopolyandgel.ictp.csic.es/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_089 I	HERNANDO HERRAEZ, IRENE	ihhbmc@ibmb.csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA MOLECULAR DE BARCELONA	Recording single cell dynamics with CRISPR barcoding.	The cells in our body divide constantly throughout life. As they divide, the transmission of epigenetic and transcriptional states establishes a form of cellular memory, where daughter cells retain very similar properties to their ancestors. This allows distinct gene expression patterns to persist in different cell types despite a common genotype. But why does this form of cellular memory change over time? Ageing is an extraordinary complex process, and our understanding is still very limited. Our main interest is understanding how the accumulation of errors in the epigenome can lead to the degradation of cell identity, ultimately contributing to age-related dysfunction and disease such as cancer. In this project, you will develop a novel cellular barcoding approach to investigate the fundamental basis of cellular heterogeneity within the neural stem cell pool. You will not only explore one of the greatest mysteries in biology but also acquire valuable transferable skills in cutting-edge techniques, including CRISPR barcoding, single-cell multiomics, and machine learning modelling.	<a href="https://www.ibmb.csic.es/en/department-of-cells-and-tissues/epigenetics-and-single-cell-dynamics/#lab-people">https://www.ibmb.csic.es/en/department-of-cells-and-tissues/epigenetics-and-single-cell-dynamics/#lab-people</a>
JAEINT24_EX_0429	HERRAIZ TOMICO, TOMAS	tomas.herraiz@csic.es	INSTITUTO DE CIENCIA Y TECNOLOGIA DE ALIMENTOS Y NUTRICION	Nuevas sustancias bioactivas y tóxicas en alimentos: Alcaloides indólicos y su biotransformación.	Sabemos que los alimentos desempeñan un papel determinante en la salud aunque desconocemos los mecanismos básicos de esta relación. En este contexto el estudio de los compuestos bioactivos y tóxicos presentes en alimentos y su actividad suponen un importante reto científico. Nuestro grupo investiga desde hace años los compuestos indólicos y alcaloides de alimentos describiendo nuevas moléculas y estudiando su actividad y su biotransformación (véase "Herraiz and $\beta$ -carbolines" en Google). Recientemente hemos descrito nuevas $\beta$ -carbolinas derivadas de carbohidratos que pueden tener implicaciones bioactivas y tóxicas (1-4). Nuestro objetivo es incrementar el conocimiento en este campo y publicar los resultados. El becario JAE intro trabajará en: 1) estudio y caracterización de nuevos alcaloides bioactivos/tóxicos $\beta$ -carbolina en alimentos procesados; 2) formación química o bioquímica; 3) actividad y biotransformación mediante enzimas oxidorreductasas y 4) biotransformación por la acción de bacterias lácticas presentes en alimentos y la microbiota. Para realizar el trabajo se cuenta con técnicas y metodologías ya desarrolladas en el laboratorio. El becario JAE intro adquirirá formación en técnicas analíticas de alta resolución (HPLC, HPLC-Masas) y técnicas de procesado y preparación de muestras de alimentos, caracterización química de nuevas moléculas, trabajos con enzimas oxidorreductasas y estudio de cultivos microbianos. Referencias: 1. Herraiz, T., Salgado, A. Formation, identification and occurrence of the furan-containing $\beta$ -carboline flazin derived from L-tryptophan and carbohydrates. J. Agric. Food Chem. 2024. In press. 2. Herraiz T, Peña A, Salgado A. Identification, formation, and occurrence of perlolyrine: A $\beta$ -carboline alkaloid with a furan moiety in foods. J Agric Food Chem. 2023; 71, 13451-61. 3. Herraiz T, Peña A, Mateo H, Herraiz M, Salgado A. Formation, characterization, and occurrence of $\beta$ -carboline alkaloids derived from $\alpha$ -dicarbonyl compounds and L-tryptophan. J Agric Food Chem. 2022;70, 9143-53. 4. Herraiz T, Vera F. Occurrence, formation from D-fructose and 3-deoxyglucosone, and activity of the carbohydrate-derived $\beta$ -carbolines in foods. J Agric Food Chem. 2021;69, 6650-64.	<a href="http://www.ictan.csic.es/grupos-de-investigacion/bioactive-molecules-and-biotransformation-molbiotrans/">www.ictan.csic.es/grupos-de-investigacion/bioactive-molecules-and-biotransformation-molbiotrans/</a>
JAEINT24_EX_151 I	HERRANZ RABANAL, FERNANDO	fherranz@iqm.csic.es	INSTITUTO DE QUIMICA MEDICA	Nanomateriales e imagen molecular para la medicina personalizada de tumores cerebrales	El glioblastoma (GBM) es el tumor cerebral más común y agresivo, para el que no hay tratamiento eficaz. El uso de la nanomedicina para intentar desarrollar terapias personalizadas con la ayuda de la imagen molecular es una de las aproximaciones más prometedoras. En este trabajo combinaremos la síntesis de nanomateriales, su funcionalización con anticuerpos y el uso de modelos in vitro y animales para avanzar en el diagnóstico, tratamiento y seguimiento de la enfermedad. El proyecto implica aspectos de química, nanotecnología, biomedicina e imagen molecular. Metodologías en las que se formará el investigador/a: El investigador/a se formará en distintas metodologías de nanomedicina, imagen médica, así como se iniciará en diferentes aspectos de radioquímica. En concreto las metodologías serán: Síntesis de nanomateriales de óxido de hierro Empleo de la síntesis por microondas en nanotecnología Caracterización de nanomateriales como sondas para imagen Principios de radioquímica e imagen nuclear Modelos in vitro de glioblastoma Modelos in vivo de glioblastoma Centro de realización: Instituto de Química Médica Investigador responsable: Fernando Herranz Para más información: <a href="https://linktr.ee/fernando.herranz">https://linktr.ee/fernando.herranz</a>	<a href="https://nanomedmol.com">https://nanomedmol.com</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1331	HERRERA NIETO, PABLO	pablo.herrera@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Determinación estructural de la interacción de Adenovirus con sus receptores celulares	Los adenovirus (AdV) son virus icosaédricos sin envuelta cuyo material genético es dsADN. Hay más de 50 tipos de adenovirus que pueden causar infecciones en humanos, afectando especialmente a personas con el sistema inmune comprometido, además de otros muchos capaces de infectar otras especies. De todas las proteínas que conforman la cápsida, la fibra es la más relevante para interacción con los receptores celulares, iniciando así el proceso de infección. Esta proteína muestra además una gran diversidad, reflejando el amplio espectro de proteínas con las que puede interaccionar. Nuestra línea de investigación tiene como objetivo proporcionar información estructural de los diferentes modos de interacción de las proteínas virales, especialmente la fibra, con los receptores celulares empleando para ello métodos computacionales como estudios de dinámica molecular (MD), mutagénesis in silico, herramientas de machine learning e inteligencia artificial, como AlphaFold y modelos de lenguaje natural. La presente oferta de formación se enmarca en esta línea. Así, la persona seleccionada participaría en la caracterización de los adenovirus con sus receptores más importantes. La persona seleccionada se formará bajo la dirección de la Dra. Carmen San Martín y el Dr. Pablo Herrera Nieto, del grupo de Determinantes estructurales y físicos del ensamblaje viral del Centro Nacional de Biotecnología (CNB-CSIC).	<a href="https://www.cnb.csic.es/index.php/es/component/k2/item/230-carmen-san-martin">https://www.cnb.csic.es/index.php/es/component/k2/item/230-carmen-san-martin</a>
JAEINT24_EX_1327	HERRERO HERRANZ, ANA MARIA	ana.herrero@ictan.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIA Y TECNOLOGIA DE ALIMENTOS Y NUTRICION	Estudio de características físico-químicas y estructurales de productos cárnicos saludables y sostenibles	Las actividades se enmarcan en el desarrollo de productos cárnicos saludables, seguros y sostenibles, temática financiada por la concesión reciente de financiación pública (Proyectos de I+D+I 2019) al grupo investigador en el que se incorporaría el candidato. Estas actividades se llevarán a cabo a nivel de planta piloto y análisis en laboratorio. El objetivo principal de este plan de formación es obtener productos cárnicos con unas propiedades nutricionales óptimas (saludables) y unas características físico-químicas, sensoriales y estructurales, similares a productos de la misma naturaleza, contemplando aspectos de sostenibilidad. Las tareas a realizar se basan fundamentalmente en: - Elaboración de productos cárnicos saludables y sostenibles, empleando distintos ingredientes y equipos necesarios en función de las características del producto. - Estudio de composición, análisis sensorial y físico-químicos y características estructurales, mediante espectroscopia infrarroja, de los productos elaborados. - Estudios de conservación en refrigeración y congelación, así como de tipos de cocinado apropiado para estos productos - Preparación y análisis de resultados Esto le permitirá al candidato adquirir conocimientos en el procesamiento de materia prima y alimentos, técnicas de laboratorio (físico-químicas, sensoriales, estructurales, etc.) y elaboración de datos. Estas actividades serán la base del aprendizaje y experiencia profesional en el área de ciencia y tecnología de alimentos, en particular alimentos de origen cárnico. El grupo investigador así como el departamento y el centro (ICTAN-CSIC) están en disposición de ofrecer al candidato toda la infraestructura y condiciones requeridas. La formación práctica en técnicas y equipamiento específicos, se le impartirán por personal especializado del grupo de investigación y en cursos periódicos en el propio centro que expedirá el correspondiente certificado acreditativo. Toda esta formación estará supervisada y guiada por el tutor. Esta formación se complementará con la asistencia a seminarios cursos de seguridad laboral, calidad, etc. en el ámbito de la ciencia y tecnología de alimentos impartidos por personal especializado del centro que se acreditará también con un certificado de asistencia. Todo ello garantizará la formación en relación con una pluralidad de aspectos científicos-técnicos avalados por sus correspondientes certificados acreditativos.	<a href="https://www.ictan.csic.es/grupos-de-investigacion/innovacion-en-el-desarrollo-caracterizacion-y-conservacion-de-productos-carnicos-indmeat/">https://www.ictan.csic.es/grupos-de-investigacion/innovacion-en-el-desarrollo-caracterizacion-y-conservacion-de-productos-carnicos-indmeat/</a>
JAEINT24_EX_1133	HERRERO MIER, ANA	ana.herrero@csic.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA Y BIOTECNOLOGIA DE CANTABRIA	Regulación de la actividad de MEK1 por ncRNA	La línea de investigación más prometedora del grupo se basa en el novedoso concepto de regulación de proteínas quinasas por RNA no codificante (ncRNA). Esto conlleva numerosas consecuencias bioquímicas y biológicas con una gran implicación durante la carcinogénesis. Una de las rutas de señalización con un innegable impacto en el desarrollo y progreso del cáncer es la ruta RAS-ERK, alterada en 40% de los tumores. La interrupción de las señales aberrantes de la ruta RAS-ERK es uno de los retos más importantes en biomedicina aplicada al cáncer, con el fin de desarrollar nuevas dianas terapéuticas y biomarcadores. Con el fin de encontrar nuevos elementos reguladores de la ruta, hemos explorado y encontrado que MEK1 interacciona con ncRNAs. De forma novedosa, descubrimos que la actividad de MEK es regulada por la presencia de RNA, y en concreto por una molécula que hemos denominado RAM con gran implicación en la determinación de ciertas respuestas biológicas relacionadas con la carcinogénesis. Actualmente, el grupo cuenta con datos que apoyan el papel regulador que RAM ejerce sobre MEK1 en experimentos de sobreexpresión de RAM. Sin embargo, existe una inherente necesidad de desarrollar e implementar sistemas en los cuales la expresión de RAM pueda ser reducida o eliminada para evaluar las consecuencias de su ausencia durante la señalización de RAS-ERK. Como plan de formación en relación con dicha línea de investigación proponemos las fases: 1.Desarrollar las herramientas moleculares para la reducción/eliminación de la expresión de RAM. Mediante el uso de plásmidos retrovirales o mediante el sistema de edición génica CRISPR-Cas9, se modulará la expresión de RAM en varias líneas celulares (1-2 meses). 2.Evaluar las consecuencias bioquímicas de la reducción de la expresión de RAM. Se estudiará la señalización de MEK, en células modificadas en la Fase 1, mediante el análisis de la fosforilación de ERK. Así mismo, se realizarán experimentos de proliferación y migración para evaluar sus consecuencias biológicas. En este sentido hemos comprobado previamente que el aumento de la expresión de RAM conlleva cambios significativos en dichos aspectos biológicos (3-4m). 3.Determinar su implicación en el desarrollo de tumores en modelos in vivo. Algunas líneas celulares modificadas en la fase 1, serán xerografiadas en el modelo de embrión de pollo, para determinar su implicación en la formación de tumores (1-2m).	<a href="https://web.unican.es/ibbtcc/es-es/sobre-el-ibbtcc/equipo/directorio/detalle-miembro?d=PieroCrespoLab">https://web.unican.es/ibbtcc/es-es/sobre-el-ibbtcc/equipo/directorio/detalle-miembro?d=PieroCrespoLab</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1070	HIDAS, KAROLY JANOS	karoly.hidas@csic.es	INSTITUTO GEOLOGICO Y MINERO DE ESPAÑA	Nuevas investigaciones geológico-estructurales en el depósito de hierro de Alquife (Granada)	El depósito de hierro de Alquife (Alquife, Granada), recientemente abierto, explota las mineralizaciones hematitas y goethita que se formaron en la formación mármoles de Bédar-Macael, de la unidad del Mulhacén, del Complejo Nevado Filábride (Zonas Internas de las Cordilleras Béticas). Fue inicialmente considerado un depósito singenético de hierro a partir de fluidos ricos en hierro, con reemplazamiento de dolomita por ankerita y posteriormente como un depósito formado a partir de fluidos hidrotermales calientes (>200°–250°C), ácidos y reductores. Además, desde un punto de vista estructural, se ha considerado un yacimiento pseudohorizontal-homoclinal. Recientes investigaciones han puesto de manifiesto la relación entre la circulación de los fluidos hidrotermales calientes con fallas extensionales. Junto con esto, se ha puesto de manifiesto la presencia, en el frente de la mina, de una tectónica de mantos apilados de pequeñas dimensiones, formando numerosas escamas tectónicas, con desarrollo de pliegues apretados y que condiciona de forma importante, la presencia de la mineralización o la relación entre la presencia de hematitas y goethita. A esto se le une la existencia de zonas de cizalla y fallas extensionales que provocan el estiramiento y abudamiento de estas mineralizaciones, y que afectan directamente a los mármoles y calcoesquistos portadores de la mineralización. Por este motivo, y dada la importancia que actualmente tiene la gestión sostenible de las materias primas minerales en el contexto de la transición ecológica y la gestión de los recursos geológicos, se considera que la caracterización detallada de estas estructuras, así como de las alteraciones en la mineralización y sus distintas características, puede contribuir a un incremento del conocimiento de este tipo de mineralizaciones. Esto conllevaría un mejor aprovechamiento de los recursos, especialmente importante en una comarca como la del Marquesado, tradicionalmente muy deprimida, con un alto índice de despoblación, y en la que la actividad minera ha sido tradicionalmente, el principal foco económico de la región.	<a href="https://www.csic.es/investigacion/grupos-de-investigacion/procesos-tectonicos-y-recursos-geologicos">https://www.csic.es/investigacion/grupos-de-investigacion/procesos-tectonicos-y-recursos-geologicos</a>
JAEINT24_EX_0983	HUERTAS PUERTA, FRANCISCO JAVIER	javier.huertas@csic.es	INSTITUTO ANDALUZ DE CIENCIAS DE LA TIERRA	Estudio mediante teledetección de análogos terrestres en formaciones con niveles de arcillas Fe/Mg en Marte	El objetivo de este proyecto es analizar la superficie de Marte y su historia geológica para entender el clima pasado del planeta. Existen evidencias geomorfológicas y mineralógicas de que hubo agua líquida en la superficie de Marte hace entre 3.600 y 3.000 millones de años. En particular, la presencia de filosilicatos como las esmectitas, detectadas por satélites y rovers en Marte, indica ambientes de formación con la presencia de agua líquida en la superficie y temperaturas de 20°C o superiores. Por otra parte, las observaciones de los estados de oxidación redox de minerales y compuestos orgánicos en la superficie del planeta indican que Marte era habitable cuando la vida surgió por primera vez en la Tierra. El estudio de estos minerales nos ofrece pistas sobre la habitabilidad de Marte y nos prepara para futuras misiones de exploración. Utilizaremos espectros de reflectancia VNIR (visible e infrarrojo cercano) para identificar formaciones de arcillas en Islandia, un análogo terrestre de la geología marciana. Estos datos se complementarán con análisis mineralógicos y geoquímicos in situ, proporcionando una experiencia práctica en técnicas de teledetección y análisis geológico. Técnicas a desarrollar: 1. Interpretación de datos de teledetección y espectroscopia (uso de GIS (geographic information system), modelos de transferencia radiativa y bases de datos espectroscópicas). 2. Aplicación de análisis mineralógico y geoquímico. 3. Comparación de datos terrestres con marcianos. Beneficios para tu Carrera: Aprender a manejar datos de teledetección, esenciales en campos como la geología planetaria, la astrobiología y la exploración espacial. Estas habilidades son demandadas por agencias espaciales y empresas de tecnología, abriendo puertas a carreras en investigación y desarrollo, operaciones de satélite y más. Los datos y métodos específicos serán proporcionados al inicio del proyecto, asegurando una comprensión completa de las técnicas y objetivos.	<a href="https://www.iact.csic.es/investigacion/unidad/es/procesos-minerales-de-baja-temperatura/">https://www.iact.csic.es/investigacion/unidad/es/procesos-minerales-de-baja-temperatura/</a>
JAEINT24_EX_0052	HUESO GONZALEZ, FERNANDO	fernando.hueso@fic.uv.es	INSTITUTO DE FISICA CORPUSCULAR	Fast gamma-ray detectors for application in clinical proton therapy	En las últimas décadas se han desarrollado prototipos de cámaras de rayos gamma para verificación de rango en tratamientos de cáncer con protonterapia, utilizando detectores centelleadores o semiconductores con decenas o cientos de canales electrónicos. Estas cámaras están en fase de estudio clínico y han mostrado resultados preliminares prometedores. Para facilitar la transferencia de esta tecnología al protocolo clínico rutinario, investigamos si se puede reducir el coste de estos prototipos y el espacio requerido, minimizando el número de canales, a la vez que incrementando significativamente la capacidad de los restantes de sostener altas tasas de conteo, sin sacrificar la precisión final. En concreto, tenemos como meta el desarrollo de un detector centelleador ultrarápido y un sistema de adquisición de datos capaz de soportar tasas de conteo de hasta 10 millones de rayos gamma por segundo, utilizando técnicas de reconstrucción de apilamiento. Se propone formar a la/el estudiante en diferentes herramientas de trabajo esenciales en la física médica: desde programación en C++ y Python, manejo de versiones con GitHub y de línea de comando con Linux, diseño 3D con FreeCAD, diseño de electrónica con KiCAD y análisis de datos físicos con ROOT, para introducir al estudiante en este campo multidisciplinar de la física aplicada a la medicina. Un campo en el que el desarrollo de una habilidad técnica o teórica muy específica no es suficiente, sino que es importante cultivar un repertorio polivalente de habilidades científicas y logísticas para ser capaces de trasladar prototipos de laboratorio a un entorno clínico de forma segura.	<a href="http://medicalphysics.uv.es/">http://medicalphysics.uv.es/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1340	IBARRA TREJO, DAVID	ibarra.david@inia.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS FORESTALES	Valorización de biomasa para la obtención de bioenergía y bioproductos en el marco del fomento de la Bioeconomía Circular	La persona beneficiaria adquirirá una visión multidisciplinar en el área de "Valorización de biomasa para la obtención de bioenergía y bioproductos en el marco del fomento de la Bioeconomía Circular", línea que desarrolla el grupo ValBioLig del ICIFOR (INIA-CSIC). Los desafíos sociales, económicos y ambientales derivados del consumo generalizado de recursos fósiles están impulsando la investigación hacia la transición a una Bioeconomía Circular. En este contexto, el desarrollo de biorrefinerías sostenibles para la valorización de biomasa es clave para avanzar hacia dicha transición. Así, se prevé que dicha persona adquiera una formación relacionada con el desarrollo de estas biorrefinerías. Las actividades concretas que se plantean estarán ligadas al desarrollo de una biorrefinería flexible y multiproducto basada en diferentes residuos lignocelulósicos: 1. Caracterización química y estructural de la biomasa seleccionada. 2. Desarrollo de procesos de fraccionamiento convencional (pasteado Kraft y explosión por vapor) y avanzado (mediante el empleo de bio-disolventes) de la biomasa a sus principales componentes (celulosa, hemicelulosa y lignina). 3. Transformación de los principales componentes en celulosa fibrilada como producto principal (para diferentes usos), la lignina y fenoles como co-productos valorizables (antimicrobianos y antioxidantes) y el bioetanol como biocombustible. Por todo ello se considera que la persona beneficiaria adquirirá una formación multidisciplinar en el área de Ciencias y Tecnologías químicas (Ingeniería Química) y, además, en Ciencia y Tecnología Medioambientales (Tecnología Medioambiental) y de Materiales, implicando el desarrollo de productos innovadores y respetuosos con el medio ambiente a partir de biomasa y procesos de separación avanzados y sostenibles basados en el empleo de bio-disolventes. Por otra parte, cabe señalar que la consecución de las actividades descritas requiere la formación en técnicas analíticas (cromatografía líquida, espectroscopia FTIR y UV-Vis, etc.), así como el manejo de una amplia variedad de equipos a los que el grupo de investigación ValBioLig del ICIFOR (INIA-CSIC) tendrá acceso directo. Por todo ello, esta formación le capacitará para su incorporación futura a la investigación en un amplio rango de escenarios.	<a href="https://www.inia.es/investigacion/forestal/Pr oductos-forestales/Valorizaci%C3%B3n%20de%20biomasa%20lignocelul%C3%B3sica%20bioenerg%C3%ADa%20">https://www.inia.es/investigacion/forestal/Pr oductos-forestales/Valorizaci%C3%B3n%20de%20biomasa%20lignocelul%C3%B3sica%20bioenerg%C3%ADa%20</a>
JAEINT24_EX_1391	IRANZO SANZ, JAIME IGNACIO	jiranzo@cab.inta-csic.es	CENTRO DE ASTROBIOLOGIA	Caracterización de redes de interacción y modelización de dinámicas eco-evolutivas en comunidades microbianas	Las comunidades microbianas juegan un papel central en la biosfera. Iniciativas recientes como el "Earth Microbiome Project" y el "Human Microbiome Project" han contribuido a desentrañar la diversidad taxonómica y funcional de comunidades microbianas de interés clínico y ambiental. Estos estudios han revelado, por ejemplo, que la composición del microbioma intestinal contribuye a la susceptibilidad a ciertas patologías. El gran reto para la próxima década es entender cómo las interacciones entre microorganismos determinan la estructura y la dinámica de las comunidades microbianas, con el objetivo a medio plazo de diseñar estrategias que permitan manipular dichas comunidades con fines terapéuticos, biotecnológicos y de biorremediación. La línea de investigación del Dr. Jaime Irazo integra herramientas de genómica comparada, análisis de datos y sistemas complejos para estudiar los procesos ecológicos y evolutivos que tienen lugar en el microbioma. En los últimos años hemos desarrollado un conjunto de métodos para inferir las redes de interdependencia metabólica en distintas comunidades microbianas, así como los patrones de interacción virus-bacteria y su evolución en el tiempo. El objetivo científico del plan de formación es desarrollar una serie de modelos que permitan simular la dinámica de comunidades microbianas a partir de datos empíricos, con un foco especial en ambientes de interés astrobiológico. Las tareas de investigación se organizan en dos bloques, que se adaptarán según los intereses del estudiante y los avances que se vayan obteniendo cada semana: (1) Aplicación de herramientas de ciencia de redes para caracterizar de manera sistemática las redes de interacción observadas en comunidades microbianas de distintos ambientes. Para las redes de interdependencia metabólica se utilizarán métricas que permitan integrar las interacciones de orden superior en un contexto de hipergrafos. (2) Modelización de la dinámica eco-evolutiva de comunidades microbianas con redes de interacción realistas, utilizando sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias o simulaciones estocásticas. Estas tareas se complementarán con la asistencia al ciclo de seminarios del CAB; la participación en reuniones bisemanales con colaboradores del CNB y la UC3M (incluyendo la discusión y presentación de resultados al final de la estancia); y la colaboración en actividades de divulgación en la semana de la ciencia u otros eventos similares.	<a href="https://cab.inta-csic.es/el-cab/organizacion/departamentos/departamento-de-evolucion-molecular/">https://cab.inta-csic.es/el-cab/organizacion/departamentos/departamento-de-evolucion-molecular/</a>
JAEINT24_EX_0886	JAGEROVIC, NADINE	nadine.jagerovic@csic.es	INSTITUTO DE QUIMICA MEDICA	Nueva estrategia para modular el sistema endocannabinoide	La implicación del sistema endocannabinoide en el mantenimiento homeostático de la piel y los tejidos, así como en la inflamación y la restauración, sugiere que los cannabinoides podrían desempeñar un papel importante en las complicaciones cutáneas comunes y significativas producidas por un tratamiento de radioterapia. Esto abre la puerta a la exploración de nuevas opciones terapéuticas que podrían proporcionar alivio a los pacientes oncológicos afectados. Las actividades de formación propuestas ofrecerán al candidato una excelente oportunidad para el desarrollo de nuevos fármacos cannabinoides para el tratamiento de lesiones causadas por la radiación oncológica. Estas actividades incluyen lo siguiente: 1. Diseño de nuevos ligandos de receptores cannabinoides: Una iniciación a estudios de modelado molecular será necesaria para entender las interacciones proteína-ligando. 2. Síntesis de moléculas diseñadas: La posibilidad de participar en la síntesis de los compuestos diseñados ofrece una experiencia práctica valiosa y una comprensión más profunda de la relación estructura-actividad. 3. Participación en la evaluación farmacológica de las nuevas moléculas gracias principalmente a una red de grupos de investigación de la Comunidad de Madrid. 4. Participación en congresos científicos: Asistir a conferencias de sociedades españolas científicas como SEQT o SEIC proporcionará al candidato la oportunidad de presentar su trabajo, recibir retroalimentación de expertos y mantenerse al tanto de los avances en el campo. 5. Finalmente, hay que tener en consideración que la propuesta tiene por finalidad la formación en I+D+i del candidato. En este sentido, las actividades propuestas potencian su formación a través de colaboraciones multidisciplinarias y la posible intervención de empresas biotecnológicas a través de patentes. En resumen, estas actividades ofrecen una experiencia de investigación amplia y avanzada que no solo contribuirá al desarrollo de nuevos fármacos, sino que también equipará al candidato con habilidades y conocimientos valiosos en áreas relevantes como la química médica, la química computacional y la farmacología.	<a href="http://www.iqm.csic.es/en/modulators-of-the-endocannabinoid-system/">http://www.iqm.csic.es/en/modulators-of-the-endocannabinoid-system/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0490	JARAMILLO CARMONA, SARA MARIA	smjaramillo@ig.csic.es	INSTITUTO DE LA GRASA	Viabilidad y expansión de células mesenquimales humanas en condiciones de cultivo no-adherentes para su aplicación en la captación de nutrientes	Las células mesenquimales (MSCs) participan en el sistema inmune; son extremadamente útiles en la recuperación y regeneración de la médula ósea y tejidos esqueléticos, y representan un fondo de reposición cada vez más frecuente en diferentes terapias celulares. En este trabajo, se pretende desarrollar la expansión de MSCs de médula ósea humana en condiciones no-adherentes, al contrario del criterio de definición normalizada por la ISCT (Sociedad Internacional para la Terapia Celular) sobre la capacidad de adhesión al plástico. El objetivo es disponer de un fondo de reposición de células precursoras de adipocitos de médula ósea humana, en suspensión (tal como se encuentran in vivo), capaces de desarrollar la biogénesis de triglicéridos utilizando como fuente el ácido oleico o el ácido palmítico, los principales ácidos grasos de la dieta. Para ello, se pretende que la persona adjudicataria de la JAEINTRO, en el marco del proyecto PD12022-139124NB100, colabore en: • La evaluación de la viabilidad y el procedimiento de expansión de MSCs de médula ósea humana en suspensión de células individuales (mesenesferas o esferas mesenquimales). Las MSCs de médula ósea humana serán adquiridas como células primarias en un proveedor comercial. Procederán de donantes mujeres y hombres. Se analizarán las condiciones de cultivo celular adecuadas para mantener la viabilidad y la formación de mesenesferas. Durante su expansión se evaluará la capacidad de auto-renovación (proliferación), la invariabilidad del inmunofenotipo característico, y la pluripotencia mediante la diferenciación a adipocitos, osteoblastos, y condrocitos. Se utilizarán técnicas de biología celular y molecular • La evaluación de la formación y caracterización de adipocitos en suspensión de células individuales (adipoesferas) a partir de mesenesferas de médula ósea humana. Las mesenesferas de médula ósea humana obtenidas en el apartado anterior se cultivarán en un medio adipogénico, en presencia de ácido oleico o ácido palmítico. Se obtendrán adipoesferas de médula ósea humana enriquecidas en ácido oleico o ácido palmítico, que serán caracterizadas respecto a su perfil de ácidos grasos y genómico. Se cuenta con el apoyo de una infraestructura singular: la Unidad de Biología Celular, provista con sala de cultivo de seguridad biológica y banco de células, y equipamiento para llevar a cabo técnicas de microscopía, citometría de flujo de análisis, y PCR cuantitativa a tiempo real, entre otras	<a href="https://www.ig.csic.es/es/">https://www.ig.csic.es/es/</a>
JAEINT24_EX_1174	JARILLO QUIROGA, JOSE ANTONIO	jarillo@mia.csic.es	CENTRO DE BIOTECNOLOGIA Y GENOMICA DE PLANTAS	Nuevos conocimientos de la ruta de la floración a temperatura ambiental subóptima,	Nuestro laboratorio está interesado en comprender el papel de los mecanismos mediados por la cromatina en la regulación de los procesos de desarrollo de las plantas con impacto en el rendimiento de los cultivos, y en descifrar cómo la remodelación de la cromatina traduce las señales ambientales en vías que controlan las transiciones del desarrollo. Cada especie vegetal tiene un rango de temperatura adecuado para su desarrollo. Dentro de este rango, las temperaturas altas promueven el crecimiento de los brotes, incluida la expansión de las hojas y la elongación y el engrosamiento del tallo, y en algunas especies como Arabidopsis, inducen la floración. Sin embargo, temperaturas subóptimas retrasan el tiempo de floración. A pesar de su importancia para la agricultura y la adaptación de las plantas, los mecanismos moleculares que subyacen a la respuesta termosensorial están lejos de comprenderse y, en particular, el papel de los procesos de remodelación de la cromatina en la regulación de la respuesta de la floración a la temperatura ambiental baja aún no se ha abordado en profundidad. Con este plan de formación proponemos desentrañar el papel que desempeña Piccolo NuA4-C, un complejo con actividad HAT, en la respuesta de floración a temperaturas subóptimas en Arabidopsis. La hipótesis de trabajo está sustentada por diferentes evidencias experimentales. Para ello utilizaremos enfoques experimentales de última generación para i) diseccionar la participación de las subunidades Piccolo NuA4-C en la regulación de la respuesta de floración a temperatura ambiente subóptima; ii) revelar el mecanismo molecular que media el papel de la proteína EPL1B, una de las subunidades de NuA4-C, en la ruta de floración termosensorial; y iii) desentrañar la dinámica de la acumulación de proteína EPL1B en condiciones de crecimiento a temperatura ambiental baja. El cambio climático está provocando un aumento generalizado de las temperaturas, pero también episodios meteorológicos más frecuentes e impredecibles con temperaturas inusualmente bajas. En este escenario, adquirir conocimiento básico de la ruta termosensorial será fundamental para asegurar la producción de los cultivos. Este proyecto contribuirá a descifrar los mecanismos moleculares que intervienen en esta respuesta a la temperatura ambiente en Arabidopsis, allanando el camino para el desarrollo futuro de cultivos mejor equipados para resistir las condiciones ambientales cambiantes que amenazan la producción.	<a href="https://www.cbgp.upm.es/index.php/es/option=com_content&amp;view=article&amp;id=23">https://www.cbgp.upm.es/index.php/es/option=com_content&amp;view=article&amp;id=23</a>
JAEINT24_EX_0925	JIMENEZ ESPEJO, FRANCISCO JOSE	francisco.jimenez@csic.es	INSTITUTO ANDALUZ DE CIENCIAS DE LA TIERRA	Reconstrucción de la variabilidad paleoclimática a partir de registros de espeleotemas en el Sur de la Península Ibérica .	El actual Calentamiento Global y los riesgos asociados han generado un creciente interés científico en la caracterización del clima terrestre. Para desarrollar y validar modelos climáticos computacionales que simulan las interacciones entre la atmósfera terrestre, los océanos y el relieve, es crucial contar con datos paleoclimáticos cuantitativos. Esta investigación en cambios climáticos pasados se ha vuelto esencial para extender las series de datos instrumentales de las últimas décadas a miles de años atrás y comprender la variabilidad climática natural en diversas escalas de tiempo. Particularmente, el estudio de cambios climáticos abruptos y rápidos, comparables al Calentamiento Global actual, es de gran relevancia. Los registros más comunes para las reconstrucciones paleoclimáticas provienen de sondeos marinos y glaciares, como sedimentos o testigos de hielo de Groenlandia y la Antártida. Sin embargo, estos lugares suelen estar en zonas remotas y deshabitadas, lo que dificulta la extrapolación de los datos. La obtención de registros equivalentes en zonas continentales habitadas, especialmente en latitudes medias y bajas, es más compleja debido a la limitada extensión de los depósitos que contienen información paleoclimática y su datación absoluta. No obstante, los entornos kársticos ofrecen un potencial único para capturar, preservar y estudiar señales ambientales, como temperatura y precipitación. Las cuevas han sido ocupadas por seres humanos a lo largo de la historia, y sus paredes conservan registros arqueológicos, artísticos y paleoclimáticos únicos. Las cuevas del sur de la Península Ibérica son especialmente interesantes, ya que se cree que albergan las pinturas más antiguas realizadas posiblemente por los Neandertales. Además, esta zona no estuvo cubierta por hielo durante las etapas glaciares, lo que la convirtió en un refugio para la fauna y flora mediterránea en momentos de eventos climáticos extremos. Los espeleotemas, en particular las estalagmitas, son fuentes excepcionales de información sobre cambios climáticos pasados, incluyendo variaciones en la temperatura y el régimen de precipitaciones. Las estalagmitas presentan ventajas únicas, como una estructura interna que refleja cambios ambientales, alta capacidad de datación precisa y resolución superior a otros indicadores paleoclimáticos. Los isótopos de oxígeno ( $\delta^{18}O$ ) en las estalagmitas están vinculados a la temperatura de la cueva y la composición isotópica del goteo, lo que	<a href="https://www.iact.csic.es/investigacion/unidad-es/geociencias-marinas/">https://www.iact.csic.es/investigacion/unidad-es/geociencias-marinas/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0762	JIMENEZ HURTADO, ANA MARIA	ajimenez@cebas.csic.es	CENTRO DE EDAFOLOGIA Y BIOLOGIA APLICADA DEL SEGURA	Regulación por reducción-oxidación de procesos implicados en respuesta de plantas a estrés	La participación de proteínas redox, concretamente tioredoxina (TRXoI) como intermediarios en la regulación post-traduccional de proteínas mitocondriales y nucleares es uno de los Objetivos actuales de nuestro grupo de investigación. Como resultado pionero hemos demostrado una doble localización mitocondrial y nuclear para la tioredoxina TrxoI en plantas de guisante y Arabidopsis y se han identificado posibles proteínas dianas a las que regula redox en ambos orgánulos. Actualmente queremos avanzar en la funcionalidad de esta TrxoI durante el estrés salino, lo que implica corroborar alguna de sus proteínas diana nucleares y su regulación redox. El estudiante se formará en técnicas bioquímicas, moleculares y celulares en estudios con plantas de Arabidopsis, que aplicará en el análisis de la implicación de la regulación redox ejercida por TRX en procesos que se encuentran alterados en mutantes KO y sobre-expresantes AttrxoI en condiciones salinas, incluyendo la respuesta hormonal a ácido abscísico (ABA) y la autofagia celular. Como ejemplos se aprenderá caracterizar mutantes, se emplearán técnicas de medida de estado de óxido-reducción, clonación, purificación de proteínas recombinantes, expresión génica, medida de antioxidantes y marcadores de estrés oxidativo y del proceso autofágico, estos últimos analizados bioquímicamente y por microscopía óptica y de fluorescencia. También se formará en la búsqueda bibliográfica, presentación/exposición de resultados y adquirirá experiencia en el diseño experimental.	<a href="http://www.cebas.csic.es/dep_spain/estres/estres_abiotico/estres_lineas.html">http://www.cebas.csic.es/dep_spain/estres/estres_abiotico/estres_lineas.html</a>
JAEINT24_EX_1685	JIMENEZ JAEN, JUAN JOSE	jjimenez@ipe.csic.es	INSTITUTO PIRENAICO DE ECOLOGIA	La microbiota edáfica de los ecosistemas antropizados a lo largo de gradientes altitudinales	La materia orgánica del suelo (MO) es crucial para la fertilidad del suelo, la productividad agrícola y los servicios ecosistémicos, como el ciclo de los nutrientes y el secuestro de carbono. La fauna del suelo influye en todos los aspectos del ciclo de la materia orgánica (MO), sobre todo regulando la actividad y la composición funcional de los microorganismos del suelo. La fauna del suelo desempeña un papel fundamental en la estructuración de las características del suelo y en la modificación de los procesos a diversas escalas espaciales y temporales en función de estos dos tipos de interacciones. Éstas, a su vez, también afectarán a la provisión de servicios ecosistémicos, como el ciclo de nutrientes y la regulación hídrica. En algunas zonas, los microorganismos del suelo prosperan e influyen en funciones importantes como la dinámica de la MO, mientras que las grandes actividades de bioturbación realizadas por los invertebrados del suelo también prosperan e influyen en funciones importantes como la agregación y la infiltración de agua, que finalmente están vinculadas a los servicios ecosistémicos, como el secuestro de carbono y la regulación del agua. La propuesta JAE Intro tratará estas temáticas y las relaciones bióticas entre diferentes grupos de organismos del suelo y procesos importantes. Así, se analizarán la relación entre la composición funcional de nematodos y tasas de mineralización del suelo y cómo la producción de estructuras biogénicas de organismos bioturbadores como los oligoquetos impacta en la estructura de las comunidades bacterianas del suelo. La persona se iniciará en el conocimiento de las técnicas de análisis de caracterización de la MO y su significado, así como técnicas de caracterización de la biota edáfica.	<a href="https://restauracionecologica.csic.es/">https://restauracionecologica.csic.es/</a>
JAEINT24_EX_0780	JIMENEZ LOPEZ, JOSE CARLOS	josecarlos.jimenez@eez.csic.es	ESTACION EXPERIMENTAL DEL ZAIDIN	Climate resilient protein crops for improving global food security and safety	One of the most relevant challenges that agriculture will have to face in the coming decades is climate change and the management of resources that are increasingly scarce. In addition, climate change is currently having a very relevant impact on pests and plant diseases affecting crop yields and, therefore, agricultural production. Therefore, agricultural production is going to be especially critical since it's taking place in a context of increased demand for food products as a consequence of the increase in the world population, where plants make up 80% of our diet. In this context, global food security, including human health and safety, is a huge challenge requiring major crop production and quality improvements over the coming decades. The aims of this research endeavor is to develop Agro-Food (industrial) transferable applications from different points of view: i) increasing crops resistance to pathogens; ii) Functional foods development for inflammatory-related diseases prevention as type 2 diabetes, cancer, etc...; iii) food allergen proteins analysis in a context of biotechnological tools and applications developments, from allergens traceability to diagnosis kits and allergy treatments.	<a href="https://www.eez.csic.es/biologia-reproductiva-y-microscopia-avanzada-de-plantas-bremap">https://www.eez.csic.es/biologia-reproductiva-y-microscopia-avanzada-de-plantas-bremap</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0073	JIMENEZ MORILLO, NICASIO TOMAS	ntjm@irnas.csic.es	INSTITUTO DE RECURSOS NATURALES Y AGROBIOLOGIA DE SEVILLA	Caracterización de biomarcadores moleculares de materia orgánica quemada bajo diferentes cubiertas vegetales	El/la candidato/a JAE-Intro recibirá formación científico-técnica en biogeoquímica (materia orgánica de suelos afectados por incendios forestales), espectrometría de masas y cromatografía (pirólisis analítica y métodos clásicos de extracción, purificación y derivatización de compuestos orgánicos), y análisis estadístico multivariante (análisis de compuestos principales "PCA", regresión múltiple por mínimos cuadrados "PLS"). Además trabajará directamente con el resto de los componentes del Grupo MOSS, en un ambiente inmersivo y con la disponibilidad total de equipamientos analíticos únicamente existentes en el grupo (ej., Py-GC/Q-TOF). El objetivo principal de esta beca será la formación de estudiantes de último año de Grado o estudiantes de Máster en el uso de técnicas analíticas avanzadas de caracterización molecular (ej., pirólisis analítica de ultra-alta resolución) y métodos clásicos de análisis de familia de compuestos orgánicos (ej., ácidos grasos, PAHs) mediante cromatografía y espectrometría de masas, junto con la implementación de herramientas gráfico-estadísticas y análisis estadístico (ej., PCA, PLS, diagramas de van Krevelen) para la determinación de los biomarcadores moleculares del impacto del fuego en la materia orgánica de suelos afectados por incendios bajo diferentes cubiertas vegetales (ej., alcornoque, pino, eucalipto). A la consecución de esta beca, el/la estudiante tendrá un conocimiento significativo en el manejo y comprensión de estas técnicas que pueden serle útiles durante una posible carrera científica. Además, esta formación podrá servirle al/la candidato/a como trabajo fin de Grado (TFG) o trabajo fin de Máster (TFM). Por otro lado, se pretende fomentar el interés del/la candidato/a en la realización de una tesis doctoral mediante la preparación conjunta de una propuesta FPU.	<a href="https://www.irnas.csic.es/moss/">https://www.irnas.csic.es/moss/</a>
JAEINT24_EX_1432	JIMENEZ RUIZ, ANTONIO RAMON	antonio.jimenez@csic.es	CENTRO DE AUTOMATICA Y ROBOTICA	Monitorización de la correcta ejecución de ejercicio físico con sensores (visión e inerciales) para la mejora de la salud	Para fomentar la vida sana y autónoma de las personas mayores, es muy importante la digitalización del proceso de monitorización y evaluación de su calidad motora. La digitalización de forma objetiva de posibles deficiencias en las capacidades motoras de las personas, especialmente en su marcha o modo de caminar, permitirá determinar potenciales riesgos a sufrir caídas. El objetivo fundamental de esta actividad formativa, enmarcada dentro de proyectos relacionados, consiste en desarrollar una serie de ayudas digitales que permitan valorar de forma objetiva, el riesgo de caídas de personas mayores, y poder valorar su evolución y mejora ante programas de ejercicio físico. Se quiere contribuir a dar una respuesta al problema de valorar personas mayores con riesgo de caídas y analizar la eficacia de las intervenciones de ejercicio físico. Para ello proponemos el desarrollo de tecnología digital novedosa, de bajo coste, que sea fácil de usar por el paciente y el doctor, que posibilite evaluar a los pacientes de forma objetiva y continua, incluso mientras realiza vida normal en su hogar, y permita al paciente adherirse a programas de intervención (mejora) basados en ejercicio físico, y al médico analizar su evolución de forma remota. En concreto la actividad formativa del candidato, está relacionada con el desarrollo de software en PC con Matlab y Python para realizar lecturas de cámaras de profundidad y de sensores acoplados al cuerpo de la persona (unidades de medida inercial - IMU), procesarlas, analizarlas y representar los resultados de análisis gráficamente. Se quiere monitorizar la correcta ejecución de ejercicio físico pautado y poder realimentar al usuario en tiempo real sobre su resultado, tanto de forma gráfica como verbal. Todo ello con el apoyo del grupo de investigación que trabaja en temas similares. Perfil ideal: Ingenieros en Bioingeniería, Informática, Electrónica o Automática.	<a href="https://lopsi.car.upm-csic.es">https://lopsi.car.upm-csic.es</a>
JAEINT24_EX_0935	JIMENEZ RUIZ, JAIME	jaimelijimenez@ica.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS AGRARIAS	Impacto del cambio climático en biología y comportamiento de insectos plaga	La cultivos están influenciados por una serie de factores abióticos, como por ejemplo las precipitaciones, las cuales se están viendo alteradas en frecuencia y cantidad por el cambio climático. Este cambio en la dinámica de lluvias provoca un impacto en el desarrollo y crecimiento de los cultivos, así como en las plagas de insectos y los virus vegetales que transmiten, los cuales repercuten negativamente en su rendimiento. Minimizar el impacto de estos factores en la producción agrícola es de especial importancia en un mundo con una población estimada de cerca de 10.000 millones de personas para el año 2050. Estudiar cómo afectaría la escasez de precipitación y el consecuente estrés hídrico de las plantas huésped en la dinámica de sus plagas de insectos es importante para conocer su evolución y así poder diseñar estrategias novedosas y efectivas para su control. Ante este nuevo panorama de clima cambiante en la agricultura surgen una serie de cuestiones en relación a los cultivos y sus plagas, como por ejemplo, si el estrés hídrico puede tener un impacto en la biología y comportamiento de los insectos plaga. En el laboratorio del grupo Insectos Vectores de Patógenos de Plantas (IVPP) llevamos a cabo varias líneas de investigación basadas en la interacción patógenos-vector-planta. Una de las líneas principales es el estudio de la respuesta de insectos vectores y los agentes que transmiten frente a variaciones ambientales resultantes del cambio climático. Para este tipo de estudios es clave el uso de la técnica de gráficos de penetración eléctrica (EPG), a través de la cual podemos conocer en tiempo real la posición del estilete de los pulgones en el tejido de una planta huésped sujeta a diferentes condiciones, como puede ser un estrés hídrico, infección viral o tratamiento insecticida. De esta manera, podemos conocer cómo impactaría dicha condición de la planta huésped en los patrones de alimentación del insecto. Por otra parte, es importante conocer el impacto de la falta de agua en el suelo en el desarrollo de los insectos fitófagos. A través de los estudios de eficacia biológica podemos saber conocer la velocidad de desarrollo del pulgón, monitoreando el periodo hasta llegar a estado de adulto, así como la descendencia producida. Con este tipo de ensayos, podemos saber si el estrés hídrico puede suponer un cambio en su desarrollo y así conocer cómo sería la dinámica de las poblaciones de los insectos plaga.	<a href="https://www.ica.csic.es/index.php/departamentos/departamento-de-proteccion-vegetal/insectos-vectores-de-patogenos-de-plantas">https://www.ica.csic.es/index.php/departamentos/departamento-de-proteccion-vegetal/insectos-vectores-de-patogenos-de-plantas</a>



REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1588	JIMENEZ VILLAR, JOSEFINA	<a href="mailto:jjimenez.villar@csic.es">jjimenez.villar@csic.es</a>	INSTITUTO DE SINTESIS QUIMICA Y CATALISIS HOMOGÉNEA	SÍNTESIS DE METALOFÁRMACOS BASADOS EN PLATAFORMAS MULTILIGANDO DE CICLOFOSFAZENOS Y ESTUDIO DE SU EFICACIA ANTITUMORAL Y ANTIBACTERIANA	En los últimos 10 - 15 años, se ha realizado una considerable investigación sobre el potencial anticancerígeno y antimicrobiano de los complejos de Au y de Ag, lo que ha permitido establecer un rico conocimiento de la química médica de estos metales y alguno de sus compuestos, como el auranofin, está actualmente en estudios clínicos. Los estudios realizados se han centrado en la búsqueda de nuevos complejos capaces de superar los inconvenientes de los fármacos clínicos actuales que incluyen, no solo el limitado espectro de actividad y la alta toxicidad que dan lugar a efectos secundarios significativos, sino también resistencia, poca solubilidad en agua, baja biodisponibilidad y corto tiempo de circulación y vida media in vivo. Todos estos aspectos pueden mejorarse mediante el uso de macromoléculas como nanotransportadores de dichos metalofármacos, o bien encapsulándolos físicamente mediante liposomas, nanocápsulas, micelas o vesículas poliméricas o, alternativamente, por conjugación a polímeros o dendrímeros mediante enlace covalente. Hasta la fecha, se conocen ejemplos de encapsulación o conjugación de compuestos de Pt y de Ru con propiedades antitumorales. Sin embargo, la encapsulación de compuestos de Au o Ag no se ha explorado prácticamente y, hasta el momento, no se conocen conjugados macromolécula-metal para estos metalofármacos. Los fosfazenos (PZs) son especialmente interesantes en este campo, ya que combinan su biocompatibilidad y biodegradabilidad intrínseca con una versatilidad sintética que permite producir estructuras muy diversas, micelas o vesículas (utilizando PZs anfífilos), hidrogeles, dendrímeros, microesferas y matrices, que han demostrado ser útiles para la encapsulación de fármacos de bajo peso molecular, así como modificar las propiedades para generar solubilidad en agua, afinar la velocidad de degradación del esqueleto PZ o, incluso, conseguir respuesta a estímulos (pH, T o luz). La versatilidad sintética de los PZs (cíclicos, polímeros o dendrímeros) también posibilita introducir átomos dadores exocíclicos adicionales para coordinarse a fármacos metálicos. El objetivo principal de este proyecto es sintetizar metalofármacos basados en plataformas multiligando de ciclofosfazenos, para conseguir una mayor actividad y eficacia antitumoral y/o antimicrobiana, así como una menor toxicidad que los metalofármacos clínicos actuales.	<a href="https://liquidcrystals.unizar.es/">https://liquidcrystals.unizar.es/</a>
JAEINT24_EX_0543	JIMENEZ ZURDO, JOSE IGNACIO	<a href="mailto:joseignacio.jimenez@eez.csic.es">joseignacio.jimenez@eez.csic.es</a>	ESTACION EXPERIMENTAL DEL ZAIDIN	Fundamentos y aplicaciones biotecnológicas de la regulación por RNA en bacterias	Los pequeños RNAs no codificantes (sRNAs) han emergido en los últimos años como elementos ubicuos de la regulación génica post-transcripcional que subyace a las respuestas de adaptación de las bacterias al medioambiente en el que viven. Por tanto, no es posible entender ningún proceso bacteriano en toda su dimensión sin tener en cuenta la regulación de la expresión génica por sRNAs. Los denominados rizobios son bacterias del suelo de gran importancia agronómica por su capacidad para establecer simbiosis fijadoras de nitrógeno con las plantas leguminosas, a la par que un modelo experimental de referencia para estudiar las bases moleculares de la infección intracelular crónica de organismos eucariotas. Durante la interacción simbiótica estas bacterias sufren cambios profundos en la expresión génica en respuesta a señales bióticas y abióticas diversas, en cuya regulación es previsible que participen sRNAs. El trabajo de investigación del(la) becario(a) JAE-Intro tendría como objetivo genérico analizar el impacto global de la regulación por sRNAs en el establecimiento de la interacción simbiótica rizobio-leguminosa, caracterizando la función y mecanismos de actividad de sRNAs previamente identificados en estas bacterias por nuestro grupo. Los abordajes experimentales combinan genética-molecular clásica con las tecnologías genómicas de alto rendimiento más recientes, como transcriptómica por secuenciación masiva (RNAseq) combinada con la bioinformática. Inspirados en el concepto de nuevos antibióticos basados en la regulación por RNA, en este proyecto también se pretende explorar la aplicabilidad de los sRNAs caracterizados como elementos programables para la ingeniería genética de los rizobios y el microbioma rizosférico. Publicaciones de referencia recientes del grupo: García-Tomsig N.I., et al. 2023. A double-negative feedback loop between NtrBC and a small RNA rewires nitrogen metabolism in legume symbionts. mBio. 14(6), e0200323. García-Tomsig N.I., et al. 2022. Pervasive RNA regulation of metabolism enhances the root colonization ability of nitrogen-fixing symbiotic $\alpha$ -rhizobia. mBio 13(1), e0357621. Robledo M., et al. 2021. Synthetase of the methyl donor S-adenosylmethionine from nitrogen-fixing $\alpha$ -rhizobia can bind functionally diverse RNA species. RNA Biol. 18, 1111-1123. Saramago, M. et al. 2017. Sinorhizobium meliloti YbeY is an endoribonuclease with unprecedented catalytic features, acting as silencing enzyme in riboregulation. Nucleic	<a href="https://grupos.eez.csic.es/rhizorna/">https://grupos.eez.csic.es/rhizorna/</a>
JAEINT24_EX_1218	JIMENO GONZALEZ, SILVIA	<a href="mailto:silvia.jimeno@cabimer.es">silvia.jimeno@cabimer.es</a>	CENTRO ANDALUZ DE BIOLOGIA MOLECULAR Y MEDICINA REGENERATIVA	Regulación de la transcripción y del metabolismo del RNA en respuesta a tratamiento de quimioterapia	Los venenos de las topoisomerasas se utilizan como quimioterapia en tratamientos contra distintos tipos de tumores. Un ejemplo de este tipo de droga es el etoposído, cuya acción se basa en la inducción de cortes de doble cadena en el DNA por el bloqueo de la actividad topoisomerasa II, enzima necesaria para la replicación, la transcripción, la segregación de cromosomas y la recombinación del DNA. Aunque las células cancerosas son especialmente sensibles al etoposído por el hecho de que se dividen de forma activa y, por tanto, necesitan más actividad topoisomerasa, el tratamiento con quimioterapia afecta también a las células que no forman parte del tumor. De hecho, se ha demostrado que este tipo de tratamientos incrementa el riesgo de presentar tumores secundarios. El proyecto que se propone se centra en el estudio de las consecuencias a nivel de expresión génica de los tratamientos con etoposído. En nuestro equipo, disponemos de datos preliminares que indican que algunos factores implicados en la regulación de la elongación de la transcripción tienen una función importante en la señalización específica del daño en el DNA producido por etoposído. El trabajo pretende ahondar en el estudio de la función de estos complejos en la reparación de dicho daño. Este trabajo experimental va a permitir al estudiante la familiarización con herramientas novedosas como la manipulación del DNA en líneas celulares humanas con CRISPR-Cas9 así como el manejo con técnicas estándar de Biología Molecular y Celular.	<a href="https://www.cabimer.es/en/research-groups/transcription-and-mrna-processing/">https://www.cabimer.es/en/research-groups/transcription-and-mrna-processing/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1477	JOHNSTONE ESPAÑA, CAROLINA	carolina.johnstone@eo.csic.es	CENTRO OCEANOGRÁFICO DE MÁLAGA	Biología molecular aplicada a inmunología y virología en acuicultura	La propuesta formativa se enmarca en las actividades de investigación del grupo Fisiología y Bienestar de Especies Marinas (grupo PHYSSIS) del Departamento de Acuicultura y Biotecnología Azul. Entre las misiones del grupo está la mejora del conocimiento de los procesos celulares y moleculares que gobiernan la salud en las especies marinas y el bienestar animal en la acuicultura. El objetivo del plan de formación es proporcionar conocimientos y experiencia en biología molecular aplicada a la investigación en el cultivo de especies marinas. La persona seleccionada tendrá la oportunidad de familiarizarse con líneas de investigación en el marco de la inmunología y la virología en acuicultura. El personal JAE-Intro se formará en técnicas de biología molecular en el Laboratorio de Biología Molecular y Genética de la sede de Málaga del Instituto Español de Oceanografía. La persona seleccionada adquirirá capacitaciones generales (organización, gestión y buenas prácticas de laboratorio) y especializadas (aplicación, interpretación y documentación de resultados de protocolos de biología molecular) que serán valoradas para acceder a demandas de empleo de personal técnico e investigador tanto en el sector de la acuicultura, como en los sectores alimentario, biosanitario o ambiental. El perfil académico solicitado preferente, pero no exclusivo, es estudiantes de máster en acuicultura, biología molecular, biotecnología o genética.	<a href="https://www.csic.es/es/investigacion/grupos-de-investigacion/fisiologia-y-bienestar-de-especies-marinas">https://www.csic.es/es/investigacion/grupos-de-investigacion/fisiologia-y-bienestar-de-especies-marinas</a>
JAEINT24_EX_0522	JORDAN VALLES, ALBERT	ajvbmc@ibmb.csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA MOLECULAR DE BARCELONA	Function and specificity of human histone H1 variants in the organization and control of the genome	Hypothesis: Histone H1 participates in the stabilization of DNA around the core histone octamer that constitutes the nucleosome, in the mobility and spacing between nucleosomes, and in further levels of chromatin organization. As a consequence, H1 is seen as a chromatin structural protein and is involved in DNA compaction, heterochromatin formation, and in the regulation of nuclear processes such as transcription, replication, etc. Recently, we have shown that H1 may participate in the maintenance of the heterochromatin identity and contributes to prevent cryptic transcription, viral mimicry and activation of transposable elements. Our hypothesis is that the different H1 variants contribute differently to all these processes. Objectives: We plan to compare what is the contribution of different H1 variants to repress cryptic transcription, transposable elements expression and vital mimicry (induction of the interferon response by derepression of endogenous retroviruses) in different cell types, including human tumoral and non-tumoral cell lines, and in fibroblasts from other primate species. Specific objectives are: 1. Construct cell lines with inducible knock-down of histone H1 variants and testing. 2. Test utility of H1 tools (antibodies and shRNAs) in non-human cells. 3. Induce senescence in IMR-90 cells and follow expression of H1 variants, cryptic transcription and transposable elements.	<a href="https://www.ibmb.csic.es/en/department-of-structural-and-molecular-biology/chromatin-regulation-of-human-and-viral-gene-expression/">https://www.ibmb.csic.es/en/department-of-structural-and-molecular-biology/chromatin-regulation-of-human-and-viral-gene-expression/</a>
JAEINT24_EX_0351	JOSA CULLERE, LAIA	ljcqb1@cid.csic.es	INSTITUTO DE QUIMICA AVANZADA DE CATALUÑA	Design, synthesis, and biological evaluation of light-responsive molecules against cancer cells	We are looking for a motivated student that would like to perform a PhD in a project at the interface of chemistry and biology. The goal of their project will be to develop light-responsive drugs to eliminate cancer cells with high precision. A big limitation of chemotherapy is the lack of selectivity of the drugs, which leads to side effects in the patient. We hypothesize that this could be solved by developing drugs that are activated under external light. This would allow us to limit their effect to the tumour area. The student will establish a proof of concept by modifying known anticancer drugs to incorporate a light-responsive functional group. For this, they will design synthetic routes, prepare the molecules using synthetic chemistry techniques, and structurally characterise them (NMR, MS, HPLC...). They will study their photochemical properties and their biological effect on target and on cancer cell lines. The student will have the opportunity to participate in a highly interdisciplinary project, learning chemistry, biology, and photochemistry to develop new drug molecules that could have a big impact in cancer treatment. They will be part of the Medicinal Chemistry & Synthesis Group, which is working in the areas of medicinal chemistry and chemical biology. We have a balance of postdoctoral researchers, PhD students, Master students, and technicians with different backgrounds including chemistry, pharmacy, biology, and biotechnology. Our current main research topics include photopharmacology, cancer, immunotherapy, and protein labelling.	<a href="https://www.iqac.csic.es/mcs/">https://www.iqac.csic.es/mcs/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1194	JUAN SOPEÑA, DAVID ALEJANDRO	da.juan@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Descifrando la Red 3D de Cromatina: Un Análisis Computacional de la Comunicación Epigenética	En el campo de la genética funcional, hay un creciente interés por entender la arquitectura tridimensional (3D) de la cromatina. Esta intrincada estructura 3D no es solo un elemento pasivo, sino que es clave para facilitar interacciones genómicas vitales en la regulación de los procesos que operan sobre el genoma (transcripción de genes, reparación de daño genético, replicación del ADN durante la mitosis y la meiosis, etc.). Dichas interacciones forman una red que conecta regiones distantes del genoma con diversos estados regulatorios que a su vez se coordinan para activar o reprimir distintos procesos biológicos. Nuestro grupo está interesado en el estudio de LA CANALIZACIÓN DEL FLUJO DE INFORMACIÓN REGULADORA A TRAVÉS DE LA RED DE INTERACCIONES GENÓMICAS Y SU PAPEL EN ESTABLECER LAS DIFERENTES CONFIGURACIONES FUNCIONALES DE LA CÉLULA, COMO EN LOS DISTINTOS TIPOS CELULARES Y EN ENFERMEDADES COMO EL CÁNCER. Nuestra hipótesis es que la comprensión de estos flujos de información permitiría caracterizar dichos perfiles funcionales, estudiar las transiciones entre ellos y proporcionar predicciones de cómo alterarlos que posteriormente podrán ser testadas experimentalmente. Este proyecto requiere la creación de una red de asociaciones entre proteínas, metilación del ADN, modificaciones de histonas y expresión génica sobre la que se analizará posteriormente el flujo de información. Para ello, el estudiante obtendrá, procesará e integrará computacionalmente gran cantidad de datos ómicos de líneas celulares humanas sanas y tumorales relativos a: 1) localización genómica de distintos elementos epigenéticos (ChIP-seq, MEDIP-seq, ...); 2) interacciones 3D del genoma (HiC); expresión génica (RNA-seq); replicación génica (repli-seq) o de mutaciones genéticas en poblaciones sanas o tumores (WGS). Esto ofrece una gran oportunidad para introducir al estudiante al campo del análisis de datos ómicos, una de las áreas más activas y demandadas actualmente en investigación genómica y en análisis de datos clínicos. La naturaleza y el alcance de estas tareas y su participación en la construcción, análisis y caracterización de la red de comunicación regulatoria se adaptará en función de la capacitación inicial del estudiante. Durante la duración de la beca, el estudiante desarrollará sus capacidades críticas mediante la lectura y discusión de artículos relevantes para el proyecto, colaborará con otros miembros del grupo y del departamento, asistirá a diversidad de s	<a href="https://scholar.google.com/citations?hl=en&amp;user=PhBFj4cAAA&amp;pagesize=80&amp;view_op=list_works">https://scholar.google.com/citations?hl=en&amp;user=PhBFj4cAAA&amp;pagesize=80&amp;view_op=list_works</a>
JAEINT24_EX_0054	JURADO LOBO, VALME	v.jurado@csic.es	INSTITUTO DE RECURSOS NATURALES Y AGROBIOLOGIA DE SEVILLA	MICROBIOLOGIA DE CUEVAS	Los ambientes subterráneos son una parte integral de la geodiversidad global del planeta. Su interés radica en que presentan condiciones extremas para la vida y constituyen un escenario especial e interesante para las interacciones microbio-microbio y microbio-mineral. Sin embargo, el conocimiento sobre la diversidad y actividad de los microorganismos en las cuevas es muy limitado. El objetivo principal de la formación es proporcionar al estudiante los conocimientos necesarios, habilidades y experiencias para llevar a cabo futuras investigaciones del microbioma de cuevas. Durante este plan de formación, se aplicarán diferentes metodologías de microbiología clásica (cultivo de microorganismos) y de biología molecular (extracción de ADN, PCR, secuenciación de ADN, análisis bioinformático). Además, se realizará una búsqueda de compuestos bioactivos de interés para la biotecnología mediante ensayos en laboratorio de bioinducción de compuestos por bacterias aisladas de cuevas. Finalmente, se determinará la diversidad microbiana existente en cuevas, la distribución y grado de actividad metabólica en función de las condiciones microambientales y su papel en los procesos de precipitación/disolución mineral (interacciones microbio-mineral), y los mecanismos desarrollados para la colonización de ambientes oligotróficos (interacciones microbio-microbio), así como su potencial efecto nocivo sobre espeleotemas y rocas. Para desarrollar este trabajo se analizarán diferentes reservorios de bacterias y hongos, incluidos sedimentos, rocas, espeleotemas y aire. Además, se realizará un control del aire de las cuevas mediante estudio aerobiológico, estimación de las concentraciones de bacterias por m3 de aire en cuevas sometidas a diferentes tipos de manejo y comparación de los valores obtenidos con los de otras cuevas previamente estudiadas. Al final de la formación, el estudiante tendrá una base sólida que le permitirá participar en cualquier disciplina de microbiología ambiental, incluyendo el sector industrial.	<a href="https://mapc.csic.es/">https://mapc.csic.es/</a>
JAEINT24_EX_0101	JURADO SANCHEZ, SANDRA	sjurado@umh.es	INSTITUTO DE NEUROCIENCIAS	Impacto del envejecimiento en el comportamiento social	El laboratorio de Neuromodulación Sináptica ( <a href="http://www.juradofab.com">www.juradofab.com</a> ) en el Instituto de Neurociencias de Alicante (CSIC-UMH – Centro de Excelencia Severo Ochoa 2014 – 2026) propone un proyecto para estudiar el impacto del envejecimiento natural y patológico (Enfermedad de Alzheimer) en el comportamiento social. Para ello la persona en formación tendrá oportunidad de aprender novedosas técnicas para analizar funcional y anatómicamente el sistema de oxitocina (OXT), una de las principales redes neuronales implicadas en la modulación del comportamiento social. Entre estas técnicas se incluyen métodos de transparentado de tejido (DISCO+) y reconstrucción de circuitos en 3D, registros electrofisiológicos, manipulaciones genéticas, y tareas de comportamiento social (modelos murinos). Tradicionalmente, los trastornos del neurodesarrollo asociados a déficits sociales, particularmente el trastorno del espectro autista, han sido objeto de un intenso esfuerzo de investigación que han permitido identificar la vía de señalización de OXT, como una de las principales dianas. Sin embargo, se ha prestado menor atención a los mecanismos subyacentes a los déficits sociales asociados a las enfermedades neurodegenerativas como la enfermedad de Alzheimer, en la que es frecuente registrar episodios de ansiedad social y respuestas sociales aberrantes. Es por tanto necesario, profundizar en los mecanismos neuronales causantes de los trastornos sociales durante los procesos de envejecimiento patológico, con el objetivo de desarrollar nuevas estrategias terapéuticas. Nuestro laboratorio ha realizado importantes avances en el estudio de los circuitos neuronales asociados al comportamiento social y su deterioro durante el envejecimiento saludable y patológico (Madrigal & Jurado, 2021; Royo et al., 2022; Portalés et al., 2023; Portalés et al., In Press), lo que ofrece un marco de trabajo ideal para continuar avanzando en los mecanismos subyacentes a estas alteraciones. El trabajo propuesto incluirá tres objetivos básicos, cuyos detalles serán discutidos y consensuados con el/la estudiante una vez incorporado/a: Objetivo 1: Análisis anatómico del circuito de OXT en un modelo animal de enfermedad de Alzheimer. Objetivo 2: Análisis funcional (electrofisiológico) del circuito de OXT en un modelo animal de enfermedad de Alzheimer. Objetivo 3: Explorar el potencial terapéutico de la OXT para restablecer el comportamiento social en un modelo animal de Alzheimer.	<a href="http://www.juradofab.com">www.juradofab.com</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0604	KREMER BARON, LEONOR JUDITH	lkremer@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Desarrollo de nuevos anticuerpos para su uso en inmunoterapia de leucemias humanas	Los diferentes tipos de leucemias humanas incluyen enfermedades muy agresivas, con una alta proporción de pacientes que no responden a los tratamientos actuales de quimioterapia y radioterapia, siendo necesario desarrollar agentes terapéuticos más eficaces, menos tóxicos y que puedan ser empleados en tratamientos personalizados. Los anticuerpos monoclonales (mAbs) son herramientas óptimas para su uso en terapia antitumoral, debido a su alta especificidad y baja toxicidad. Hemos generado mAbs frente al receptor CCR9, presente en células de leucemias T, que bloquean el crecimiento de tumores humanos en modelos de ratón. Estos mAbs están protegidos mediante una patente internacional del CSIC, licenciada a una empresa farmacéutica para su desarrollo hacia fases clínicas. Para minimizar el riesgo de generar resistencia a los tratamientos oncológicos derivado del uso de un agente antitumoral único, causados por la modulación de la expresión de proteínas por el tumor, nuestro grupo está desarrollando estrategias innovadoras. Estamos generando nuevos mAbs a partir de inmunizaciones con células completas de leucemias humanas, que permitirán generar cócteles de anticuerpos que reconozcan simultáneamente a diferentes antígenos de superficie de las células tumorales. Hemos seleccionado mAbs que reconocen con alta señal a las células malignas y que presentan alta actividad terapéutica en ensayos de inhibición de la progresión tumoral, en modelos xenogénicos de ratón. Para avanzar en su caracterización y desarrollo preclínico, estamos realizando estudios de interacción con sus correspondientes dianas moleculares. El/la estudiante se integrará en este proyecto colaborando en la generación y caracterización de nuevos anticuerpos, la identificación y caracterización de sus antígenos diana, estudios de actividad, toxicidad, especificidad y afinidad, empleando técnicas inmunológicas y de química de proteínas, junto con ensayos celulares y en modelos animales de actividad antitumoral. También adquirirá conocimientos científico-técnicos de inmunobiología, experiencia en el uso de equipos de laboratorio y en técnicas innovadoras. Asimismo, participará en las reuniones del laboratorio y en los seminarios del Departamento y del Centro Nacional de Biotecnología. El CNB ofrece formación integral tanto en técnicas experimentales como en habilidades complementarias, tales como diseño de proyectos, comunicación científica y trabajo en equipo.	<a href="http://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/inmunologia-y-oncologia/hemokine-receptor-interactions">http://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/inmunologia-y-oncologia/hemokine-receptor-interactions</a>
JAEINT24_EX_1182	LADERO LOSADA, VICTOR MANUEL	ladero@ipla.csic.es	INSTITUTO DE PRODUCTOS LACTEOS DE ASTURIAS	Caracterización de microorganismos productores de compuestos neuroactivos para la elaboración de alimentos funcionales	Durante las últimas décadas se han incrementado la prevalencia de enfermedades mentales, entre las que destaca la depresión, que afecta a más de 300 millones de personas. De forma reciente, se ha propuesto el uso de microorganismos con capacidad de producir compuestos neuroactivos (CNA) como la agmatina (AGM) o la b-feniletilamina (PEA)–producto de la descarboxilación de los aminoácidos arginina y fenilalanina respectivamente-, para la elaboración de alimentos funcionales que prevengan o alivien los síntomas de la depresión o para ser usados como psicobióticos. En este contexto, el queso es un alimento en el que se ha demostrada su potencial como vehículo de compuestos con actividad biológica procedentes de la descarboxilación de aminoácidos. Recientemente hemos aislado e identificado a partir de quesos, diferentes microorganismos productores de CNA con potencial para ser utilizados en la elaboración de alimentos funcionales enriquecidos en compuestos neuroactivos, como factorias celulares o como psicobióticos. En este trabajo se plantea el análisis genómico de microorganismos productores de AGM o PEA, así como la construcción y caracterización de mutantes mediante técnicas como CRISPR/CAS y Lambda-red, con el objetivo de identificar los genes responsables de su síntesis y mejorar la capacidad de producción de CNA in vivo. Estos trabajos se complementarán con estudios de fisiología bacteriana y análisis transcripcional, para identificar el efecto de factores tecnológicos y su impacto en la producción de compuestos neuroactivos.	<a href="https://www.ipla.csic.es/microbiologia-molecular/">https://www.ipla.csic.es/microbiologia-molecular/</a>
JAEINT24_EX_0438	LAIZ CARRION, RAUL	raul.laiz@ieo.csic.es	CENTRO OCEANOGRAFICO DE MALAGA	Estudios de ecología trófica en estadios tempranos de peces claves en los ecosistemas marinos	La alimentación juega uno de los papeles más determinante en la supervivencia larvaria debido a su influencia en el crecimiento diario, ya que pequeños cambios en este crecimiento pueden provocar cambios drásticos en el reclutamiento. Este plan de formación estará centrado en estudiar la interacción entre la ecología trófica y el crecimiento en estadios larvarios de peces claves en los ecosistemas marinos. Tanto el material biológico como los datos que se van a utilizar en esta JAE-Intro proceden del proyecto INDITUN (Trophic Ecology Of Southern Bluefin Tuna Larvae in the Eastern Indian Ocean), financiado por la AEI (PID2021/122862NB/I00) y coordinado desde el C. O. de Málaga (IEO-CSIC). Así, el candidato se formará en: i) Experiencia y competencias en clasificación e identificación de larvas de peces ii) Formación y competencias especializadas en métodos de análisis de isótopos iii) Experiencia en investigación en ecología de estadios larvarios y juveniles de peces en un grupo de investigación competitivo con proyectos nacionales e internacionales. Las actividades a desarrollar por el candidato combinarán distintas metodologías para abordar el estudio de ecología trófica larvaria junto con su crecimiento diario. Las tareas específicas incluyen: i) Competencias generales en laboratorio de investigación, incluyendo el uso de los equipos del laboratorio, la correcta aplicación de las normas de seguridad, el manejo de datos y su clasificación y el empleo de técnicas según el análisis requerido ii) Actividades de clasificación e identificación de muestras de larvas de peces ii) Estudio del crecimiento diario a través del análisis de la microestructura de los otolitos larvarios iii) Análisis del a ecología trófica de estadios larvarios por técnicas clásicas e isotópicas (SIA y CSAI-AA). iv) Análisis bioinformático y bioestadístico de datos referentes a la ecología trófica y crecimiento Dichas tareas contienen: i) Buenas prácticas de laboratorio y entendimiento de la normativa interna de seguridad personal y medioambiental ii) Ecología y taxonomía de estadios larvarios de peces iii) Ecología trófica. Flujos de energía. Redes tróficas en el ecosistema pelágico. Análisis de comunidad. Análisis de contenido estomacal. Análisis de isótopos estables, SIA y CSAI-AA iv) Crecimiento diario, biometría de otolitos y larvas de peces. v) Elaboración y presentación de informes de resultados y comunicaciones a congresos o reuniones de carácter nacional e int	<a href="https://inditun.ieo.wixsite.com/inditun">https://inditun.ieo.wixsite.com/inditun</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1374	LANDA DEL CASTILLO, BLANCA BEATRIZ	blanca.landa@csic.es	INSTITUTO DE AGRICULTURA SOSTENIBLE	Estudio de comunidades microbianas sintéticas para el control de Xylella fastidiosa	Xylella fastidiosa (Xf) es una bacteria fitopatógena de cuarentena en la Unión Europea que causa enfermedades muy severas en cultivos de gran interés comercial. Actualmente no existe ninguna medida de control de esta bacteria una vez que una planta es infectada en campo, por lo que es necesario desarrollar nuevos métodos de control. La utilización de microorganismos endófitos habitantes del xilema con capacidad antagonista frente a esta bacteria aplicados mediante endoterapia como comunidades sintéticas puede ser una medida respetuosa con el medioambiente y sostenible a largo plazo. Se seleccionarán bacterias del xilema por su capacidad antagonista frente a Xf mediante producción de metabolitos antimicrobianos, o por exclusión de nicho al colonizar y establecerse en el xilema de plantas leñosas compitiendo por espacio con Xf, y/o estimular reacciones defensivas en la planta. Se generarán transformantes de bacterias del xilema que expresen proteínas fluorescentes, para poder estudiar mediante microscopía confocal las interacciones con aislados de Xf de distintas subespecies en cámaras de microfluídica que simulen los haces vasculares del xilema. Además, se estudiará la capacidad de estas comunidades sintéticas de establecerse y colonizar el xilema de plantas. El desarrollo este trabajo de investigación se llevará a cabo en instalaciones de bioseguridad de nivel 2+.	<a href="https://www.ias.csic.es/proteccion-de-cultivos/fitopatologia-de-sistemas-agricolas-sostenibles/">https://www.ias.csic.es/proteccion-de-cultivos/fitopatologia-de-sistemas-agricolas-sostenibles/</a>
JAEINT24_EX_0851	LARENA NISTAL, M. INMACULADA	ilarena@nia.csic.es	INSTO. NAC. DE INVESTIG Y TECNOLOGIA AGRARIA Y ALIMENTARIA	Resistencia inducida en cultivos frente a hongos fitopatógenos por Penicillium rubens	El uso de microorganismos (agentes de control biológico, ACB) como inductores de resistencia en las plantas para reducir enfermedades parece una excelente opción para el desarrollo de una alternativa de bajo coste, ecológica y sostenible al control químico de patógenos en agricultura. Esto nos permitirá proporcionar a los agricultores la información necesaria para mejorar la salud de los cultivos utilizando herramientas sostenibles desde el punto de vista medioambiental y reducir el uso masivo de productos fitosanitarios sintéticos nocivos. Ambos son objetivos incluidos en el Nuevo Pacto Verde Europeo y en la estrategia "de la granja a la mesa" Penicillium rubens cepa 212 (PO212) ha demostrado ser un ACB eficaz frente a un amplio espectro de enfermedades de cultivos horticolas (Larena et al., 2003a; De Cal et al., 2008, 2009; Martínez-Beringola et al., 2013), incluyendo la marchitez vascular causada por Fusarium oxysporum f. sp. lycopersici en tomate. El control de esta enfermedad por PO212 se basa en un mecanismo de resistencia inducida en plantas de tomate (De Cal et al., 1997b; 2000). La clave para el desarrollo de un ACB exitoso es entender los mecanismos involucrados en el biocontrol, cómo interactúan y cómo se manifiestan en los diferentes niveles jerárquicos. Por tanto, aumentar el conocimiento sobre los mecanismos de RI (resistencia inducida) por ACBs en las plantas podría ayudar a mejorar el desarrollo de tecnologías basadas en RI y sus aplicaciones con un mayor grado de predictibilidad y consistencia. La comprensión de estos mecanismos a nivel molecular ayudaría a desarrollar cepas con propiedades de biocontrol superiores. Este trabajo se centraría en cómo las nuevas tecnologías ofrecen la oportunidad de estudiar qué genes se activan y desactivan en las plantas del tomate en respuesta a ACBs y patógenos y aquellos genes de PO212 activados y reprimidos en contacto con las plantas. Los estudios del transcriptoma implican el uso de técnicas extremadamente potentes, como la secuenciación de nueva generación y qRT-PCR.	<a href="https://apps.csic.es/grupos/pages/grupo/edicionGrupo.html?idGrupo=922611">https://apps.csic.es/grupos/pages/grupo/edicionGrupo.html?idGrupo=922611</a>
JAEINT24_EX_0758	LAROMAINE SAGUE, ANNA	a.laromaine@csic.es	INSTITUTO DE CIENCIA DE MATERIALES DE BARCELONA	Evaluating the fate of plastics, microplastics and nanomaterials using C. elegans	Using the one mm-long nematode Caenorhabditis elegans as an animal model we want to assess the effects of plastics, microplastics and nanomaterials that are present in our daily life. Many products due to their use, degradability and long-life remain in our ecosystem for long time, there is a urgent need to evaluate the effects of them in our health. We propose to use the small animal, C. elegans, to evaluate them. can speed up testing materials and drugs and evaluate their toxicity. The C. elegans genome has some, 60-80%, homologous genes with the humans, and most metabolic pathways are also conserved. This transparent worm exhibits a short life cycle, a minimal maintenance and growth requirements, which are set as advantages of using this worm. We can evaluate how those materials could affect its reproduction and second generations, and its metabolisms. Using simple non-mammalian model organisms minimizes the cost associated with in vivo experiments at the early stages of discovery and yields highly informative results such as survival rate, growth effects, reproduction toxicity, and changes in metabolism. The effects of materials and drugs on the organism C. elegans can be assessed at different levels of complexity. We can assess organismal health using the life span, development, and locomotion assays. We can also focus on organs, genes, and specific biological mechanisms to understand diseases. Background reference Caenorhabditis elegans endorse bacterial nanocellulose fibers as functional dietary Fiber reducing lipid markers.Munoz-Juan, Amanda; Assie, Adrien; Esteve-Codina, Anna; Gut, Marta; Benseny-Cases, Nuria; Samuel, Buck S; Dalfo, Esther; Laromaine, Anna Carbohydrate Polymers. 331, 121815, 2024. 10.1016/j.carbpol.2024.121815. Arrhythmic Effects Evaluated on Caenorhabditis elegans: The case of polypyrrole nanoparticles S. Y. Srinivasan; P. Alvarez Illera; D. Kukhtar; N. Benseny-Cases; J. Cerón; J. Álvarez; R. I. Fonteriz; M. Montero; A. Laromaine, ACS Nano 2023 10.1021/acsnano.3c05245 . Toxicogenomics of iron oxide nanoparticles in the nematode C. elegans L. Gonzalez-Moragas, Si-Ming Yu , N. Benseny-Cases, S. Sturzenbaum , A. Roig, A. Laromaine*, Nanotoxicology., 2017, 11,5, 647-657. Metodologías en las que se formará el o la estudiante Culture and maintenance of C. elegans, use locomotion, worm's health, ROS, and Lipid assays to evaluate the effects of drugs and materials. Understanding of genetic analysis and screening.	<a href="http://nn.icmab.es">nn.icmab.es</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1312	LASO PEREZ, RAFAEL	rafael.laso@mncn.csic.es	MUSEO NACIONAL DE CIENCIAS NATURALES	Un análisis evolutivo del grupo de arqueas Poseidoniales usando genomas del océano Ártico	<p>Archaea es junto a Bacteria y Eukarya uno de los tres dominios en los que está dividido el árbol de la vida. Sin embargo, el dominio Archaea es el más desconocido siendo descrito a finales del siglo XX. En un primer momento, las arqueas fueron consideradas menos diversas que las bacterias, y exclusivamente de ambientes extremos. No obstante, la explosión de estudios en microbiología ambiental ha cambiado esta percepción, revelando la existencia de numerosos linajes de arqueas en suelos, ambientes marinos y otros hábitats. Muchos de estos linajes no están cultivados y sólo se conocen por estudios ambientales, aunque son fundamental para entender el árbol de la vida. Desde un punto de vista ecológico y metabólico, Thermoplasmata es el linaje de arqueas más diversificado, estando presente en numerosos ambientes, no sólo en hábitats extremos. Destaca en este grupo, las Poseidoniales que son uno de los grupos de microorganismos más extendidos y abundantes en los océanos. A pesar de ello, los determinantes de su exitosa adaptación a este ambiente y su importancia funcional global permanecen aún sin aclarar. En este proyecto querríamos ahondar en la historia evolutiva de las arqueas Poseidoniales y en qué factores metabólicos han ayudado a su éxito. Para ello, disponemos de 11 genomas obtenidos de una muestra del océano Ártico pertenecientes a distintas ramas de Poseidoniales. En el proyecto haremos un análisis pangenómico para comparar los distintos genomas, incluyendo un análisis sobre presencia de proteorrodopsinas, unas proteínas para obtener energía de la luz solar presentes en algunas arqueas de este grupo (Tully, 2019, Nature Communications; Pereira, 2019, ISME). Nuestro set de datos incluye metatranscriptomas durante varios meses permitiendo analizar la expresión de estos genes durante el invierno/verano ártico. El plan de trabajo incluye la predicción de las rutas metabólicas, análisis bioinformáticos y la realización de árboles filogenéticos para averiguar la historia evolutiva de estos organismos.</p>	<a href="https://rafaellasoperez.webnode.es/">https://rafaellasoperez.webnode.es/</a>
JAEINT24_EX_1225	LASTRES BECKER, ISABEL	ilbecker@iib.uam.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES BIOMEDICAS SOLS-MORREALE	Papel de la mitocondria en la enfermedad de Parkinson	<p>La enfermedad de Parkinson (EP) es la enfermedad neurodegenerativa con alteraciones motoras con mayor prevalencia que se caracteriza por la degeneración de las neuronas dopaminérgicas (DA) de la sustancia nigra y la acumulación de agregados proteicos en los llamados cuerpos de Lewy, donde la proteína más abundante es la alfa-sinucleína (a-SYN). Además de por el cuadro neurodegenerativo y la acumulación de proteínas, la EP se caracteriza por inflamación crónica de bajo grado y estrés oxidativo, que están asociados a alteraciones mitocondriales. La enfermedad de Parkinson ha sido predominantemente abordada desde un punto de vista centrado en la neurona, sin tener en consideración otros tipos celulares, como los astrocitos, que forman parte de la sinapsis tripartita. Pero no podemos descartar que la dinámica y función mitocondrial pueda también estar alterada en los astrocitos y de forma diferente a las neuronas DAérgicas, contribuyendo al inicio y propagación de la enfermedad. Por ello, en este proyecto de investigación se pretende abordar la hipótesis de que la dinámica y función mitocondrial pueda ser diferente entre neuronas y astrocitos en la EP asociada a la a-SYN. Resultados preliminares de nuestros grupos de investigación avalan dicha hipótesis. Para enfocar esta hipótesis realizaremos un abordaje multidisciplinar con el objetivo de analizar los diferentes mecanismos implicados en la actividad mitocondrial, examinar el proceso de transmitofagia y evaluar el posible efecto neuroprotector de un modulador de la actividad mitocondrial, en la interacción neurona-astrocitos asociada a la a-SYN en la EP. Para ello emplearemos tecnología de vanguardia que nos permitirá afrontar estos retos. En conjunto, este proyecto de investigación pretende incrementar el conocimiento en las bases moleculares del proceso neurodegenerativo de la EP asociado a la proteína a-SYN con proyección inmediata en el establecimiento de nuevos biomarcadores y tratamientos terapéuticos que puedan ser trasladados a la clínica, para lograr un envejecimiento saludable de nuestra sociedad. Se prevé que durante este periodo de formación la persona sea capaz de elaborar y ejecutar un protocolo de experimentación, incluyendo los controles apropiados, así como la capacidad de interpretar los resultados obtenidos y su exposición a la comunidad científica. Se fomentará y respaldará la participación del candidato en todas las actividades científicas y formativas.</p>	<a href="https://www.iib.uam.es/web/iibm/departamentos?p_id=APGIportlet_WAR_IIBMappPortlets_INSTANCE_kZizqVBj9jPM&amp;p_p_lifecycle=0&amp;_APGIportlet_WAR_">https://www.iib.uam.es/web/iibm/departamentos?p_id=APGIportlet_WAR_IIBMappPortlets_INSTANCE_kZizqVBj9jPM&amp;p_p_lifecycle=0&amp;_APGIportlet_WAR_</a>
JAEINT24_EX_0742	LATORRE GARCÉS, FRANCISCO DE BORJA JAVIER	borja.latorre@csic.es	ESTACION EXPERIMENTAL AULA DEI	Sensores de rayos cósmicos y rayos gamma para la gestión del agua y la conservación del suelo en la agricultura mediterránea	<p>En un contexto de cambio climático, la gestión eficiente del agua y la conservación del suelo son dos desafíos cruciales para la agricultura mediterránea. El proyecto busca abordarlos mediante el desarrollo e implementación de técnicas nucleares innovadoras para estimar el contenido de agua del suelo (SWC) a escala de campo. El objetivo principal es implementar Sensores de Neutrones de Rayos Cósmicos (CRNS) y Espectroscopia Gamma Proximal (PGRS) para la evaluación precisa y a escala de campo del SWC en agrosistemas mediterráneos. Para lograrlo, se llevarán a cabo las siguientes actividades: 1) Monitoreo del SWC en cultivos irrigados: Se instalarán y operarán CRNS y PGRS estacionarios para recopilar datos precisos del SWC. Estos datos se utilizarán para desarrollar estrategias de gestión del agua que optimicen el riego y la productividad agrícola. 2) Evaluación del SWC en agrosistemas de secano: Se utilizarán CRNS y PGRS móviles para mapear el SWC y analizar su impacto en la erosión del suelo. Se desarrollarán medidas para mitigar la degradación del suelo y promover la sostenibilidad a largo plazo. 3) Desarrollo de modelos y productos de software: Se crearán modelos para estimar el SWC a partir de datos de sensores. Se desarrollarán herramientas software para la visualización, análisis y gestión de datos, adaptadas a las condiciones específicas de los agrosistemas mediterráneos. 4) Investigación de nuevos materiales: Se evaluarán centelleadores y fotodetectores para mejorar la sensibilidad y precisión de los sensores. Se optimizará la tecnología para su aplicación en condiciones mediterráneas, asegurando su eficacia y viabilidad en este contexto. El beneficiario de la ayuda JAE Intro recibirá una formación multidisciplinar en física nuclear y su aplicación en la medición del SWC, manejo del agua en cultivos irrigados y de secano, técnicas de modelado matemático para la estimación del SWC, instalación y operación de sensores en condiciones de campo, análisis de laboratorio y gestión de bases de datos. Con esta formación integral, el beneficiario podrá aportar su conocimiento y habilidades, impulsando el desarrollo de soluciones innovadoras para la gestión del agua y la conservación del suelo en la agricultura mediterránea.</p>	<a href="https://www.eead.csic.es/web/guest/research/eeesa/index">https://www.eead.csic.es/web/guest/research/eeesa/index</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0668	LECHUGA CHICA, MIGUEL ANGEL	miguel.lechuga@iam.csic.es	INSTITUTO DE ARQUEOLOGIA-MERIDA	Tras las huellas del conflicto. Análisis arqueológico del entorno de los castros de la cuenca media del río Tajo en el final de la protohistoria.	Las nuevas líneas de investigación relacionadas con el estudio de la guerra en la antigüedad, entendida en sus múltiples manifestaciones, han motivado una renovación metodológica a la hora de abordar el análisis arqueológico de los conflictos bélicos durante el final de la protohistoria. Las fuentes literarias romanas ilustran como gran parte del cuadrante suroccidental de la península estuvo en estado de guerra casi permanente entre los siglos II y I a.n.e. La investigación arqueológica está comenzando a generar nuevos datos que aportan información directa sobre las interacciones de los ejércitos romanos con las poblaciones locales. En este contexto, el desarrollo de diferentes proyectos de investigación de carácter interdisciplinar integrados por una amplia batería de sistemas de registro no invasivo encabezados por Victorino Mayoral, ha permitido obtener una radiografía extensiva de los castros de Villaviejas del Tajuja (Botija) y el Cerro de la Breña (Talaván), ambos en la provincia de Cáceres. Su conocimiento arqueológico, estrecha relación espacial y coetaneidad, les confiere una excepcional coyuntura para implementar una estrategia de registro que pretende detectar las huellas derivadas de posibles acciones violentas acometidas contra sus sistemas defensivos. En base a estos antecedentes planteamos un plan de trabajo estructurado en cuatro fases: Fase 1. Desarrollo de trabajos de documentación arqueológica mediante microprospección con detector de metales y georreferenciación (GNNS) de los elementos metálicos superficiales identificados en el entorno de los dos castros seleccionados. Fase 2. Registro, dibujo y fotografiado del material recuperado. Establecimiento de categorías y tipologías de materiales con el objetivo de identificar posibles evidencias materiales derivadas de acciones bélicas. Elaboración de una base de datos georreferenciada del registro recuperado. Gestión e implementación de la documentación generada en un Sistema de Información Geográfica. Fase 3. Determinación de las relaciones espaciales del registro metálico. Elaboración de análisis relacionales entre el registro obtenido y los elementos que definen los sistemas defensivos de los castros (murallas, fosos, bastiones-torres, accesos). Fase 4. Planteamiento de una propuesta interpretativa que articule los resultados obtenidos con los antecedentes de investigación de los casos de estudio seleccionados y con el contexto de investigación regional, el valle medio del río Tajo.	<a href="http://www.iam.csic.es">http://www.iam.csic.es</a>
JAEINT24_EX_1358	LECONA SAGRADO, EMILIO	elecona@cibm.csic.es	CENTRO DE BIOLOGIA MOLECULAR SEVERO OCHOA	Regulación de la composición del replisoma en presencia de estrés replicativo	La replicación del ADN es el proceso que media la copia de la información genética de una célula. La proliferación excesiva de las células tumorales genera un aumento en los problemas que impiden el correcto avance de las horquillas, el estrés replicativo. Por lo tanto, las células tumorales dependen de la respuesta al estrés replicativo para mantener la integridad de su genoma y permitir su proliferación en estas condiciones. Esto ha llevado al diseño de inhibidores de la ATR y CHK1, las principales quinasas de la respuesta al estrés replicativo, que inducen la muerte celular de forma selectiva en diferentes tipos de tumores. Sin embargo, se desconoce cómo afecta la presencia de estrés replicativo o la inhibición de la respuesta a estrés replicativo a la maquinaria de la replicación. Nuestro grupo está interesado en entender cómo se controla la composición del replisoma, la maquinaria que media la replicación del ADN. En los últimos años hemos aportado múltiples avances para entender el papel de las modificaciones post-traduccionales por ubiquitina y SUMO en el mantenimiento de la integridad del replisoma. Hemos demostrado que el mantenimiento de un ambiente rico en SUMO en el replisoma es necesario para evitar el desensamblaje del replisoma y mantener la replicación del ADN. A continuación, estamos abordando la caracterización proteómica de la composición del replisoma en diferentes contextos de cromatina para definir las funciones de factores de replicación y reparación en estas regiones. En este proyecto se plantea el estudio proteómico de la composición del replisoma en respuesta a la presencia de niveles moderados de estrés replicativo, de manera similar a lo observado en cáncer. Adicionalmente, se estudiará el efecto de la inhibición de ATR en la composición del replisoma. Con estos experimentos queremos entender cómo responde la maquinaria de la replicación al estrés replicativo para adaptar la dinámica de la replicación a estos insultos. Nuestros resultados nos permitirán identificar factores de replicación importantes para la proliferación de células tumorales y mecanismos de resistencia a los inhibidores de ATR.	<a href="https://www.cbm.uam.es/elecona">https://www.cbm.uam.es/elecona</a>
JAEINT24_EX_0221	LEYVA TEJADA, ANTONIO DE	aleyva@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Identificación de los Mecanismos de Percepción de Arsénico en Plantas	El trabajo que se propone es la caracterización de los mecanismos subyacentes a la percepción y adaptación del crecimiento a las plantas a la intensidad de estrés en plantas. Esta cuestión, importante en biología es particularmente relevante en la actualidad, ya que los modelos climáticos predicen que en un futuro cercano los cultivos se enfrentarán a condiciones ambientales severas, en particular, temperaturas extremas, sequías, plagas, regímenes bajos de nutrientes o la disponibilidad repentina de compuestos tóxicos. Entre todos los compuestos tóxicos presentes en la biosfera, el arsénico ha sido un estrés persistente desde el inicio de la vida y, consecuentemente, todos los organismos presentan estrategias para hacer frente al metaloide, algunas de ellas conservadas entre diferentes tipos de organismos. En términos de desarrollo, la primera respuesta de las plantas a arsénico es la detención del crecimiento radicular, lo que sugiere que existen mecanismos de adaptación del crecimiento a la presencia del metaloide. En nuestro laboratorio hemos identificado una colección de factores de transcripción implicados en la respuesta a arsénico en Arabidopsis. Entre ellos, encontramos reguladores de la respuesta a arsénico que juegan un papel clave en el control del crecimiento. En esta propuesta pretendemos estudiar cómo las plantas adaptan su crecimiento a la presencia de arsénico y determinar el papel de las proteínas identificadas en este proceso. Además, proponemos identificar proteínas que participen en la percepción de arsénico. Mediante esta ayuda la persona que se incorpore adquirirá experiencia en la utilización de distintas aproximaciones genéticas, genómicas y proteómicas para identificar estas proteínas. Finalmente, nuestro objetivo es identificar y caracterizar en arroz, el papel de las proteínas identificadas, en este importante cultivo básico para la alimentación de millones de seres humanos que acumula grandes cantidades de arsénico, sufriendo importantes pérdidas de rendimiento. Todos estos esfuerzos ayudaran a obtener, en un futuro cercano, nuevas variedades de arroz preparadas para pre-aclimatarse al arsénico, proporcionando un crecimiento sostenido y eficiente en presencia de arsénico, además de evitar su acumulación en el grano. Con esta solicitud estamos buscando una persona entusiasta con ganas de incorporarse en un entorno científico vibrante para en el futuro poder iniciar una carrera académica en el campo de las ciencias de la vida.	<a href="http://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/genetica-molecular-de-plantas/leyva">http://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/genetica-molecular-de-plantas/leyva</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1506	LIETHA , DANIEL	daniel.lietha@cib.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS MARGARITA SALAS	Structure and mechanisms in cell migration and cancer invasion.	The Focal Adhesion (FA) complex plays a key role in mammalian cell migration and in cancer is responsible for invasion of cancer cells into neighbouring tissues and metastasis. FAs act as the feet of the cell enabling and regulating traction forces for directional cell movement. In our lab we reconstitute the FA complex with purified components for structural and mechanistic studies to understand at atomic level how the complex forms and regulates cell migration. We use a bottom up approach, stepwise building up complexity layer by layer. We previously obtained high resolution structural data by cryo-Electron Microscopy (cryoEM) of the bottom layer in FAs, containing the protein Focal Adhesion Kinase (FAK) bound to a lipid membrane. Together with biochemical studies this provided an atomic picture of how FA signalling in this layer is regulated by membrane interactions (Acebrón et al, 2020, EMBO J;39:104743). The JAE Intro student will participate in a project that studies how the FAK signalling layer in FAs interacts and integrates with other FA proteins, including Src, paxillin, vinculin and talin and how these interactions regulate FAK signalling and in turn cell migration. The student will work closely together with a postdoc and the PI in the group. She/He will first learn how to obtain highly purified FA proteins for the study using multiple chromatographic techniques. These proteins will then be used to reconstitute complexes, both in solution and on lipid membranes. We will then employ structural biology methods, including cryoEM and X-ray crystallography to obtain atomic structures of these protein complexes. The structural studies are complemented with extensive biochemical and biophysical analysis to monitor interactions and biochemical activity. The work will also involve computational modelling of the atomic structures to allow interpretation of results in context of the atomic structures. We have already shown that the components form a stable complex, demonstrating the feasibility of the project. During this project, the student will therefore obtain a thorough training of essential structural, biochemical and biophysical techniques, which will be highly valuable for her/his future career. This project is performed within an international collaboration with groups that specialise in force spectroscopy (Gaub/Lipfert, LMU Munich), computational simulations (Gräter, University of Heidelberg) and cancer cell biology (Frame, CRUK Edinburg)	<a href="https://www.cib.csic.es/research/structural-and-chemical-biology/cell-signalling-and-adhesion">https://www.cib.csic.es/research/structural-and-chemical-biology/cell-signalling-and-adhesion</a>
JAEINT24_EX_1159	LINDE LOPEZ, MARIA DOLORES	lolalinde@cib.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS MARGARITA SALAS	Expresión e ingeniería de proteínas de enzimas peroxigenasas	El grupo de Biotecnología para la Biomasa Lignocelulósica del CIB se centra en el desarrollo de biocatalizadores capaces de convertir materias primas renovables en compuestos de alto valor. Para ello, está implicado en diferentes proyectos, entre los que se incluye el proyecto europeo ROBUSTOO (HORIZON-CL6-2023-CIRCBO-01-5). El trabajo del candidato JAE Intro se incluye en esta línea de investigación utilizando oxidorreductasas microbianas, específicamente, peroxigenasas inespecíficas (UPOs). Estas enzimas son capaces de producir epóxidos a partir de ácidos grasos insaturados mediante reacciones de oxigenación. Actualmente, la producción industrial de epóxidos de ácidos grasos se lleva a cabo mediante la reacción de Prileschajew empleando alquenos como sustrato y perácidos como oxidantes en un medio orgánico. La implementación de los aceites vegetales como fuente de materia prima y el uso de UPOs como catalizadores mejora la sostenibilidad del proceso de producción de epóxidos. Además, las UPOs catalizan reacciones de oxifuncionalización con gran variedad de moléculas de forma altamente regio- y estereoselectiva, dando lugar a compuestos de interés. El candidato JAE Intro expresará heterológicamente una UPO seleccionada en Escherichia coli empleando la metodología aplicada a la recientemente expresada UPO de Collariella virescens (syn. Chaetomium virescens) [1]. Se evaluará la actividad de la UPO frente a sustratos de interés y se modificará mediante ingeniería de proteínas empleando: i) diseño racional (sustitución de aminoácidos concretos en base a análisis de estructuras cristallográficas o de modelos moleculares) y/o ii) evolución dirigida (iteraciones de mutagénesis al azar y selección de las mejores variantes obtenidas). Para esto se optimizará un método de high-throughput screening que permita identificar las variantes mejoradas tanto en actividad como en robustez para las condiciones de reacción a nivel industrial. El candidato JAE Intro trabajará en un grupo con experiencia en el desarrollo de biocatalizadores de interés industrial en un entorno europeo, colaborando con PYMES y otros grupos de investigación. Aprenderá diversas técnicas de biología molecular, bioquímica e ingeniería de enzimas, interactuando con investigadores en diferentes etapas de su carrera científica, incluyendo estudiantes predoctorales, postdoctorales e investigadores consolidados. [1] Linde, D. et al 2020. Appl. Environ. Microbiol. 86, e02899-19. doi:10.1128/AEM.02899	<a href="https://www.cib.csic.es/research/microbial-plant-biotechnology/biotechnology-lignocellulosic-biomass">https://www.cib.csic.es/research/microbial-plant-biotechnology/biotechnology-lignocellulosic-biomass</a>
JAEINT24_EX_0453	LINK GROSSLINGER, WOLFGANG ALEXANDER	wlink222@gmail.com	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES BIOMÉDICAS SOLS-MORREALE	Characterizing the role of the oncoprotein TRIB2 in melanoma	Nuestro grupo de investigación se dedica a comprender y manipular terapéuticamente los mecanismos moleculares subyacentes al envejecimiento y al cáncer. Esta oportunidad de formación y desarrollo se enmarca en un proyecto financiado centrado en comprender los mecanismos de resistencia a los tratamientos contra el cáncer. Recientemente, nuestro equipo realizó un descubrimiento significativo al identificar un nuevo mecanismo de resistencia a la terapia mediado por la oncoproteína TRIB2, que hemos reconocido como un represor del gen supresor de tumores y longevidad FOXO3. Críticamente, hemos identificado compuestos capaces de eliminar TRIB2 de las células cancerosas. Nuestro enfoque multidisciplinario integra técnicas avanzadas en biología molecular y celular para comprender a fondo cómo TRIB2 funciona como una oncoproteína, regulando las actividades de las células madre e inmunitarias y, en última instancia, conferir resistencia al tratamiento del tumor. Nuestra metodología incluye edición de genes mediante CRISPR/Cas9, secuenciación de ARN de próxima generación (NGS), proteómica basada en espectrometría de masas, manejo y cribado de compuestos químicos, ensayos de formación de esferoides y análisis de dilución limitante (ELDA) para la investigación de células madre. Utilizamos principalmente el melanoma como nuestro modelo, debido a su naturaleza agresiva, con el objetivo no solo de descifrar los mecanismos de TRIB2, sino también de desarrollar inhibidores de TRIB2 que puedan tener un impacto significativo en los resultados clínicos para los pacientes con melanoma. Bajo la dirección del Investigador Principal Wolfgang Link, nuestro equipo de investigación cuenta con dos investigadores postdoctorales que brindan mentoría y apoyo dedicados. También mantenemos una sólida red de colaboradores nacionales e internacionales, así como una estrecha colaboración con una empresa biotecnológica (el IP es cofundador de Refoxy Pharma GmbH). Como resultado, el estudiante que se una a nuestro equipo se beneficiará de un entorno colaborativo y de apoyo para su formación y desarrollo.	<a href="https://www.iib.uam.es/en/web/iibm/home#gsc.tab=0">https://www.iib.uam.es/en/web/iibm/home#gsc.tab=0</a>



REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0843	LISON PARRAGA, PURIFICACION	plison@ibmcp.upv.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA MOLECULAR Y CELULAR DE PLANTAS PRIMO YUFERA	Papel de los compuestos orgánicos volátiles en la comunicación defensiva de plantas de tomate frente a bacteria: más allá del aroma	Una de las estrategias sostenibles para combatir estreses vegetales consiste en la identificación de compuestos inductores de la respuesta defensiva de las plantas. Entre éstos, los compuestos orgánicos volátiles (VOCs) representan un grupo muy abundante de metabolitos secundarios en plantas y son componentes comunes de su aroma, pudiendo activar la respuesta defensiva en plantas frente a patógenos e insectos. Por su estructura se clasifican en tres grandes grupos: terpenos, bencenoides y derivados de ácidos grasos, entre los que destacan los volátiles de hoja verde (GLVs). En nuestro laboratorio hemos descrito la emisión diferencial de ciertos compuestos volátiles en plantas de tomate que resisten o no una infección bacteriana denominándolos el aroma de la resistencia o de la muerte, respectivamente. El aroma de la resistencia está principalmente formado por monoterpenos hidroxilados (HMTp) y GLVs, mientras que los bencenoides, sesqui- y monoterpenos configuran el aroma de la muerte. El objetivo general del proyecto es estudiar la capacidad de estos VOCs para activar la defensa en las plantas vecinas (comunicación entre plantas). Además, se explorará una nueva dimensión de la señalización defensiva mediada por estos volátiles en la propia planta (comunicación intra-planta en la parte superior e inferior), al considerarse que los VOCs emitidos por las hojas infectadas pueden ser percibidos y activar la respuesta defensiva en toda la planta, no sólo en los tejidos distales clásicamente considerados conectados a través del floema sino también en aquellos no conectados. Para ello, se dispone de plantas emisoras genéticamente modificadas (e-plantas) con niveles alterados en la producción de estos VOCs tras la infección. Se realizará la caracterización de las e-plantas -estudiando la activación de la respuesta defensiva en la hoja local infectada y en las hojas distales tanto conectadas por el floema (superiores) como no (inferiores)-, y de las plantas receptoras (r-plantas) -cohabitadas en presencia o ausencia de e-plantas infectadas que emiten específicamente diferentes aromas-. La capacidad formativa de este proyecto abarcará desde el manejo de las técnicas clásicas de un laboratorio hasta las más novedosas de análisis instrumental, bioquímica y biología molecular. Las tareas a desarrollar por parte del alumno serán: -Cultivo de plantas de tomate. -Realización de tratamientos exógenos con VOCs en cajas de metacrilato. -Infección con diferentes patógenos.	<a href="https://ibmcp.upv.es/grupos-investigacion/senalizacion-y-respuesta-al-estres-biotico/">https://ibmcp.upv.es/grupos-investigacion/senalizacion-y-respuesta-al-estres-biotico/</a>
JAEINT24_EX_1270	LLACER GUERRI, JOSE LUIS	jllacer@bv.csic.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA DE VALENCIA	Bases moleculares del reconocimiento del codón de inicio en la iniciación de la traducción	La etapa de iniciación de la síntesis de proteínas, también denominada traducción, es crucial, y no sorprende por tanto que en humanos su desregulación está relacionada con diversas enfermedades, incluidos trastornos metabólicos, neurodegeneración y cáncer. Un proyecto importante del grupo es comprender qué determina el reconocimiento del codón de inicio en el inicio de la traducción, no solo en eucariotas sino también en organismos procariontes. La identidad del codón de iniciación y la complejidad de las regiones 5' no traducidas y Shine-Dalgarno determinan que proteína se sintetiza y en qué cantidad. Las condiciones de estrés activan mecanismos alternativos, lo que resalta la importancia de comprender las bases estructurales del inicio de la traducción para comprender las bases moleculares y estructurales de las enfermedades humanas anteriormente mencionadas y para combatir eficazmente infecciones bacterianas. En más detalle, el proyecto contempla la obtención de complejos de iniciación en presencia de codones de iniciación AUG (o codones alternativos que difieren en una sola base) y mediante el uso de técnicas de criomicroscopía electrónica (cryoEM) y de interactómica, explorar la influencia de dichas pequeñas variaciones en el RNAm sobre el inicio de la traducción, y como ciertos antibióticos pueden afectar a la discriminación de estos codones durante el inicio de la traducción bacteriana. Ya hemos reunido casi todos los componentes (eIF1, eIF1A, eIF2, eIF3, eIF5 y ribosomas 40S de levaduras; IF1, IF2, IF3, ribosomas 30S bacterianos) y tenemos experiencia previa en la preparación de rejillas de cryoEM de tales complejos. La labor del estudiante sería ayudar a preparar el tRNA iniciador (Met-tRNA) eucariótico y el bacteriano, y ayudar a ensamblar los complejos de iniciación bacterianos (principalmente de Mycobacterium tuberculosis) y eucarióticos 48S y preparar rejillas de cryoEM de estos complejos. También exploraría las rejillas en microscopios electrónicos y si es posible se recogerían datos a alta resolución de dichos complejos de iniciación.	<a href="https://www.ibv.csic.es/project/regulacion-de-la-sintesis-de-proteinas/">https://www.ibv.csic.es/project/regulacion-de-la-sintesis-de-proteinas/</a>
JAEINT24_EX_1250	LLAMAS LORENTE, MARIA ANTONIA	marian.llamas@eez.csic.es	ESTACION EXPERIMENTAL DEL ZAIDIN	Papel de los factores sigmaECF del patógeno humano Pseudomonas aeruginosa en virulencia y su posible uso como dianas terapéuticas	Pseudomonas aeruginosa es un patógeno humano que causa una amplia gama de infecciones agudas y crónicas, especialmente en pacientes inmunocomprometidos y con fibrosis quística. Es además la principal causa de infecciones intrahospitalarias. Debido a su propagación mundial y al número creciente de cepas de P. aeruginosa multirresistentes a antibióticos, la Organización Mundial de la Salud (OMS) ha declarado a esta bacteria como uno de los patógenos en los que la investigación y desarrollo de nuevas estrategias para su erradicación resulta prioritario. P. aeruginosa posee una gran variedad de factores de virulencia que le permite infectar y colonizar prácticamente cualquier tejido del cuerpo humano. Una etapa crítica del proceso infeccioso es la capacidad del patógeno de detectar y adaptarse al hospedador. Por tanto, la interferencia con los mecanismos de señalización que permiten este proceso representa una estrategia prometedora para combatir patógenos bacterianos. P. aeruginosa contiene un número muy elevado de sistemas de señalización que le permiten la detección del hospedador y la expresión de factores de virulencia. Entre ellos, los factores sigma de función extracitoplásmica (ECF) son importantes proteínas de señalización que controlan muchos procesos de virulencia en este patógeno. Usando una estrategia multidisciplinaria basada en enfoques en los campos de la microbiología, biología molecular, experimentación animal, bioquímica, biofísica, bioinformática y biología estructural, el objetivo del trabajo que llevamos a cabo en nuestro grupo de investigación es estudiar diferentes aspectos de la señalización mediada por factores sigma ECF en P. aeruginosa con el fin de identificar nuevas dianas para el desarrollo de nuevos antimicrobianos capaces de bloquear la virulencia de este patógeno.	<a href="https://www.eez.csic.es/microbiologia-ambiental-y-biotecnologia">https://www.eez.csic.es/microbiologia-ambiental-y-biotecnologia</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1245	LLAVE BARRANCO, ESTEFANIA	e.llave.2@csic.es	INSTITUTO GEOLOGICO Y MINERO DE ESPAÑA	Caracterización de sedimentos marinos profundos como potenciales almacenes geológicos	Dentro del marco del proyecto recientemente aprobado PID2021-123825OB-I00, y de Acrónimo ALGEMAR, se pretende mejorar el conocimiento de los depósitos marinos profundos, en concreto de los generados por la interacción de procesos sedimentarios gravitacionales y de corrientes de fondo. Su estudio está en pleno auge tanto en el mundo académico (reconstrucciones paleoclimáticas y paleoceanográficas), como en la industria (gran potencial como recursos energéticos y secuestro de dióxido de carbono). Sin embargo, aún existe un gran desconocimiento sobre cómo se generan y evolucionan, así como sus implicaciones socio-económicas. El objetivo principal de este trabajo es la caracterización de facies sedimentarias de sedimentos marinos profundos y precisar su viabilidad como almacenes geológicos de energía y de CO2 antropogénico. Los sistemas deposicionales contortados y mixtos (turbidíticos re trabajados por las corrientes de fondo) que se van a estudiar en detalle se localizan en el Golfo de Cádiz y cuencas adyacentes (cuencas del Guadalquivir y Rharb), y se han desarrollado durante el Mioceno superior bajo la influencia del intercambio Mediterráneo-Atlántico de masas de agua a través de los corredores del Guadalquivir y Rifeño. Para el análisis de facies sedimentarias se propone un estudio integral y multidisciplinar de los afloramientos, sondeos y testigos previos, y aquellos que se obtendrán en campañas de campo y de perforación marina profunda futuras, con el fin de realizar la caracterización sedimentológica, mineralógica, geoquímica y petrográfica de las formaciones arenosas.	<a href="https://www.csic.es/es/investigacion/grupos-de-investigacion/geofisica-y-geologia-del-subsuelo-geofsub">https://www.csic.es/es/investigacion/grupos-de-investigacion/geofisica-y-geologia-del-subsuelo-geofsub</a>
JAEINT24_EX_0441	LLIMARGAS CASANOVA, MARTA	mlcbmc@bmb.csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA MOLECULAR DE BARCELONA	Tubular organ morphogenesis	Many internal organs are organised as tubular structures, like lungs, kidneys, mammary glands or the vascular system. This type of structural organisation is critical for the function of these organs, which is the transport of gases, liquids or cells within the bodies. The formation (morphogenesis) of these organs during embryonic development involves an intricate, organised and complex combination of changes at the cellular level that ensure a physiologically functional mature organ. Are you curious to understand how the cells form tubes?, how the organ spreads and grows within the organism? how the organ differentiate to perform its function? how the organ interacts with the environment to develop? how is the spatiotemporal pattern of morphogenesis genetically controlled? and which molecular mechanisms are at play? These are the questions that we approach in the lab using the tracheal system of the fruitfly <i>Drosophila melanogaster</i> , which consists of a network of epithelial tubes that oxygenate the organism. As the mechanisms of morphogenesis of tubular organs have been highly conserved during evolution, tracheal development has become an ideal, amenable and tractable model system to investigate these issues. The proposed project aims to understand the cross-talk between the tracheal epithelium and the apical ECM, which is a specialized chitin-based structure. We have identified the genetic requirements, i.e. the factors necessary and sufficient for the formation of the matrix, and we aim to understand how these factors interact and deposit the matrix. We also aim to investigate the presumptive signals and/or mechanosensors in the ECM and the tracheal epithelium involved in the proper morphogenesis of the tissue. Our work lies at the interface of developmental biology, morphogenesis and cell biology, and requires advanced imaging techniques, as well as genetic, cell biology, biochemical and molecular biology techniques. The project involves the analysis of different mutant conditions by genetic experiments, tissue processing for cell biology experiments, in vivo imaging and state-of-the-art microscopy, and data analysis.	<a href="https://www.ibmb.csic.es/en/departament-of-cells-and-tissues/mechanisms-of-morphogenesis-and-organogenesis/">https://www.ibmb.csic.es/en/departament-of-cells-and-tissues/mechanisms-of-morphogenesis-and-organogenesis/</a>
JAEINT24_EX_0013	LLORENS GONZALEZ, TERESA	t.llorens@csic.es	INSTITUTO GEOLOGICO Y MINERO DE ESPAÑA	Análisis y evolución de materias primas críticas en sistemas magmático-hidrotermales	El candidato se formará en la Unidad del IGME en Salamanca, en el seno del Grupo de Investigación GECOMIN, que actualmente está trabajando en la puesta en marcha de un programa nacional de investigación público-privado de recursos minerales (Proyecto MPMIN en colaboración con la Subdirección General de Minas); y con el apoyo de la Unidad de Investigación Consolidada (UIC) de Castilla y León nº 359, centrada en el estudio geológico-estructural y de recursos minerales en el sector oeste del Macizo Varisco español, e integrada por un equipo multidisciplinar de especialistas en yacimientos minerales, mineralogía, petrología, geología estructural, tectónica y cartografía geológica. El objetivo del plan de formación es que el candidato se aproxime al estudio y evolución de las mineralizaciones de Sn-Li-Nb-Ta en sistemas magmático-hidrotermales del Macizo Ibérico, con el fin de determinar el modelo metalogénico, a través de las siguientes actividades: (i) estudio del contexto geotectónico en el que se enmarcan o que condicionan las mineralizaciones, combinados en la medida de lo posible con la interpretación de imágenes satelitales hiperspectrales y mapas de prospección geofísica, así como representación en SIG; (ii) técnicas de muestreo de las diferentes unidades y mineralizaciones; (iii) caracterización petrográfica, química y mineralógica mediante microscopía óptica y electrónica, fluorescencia de rayos X, ICP-MS y ablación láser (LA-ICP-MS), catodoluminiscencia, microsonda electrónica, QUEMSCAN o MLA, difracción de rayos X y espectrometría hiperspectral; (iv) estudios de geocronología U-Pb con diversas técnicas (TIMS, SHRIMP, LA-ICP-MS), aplicado a diferentes minerales, tanto de la roca encajante como de la mineralización; (v) aproximación al análisis de inclusiones fluidas e isotópicas, tanto estables como radiogénicas; (vi) formación básica en el tratamiento y modelización de datos geoquímicos mediante el uso de software específico.	<a href="https://www.csic.es/es/investigacion/grupos-de-investigacion/geologia-economica-de-los-recursos-minerales-gi-geocomin">https://www.csic.es/es/investigacion/grupos-de-investigacion/geologia-economica-de-los-recursos-minerales-gi-geocomin</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0996	LLORENTE CORTES, CONCEPCION VICENTA	vicenta.llorente@iibb.csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES BIOMEDICAS DE BARCELONA	Impacto de las lipoproteínas de la dieta en la función mitocondrial del corazón	El estudiante JAE participará en un proyecto en el que abordamos un problema clínico que ha pasado desapercibido hasta el momento y que consiste en la acumulación de colesterol esterificado en los cardiomiocitos y su implicación en el desarrollo de disfunción miocárdica. Hemos identificado un proceso sin precedentes que explica como el colesterol circulante puede llegar a causar insuficiencia cardiaca, independientemente de la formación de placas y coágulos que bloquean el transporte de sangre al corazón. Descubrimos que las mitocondrias, el motor que proporciona la energía necesaria para que el corazón pueda latir de forma ininterrumpida, se dañan de forma reversible porque acumulan colesterol esterificado procedente de las lipoproteínas modificadas. Por ello, en el grupo estamos desarrollando anticuerpos monoclonales que bloquean la interacción de las lipoproteínas modificadas con la proteína de membrana celular (LRP1) que transporta el colesterol esterificado desde las lipoproteínas al interior del cardiomiocito y de la mitocondria, dañándola. Las principales actividades en las que participará el estudiante JAE serán: 1. Generación del anticuerpo monoclonal anti-P3 (LRP1)_P3 es la secuencia clave para la interacción de LRP1 con el epitopo de la ApoB100 que participa en la unión de las LDLs modificadas al receptor LRP1. 2. Inmunización de los ratones y titulación de los anticuerpos. Trás la inmunización de ratones, se titularán los anticuerpos policlonales mediante ELISA. Se disgregará el bazo de los ratones inmunizados y se realizará la fusión de células individuales con las de mieloma para generar anticuerpos monoclonales. 3. Selección de los mejores candidatos. Se seleccionaran los mejores candidatos contra la diana antigénica P3 mediante ELISA indirecto y se producirá el anticuerpo monoclonal anti-P3 (anti-P3 mAb) para los ensayos in vitro. Las actividades 1,2 y 3 se realizarán en colaboración con el grupo N4b (IQAC-CSIC, CIBER-BBN). 4. Efecto de los mAb en la recuperación de la actividad mitocondrial en cardiomiocitos humanos con insuficiencia mitocondrial. Se generará un modelo de cardiomiocitos con disfunción mitocondrial inducida por carga intracelular de colesterol y se estudiará el efecto del tratamiento con mAbs en la recuperación de la actividad mitocondrial. Esta actividad comporta el aislamiento y modificación de las LDL, la medición de lípidos intracelulares y el estudio de la actividad respiratoria mitocondrial en los cardiomiocitos	<a href="https://www.iibb.csic.es/es/research/797">https://www.iibb.csic.es/es/research/797</a>
JAEINT24_EX_0146	LLORENTE DE GRACIA, FRANCISCO	dgracia@inia.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACION EN SANIDAD ANIMAL	Estudios de patogenicidad, expansión y diagnóstico del Virus del Nilo Occidental y otros flavivirus	Las enfermedades víricas emergentes de los animales ocasionan graves repercusiones económicas y sanitarias. Algunas son zoonosis y causan además un gran impacto en salud pública. Las investigaciones del grupo de Enfermedades Emergentes y Transfronterizas van dirigidas a la mejora del conocimiento de estas enfermedades y de los patógenos que las producen, así como al desarrollo de tecnologías y estrategias para su prevención, diagnóstico y control. Una de nuestras líneas de trabajo es el estudio del virus del Nilo Occidental o West Nile y otras arbovirosis. El virus West Nile (WNV) causa una grave enfermedad neuroinvasiva en équidos, aves y humanos. Es una enfermedad emergente cuya incidencia y distribución geográfica ha aumentado mucho en los últimos años, con graves repercusiones en sanidad animal y salud pública. De igual manera, otros virus transmitidos por vectores artrópodos (arbovirus) como Usutu, Bagaza, etc. están emergiendo en diversas partes del planeta en un proceso que parece tener conexión con el cambio global. Las principales líneas de investigación en este área llevadas a cabo en el laboratorio son: A) Estudios "in vivo" de patogenicidad de diversas cepas de WNV en diferentes hospedadores aviares. Evaluación de las interacciones patógeno/hospedador, estudio de la protección cruzada y vías de transmisión. B) Análisis de la dispersión y evolución de WNV y otros flavivirus en nuestro país mediante estudios serológicos y de epidemiología molecular. C) Desarrollo de herramientas para una mejor detección y control de estas enfermedades, en colaboración con grupos de virología humana, entomología, salud pública y ecología, mediante una aproximación "Una sola salud" ("One Health"). La persona seleccionada sería formada en técnicas de diagnóstico de enfermedades infecciosas y en experimentación animal, participando en los proyectos que llevamos a cabo en el grupo. El plan de formación incluiría el análisis y estudio de resultados de experimentos de evaluación de patogenicidad en modelos animales, como ratones y perdicés, de virus transmitidos por vectores como el virus West Nile. También sería formado en distintas técnicas de detección viral tanto molecular como serológico, tanto en muestras de campo como en muestras de infecciones experimentales, para distintas enfermedades producidas por arbovirus y otros virus animales que afectan a la ganadería y fauna silvestre.	<a href="https://www.inia.es/investigacion/animal/sanidad/Enfermedades%20emergentes%20y%20transfronterizas/Pages/Home.aspx?PageName=Enfermedades%20em">https://www.inia.es/investigacion/animal/sanidad/Enfermedades%20emergentes%20y%20transfronterizas/Pages/Home.aspx?PageName=Enfermedades%20em</a>
JAEINT24_EX_1137	LLORET IGLESIAS, LARA	lara.lloret@csic.es	INSTITUTO DE FISICA DE CANTABRIA	Desarrollo de herramientas de análisis del lenguaje natural basadas en inteligencia artificial	En este proyecto se utilizarán herramientas basadas en inteligencia artificial para el análisis del Corpus de Español de los Negocios (CORPEN) proporcionado por la Fundación Comillas. Se desarrollará una arquitectura de red Long Short Term Memory (LSTM). Las redes LSTM son un tipo de red neuronal recurrente que se ha convertido en una de las arquitecturas más populares para el procesamiento de datos secuenciales. A diferencia de otras redes recurrentes, las redes LSTM pueden mantener y utilizar información a largo plazo, lo que las hace especialmente útiles para el procesamiento del lenguaje natural y la comprensión de textos, siendo capaces de modelar secuencias de alta complejidad. El proyecto pretende utilizar las redes LSTM para automatizar el proceso de codificación del CORPEN. También se explorarán opciones tipo GPT. Los objetivos concretos del proyecto son: 1. El diseño de una herramienta de filtrado de tipos de textos (por ejemplo, noticias) que permita una rápida y eficiente búsqueda de información específica dentro de un gran conjunto de datos. En lugar de tener que examinar manualmente cada artículo de noticias para encontrar la información relevante. La herramienta desarrollada servirá para ayudar a los codificadores a identificar tendencias y patrones y automatizar los procesos en gran medida. 2. La creación de una herramienta de clasificación textual para analizar y entender la forma en que se utiliza el lenguaje en diferentes contextos. Esta herramienta permitirá identificar los diferentes géneros discursivos (noticias, opiniones, informes, entre otros) y clasificar automáticamente un gran conjunto de textos en función de su género. El candidato debe de tener algo de experiencia trabajando con herramientas de IA.	<a href="http://fca.unican.es">fca.unican.es</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1575	LLOSA BLAS, MATXALEN	llosam@unican.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA Y BIOTECNOLOGÍA DE CANTABRIA	Modificación genética de cepas comensales silvestres de Staphylococcus para aplicaciones biomédicas	Staphylococcus epidermidis, S. hominis y S. pasteuri son habitantes habituales de la piel humana, y patógenos oportunistas. Se trata de cepas de difícil modificación genética, especialmente las cepas silvestres, que son las de mayor potencial biomédico. S. epidermidis ha sido recientemente utilizado para la expresión tópica de antígenos que induzcan una respuesta inmune contra el melanoma (Chen y cols. 2023, Science, doi: 10.1126/science.abp9563). También se está estudiando la posible aplicación de S. pasteuri para la prevención de infecciones con S. aureus. Nuestro laboratorio ha demostrado que se puede modificar cepas silvestres de S epidermidis por conjugación (Samperio y cols 2021, doi 10.3389/fmicb.2021.606629). Lo que proponemos en este trabajo es optimizar este protocolo y extender la conjugación como herramienta para modificar estafilococos de interés biomédico, como S. hominis y S. pasteuri; y combinar la conjugación como herramienta de introducción de plásmidos, con otros elementos para desarrollar herramientas de modificación genética. Para demostrar la utilidad de esta vía de modificación genética, enviaremos a S epidermidis genes que codifiquen para antígenos de manera similar a como hicieron Chen y cols. Posteriormente, utilizaremos la conjugación para enviar herramientas de modificación genética de uso habitual, como los plásmidos suicidas con cassettes de recombinación homóloga, y los plásmidos integrativos, adaptando un protocolo ya existente (Martín y cols 2000, DOI: 10.1128/aem.66.6.2599-2604.2000) que permite seleccionar la integración y posterior resolución del material genético exógeno considerado no QPS. Finalmente, enviaremos por conjugación los sistemas CRISPR-Cas de modificación genética basándonos en un proyecto en curso en el laboratorio, en el que se envía la nucleasa Cas fusionada a la relaxasa conjugativa, evitando la necesidad de expresarla en la bacteria receptora Guzmán-Herrador y cols 2024, <a href="https://doi.org/10.1101/2024.01.18.576218">https://doi.org/10.1101/2024.01.18.576218</a> ). La persona que se incorpore al grupo durante estos meses aprenderá y aplicará técnicas de microbiología clásica y molecular. Las tareas que se llevarán a cabo (hasta donde el tiempo lo permita) son: - Creación de plásmidos recombinantes por isothermal assembly. - Ensayos de conjugación, tanto entre cepas de E. coli, como desde E. coli a distintas estirpes de Staphylococcus. - Comprobación de la transferencia y establecimiento/integración de plásmidos en estafilococos: secuenciación	<a href="https://web.unican.es/ibbtcec/es-es/sobre-el-ibbtcec/equipo/directorio/detalle-miembro?d=MatxalenLlosaLAB">https://web.unican.es/ibbtcec/es-es/sobre-el-ibbtcec/equipo/directorio/detalle-miembro?d=MatxalenLlosaLAB</a>
JAEINT24_EX_0755	LOBATO MARQUEZ, DAMIAN	damian.jobato@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Host-pathogen interactions in obligate intracellular bacteria	Rickettsia includes emerging obligate intracellular bacteria that cause severe zoonoses worldwide. Globalization, climate change and expansion of urban areas are increasing the transmission of rickettsioses. Despite causing life-threatening infections in humans, as well as the lack of therapeutic treatments, the cell biology and infection process of Rickettsia is poorly understood; this is mainly due to the lack of genetic tools to manipulate these pathogens. To address these issues, we employ novel genetic tools to promote new opportunities to study Rickettsia cell biology, including how Rickettsia effector proteins manipulate the host and how host cells control bacterial infection. Under my supervision the JAE-INTR0 student will learn cutting-edge genetic (cloning, design of chimeric promoters, use of CRISPRi), biochemistry (pull-downs, western blotting) and cell biology (design of recombinant cell lines, DNA transfection, confocal and super-resolution microscopy) approaches. In addition, the JAE-INTR0 student will be trained in the use of novel machine learning-based algorithms to detect effector proteins in bacterial genomes. Under my supervision and with the help of a senior postdoc of my lab, they will also develop soft skills, including how to prepare manuscript figures and presentations for conferences, and evaluation of scientific manuscripts. The CNB is a highly enriching environment, where the JAE-INTR0 student will be exposed to world leaders in synthetic and infection biology that will shape the breadth of their skills and perspectives. They will participate in several CNB events (including departmental seminars and students workshops) that will extend their scientific network. In my lab, the JAE-INTR0 student will be placed on a inspiring and friendly environment composed of 1 PhD student and 1 postdoc.	<a href="https://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/biotecnologia-microbiana/host-pathogen-interactions-in-obl">https://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/biotecnologia-microbiana/host-pathogen-interactions-in-obl</a>
JAEINT24_EX_1715	LOGARES HAURIE, RAMIRO ERNESTO	logares@icm.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS DEL MAR	Análisis del microbioma de microalgas usadas en sistemas de cultivo abiertos a gran escala	La capacidad de las microalgas marinas y de agua dulce para prosperar en ambientes no aptos para la agricultura tradicional y su habilidad para desarrollarse bajo una variedad de condiciones de cultivo resaltan su potencial como un recurso eficiente y sostenible para bioenergía, fertilizantes y biomasa. A pesar de esto, el proceso de cultivo de las microalgas enfrenta numerosos desafíos, lo cual lleva al riesgo de fallas en los cultivos y pérdidas económicas. El microbioma de las microalgas juega un papel crucial en estos desafíos, sin embargo, su compleja interacción con el cultivo y la productividad de las microalgas no está completamente comprendida. En este plan de formación, investigaremos los principales genomas procariontes que han sido extraídos de cultivos de microalgas a gran escala alimentados con aguas residuales y agua fertilizada. Reconstruimos genomas ensamblados a partir de metagenomas (MAGs, por sus siglas en inglés) obtenidos a lo largo de una serie temporal. En total, recuperamos aproximadamente 1900 MAGs dereplicados (99% de identidad) de 28 metagenomas. Además, reconstruiremos MAGs de 116 metagenomas adicionales como parte de este plan de formación. Analizaremos la identidad taxonómica de los genomas (MAGs), y su potencial metabólico, enfocándonos en sus vías biosintéticas, para entender mejor la interacción entre las microalgas y miembros clave de su microbioma. Los resultados contribuirán a aumentar nuestro entendimiento de cómo las actividades metabólicas de microbios específicos que crecen con las microalgas pueden influenciar el crecimiento de éstas. En última instancia, este conocimiento puede guiar el desarrollo de estrategias para optimizar o regular el microbioma de las microalgas, llevando a una mayor producción. En este programa de formación, el estudiante aprenderá y se familiarizará con técnicas bioinformáticas avanzadas como: -Ensamblado de genomas procariontes a partir de metagenomas. -Anotación taxonómica y funcional de los genomas. -Inferencia de rutas biosintéticas.	<a href="https://emm.icm.csic.es">https://emm.icm.csic.es</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1460	LOIS ROJAS, LUISA MARIA	maria.lois@csic.es	CENTRO DE INVESTIGACION AGRIGENOMICA	Biología Sintética e Ingeniería Metabólica en Plantas	Se ofrece una posición para un estudiante que tenga interés en formarse en los conceptos y técnicas de biología sintética para aplicarlos en el campo de la ingeniería de proteínas y metabólica entre otros. El programa de formación incluye un programa de rotación en tres grupos de los que componen el programa de Biología Sintética e Ingeniería Metabólica en Plantas en el CRAG ( <a href="https://www.cragenomica.es/research-programmes/311/plant-synthetic-biology-and-metabolic-engineering">https://www.cragenomica.es/research-programmes/311/plant-synthetic-biology-and-metabolic-engineering</a> ). De esta manera, se espera que el estudiante esté en una posición aventajada para tomar una decisión informada sobre la orientación de su carrera científica. La duración de la estancia en cada grupo variará entre 2 y 3 meses. Los grupos que forman el programa son: • David Caparrós, Bioengineering lignocellulosic biomass in maize • Jae-Seong Yang, Computational and synthetic biology • Robertas Ursache, Plant Cell Wall Remodeling and Adaptation • L. Maria Lois, Protein regulation in development and stress • Albert Ferrer Teresa Altabella, Sterol and terpenoid metabolism in plant development and stress responses • Ivan Reyna-Llorens, Synthetic biology and photosynthesis El estudiante se formará en las técnicas fundamentales de la biología molecular de plantas, microscopía confocal, bioquímica y biología estructural establecidas en el grupo o mediante colaboraciones con grupos expertos en el CRAG y el campus de la Universidad Autónoma de Barcelona. También recibirá formación en análisis de bases de datos (data mining) y software científico. El objetivo es que el estudiante reciba una formación transversal en un ambiente interdisciplinar. Además, durante la estancia, el estudiante desarrollará competencias necesarias para seguir una trayectoria científica, como el pensamiento crítico, la resolución de problemas, proactividad, registro y presentación de resultados, trabajo en equipo y flexibilidad y adaptabilidad. También recibirá formación en aspectos relacionados con la transferencia de la tecnología.	<a href="https://www.cragenomica.es/research-groups/protein-regulation-development-and-stress">https://www.cragenomica.es/research-groups/protein-regulation-development-and-stress</a>
JAEINT24_EX_1214	LOPEZ ACOSTA, MARIA	lopezacosta@iim.csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES MARINAS	Exploración de los efectos del cambio climático en las esponjas marinas	Las esponjas juegan un papel fundamental en los ecosistemas marinos, contribuyendo a la conservación de la biodiversidad y la salud de los océanos. Estos organismos son clave en el reciclaje de nutrientes como el silicio, conectando los procesos ecológicos y biogeoquímicos que tienen lugar en el fondo marino con los que ocurren en la columna de agua. Las esponjas se consideran potenciales "ganadoras" frente al cambio climático, debido a su aparente resistencia comparativa a condiciones como el calentamiento y la acidificación. Sin embargo, los mecanismos que les permiten tolerar estas nuevas condiciones siguen siendo en gran parte desconocidos. En el marco del proyecto SPICA (Sponge Interplay in the biogeochemical cycle of silicon in the era of Climate change), mediremos los efectos de los factores estresantes del cambio climático sobre la ecofisiología y biogeoquímica del silicio en las esponjas. Paralelamente a medidas de alta frecuencia de los estresores climáticos en las Rías gallegas y a la estimación de la biomasa y distribución de estos organismos en este ecosistema, realizaremos una primera estimación del efecto del cambio climático en la supervivencia de las esponjas y su participación en el reciclado de silicio. La persona seleccionada tendrá la oportunidad de adquirir competencias en diversas disciplinas, incluyendo biogeoquímica, fisiología animal y ecología marina. En particular, la persona seleccionada adquirirá habilidades en el manejo de equipos de muestreo y medición de pH, nutrientes, entre otros, en agua de mar. Asimismo, adquirirá competencias en métodos analíticos para determinar cambios físico-químicos en los esqueletos silíceos de las esponjas, participará en la incubación y experimentación con esponjas en acuarios, y aprenderá herramientas de monitorización de comunidades bentónicas, como la fotogrametría. La persona seleccionada también desarrollará competencias en el análisis e interpretación de datos, participando en la generación de resultados inéditos que serán compartidos con la comunidad científica mediante su publicación en revistas y conferencias especializadas.	<a href="https://www.iim.csic.es/research/all-groups/procesos-oceanicos-en-cambio-global">https://www.iim.csic.es/research/all-groups/procesos-oceanicos-en-cambio-global</a>
JAEINT24_EX_0125	LOPEZ ANTIA, ANA	ana.lopezantia@daea.csic.es	INSTITUTO DE DIAGNOSTICO AMBIENTAL Y ESTUDIOS DEL AGUA	EVALUACIÓN DE RIESGO DEL USO DE PLAGUICIDAS EN EL ARROZ PARA LAS AVES.	En las últimas décadas, la desaparición de humedales ha convertido los arrozales en lugares cruciales para las aves acuáticas. Es esencial evaluar el impacto de las técnicas agrícolas actuales en estos ecosistemas y proponer soluciones para reducir riesgos y promover la gestión integrada de plagas, en línea con regulaciones europeas y estrategias de biodiversidad. El cultivo de arroz en España depende en gran medida de plaguicidas, pero su impacto en las aves ha sido poco estudiado y carece de atención regulatoria europea específica. La siembra de arroz con semillas tratadas con plaguicidas es particularmente peligrosa para las aves, ya que estas semillas son una fuente crucial de alimento. Se han demostrado efectos importantes de los plaguicidas usados hoy en día para el tratamiento de semillas sobre las aves que las consumen, estos efectos acaban impactando en el éxito reproductor y/o supervivencia. La evaluación y regulación del riesgo de estas semillas para las aves es actualmente un tema de gran interés para las agencias reguladoras europeas (ej. EFSA), pero las directrices existentes no se adaptan fácilmente al cultivo inundado del arroz. Además, los arrozales europeos son importantes para las aves migratorias, y se necesita investigación coordinada para comprender cómo están expuestas a contaminantes a lo largo de sus rutas migratorias. OBJETIVOS CONCRETOS DEL PROYECTO EN EL MARCO DE LA JAE-Intro: 1- Evaluar el riesgo (exposición y efectos) que supone el uso de plaguicidas agrícolas en arrozales para las aves, con especial atención a las semillas tratadas. 2- Evaluar el riesgo para especies migratorias e integración de los resultados en redes internacionales de monitoreo para estas especies (ej. AEWA, UNEP). 3- Generar evidencia científica para incorporar en las nuevas directrices europeas, 12 para la evaluación de riesgos de plaguicidas usados en arroz. ACCIONES A DESARROLLAR POR LA PERSONA CANDIDATA: 1- Colaboración en el trabajo de campo para la captura y toma de muestras de aves en los arrozales. 2- Colaboración en el trabajo de laboratorio para el análisis de muestras recogidas en el campo (i.e. medida de contaminantes, biomarcadores de efecto).	<a href="https://www.idaea.csic.es/research-group/chemometrics/">https://www.idaea.csic.es/research-group/chemometrics/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1302	LOPEZ CABALLERO, MELVIRA	elvira.lopez@ictan.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIA Y TECNOLOGIA DE ALIMENTOS Y NUTRICION	Compuestos bioactivos procedentes de invertebrados marinos y su efecto sobre los microorganismos de los alimentos	Una de las principales causas de deterioro en alimentos frescos es el crecimiento de microorganismos. La refrigeración es el método más utilizado para conservar y mantener la calidad de los alimentos, pero en ocasiones no es suficiente para frenar la multiplicación microbiana, por lo que como métodos complementarios, se incorporan compuestos que ayuden a preservar y aumentar la vida útil. Dado el rechazo del consumidor por los aditivos y conservantes químicos y la demanda de la sociedad por los productos de origen natural, desde hace años se exploran nuevas fuentes de compuestos bioactivos. Un ejemplo son los invertebrados marinos, grupo muy abundante formado por numerosas especies con diferentes características y ampliamente distribuidos por mares y océanos, que son ricos en compuestos y moléculas de alto valor biológico. Este plan de formación tiene como objetivo el aprendizaje para determinar el potencial antimicrobiano de diferentes extractos naturales procedentes de invertebrados marinos que en ocasiones son pesca de acompañamiento, descartes pesqueros, especies infrautilizadas o sin valor comercial (ej. anémonas, estrellas de mar, pepinos de mar, etc.). Los microorganismos objeto de estudio se seleccionarán en base a su interés como alterantes de los alimentos y/o por ser potencialmente patógenos. El efecto de estos extractos también se estudiará sobre especies probióticas para tener una idea de su posible impacto sobre este tipo de organismos que forman parte de la microbiota intestinal. Asimismo se explorará la capacidad de estos extractos para favorecer el crecimiento de alguna especie microbiana. En base a los resultados obtenidos, se planteará realizar un estudio de conservación en sistema modelo aplicando los extractos más activos a un alimento para determinar su vida útil. Como parte del plan de formación, también se prevé la realización de cursos y asistencia a seminarios.	<a href="https://www.ictan.csic.es/grupos-de-investigacion/desarrollo-valorizacion-e-innovacion-de-productos-de-la-pesca-innovapesca/">https://www.ictan.csic.es/grupos-de-investigacion/desarrollo-valorizacion-e-innovacion-de-productos-de-la-pesca-innovapesca/</a>
JAEINT24_EX_1119	LOPEZ CONTRERAS, ANDRES JOAQUIN	andres.lopez@cabimer.es	CENTRO ANDALUZ DE BIOLOGIA MOLECULAR Y MEDICINA REGENERATIVA	Caracterización de nuevos reguladores de la estabilidad genómica relacionados con cáncer	The focus of our group is the study of genomic instability and the DNA Damage Response (DDR) in the context of cancer. The DDR is intimately linked to cancer development and cancer therapy. Indeed, many conventional chemotherapy agents and radiation therapy boost the levels of DNA damage to kill cancer cells. Our final aim is to identify novel therapeutic opportunities to treat cancer. For this, we perform cellular studies including proteomics, CRISPR genetic, and drug screens to identify novel factors involved in the DDR. In addition, we use genetically modified mouse models and cellular systems to characterize the relevance of novel factors for cancer development and to develop novel anti-cancer therapies. The student will work on the cellular and molecular characterization of a novel factor identified in the laboratory on proteomics or genetic screens. The student will gain experience in a number of molecular and cellular methods including cell transfection, generation of KO cell lines with CRISPR technology, western blotting, qPCR, and high content microscopy. The student will be daily supervised by a postdoc and will have weekly meetings with the PI. The student will also participate in our weekly lab meetings, having the opportunity to present his/her results and discuss relevant research articles at our "journal club". The working language will be English.	<a href="https://www.cabimer.es/en/research-groups/molecular-oncology-and-targeted-therapies/">https://www.cabimer.es/en/research-groups/molecular-oncology-and-targeted-therapies/</a>
JAEINT24_EX_0078	LOPEZ DARIAS, JESICA	j.lopez.darias@csic.es	INSTITUTO DE PRODUCTOS NATURALES Y AGROBIOLOGIA	Especiación de compuestos orgánicos en muestras de aerosoles atmosféricos	Los compuestos orgánicos han ido ganando protagonismo en la vigilancia de la calidad del aire en los últimos años. Existen compuestos orgánicos de naturaleza muy diversa. Las fuentes principales de aerosoles orgánicos incluyen la vegetación, la quema de combustibles fósiles, la quema de biomasa, los aerosoles biológicos y partículas de los suelos. Por otro lado, los precursores de los aerosoles orgánicos secundario incluyen fuentes naturales y antropogénicas. La técnica más extendida para cuantificar la cantidad de carbono orgánico en los aerosoles atmosféricos es el análisis por Transmittancia/Reflectancia Térmico-Óptica. Este método es útil como balance de masa total de carbono orgánico y carbono elemental, pero no proporciona información sobre la especiación de los aerosoles orgánicos y, en consecuencia, sobre las fuentes y las propiedades relacionadas con los impactos que generan. Alternativamente, la Cromatografía de Gases / Espectrometría de Masas (CG/MS) de muestras de aerosol permite la especiación de los compuestos orgánicos y la cuantificación de muchos de los identificados como trazadores para distinguir fuentes y procesos que contribuyen al contenido total de aerosoles orgánicos. Existen gran cantidad de compuestos orgánicos tóxicos y bioacumulativos (incluidos plaguicidas organoclorados y organofosforados, hidrocarburos aromáticos policíclicos o PAHs, bifenilo policlorado), pero en la legislación vigente sólo se considera el análisis de HAPs de forma regular, y únicamente el benzo(a)pireno tiene un valor límite asignado, de ahí la importancia del análisis de los HAPs. La formación del candidato se centrará en el aprendizaje de técnicas de extracción y preconcentración de PAHs e hidrocarburos alifáticos (HA) de muestras de material particulado en filtros.	<a href="https://www.ipna.csic.es/grupo-de-investigacion/atmosfera-aerosoles-y-clima">https://www.ipna.csic.es/grupo-de-investigacion/atmosfera-aerosoles-y-clima</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0997	LOPEZ GARCIA, ALVARO	alvaro.lopez@eez.csic.es	ESTACION EXPERIMENTAL DEL ZAIDIN	Manejo y caracterización de hongos micorrizicos arbusculares	El trabajo de formación orbitará en torno al manejo de hongos micorrizicos arbusculares (MA) con objeto tanto de experimentación básica como de uso en biotecnología. Para ello, en una primera fase, el/la alumno/a trabajará con diversas técnicas incluyendo la extracción, el aislamiento, y la identificación de esporas de hongos MA; la multiplicación de aislados individuales de hongos MA a través de cultivos vegetales; la tinción y la cuantificación de estructuras fúngicas en raíces y suelo; así como la caracterización molecular de aislados y comunidades de hongos MA. Esta serie de actividades se llevarán a cabo utilizando recursos biológicos del banco de germoplasma de hongos MA de la Estación Experimental del Zaidin, una infraestructura única en el CSIC y de las pocas que existen en el mundo. Una segunda fase del plan de formación estará marcada por la implicación del alumno/a en el planteamiento de experimentos que tengan como fin la elaboración de protocolos para estandarizar la caracterización de los diferentes aislados de hongos MA.	www.eez.csic.es
JAEINT24_EX_1641	LOPEZ LARRUBIA, MARIA PILAR	p.lopez.larrubia@csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES BIOMEDICAS SOLS-MORREALE	Efectos de la inhibición de AQP4 sobre la captación de glucosa durante la obesidad: Análisis sistemático de datos experimentales de resonancia magnética	La acuaporina 4 (AQP4) es una proteína expresada en el sistema nervioso central, que regula el intercambio de agua en la membrana plasmática dependiendo de los gradientes de concentración de solutos. En cerebro, los mecanismos de entrada de glucosa están regulados, en parte, por esta proteína. En nuestro grupo de investigación, utilizando técnicas de resonancia magnética (MRI), hemos podido detectar cambios compatibles con swelling celular y reestructuración de la microvasculatura, asociados a la ingesta de glucosa, en un modelo de ratón sano, que se ven comprometidos tras la administración de un inhibidor de la AQP4 2-(nicotinamida)-1,3,4-thiadiazole, (TGN-020). Por otro lado, tenemos evidencias de que el metabolismo cerebral de glucosa está alterado durante la obesidad, donde también existen cambios en la microvasculatura, así como un aumento de procesos reactivos en células gliales. Proponemos un estudio integrador de comparación de parámetros de MRI que permita probar la hipótesis del papel relevante de la AQP4 en transporte y metabolismo de glucosa, y su alteración durante la obesidad. Para dicho trabajo, se analizarán imágenes de tensor de difusión y mapas de T2*, adquiridos en un imán de 7T (Bruker Biospec), cuantificados con software desarrollado en laboratorio, de los cuales se pueden inferir información in vivo sobre los mencionados cambios en la microestructura, celularidad, metabolismo y función cerebral. Se realizará un análisis estadístico de modelos mixtos que permita comparar los efectos de obesidad, tratamiento y sexo tras la administración de TGN, o solamente de su vehículo, en los parámetros de MRI, para poder inferir así la información fisiológica del papel de AQP4 en la captación de glucosa, y su alteración posible durante la obesidad.	<a href="https://www.iib.uam.es/web/iibm/departamentos?p_id=APGIportlet_WAR_IBMappPortlets_INSTANCE_kZizqVB9jPM&amp;p_p_lifecycle=0&amp;_APGIportlet_WAR_">https://www.iib.uam.es/web/iibm/departamentos?p_id=APGIportlet_WAR_IBMappPortlets_INSTANCE_kZizqVB9jPM&amp;p_p_lifecycle=0&amp;_APGIportlet_WAR_</a>
JAEINT24_EX_0355	LOPEZ MAURY, LUIS	llmaury@ibvf.csic.es	INSTITUTO DE BIOQUIMICA VEGETAL Y FOTOSINTESIS	implementación de nuevos sistemas CRISPR-Cas en cianobacterias	La línea de trabajo del grupo está enfocada a mejorar la productividad fotosintética de cianobacterias y microalgas en condiciones limitantes, como pueden ser el estrés por metales o el inducido por elevada luz o temperatura. El grupo está financiado actualmente por proyectos del Plan Nacional (PID2020-112645GB-I00 y TED2021-129165B-I00) y Junta de Andalucía (PCM_00004), y dispone de un laboratorio bien equipado en técnicas básicas y avanzadas de investigación (termoluminiscencia, espectrofotometría, biología molecular, etc.). Además, las instalaciones generales del IBVF ponen a disposición del grupo técnicas y servicios avanzados adicionales, como cámaras de cultivo de microalgas, microscopía, PAM, cromatografía (FPLC y HPLC), qPCR, etc. Dentro de la línea de trabajo del grupo, el joven investigador podría llevar a cabo las siguientes actividades: clonación y purificación de proteínas, manejo de cultivos de algas y bacterias, genética de cianobacterias y microalgas, obtención de extractos celulares, análisis funcionales de células y proteínas, microscopía, PAM, termoluminiscencia, técnicas inmunológicas de detección, regulación de la expresión génica, transcriptómica y genómica. El grupo tiene así una gran capacidad de formación en técnicas especializadas, dado que nuestro trabajo tiene un carácter multidisciplinar, y el estudiante irá avanzando progresivamente en la complejidad de las técnicas a usar, según vaya dominando tareas y protocolos cada vez más avanzados. El grupo participa en la docencia de dos Másteres Universitarios y en dos Programas de Doctorado de la Universidad de Sevilla, y desarrolla además un programa específico de formación de jóvenes investigadores basado en seminarios quincenales, con presentaciones y debates en lengua inglesa. El equipo de investigación también participa regularmente en eventos científicos, como congresos, seminarios, cursos y reuniones científicas. En particular, los jóvenes investigadores asistirán al programa de Charlas Doctorales desarrollado en el cicCartuja, al ciclo de Seminarios que organiza el IBVF, o a su simposio bianual. Además, los jóvenes investigadores podrán participar en las Jornadas de los Programas de Doctorado de la Universidad de Sevilla, un ciclo de conferencias impartidas por científicos de reconocido prestigio y experiencia en sus campos de investigación, organizado por diferentes Centros e Institutos de Investigación	<a href="https://www.ibvf.us-csic.es/respuesta-estr%C3%A9s-y-biolog%C3%ADa-sint%C3%A9tica-de-microorganismos-fotosint%C3%A9ticos">https://www.ibvf.us-csic.es/respuesta-estr%C3%A9s-y-biolog%C3%ADa-sint%C3%A9tica-de-microorganismos-fotosint%C3%A9ticos</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0949	LOPEZ RODRIGUEZ, MARIANA GABRIELA	mglopez@ibv.csic.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA DE VALENCIA	Genómica aplicada a descifrar la transmisión de la tuberculosis	En la Unidad de Genómica de la Tuberculosis estudiamos las enfermedades infecciosas desde el punto de vista del patógeno. Aplicamos un enfoque de epidemiología genómica que nos permite interrogar al patógeno y entender su transmisión, virulencia y evolución. Nuestros resultados se aplican a la mejora del diagnóstico, personalización de los tratamientos y, desde un punto de salud pública, al control de las enfermedades. Nuestras líneas de investigación se centran en Mycobacterium tuberculosis, el patógeno causante de la tuberculosis, aunque también investigamos en otras micobacterias no tuberculosas (MNT) o en bacterias multirresistentes. Proponemos una aproximación multiómica para estudiar el patógeno de la tuberculosis gracias a proyectos en marcha encaminados a 1. Estudiar su transmisión usando miles de genomas de múltiples partes del mundo; 2. Entender su virulencia, mediante la identificación de genes claves en las primeras etapas de infección y 3. Entender los determinantes genéticos de la resistencia a antibióticos. El proyecto JAE intro se encontrará en el interfaz de todos ellos y particularmente en el desarrollo de metodologías genómicas que permitan resolver redes de transmisión complejas. Estas metodologías permitirán estimar direccionalidad y periodo de ocurrencia de la transmisión, así como casos índice y fuente, de manera de diseñar estrategias dirigidas y eficientes para reducir la incidencia de la enfermedad. El candidato/a tendrá la oportunidad de trabajar en diferentes aspectos de la investigación adaptando los objetivos a su perfil. Se priorizará el conocimiento en bioinformática La Unidad está formada por 10 investigadores/as con diversa formación bioinformática, molecular, genómica, biotecnológica. Ha sido financiada por proyectos nacionales e internacionales en más de 5 millones de euros en los últimos años. El personal investigador predoctoral ha obtenido múltiples premios en congresos y contratos de doctorado (FPU, FPI, Generalitat, EMBO). Se ofrece un plan de formación integral que incluye tanto formación interna como externa Interna 1. Técnicas de biología molecular (qPCR, NGS aplicada a patógenos, etc) 2. Análisis bioinformático de datos de secuenciación masiva 3. Nociones de programación en R y otros lenguajes 5. Participación en reuniones de laboratorio y journal clubs Externa 1. Participación en la Red Micobacterias y seminarios ofrecidos por el IBV 2. Summer school de FISABIO 3. Formación online en cursos de la S	<a href="http://tgu.ibv.csic.es/">http://tgu.ibv.csic.es/</a>
JAEINT24_EX_0407	LOPEZ ROMERO, SERGIO	sergio.lopez@iqac.csic.es	INSTITUTO DE QUIMICA AVANZADA DE CATALUÑA	Estudios orientados a la ecología química de dípteros plaga de interés agrícola	La persona candidata a la presente beca JAE INTRO se incorporará a la Unidad de Moléculas Bioactivas (RUBAM) del Instituto de Química Avanzada de Cataluña (IQAC-CSIC). Dentro de las distintas líneas de investigación que contempla nuestro grupo, una de ellas está basada en el estudio de la ecología química de insectos plagas de interés agroforestal, con la finalidad de identificar nuevos semioquímicos con potencial para su uso en el control integrado de estas. En este sentido, el trabajo a desarrollar estará enfocado en dos dípteros plaga de gran relevancia, concretamente la mosca del olivo Bactrocera oleae (Rossi) (Diptera: Tephritidae) y la mosca drosófila de alas manchadas Drosophila suzukii (Matsumura) (Diptera: Drosophilidae). Por un lado, en el caso de la mosca del olivo uno de los objetivos será indagar en el papel de la gamma-hexalactona (compuesto recientemente patentado por nuestro grupo como herramienta para la captura masiva de la especie) como posible interruptor del apareamiento de la especie. En cuanto a D. suzukii, se evaluará la capacidad de algunas especies de frutos, como el aguacate y la berenjena, como posibles hospedadores de la especie, así como el empleo de distintos aceites esenciales de plantas comunes en la región mediterránea como repelentes. Las tareas científicas a realizar por la persona adjudicataria serán las siguientes: 1) optimización de los métodos de cría de las colonias permanentes de ambas especies en nuestras instalaciones, 2) seguimiento del ciclo biológico de D. suzukii en los frutos considerados, 3) determinación del comportamiento sexual de B. oleae bajo condiciones de laboratorio, 4) análisis del perfil de volátiles de estos frutos por cromatografía de gases acoplada a espectrometría de masas y 5) diseño y ejecución de diversos ensayos comportamentales bajo condiciones de laboratorio para determinar la actividad biológica de los distintos compuestos objeto de estudio en D. suzukii y B. oleae. Durante todo el periodo de duración de la beca se priorizará el aprendizaje de la persona adjudicataria, así como hacerle participe de todos los aspectos encuadrados en la investigación de la ecología química de insectos plaga, de cara a fomentar su interés por una posible carrera científica.	<a href="https://www.iqac.csic.es/investigacion/departamentos/quimica-biologica/unidad-de-investigacion-en-moleculas-bioactivas/">https://www.iqac.csic.es/investigacion/departamentos/quimica-biologica/unidad-de-investigacion-en-moleculas-bioactivas/</a>
JAEINT24_EX_1532	LOPEZ SANCHEZ-LAORDEN, BERTA	berta.sanchez-laorden@csic.es	INSTITUTO DE NEUROCIENCIAS	Microenvironmental regulation of brain metastasis	Effective treatments for brain metastases (BMs) constitute an urgent unmet clinical need. Clinical evidence shows that brain metastases differ from metastases in other organs as they respond differently to treatment. Several studies have suggested that tumor cells that metastasize to the brain may harbor specific intrinsic characteristics, but the unique microenvironment of the brain greatly contributes to these differences. A deeper understanding of the interplay of tumour cells with the brain microenvironment and how this reacts to the treatments is essential for the successful development and implementation of therapeutic strategies for patients with BMs. Glial cells play a key role in brain homeostasis We have identified neuroinflammation and different glial populations as regulators of BMs progression and potential modulators of responses to therapies, however, the underlying mechanisms and the best strategy to target these populations to block BMs needs further investigation. The general objective of this project is to investigate in detail the contribution of these microenvironmental regulators and candidates we have identified to BMs progression and responses to therapies. The methodology to be used in this project includes (but it is not restricted) to Cell and Organotypic cultures: maintenance of tumour cell lines (melanoma and/or breast cancer); establishment of primary microglia/oligodendroglia cell lines from transgenic mice expressing green fluorescent protein YFP in microglia or tdTomato in oligodendroglia to perform co-cultures; Organotypic Cultures: Culture of BMs-harboring brain slices and treatment with candidate drugs to assess BMs growth. He/She will also be trained in flow cytometry, samples staining by immunofluorescence or qRT-PCR among others. The candidate will be daily supervised by experienced researchers and will have weekly meetings with the PI. The candidate will also participate in our lab meetings, having the opportunity to present his/her results and discuss relevant research articles at our "journal club". The working language will be English.	<a href="https://in.umh-csic.es/es/grupos/plasticidad-celular-en-desarrollo-y-enfermedad/">https://in.umh-csic.es/es/grupos/plasticidad-celular-en-desarrollo-y-enfermedad/</a>



REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0943	LOPEZ SERRANO, DANIEL	dlopez@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Reciclaje de antibioticos convencionales para combatir infecciones multiresistentes	Las infecciones resistentes a los antibióticos están amenazando los avances en la medicina moderna. Procedimientos de rutina como trasplantes de órganos, quimioterapia o incluso cirugías menores son ahora procedimientos riesgosos sin tratamientos antibióticos efectivos. A pesar de la necesidad de soluciones para combatir las infecciones resistentes, el desarrollo de antibióticos se enfrenta a una profunda crisis después de que la industria farmacéutica abandonara el sector. El problema del vacío en nuevos antibióticos es puramente económico. Los antibióticos no pueden competir con la rentabilidad de otros medicamentos porque el tiempo y la inversión económica para desarrollar un nuevo antibiótico son extremadamente grandes y la perspectiva económica de dicha inversión suele ser realmente pobre. Esto se debe a que las autoridades de la salud pública a menudo solicitan la preservación de los s antibióticos nuevos para frenar el desarrollo de resistencia, lo que causa ventas iniciales anémicas. Si el antibiótico eventualmente llega al mercado, la aparición de resistencia ocurre rápidamente e inevitablemente, sin tiempo para que los inversores recuperen la inversión. Así, el desarrollo de nuevos antibióticos se ha estancado en los últimos años, ya que las empresas claramente no ven mercado para nuevos antibióticos. Los responsables políticos de la UE animan a los científicos a buscar métodos alternativos contra las infecciones que no implican el desarrollo de nuevos antibióticos. En este proyecto, no desarrollaremos nuevos antibióticos, ya que es poco probable que estas moléculas lleguen al mercado. En su lugar, utilizaremos técnicas de microbiología, infección y biología molecular para desarrollar una batería de moléculas inocuas para los humanos que, en combinación con antibióticos clásicos, reactivarán estos antibióticos contra infecciones resistentes. Esta moléculas inhiben la formación de los microdominios funcionales de membrana, donde se estabilizan muchas proteínas responsables de la resistencia a los antibióticos. Perturbando esas regiones de la membrana bacteriana, inhibimos las maquinarias de resistencia a los antibióticos, lo que transforma las cepas resistentes en sensibles a antibióticos convencionales. Nuestro enfoque rescatará antibióticos antiguos que ya han sido descartados y los pondrá de nuevo en circulación para eliminar infecciones que no responden a tratamientos antibióticos clásicos.	www.mib-lab.com
JAEINT24_EX_0942	LOPEZ URREA, RAMON	lopez-urreea@csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES SOBRE DESERTIFICACION	Necesidades hídricas y uso sostenible del agua en los cultivos de almendro y pistacho	El candidato seleccionado trabajaría bajo la supervisión del investigador Ramón López-Urrea integrado en la línea de investigación del Grupo Ecología y Cambio Global del CIDE en el marco de un proyecto financiado por el programa orientado a la transición ecológica y a la transición digital (Plan de Recuperación, Transformación y Resiliencia). "Integrando Teledetección y Agricultura Digital para un uso sostenible del agua en los cultivos de almendro y pistacho (WATERSNUTS), TED2021-130405B-I00". El trabajo se centrará en optimizar la eficiencia en el uso del agua y del nitrógeno en el cultivo del almendro (cv. Penta) en una zona con escasez de recursos hídricos. Para alcanzar este objetivo general, se plantean los siguientes objetivos específicos: i) analizar el efecto de diferentes estrategias de riego deficitario combinado con dos niveles de nitrógeno sobre una variedad de floración tardía de almendro adulto; ii) estimar el uso del agua del almendro a partir de temperaturas radiométricas medidas en campo y con sistemas aéreos no tripulados. Determinación de índices de estrés hídrico y su relación con el rendimiento y manejo del riego; iii) estudiar el efecto del riego por goteo superficial y subterráneo sobre la evapotranspiración, variables biofísicas, el rendimiento, la productividad del agua y la eficiencia en el uso del nitrógeno en el cultivo del almendro; iv) determinar la evapotranspiración y derivar los coeficientes de cultivo del almendro adulto mediante un sistema de covarianza de torbellinos y modelos de balance de energía basados en medidas térmicas de planta y suelo. El trabajo a desarrollar puede materializarse en la presentación de un Trabajo Fin de Master que puede encajar en los distintos grados de Master relacionados con la materia ofertados, por ejemplo, por la Universidad Politécnica de Valencia o la Universidad de Valencia, entre otras instituciones universitarias. El proyecto de investigación asociado tiene como co-IP al Prof. Dr. Juan Manuel Sánchez del grupo de Teledetección y SIG de la Universidad de Castilla-La Mancha, pudiendo tener acceso a la colaboración con este grupo de investigación centrado en la gestión sostenible del agua y nutrientes de los cultivos aplicando técnicas de teledetección. En la actualidad el grupo de investigación tiene diversos contratos de I+D con empresas del sector y, por lo tanto, el candidato también tendría la oportunidad de contactar con el sector privado.	<a href="https://www.uv.es/uvweb/centro-investigacion-desertificacion/es/cide/cide-1285894590643.html">https://www.uv.es/uvweb/centro-investigacion-desertificacion/es/cide/cide-1285894590643.html</a>
JAEINT24_EX_1447	LOPEZ-ALONSO FANDIÑO, ROSINA	rosina.lopez@csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACION EN CIENCIAS DE LA ALIMENTACION	Efecto del uso de detergentes químicos y enzimáticos para la desinfección de biberones y chupetes en la integridad de la barrera epitelial del intesti	El/la candidato/a se integrará en el grupo de Alergia a Alimentos del Instituto de Investigación en Ciencias de la Alimentación. Se trata de un grupo de investigación muy dinámico y con alta capacidad para obtener financiación de proyectos nacionales e internacionales, así como contratos de personal en investigación. Se puede consultar más información sobre el grupo en el siguiente enlace: <a href="https://alergia-alimentos.csic.es/el-grupo-de-investigacion-alergia-a-alimentos/">https://alergia-alimentos.csic.es/el-grupo-de-investigacion-alergia-a-alimentos/</a> . Recientemente se ha postulado la 'hipótesis de la barrera epitelial', que relaciona el aumento del número de enfermedades alérgicas, autoinmunes y metabólicas observado en las últimas décadas con el incremento del uso de agentes que dañan la barrera del intestino en las sociedades urbanas e industrializadas. Entre los agentes que pueden dañar esta capa se incluyen algunos productos presentes en detergentes para la ropa y el hogar, así como surfactantes, enzimas y emulsionantes utilizados en alimentos procesados y para limpieza de accesorios de bebé, para informar al público de este posible riesgo. El/la candidata/a se centrará en evaluar el efecto de desinfectantes habitualmente empleados en la limpieza de biberones y chupetes de bebés, a diferentes concentraciones, en la permeabilización de las células epiteliales intestinales, en la expresión de genes y proteínas de señalización que podrían estar generando respuestas inflamatorias y en el transporte de alérgenos. También se recurrirá al empleo de modelos tridimensionales que recreen estructuras del epitelio intestinal y luz intestinal (organoides).	<a href="https://alergia-alimentos.csic.es/">https://alergia-alimentos.csic.es/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0549	LOPEZ-RIOS MORENO, JAVIER	javier.lopez-rios@csic.es	CENTRO ANDALUZ DE BIOLOGIA DEL DESARROLLO	Edición génica en el ratón mediante CRISPR-Cas9	Nuestro grupo en el Centro Andaluz de Biología del Desarrollo (CABD, Sevilla) estudia el desarrollo del esqueleto en vertebrados. Nuestras investigaciones abarcan desde los mecanismos génicos que controlan el desarrollo de la extremidad y su relación con malformaciones congénitas (¿por qué formamos cinco dedos y no más, como ocurre en polidactilias humanas?: Dev Cell 2012, Dev Cell 2014), hasta el estudio de cómo estas redes reguladoras han cambiado durante la evolución de la extremidad (¿por qué las vacas o los cerdos han perdido dedos? ¿cómo evolucionaron las manos a partir de las aletas de los peces?: Nature 2014; Cell 2016; Cell Reports 2020; PNAS 2021). Para abordar estas cuestiones utilizamos el ratón como modelo genético, introduciendo alteraciones en su ADN mediante la tecnología CRISPR-Cas9. El estudiante JAE Intro aprenderá a modificar el genoma del ratón mediante el uso de CRISPR-Cas9 en células madre embrionarias y cigotos con el objetivo de generar y analizar nuevas líneas de ratón que portan mutaciones en los paisajes reguladores de genes implicados en el desarrollo del esqueleto. A nivel técnico, el candidato/a adquirirá conocimientos en cultivo celular, biología molecular, análisis genético en el ratón, genómica funcional y métodos de análisis de la expresión génica, incluyendo tecnologías a nivel de célula única (ej. scRNA-seq o scATAC-seq). Nuestro objetivo es hacer ciencia de excelencia y estimular el desarrollo del pensamiento científico creativo, crítico e independiente. Además de supervisión individualizada, el estudiante participará en los seminarios de grupo en los que se presentan los avances en los proyectos respectivos. Igualmente, el candidato recibirá formación en la buena práctica científica, lo que incluye el diseño y ejecución de experimentos, documentación/archivo de los datos y ética en la investigación. El idioma de uso en el laboratorio es el inglés. El CABD está ubicado en el campus de la Universidad Pablo de Olavide y es un centro singular en España por su excelente y estimulante atmósfera científica, y ostenta la acreditación de Excelencia "María de Maeztu". Si quieres saber más escribe a jloprio@upo.es.	<a href="https://www.cabd.es/en/research_groups/vertebrate-development-and-evolution/summary-286.html">https://www.cabd.es/en/research_groups/vertebrate-development-and-evolution/summary-286.html</a>
JAEINT24_EX_0681	LOSADA RODRIGUEZ, JUAN MANUEL	juan.losada@csic.es	INSTITUTO DE HORTOFRUTICULTURA SUBTROPICAL Y MEDITERRANEA LA MAYORA	Realidad virtual y fruticultura sostenible	¿Quieres trabajar en prevenir los efectos del cambio climático en los cultivos frutales arbóreos en tiempo real? En esta beca te iniciarás en técnicas de campo (fisiología) y de laboratorio (microscopía y bioquímica), combinadas con realidad virtual, en un proyecto que aúna la biología de plantas con el manejo de datos ofrecidos por sensores a través de la tecnología 5G y 6G en tiempo real. El primer objetivo es entender mejor cómo los árboles frutales responden al déficit hídrico, y para esto analizaremos los datos ofrecidos por una serie de sensores instalados en la finca experimental. Algunos de estos datos se tomarán con vehículos manejados de forma remota (carritos y drones), utilizando un mando desde el laboratorio. El análisis de estos datos va a permitir optimizar el uso de recursos limitantes tales como el agua de riego, y contribuirá a la agricultura de precisión, colaborando con un grupo multidisciplinar e internacional que incluye a biólogos, ingenieros de telecomunicaciones, físicos y desarrolladores de software. Únete al único centro de investigación en Europa continental en el que se estudian frutales subtropicales tales como el aguacate o el mango, que permitirán entender no solo cómo afecta la falta de agua a los cultivos, sino también a los árboles que componen la mayoría de los bosques y la biodiversidad general.	<a href="https://www.ihsm.uma-csic.es/departamentos/2">https://www.ihsm.uma-csic.es/departamentos/2</a>
JAEINT24_EX_1425	LOZANO OJALVO, DANIEL	daniel.lozano@csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACION EN CIENCIAS DE LA ALIMENTACION	Mecanismos inmunológicos intervienen en la respuesta alérgica a alimentos.	El grupo de Alergia a Alimentos del Instituto de Investigación en Ciencias de la Alimentación cuenta con un personal investigador altamente entusiasta y está provisto de equipamiento científico-técnico de última generación. Nuestra investigación persigue descubrir los mecanismos inmunes responsables de la generación de las alergias alimentarias y cómo estas pueden ser resueltas mediante tratamientos basados hidrolizados inmunomodulantes ( <a href="https://alergia-alimentos.csic.es/el-grupo-de-investigacion-alergia-a-alimentos/">https://alergia-alimentos.csic.es/el-grupo-de-investigacion-alergia-a-alimentos/</a> ). Ofrecemos a la/el candidata/o seleccionada/o la posibilidad de incorporarse como miembro de un estudio clínico que estamos finalizando, en el cual se ha demostrado el efecto curativo de un hidrolizado enzimático que desarrollamos nosotros mismos hace unos años frente a la alergia al huevo en pacientes pediátricos. Utilizando una técnica tan novedosa a nivel mundial como es la citometría de flujo espectral y aplicándola a muestras recogidas longitudinalmente en aquellos niños que se han curado definitivamente de la alergia al huevo con nuestro tratamiento, la/el candidata/o seleccionada/o para esta beca JAE-Intro tendrá la posibilidad de especializarse en citometría espectral, indagar en los mecanismos inmunes que causan y resuelven la alergia alimentaria, y participar en el análisis de resultados que pretendemos compartir con la comunidad clínico-científica con la mayor brevedad. Dado el demostrado éxito clínico de esta innovadora terapia, nuestra intención es expandir su aplicación para tratar otras alergias alimentarias. Si compartes nuestra preocupación por el incremento descontrolado de las alergias alimentarias que estamos observando en nuestro entorno y quieres explorar si nuestra propuesta terapéutica es una opción para continuar con tus estudios universitarios en un futuro próximo, contarás con todo nuestro apoyo para guiarte en cómo convertir esta beca tu futuro profesional.	<a href="https://alergia-alimentos.csic.es">https://alergia-alimentos.csic.es</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1072	LUCAS GAY, MARIA JESUS	lucasmj@unican.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA Y BIOTECNOLOGIA DE CANTABRIA	Estudio estructural de complejos proteicos implicados en enfermedades neurodegenerativas	El proyecto que se llevará a cabo en el laboratorio de la doctora María Lucas se centrará en caracterizar la implicación de defectos en el tráfico intracelular en enfermedades neurodegenerativas. El/la beneficiario/a de la ayuda caracterizará bioquímica y estructuralmente un complejo proteico de tráfico intracelular implicado en el reciclaje de proteínas de membrana en endosomas. La actividad de este complejo es crucial para varios procesos fisiológicos y su malfuncionamiento conduce a un incremento en los niveles de beta-amiloide en células, un rasgo distintivo de la enfermedad de Alzheimer. El/la estudiante llevará a cabo la clonación y purificación de este complejo proteico y analizará su interacción con APP, la proteína precursora del beta-amiloide. Para ello, utilizará técnicas como cultivos bacterianos, expresión de proteínas en células de insecto, ensayos de pull-down y anisotropía de fluorescencia. Además, realizará experimentos de cristalización de proteínas y aprenderá técnicas de resolución estructural. Durante su estancia en el laboratorio, participará en reuniones de grupo, seminarios tanto del departamento como del centro, que le aportarán una visión general de la investigación actual en biomedicina y biotecnología. El trabajo que se llevará a cabo garantizará su formación en técnicas esenciales de biología molecular, purificación de proteínas, biología estructural y métodos biofísicos. Este proyecto no solo permitirá que el/la beneficiario/a de la ayuda desarrolle habilidades esenciales para trabajar en el laboratorio y para la interpretación de resultados experimentales, sino que también fomentará competencias generales como el trabajo en equipo, la organización y planificación del trabajo, la aplicación práctica de conocimientos teóricos, así como el compromiso y motivación por alcanzar objetivos.	<a href="https://web.unican.es/ibbttec/es-es/sobre-el-ibbttec/equipo/directorio/detalle-miembro?d=MaríaLucasLab">https://web.unican.es/ibbttec/es-es/sobre-el-ibbttec/equipo/directorio/detalle-miembro?d=MaríaLucasLab</a>
JAEINT24_EX_0724	LUCAS LOZANO, JOSE JAVIER	jjlucas@cbm.csic.es	CENTRO DE BIOLOGIA MOLECULAR SEVERO OCHOA	Alteraciones del procesamiento del ARN en autismo y enfermedades neurodegenerativas	El/la beneficiario/a de la ayuda JAE-INTRO se familiarizará, entre otras, con las herramientas bioinformáticas de análisis de RNAseq para poder detectar alteraciones en las muestras de los pacientes y modelos animales de enfermedades neurodegenerativas y psiquiátricas, especialmente de la enfermedad de Huntington y el autismo. Nuestro grupo ha demostrado recientemente qué alteraciones del splicing juegan un papel clave en la enfermedad de Huntington (EH) y también en el autismo. Concretamente, en EH hay una alteración del splicing alternativo del gen Tau (MAPT), una proteína que también juega un papel patogénico importante en la enfermedad de Alzheimer (Fernandez-Nogales et al. Nature Medicine 2014; 20:881-5). Hemos desentrañado cuáles son los factores de splicing responsables, habiendo identificado SREK1 (Hernández et al. Brain 143:2207-19, 2020) y RBFOX1 entre otros (Elorza et al. Brain 144:2009-23, 2021). Tanto en autismo como en EH, hemos descubierto una nueva ruta molecular por alteración del regulador traduccional CPEB4 (Parras et al. Nature 560:441-6, 2018; Picó S, et al. Sci Transl Med 13:eabe7104, 2021). En la actualidad estamos estudiando qué otros eventos de splicing alterados pueden estar contribuyendo a estas enfermedades, gracias al análisis bioinformático. El/la beneficiario/a de la ayuda JAE-INTRO contribuirá a refinar el análisis bioinformático y a la validación mediante PCR cuantitativa en tiempo real (qRT-PCR) y, si fuera posible, también mediante Western blot.	<a href="http://www.cbm.uam.es/lineas/lucasgroup.htm">http://www.cbm.uam.es/lineas/lucasgroup.htm</a>
JAEINT24_EX_0179	MADEJON RODRIGUEZ, ENGRACIA MARIA	emadejon@irnase.csic.es	INSTITUTO DE RECURSOS NATURALES Y AGROBIOLOGIA DE SEVILLA	Innovaciones en la evaluación de riesgos y medidas de recuperación natural para acelerar la restauración ecológica de suelos contaminados.	El grupo de investigación SOILPLANT (IRNAS) lleva más de 30 años trabajando en la problemática de los suelos afectados por contaminación de metales pesados, especialmente los trabajos realizados en la zona del vertido de Aznalcóllar se han convertido en referencia internacional en la contaminación de metales pesados y su biodisponibilidad. Además, hemos trabajado en otras zonas mineras abandonadas que suponen un alto riesgo ambiental debido al posible fomento de la movilidad de metales y metaloides potencialmente tóxicos (como As, Cd, Zn, Hg, U) con impactos sobre la calidad ambiental y la salud humana. El becario/a profundizará en la implantación de soluciones naturales para fomentar la recuperación de los servicios ecosistémicos de los suelos en zonas contaminadas. Plan de formación. 1. Competencias en la estandarización de métodos de muestreo, métodos analíticos para la determinación de elementos tóxicos en suelos y estudio de los datos existentes. Revisión bibliográfica 2. Adquisición de datos ecotoxicológicos y de datos de servicios ecosistémicos en suelos contaminados 3. Aislamiento de cepas microbianas (hongos y bacterias) para consorcios microbianos usados como biofertilizantes para mejorar el crecimiento de las plantas en suelos contaminados 4. Competencias en el diseño de experimentos de invernadero y de campo 5. Seguimiento de indicadores de recuperación de suelos. A través de medidas de indicadores de calidad del suelo (propiedades químicas y físicas), y organismos de suelo (lombrices y diversidad de hongos y bacterias) así como medidas de funciones del suelo (actividades enzimáticas), tanto para experimentos de invernadero como de campo. Se prestará especial atención a la evolución de la biodisponibilidad de los elementos tóxicos. Se establecerán índices de recuperación de la calidad de los suelos basados en medidas de contaminantes y de propiedades físicas, químicas y biológicas. Además, el grupo tiene una excelente relación con el servicio de Análisis del IRNAS y el becario/a podrá adquirir conocimientos en técnicas analíticas como la Espectrometría Óptica de Plasma (ICP-OES), Espectrometría de Masas de Plasma (ICP-MS) y analizadores elementales. En cuanto a otras actividades de formación el becario/a podrá participar en los seminarios e iniciativas de divulgación como la Semana de la Ciencia y Noche de los investigadores, organizados por el IRNAS o el CSIC, por el programa de doctorado en Recursos y Medio Ambiente de la US	<a href="https://www.irnas.csic.es/uso-sostenible-del-sistema-suelo-planta/">https://www.irnas.csic.es/uso-sostenible-del-sistema-suelo-planta/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1452	MADSEN , LEIF HOVE	leif.hove@iibb.csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES BIOMEDICAS DE BARCELONA	Identificación de dianas terapéuticas para prevenir alteraciones patológicas de la homeostasis del calcio en miocitos auriculares humanas	<p>ANTECEDENTES La fibrilación auricular (FA) es la arritmia cardíaca más frecuente. Debido a su aumento con la edad, el envejecimiento de la población y las reincidencias tras el tratamiento, su carga económica en el sistema sanitario crece exponencialmente. Mecanicamente, la FA se ha asociado un aumento en la incidencia de la actividad eléctrica espontánea en miocitos auriculares de pacientes con esta arritmia. Además, se ha mostrado que la liberación espontánea de calcio del retículo sarcoplasmático subyace a la inducción de esta actividad eléctrica espontánea. Nuestro objetivo es dilucidar el origen genético y molecular de las alteraciones en la función celular para poder separar pacientes en grupos según factores de riesgo clínico y genético e identificar dianas terapéuticas específicas para cada grupo. METODOS Para investigar los mecanismos que conducen a alteraciones en la homeostasis del calcio y la actividad eléctrica en miocitos auriculares de pacientes con FA, nuestro laboratorio utiliza técnicas como 1) Patch-clamp que permite medir la actividad eléctrica, i.e. corrientes iónicas y potencial de membrana. 2) Visualización del calcio intracelular en tiempo real con microscopía confocal. 3) Visualización de la distribución y actividad de proteínas reguladoras del calcio intracelular con microscopía confocal en miocitos "in situ" o en preparaciones fijadas. OBJETIVO Por ello, el objetivo de este plan de formación es que el candidato se incorpore en el laboratorio para aprender las bases teóricas y la aplicación práctica de la visualización del calcio intracelular por microscopía confocal en tiempo real en miocitos auriculares humanos. También aprenderá a realizar marcaje inmunofluorescente del receptor de rianodina (RyR2), que libere el calcio, y visualizar la distribución de los RyR2 con la técnica de microscopía confocal. Asimismo, aprenderá utilizar programas específicos para la detección y análisis de eventos de liberación espontánea de calcio así como la detección y análisis de clústeres de RyR2. Además, para aprender como evaluar resultados experimentales en un contexto fisiológico y tener en cuenta la influencia de otros factores clínicos, el candidato aprenderá estas técnicas participando en uno de los proyectos de investigación vigentes del laboratorio. Para temas y técnicas recientes del grupo, el candidato puede consultar las publicaciones con doi: 10.1111/apha.13736; 10.1093/cvrv/cvab127; 10.1093/cvrv/cv215; 10.1016/j.jac</p>	<a href="https://www.iibb.csic.es/research/1365">https://www.iibb.csic.es/research/1365</a>
JAEINT24_EX_0908	MAESTRO GONZALEZ, ADOLFO	a.maestro@csic.es	INSTITUTO GEOLOGICO Y MINERO DE ESPAÑA	Evaluación del potencial almacenamiento geológico de CO2 y energía en la plataforma continental mediterránea para la Transición Ecológica	<p>El objetivo principal de la actividad propuesta es evaluar el potencial y la tipología del almacenamiento geológico de CO2. H2 u otras formas de energía mediante el estudio de las características geológicas de un sector de la plataforma continental mediterránea, estableciendo su naturaleza, estructura, geometría y propiedades físicas. La caracterización geológica del subsuelo y la creación de modelos geológicos en 3D se llevarán a cabo utilizando métodos y técnicas geológicas y geofísicas. Se utilizará información procedente de sondeos y perfiles sísmicos para determinar la posición, distribución espacial y principales características de las diferentes unidades litoestratigráficas. Las actividades a realizar serán: 1) Recopilación de la información geológica y geofísica disponible para la identificación y caracterización de estructuras geológicas favorables para el almacenamiento geológico; 2) Caracterización petrofísica de las formaciones potenciales de almacenamiento y sello; 3) Generación de modelos geológicos en 3D y bases de datos digitales asociadas de los emplazamientos de almacenamiento seleccionados; 4) Evaluación de la peligrosidad sísmica de las potenciales zonas de almacenamiento en relación con la actividad sísmica natural de la zona estudiada dentro del contexto geodinámico en el que se encuentre y/o condicionada por la reactivación de fallas preexistentes durante los procesos de inyección de fluidos; y 5) Establecimiento de la capacidad de almacenamiento de las estructuras geológicas estudiadas y clasificación de las estructuras seleccionadas según criterios de favorabilidad y fiabilidad. Estos trabajos contribuirán a la consecución de los objetivos establecidos en el marco de la Transición Energética. Las actividades se desarrollarán en el marco del proyecto activo SEASTORAGE (TED2021-129816B-I00), aprobado en la convocatoria 2021 de proyectos estratégicos orientados a la transición ecológica y a la transición digital, del Plan Estatal de Investigación Científica, Técnica y de Innovación para el periodo 2021-2023, en el marco del Plan de Recuperación, Transformación y Resiliencia. Las actividades para la consecución de este estudio se realizan en el seno del grupo de investigación Geofísica y Geología del Subsuelo (GEOFSUB) del C.N. Instituto Geológico y Minero de España-CSIC en su sede de Tres Cantos con la colaboración de Fernando Bohoyo y Maria Druet.</p>	<a href="https://www.csic.es/es/investigacion/grupos-de-investigacion/geofisica-y-geologia-del-subsuelo-geofsub">https://www.csic.es/es/investigacion/grupos-de-investigacion/geofisica-y-geologia-del-subsuelo-geofsub</a>
JAEINT24_EX_0266	MALVAR VIDAL, OSCAR	oscar.malvar@csic.es	INSTITUTO DE MICRO Y NANOTECNOLOGIA	Estudio de la resistencia a antibióticos mediante espectrometría nanomecánica	<p>En 1928 un trozo de moho contaminó una placa Petri del laboratorio de Alexander Fleming, dando lugar al hallazgo de la penicilina y abriendo las puertas al descubrimiento de nuevos fármacos. Desde entonces, miles de antibióticos han revolucionado la medicina mejorando notablemente la calidad de vida. Sin embargo, un uso excesivo de estos fármacos ha propiciado la aparición de bacterias superresistentes. Recientemente, la Organización Mundial de la Salud (OMS) ha declarado la resistencia a los antimicrobianos como una de las 10 principales amenazas de salud pública a la que se enfrenta la humanidad. El objetivo de esta Expresión de Interés es el estudio de las propiedades físicas de bacterias individuales sometidas a antibióticos mediante espectrometría nanomecánica de alta eficiencia. La espectrometría nanomecánica permite la medida de las propiedades físicas de analitos individuales y colectivos con una resolución y rango dinámico sin precedentes [1, 2]. En una primera aproximación se estudiará como cambia la masa de las bacterias sometidas a antibióticos dependiendo del tiempo de exposición al fármaco. El plan de formación consistirá en desarrollar tecnologías basadas en espectrometría nanomecánica de última generación para la caracterización de bacterias sometidas a fármacos. Dependiendo del avance en el estudio se propondrá: 1. Desarrollos teóricos, simulaciones por elementos finitos y tratamiento de datos. 2. Estudio de los resonadores nanomecánicos e introducción a la teoría de Euler-Bernoulli. 3. Realización de experimentos con distintas cepas bacterianas sometidas a distintos tratamientos antimicrobianos e interpretación de los resultados. El estudiante se formará en la utilización de distintos softwares como Comsol para simulaciones por elementos finitos, LabVIEW para el tratamiento y lectura de señales y Matlab para el tratamiento e interpretación de los datos, entre otros. Realizará medidas experimentales con un sistema de espectrometría de masas nanomecánica mediante la nebulización de bacterias, adquiriendo experiencia en investigación experimental en un grupo multidisciplinar. [1] A. Sanz-Jiménez, O. Malvar et al., "High-throughput determination of dry mass of single bacterial cells by ultrathin membrane resonators". Commun. Biol., 5, 1227, 2022. [2] O. Malvar et al. "Mass and stiffness spectrometry of nanoparticles and whole intact bacteria by multimode nanomechanical resonators". Nat. Comm.,7,13452, 2016.</p>	<a href="https://bionano.imn-cnm.csic.es/">https://bionano.imn-cnm.csic.es/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_086 I	MAMANI HUANCA, MARICRUZ	maricruz.mamani@csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACION EN CIENCIAS DE LA ALIMENTACION	Estudio del efecto de la dieta en el metabolismo microbiano intestinal de ácidos biliares mediante técnicas de metabolómica	Esta propuesta se centra en constituyentes de la dieta procedentes de plantas, incluidos carbohidratos y compuestos fenólicos de fuentes sostenibles, cuyos mecanismos para modificar la composición de ácidos biliares en el lumen intestinal no están completamente elucidados o se desconoce su efecto en la señalización enterohepática. El trabajo se realizará en el grupo de Nutrición Molecular y Metabolismo (NUTRIMOL) del Instituto de Investigación en Ciencias de la Alimentación (CIAL) del CSIC. Este grupo, con enfoque interdisciplinario, emplea tecnologías Ómicas y herramientas bioinformáticas para estudiar modelos biológicos. Cuenta con la instrumentación analítica necesaria para estudios de metabolómica dirigida, incluyendo UHPLC con detección MS con analizador triple cuadrupolo (UHPLC-MS/MS). El estudiante tendrá acceso a instalaciones comunes del CIAL, como laboratorios de contención biológica P1 y P2, Plataforma de Metabolómica, Simulador Gastrointestinal, Unidad de Técnicas Bioanalíticas, entre otros. El plan de formación iniciará con una exhaustiva revisión bibliográfica, seguido de un diseño experimental que integre la simulación in vitro de la digestión intestinal humana y tecnologías ómicas avanzadas para el estudio de diversos ingredientes alimentarios en el metabolismo microbiano de los ácidos biliares. También participará activamente en el desarrollo de métodos cromatográficos y técnicas de espectrometría de masas para la identificación y cuantificación los ácidos biliares en muestras procedentes de simulaciones gastrointestinales. Además, se proporcionará entrenamiento para la extracción de ácidos biliares en muestras procedentes de simulaciones gastrointestinales y en el uso de software bioanalítico para el tratamiento de los datos. Se prevé que el aprendizaje, formación y experiencia que adquiera el candidato, así como el enriquecimiento de su producción científica, le abrirá interesantes oportunidades de futuro, tanto en el sector de la investigación pública como privada, así como en el sector más innovador de la industria alimentaria.	<a href="https://www.cial.uam-csic.es/investigacion/departamentos/departamento-de-bioactividad-y-analisis-de-alimentos/grupo-de-nutricion-molecular-y">https://www.cial.uam-csic.es/investigacion/departamentos/departamento-de-bioactividad-y-analisis-de-alimentos/grupo-de-nutricion-molecular-y</a>
JAEINT24_EX_I123	MANRUBIA CUEVAS, SUSANNA	smanrubia@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Análisis de la dinámica de poblaciones virales mediante datos empíricos: redes de genotipos y transiciones adaptativas	Este proyecto de introducción a la investigación parte del análisis de datos empíricos obtenidos de la secuenciación masiva (deep sequencing) de poblaciones del fago Qbeta (un bacteriófago que infecta a Escherichia coli) durante su adaptación a temperatura subóptima. Los algoritmos de reconstrucción de redes y análisis de sus propiedades han sido desarrollados por el grupo de investigación y están disponibles para su uso. Las tareas a desarrollar son las siguientes: i) estudio de la bibliografía relevante (mapas genotipo-fenotipo, paisajes de fitness, redes de genotipos, nociones generales de dinámica de cuasi-especies virales); ii) reconstrucción de las redes de genotipos de varias poblaciones virales en momentos específicos de su adaptación (datos y algoritmos disponibles); iii) implementación de diversas medidas para caracterizar la evolución viral a través de los cambios sufridos por las poblaciones (medidas topológicas en redes complejas, diversidad, entropía, dispersión de secuencias en la población, difusión anómala, etc.); iv) elaboración de material que permita visualizar el movimiento de la población en el espacio de secuencias. El objetivo final es caracterizar la posible existencia de adaptación rápida (de tipo equilibrio puntuado), bajo la hipótesis de que las mutaciones se fijan a tasa superior a la media y la diversidad poblacional experimenta contracciones debido a cambios en el fenotipo colectivo.	<a href="https://auditore.cab.inta-csic.es/manrubia/">https://auditore.cab.inta-csic.es/manrubia/</a>
JAEINT24_EX_0424	MANZANARES FOURCADE, MIGUEL	mmanzanares@cbm.csic.es	CENTRO DE BIOLOGIA MOLECULAR SEVERO OCHOA	Analysis of genome structure and cellular fates in the early mouse embryo	DNA is folded and packed in particular ways to dictate the accessibility of specific regions of the genome. The result is the coordination of regulatory elements and genes leading to spatial, temporal and quantitative transcriptional patterns that determine the final phenotype of the cell. This 3D structure must be reproduced when an organism is growing during embryonic development and rules genome function. Crucial for its establishment and maintenance is the presence of architectural proteins that bind to the chromatin and modulate the interactions between distal regions of the genome. Among these, CTCF and the Cohesin complex are considered key factors. Disruptions of this regulation will result in organism malfunction and disease, but at the same time, variations in its balance can be ground for evolutionary change. The first stages of mouse development as a model, starting at fertilization, offers a unique opportunity to dissect these processes as they are established starting from a totally naïve genome, while at the same time the embryo is growing and the first lineage decisions that lead to different cell types take place. The principal aim of this proposal is to understand how the loss of CTCF at peri-implantation stages in the pluripotent epiblast of the mouse embryo affects critical developmental decisions such as germ layer specification. The phenotypic consequences of CTCF depletion will be analysed by RNA-seq and genome accessibility and structure will be studied by ATAC-seq and Hi-C on single embryos. This project will generate essential information and complementary results to previous research in the lab showing that lack of zygotic CTCF leads to lethality by late blastocyst stage. In parallel, the student to join our group will characterize a new pharmacological model to alter chromatin structure by using the anti-cancer drug CBLO137 (curaxin), that has been shown to displace CTCF leading to structural changes of the chromatin in cell lines. We plan to use curaxin to deplete CTCF from mouse embryonic stem cells (ESCs) and mouse embryos to elucidate the effects of its loss in structure and transcription, which at the same time will influence viability and/or progression. This approach will allow us to better control the stages on which we induce the depletion and to substantially reduce the use of genetically modified mice, what we believe is in line with the future perspectives of biological sciences.	<a href="http://www.cbm.uam.es/functional-genomics">www.cbm.uam.es/functional-genomics</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1445	MAÑEZ CRESPO, JULIA	jmanez@imedea.uib-csic.es	INSTITUTO MEDITERRANEO DE ESTUDIOS AVANZADOS	Variabilidad en la capacidad de retención de microplásticos entre praderas de diferentes especies de fanerógamas marinas.	Las praderas de fanerógamas marinas forman ecosistemas muy valiosos en las zonas costeras, ofreciendo un gran número de bienes y servicios ecosistémicos. Entre otros, su influencia en los procesos de estabilización y retención de sedimentos, les permite generar ecosistemas de gran interés para el asentamiento de otras especies. A pesar de su importancia ecosistémica, los ecosistemas formados por fanerógamas marinas se encuentran amenazados por diferentes disruptores de origen antropogénico. En las últimas décadas, ha aumentado a gran velocidad la contaminación por plásticos. El estudio de la contaminación por plásticos en los océanos es crucial, ya que no sólo es una preocupación ecológica, sino también un problema de salud humana. En este contexto, las zonas de sedimentación oceánica, que actúan como trampas de sedimentación, son un buen modelo de estudio. Se ha sugerido que las praderas de fanerógamas marinas pueden generar zonas de acumulación de plásticos y microplásticos (fragmentos de restos plásticos de entre 1 µm y 5mm), pero los estudios de campo que examinan este tema aún son muy escasos. Bajo estas consideraciones, este proyecto tiene como objetivo principal la evaluación de la dinámica y acumulación de microplásticos en praderas además de ahondar en los factores que determinan su acumulación en los sedimentos y determinar el efecto de la hidrodinámica y la degradación del hábitat en la sedimentación de partículas de microplástico en praderas de angiospermas marinas. Para ello, se han tomado muestras (testigos de sedimento) en praderas de diferentes especies y diferentes localidades, comparando fondos vegetados y no vegetados. El/la Estudiante trabajará implementando el protocolo de extracción de micropartículas y, posteriormente, en una sala blanca y bajo una lupa binocular, identificará y separará los microplásticos observados. Una vez acabada la parte experimental, el/la estudiante analizará los datos y expondrá los resultados. Al finalizar el proceso, el/la estudiante, si lo quiere, podrá participar en el proceso de elaboración del artículo científico que se pretende elaborar.	<a href="https://imedea.uib-csic.es/">https://imedea.uib-csic.es/</a>
JAEINT24_EX_0774	MARCO DE LUCAS, JESUS EUGENIO	jesus.marco@csic.es	INSTITUTO DE FISICA DE CANTABRIA	Redes neuronales en inteligencia artificial con viabilidad biológica	Redes neuronales en inteligencia artificial con viabilidad biológica Dentro de las arquitecturas actuales de redes neuronales en inteligencia artificial, se propone analizar y desarrollar aquellos modelos más cercanos a nuestro conocimiento actual de las redes neuronales existentes en sistemas biológicos. Se considerarán desde modelos sencillos, cuyo conectoma es conocido (como C.Elegans) hasta los más complejos, como los propuestos desde iniciativas como el Human Brain Project, o el Allen Institute. El plan de formación por ello incluye tanto el conocimiento de las últimas técnicas de aprendizaje automático, cómo el estado del arte en el modelado de redes neuronales biológicas. Objetivos: revisar la literatura existente, y en particular el software en abierto disponible para el modelado de redes neuronales. Seleccionar e implementar al menos dos técnicas con viabilidad biológica, una de ellas empleando un modelo detallado de diversidad neuronal (células, sinapsis, etc.) y otra con un modelo con una estadística realista para simular una columna cortical. Analizar la opción de la binarización, y la implementación de las correspondientes funciones de pérdida. Metodología: -Revisión de la literatura: Se realizará una búsqueda exhaustiva en bases de datos académicas y recursos on-line -Implementación de técnicas: utilizando bibliotecas de aprendizaje profundo como TensorFlow o PyTorch. -Evaluación y comparación del rendimiento: Se utilizará un conjunto de datos adecuado para evaluar y comparar el rendimiento de las técnicas implementadas, utilizando diferentes métricas. -Análisis de desafíos y limitaciones: Se analizarán los resultados obtenidos y se identificarán los desafíos y limitaciones de los resultados obtenidos en comparación con las aproximaciones existentes en la literatura. - Propuesta de mejoras y enfoques alternativos: basándose en el análisis de desafíos y limitaciones, se propondrán posibles mejoras o enfoques alternativos para abordar estos problemas y mejorar el rendimiento de las técnicas Resultados: -Un informe detallado que incluya la revisión de la literatura, la descripción de las técnicas implementadas, los resultados experimentales y el análisis de desafíos y limitaciones. -Código fuente de las técnicas implementadas	<a href="https://ifca.unican.es/es/investigacion/computacion-avanzada-y-ciencia">https://ifca.unican.es/es/investigacion/computacion-avanzada-y-ciencia</a>
JAEINT24_EX_1716	MARCOS BENTE, ENRIQUE	embcri@ibmb.csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA MOLECULAR DE BARCELONA	Computational design of ligand-binding proteins through de novo antibody-like frameworks	The past decade has witnessed a revolution in de novo protein design, enabling the creation of diverse folds characterized by hyperstability and structural accuracy, customized for binding to small molecules or proteins. This computational ability to design proteins from scratch, unconstrained by nature, is reshaping the protein engineering landscape, offering solutions to the limitations of natural proteins in various biotechnological and medical applications. While engineered antibodies have made significant strides in protein therapeutics, relying on naturally occurring immunoglobulin frameworks, they still face challenges related to stability, manufacturing, size, and structure. To address these limitations and design antibody-like proteins with superior properties, our recent work has focused on developing a computational approach for custom-designing large libraries of immunoglobulin frameworks. These frameworks exhibit diverse geometries and have been validated to be hyperstable, with the ability to anchor ligand-binding loops, confirmed through X-ray crystallography. In this project, our goal is to enhance these frameworks by incorporating antigen-binding loops from antibodies or short peptides targeting biomedical interests. We plan to graft existing binding loops or designing entirely new ones on our frameworks. Deep-learning techniques will be employed to fine-tune the framework structure and sequence for optimal loop integration. The (py)Rosetta modeling suite will serve as the foundation for coding the various design pipelines. Validation will be conducted using deep-learning structure prediction methods like AlphaFold2 and RoseTTAFold to ensure correct folding in silico, followed by molecular dynamics and protein-protein docking simulations to confirm binding to targets. The most promising designs will undergo experimental testing and characterization in our lab. Depending on time constraints, the candidate may have the opportunity to participate in these experimental tests.	<a href="https://www.ibmb.csic.es/en/department-of-structural-and-molecular-biology/protein-design-and-modeling/">https://www.ibmb.csic.es/en/department-of-structural-and-molecular-biology/protein-design-and-modeling/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0822	MARIN BENITO, JESUS MARIA	jesusm.marin@irmasa.csic.es	INSTITUTO DE RECURSOS NATURALES Y AGROBIOLOGIA DE SALAMANCA	Dinámica de pesticidas en suelos agrícolas bajo diferentes manejos a escala de laboratorio y de campo	El candidat@ desarrollará su trabajo de investigación en el Dpto. Procesos de Degradación del Medio Ambiente y su Recuperación del IRNASA-CSIC, dentro del grupo de Contaminación de suelos y aguas por pesticidas. Las actividades de formación estarán relacionadas con las líneas de investigación que actualmente se están llevando a cabo en diversos proyectos nacionales e internacionales en los que participa el investigador responsable. El plan de formación consistirá en la realización de ensayos de laboratorio y de campo para evaluar la eficiencia de estrategias de manejo del suelo encaminadas a prevenir y controlar la contaminación de suelos por pesticidas y limitar su entrada en las aguas subterráneas en regiones de gran interés medioambiental y/o económico. El candidat@ adquirirá formación y una visión global de los principales procesos que afectan a la dinámica de pesticidas en suelos mediante: 1) estudios de adsorción-desorción (método batch en equilibrio) que evaluarán la capacidad de bioadsorbentes de diferente origen para adsorber e inmovilizar los pesticidas y prevenir la contaminación difusa y puntual de suelos y aguas; 2) estudios de degradación (en laboratorio) y de disipación (en campo) de pesticidas y la formación de sus metabolitos en suelos agrícolas dirigidos a evaluar el impacto de la aplicación de enmiendas orgánicas al suelo y otras prácticas agrícolas sobre la biodisponibilidad y mecanismo de disipación de los pesticidas en este compartimento medioambiental; 3) ensayos de movilidad a escala de laboratorio y de campo en columnas de suelo sin distorsionar y distorsionadas correspondientes a suelos agrícolas bajo diferentes prácticas agrícolas (aplicación de enmiendas orgánicas, mulching, laboreo-no laboreo del suelo, siembra directa). El candidat@ además recibirá formación en la determinación de los diferentes parámetros que cuantifican estos procesos de adsorción-desorción, degradación y movilidad, su estudio estadístico y relación con las propiedades fisicoquímicas de los suelos y de los pesticidas, así como su utilización final en modelos matemáticos para un uso predictivo del comportamiento medioambiental de estos compuestos. El candidat@ podrá adquirir formación en el manejo de las distintas técnicas analíticas utilizadas durante la realización de los diversos estudios (HPLC/MS, cromatografía iónica y técnicas de I4C) y en el software de modelos matemáticos que evalúan la movilidad de pesticidas.	<a href="https://www.irmasa.csic.es/grupo-de-contaminacion-de-suelos-y-aguas/">https://www.irmasa.csic.es/grupo-de-contaminacion-de-suelos-y-aguas/</a>
JAEINT24_EX_1410	MARIN GARCIA, MARIA LUISA	mluisa.marin@csic.es	INSTITUTO DE TECNOLOGIA QUIMICA	Desarrollo de nuevos fotocatalizadores micrométricos para descontaminación de aguas residuales con generación simultánea de hidrógeno	A lo largo de la última década, la catálisis fotoredox empleando luz solar ha experimentado un tremendo avance debido a su eficiencia, versatilidad y potenciales aplicaciones. En particular, los fotocatalizadores micrométricos capaces de absorber luz solar resultan muy prometedores para descontaminación de aguas residuales con generación simultánea de hidrógeno. El/la estudiante que consiga una beca JAE intro se formará en diferentes áreas de este proyecto. Concretamente: • Área 1. Síntesis y caracterización de fotocatalizadores heterogéneos obtenidos por derivatización de esferas de sílice con semiconductores de distinta naturaleza. El/la estudiante se formará en técnicas habituales en síntesis de materiales, así como en diferentes técnicas de caracterización. • Área 2. Evaluación de la eficiencia de los nuevos fotocatalizadores para la descontaminación de contaminantes orgánicos modelo. El/la estudiante se formará en los diferentes aspectos a tener en cuenta para optimizar reacciones fotoquímicas, así como en técnicas de monitorización de reacciones orgánicas principalmente por HPLC. • Área 3. Evaluación de la eficiencia de los nuevos fotocatalizadores para la generación de hidrógeno. El/la estudiante se formará en los diferentes aspectos a tener en cuenta para optimizar reacciones fotoquímicas, así como en técnicas de monitorización de reacciones por CG. • Área 4. Evaluación del potencial de recuperación / reutilización de los mejores fotocatalizadores.	<a href="https://pama.itq.webs.upv.es/">https://pama.itq.webs.upv.es/</a>
JAEINT24_EX_1128	MARINA MORENO, ALBERTO	amarina@ibv.csic.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA DE VALENCIA	Comunicación en el Mundo Microbiano	Como miembros de comunidades todos los organismos se relacionan tanto con sus similares como con otros seres de su entorno, generando comportamientos sociales complejos con crucial relevancia ecológica y evolutiva. Para ello los organismos han desarrollado sofisticados sistemas de comunicación que les permiten "hablar" no solo con sus congéneres sino también con otras especies. Estas habilidades sociales, obvias en humanos, solo se han atribuido en las últimas décadas a microorganismos. Más aun, nuestra visión antropomórfica nos hace difícil pensar que entidades biológicas tan simples como los virus también pueden desarrollar sistemas tan avanzados como la comunicación. Nuestro laboratorio tiene un amplísimo recorrido en la caracterización de los mecanismos de señalización y comunicación en el mundo microbiano, desde los utilizados por las bacterias hasta los utilizados por los bacteriófagos (fagos) y otros elementos genéticos móviles (MGE). Nuestros resultados respaldan que estos mecanismos de señalización y comunicación en microorganismos no solo son utilizados para compartir información con sus congéneres, sino también con otros miembros de su entorno, incluidas bacterias, fagos y MGEs. Recientemente hemos mostrado las bases moleculares de un nuevo mecanismo de comunicación entre fagos (Gallego del Sol, Mol Cell, 2019 y Nat Commun 2022; Brady, Current Biol 2021 y Cell Host Micro, 2023; Zamora-Caballero, Nat Micro 2024), que en estamos expandiendo a otros MGEs gracias a un reciente proyecto internacional. El investigador JAE se integrará en este campo de estudio trabajando para descifrar a nivel molecular posibles "idiomas" hablados en el mundo microbiológico. Parra ello trabajará con diferentes microorganismos y sus MGEs aplicando técnicas de biología molecular, bioquímica y biología estructural en las que será formado por los miembros del lab, accediendo a infraestructuras singulares como sincrotrones y a otros laboratorios internacionales con los que colaboramos. La realización con éxito de este proyecto no solo contribuirá a la formación del investigador JAE si no que le permitirá participar en un proyecto que puede cambiar por completo la percepción que tenemos de cómo funcionan las comunidades microbianas al promover a fagos y otros MGEs como agentes sociales. Al finalizar la beca, y en función del desarrollo de ésta, el grupo financiará la realización de una Tesis doctoral si el Investigador JAE estuviera interesado.	<a href="https://www.ibv.csic.es/project/cristalografia-macromoleculas/">https://www.ibv.csic.es/project/cristalografia-macromoleculas/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0159	MARQUES MARTIN, SILVIA	silvia@eez.csic.es	ESTACION EXPERIMENTAL DEL ZAIDIN	Producción de nanocelulosa bacteriana para aplicaciones de economía circular.	Hemos aislado una cepa bacteriana capaz de sintetizar y excretar nanocelulosa, un polímero de alto valor añadido. La cepa puede utilizar una gran diversidad de fuentes de carbono, incluyendo compuestos orgánicos e inorgánicos de un único átomo de carbono. Un mutante espontáneo de la cepa presenta una capacidad muy aumentada de síntesis del polímero, por lo que planteamos su utilización para la producción de celulosa a gran escala para aplicaciones biotecnológicas (patentada). Hemos demostrado que la pérdida del sistema rpf de regulación por quorum sensing (QS) en la cepa mutante es responsable de su fenotipo sobreproductor. El objetivo general del proyecto es entender tantos los mecanismos de producción de celulosa como los de regulación de las distintas rutas que intervienen en el proceso. Esto nos permitirá manipular la cepa con objeto de aumentar los niveles de producción. El proyecto pretende analizar la expresión de pasos clave en la ruta de síntesis de celulosa y comparar distintos fondos genéticos, distintas condiciones de crecimiento y distintas fuentes de carbono. Para ello el/la estudiante analizará la expresión de las rutas implicadas en la producción de celulosa, participará en el screening y caracterización de una colección de mutantes disponibles en el laboratorio. Igualmente, clonará aquellos pasos de la ruta que se identifiquen como esenciales o cuellos de botella en el proceso. En todos los casos, se determinará la eficiencia de producción de celulosa de las cepas resultantes. Todas estas tareas implican el uso de metodologías básicas que se utilizan en un laboratorio de investigación en biología molecular (clonaciones, análisis de expresión, identificación de promotores, interacciones regulador/promotor, etc.). Este trabajo conlleva además el análisis in silico del genoma de la cepa, tanto para localizar el punto de inserción de los mutantes seleccionados de la mutateca, como para identificar genes esenciales en las rutas. De forma continua y con ayuda de su supervisor(a), el/la estudiante irá diseñando las tareas a realizar. Se pretende que el/la estudiante vaya adquiriendo mayores niveles de independencia a medida que avance su trabajo. El objetivo final es obtener un derivado adecuado de la cepa y establecer las condiciones óptimas de cultivo para maximizar los niveles de síntesis.	<a href="https://www.eez.csic.es/microbiologia-ambiental-y-biotecnologia">https://www.eez.csic.es/microbiologia-ambiental-y-biotecnologia</a>
JAEINT24_EX_0406	MARQUEZ ORTIZ, ANA MARIA	anamaort@pb.csic.es	INSTITUTO DE PARASITOLOGIA Y BIOMEDICINA LOPEZ NEYRA	Caracterización del epigenoma de la arteritis de células gigantes	El objetivo principal de nuestro grupo es dilucidar las causas y los mecanismos moleculares implicados en el desarrollo de la arteritis de células gigantes (GCA), una vasculitis de naturaleza autoinmune. Como otras enfermedades inmunomediadas, la GCA presenta una etiología compleja, en la que una serie de desencadenantes ambientales y factores genéticos contribuyen a su etiología. Aunque se ha logrado un progreso considerable en la comprensión del componente genético de la GCA, aún se desconocen en gran medida los mecanismos moleculares implicados en su desarrollo. En los últimos años, se ha demostrado que la epigenética también juega un papel fundamental en la patogénesis de las enfermedades inmunomediadas. Por ello, nuestro grupo ha llevado a cabo recientemente el primer estudio de asociación del metiloma y el transcriptoma en monocitos de pacientes con GCA y controles sanos (Estupiñán et al., Ann Rheum Dis, 2022). Este estudio ha puesto de manifiesto que tanto el perfil de metilación como de expresión génica de los monocitos de pacientes con GCA se encuentran desregulados, presentando un fenotipo más proinflamatorio en comparación con los monocitos de controles sanos. Sin embargo, a pesar de que nuestro estudio ha identificado numerosos genes y vías biológicas que se encuentran desregulados en esta patología, nuestro conocimiento de las bases moleculares de esta enfermedad es aún bastante limitado. Por ello, nuestro grupo tiene previsto continuar caracterizando el epigenoma de tipos celulares relevantes en la GCA, como monocitos y linfocitos T CD4+, mediante el análisis de la conformación de la cromatina a través de las técnicas ATAC-seq y Cut&Tag, así como mediante la integración de estos datos con datos transcriptómicos. Además, también se va a llevar a cabo el estudio simultáneo del transcriptoma y el epigenoma a nivel de célula única en tejido arterial de pacientes de GCA. El uso de las estrategias más punteras en el campo de la genómica y la epigenómica de las enfermedades complejas, así como la integración de distintos datos -ómicos permitirá arrojar luz sobre los genes y rutas moleculares implicados en la GCA. El candidato se formará en técnicas experimentales (aislamiento de tipos celulares específicos, extracción de ácidos nucleicos, aislamiento de núcleos celulares, ensayos de ATAC-seq y Cut&Tag, etc.) y en el uso de herramientas bioinformáticas para el análisis de datos epigenómicos y transcriptómicos.	<a href="https://www.ipb.csic.es/departamentos/anam_aort.html?depto=Dpto.deBiologiaCelularInmunologia">https://www.ipb.csic.es/departamentos/anam_aort.html?depto=Dpto.deBiologiaCelularInmunologia</a>
JAEINT24_EX_1512	MARTI RUIZ, MARIA CARMEN	mcmarti@cebas.csic.es	CENTRO DE EDAFOLOGIA Y BIOLOGIA APLICADA DEL SEGURA	Implicación del reloj circadiano de plantas en la señalización por ROS y RNS y en la respuesta a estrés salino	Los vegetales proporcionan alimento y bioenergía permitiendo el crecimiento de la población humana. El reloj circadiano confiere a las plantas ventajas adaptativas, al ser éstas capaces de anticipar los cambios diarios de luz y temperatura que se producen por la rotación de la Tierra, contribuyendo así a la mejora de la supervivencia y al incremento de la biomasa vegetal debido a los numerosos procesos biológicos que regula. Por otro lado, la sequía, las altas temperaturas y la salinidad, son unos de los estreses abióticos más importantes que producen pérdidas en el rendimiento de las cosechas, problema que se agudizará en un futuro debido al cambio climático y al incremento en la demanda. El reloj circadiano controla la expresión de alrededor del 30% de los genes en Arabidopsis, incluyendo genes asociados con la respuesta a estrés abiótico, lo que supone la implicación del reloj circadiano en la lucha de las plantas contra esta situación adversa. En plantas, una compleja red bioquímica genera las señales de respuesta a estrés ambiental mediante la formación de especies reactivas del oxígeno (ROS) y del nitrógeno (RNS), entre otras, desencadenando así la respuesta fisiológica. La reciente participación de la red circadiana en el control de la expresión de numerosos genes de defensa supone el incremento de la complejidad de los mecanismos de las plantas frente al estrés abiótico y hasta la fecha, no se tienen muchos datos bioquímicos que ayuden a comprender la relación exacta entre estas dos redes de señalización. En este trabajo, que realizo en colaboración con la Universidad de Cambridge (U.K.), los objetivos fundamentales son: establecer el alcance de la implicación del reloj circadiano en el metabolismo de ROS, establecer su posible implicación en procesos dependientes de RNS y en la respuesta a estrés salino a todos los niveles (genético, bioquímico y fisiológico). La consecución de estos objetivos, supondrá un gran avance en el conocimiento de los mecanismos por los que las plantas responden a condiciones ambientales adversas. El estudiante manejará técnicas bioquímicas, moleculares y fisiológicas, aplicadas a estudios con plantas de Arabidopsis. Como ejemplo, emplearemos técnicas de determinación de expresión de genes por PCR a tiempo real, medida de antioxidantes y marcadores de estrés oxidativo por técnicas analíticas y bioquímicas y medida de cantidad de proteína y actividades enzimáticas mediante espectrofotometría y/o western-blot.	<a href="http://www.cebas.csic.es/dep_spain/estres/estres_abiotico/estres_lineas.html">http://www.cebas.csic.es/dep_spain/estres/estres_abiotico/estres_lineas.html</a>



REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0154	MARTIN BELMONTE, FERNANDO	fernando.m.belmonte@csic.es	CENTRO DE BIOLOGIA MOLECULAR SEVERO OCHOA	Estudio de la homeostasis en el epitelio intestinal, e interacción con el sistema inmune y asociación con enfermedades inflamatorias	Nuestro principal interés científico es la comprensión de los procesos de comunicación, señalización y establecimiento de la polaridad celular durante la morfogénesis, la homeostasis y la regeneración intestinal, así como sus implicaciones en enfermedades inflamatorias intestinales (IBDs) y el cáncer. La IBD es una afección multifactorial que resulta de una intrincada interacción entre una predisposición genética, alteraciones de la respuesta inmune, cambios en la microbiota y factores ambientales. La IBD causa inflamación crónica del intestino y, aunque su prevalencia en Europa es alta -y en aumento-, aún no tiene cura debido, entre otras cosas, a la falta de una descripción completa de su etiología. La comprensión de IBDs requiere un enfoque integrado de estudios con modelos animales, modelos organotípicos-"gut-on-a-chip", transcriptómica y herramientas moleculares, celulares e inmunológicas. El trabajo del estudiante se centrará en estudiar cómo las alteraciones del microambiente intestinal en fases neonatales pueden alterar la homeostasis del tejido y el desarrollo de inflamación y cáncer. Las capacidades y competencias que se prevé que adquiera el estudiante serían: • Demostrar capacidad para aplicar los conocimientos previos adquiridos durante su formación. Afianzar una base teórica que le permita comprender los fundamentos de las técnicas de laboratorio y la interpretación de resultados derivados de la hipótesis de trabajo. Para ello, participará en el programa de formación del CBMSO, como oyente y exponiendo periódicamente su trabajo. • Para el aprendizaje de técnicas de laboratorio, se le proporcionarán los protocolos necesarios, aprenderá su ejecución primero mediante observación, gradualmente supervisada por una investigador postdoctoral, hasta alcanzar un grado máximo de independencia. • Colaboración en el diseño de experimentos de laboratorio enfocadas a determinar de forma más precisa la reprogramación metabólica intestinal, el estudio de vías de señalización y comunicación metabólica por citometría, transcriptómica, y modelos organotípicos. Entender e interpretar literatura científica para su aplicación en el planteamiento de un proyecto.	<a href="http://www.cbm.uam.es/fmartin">http://www.cbm.uam.es/fmartin</a>
JAEINT24_EX_0468	MARTIN BLANCO, ENRIQUE	embmcb@bmb.csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA MOLECULAR DE BARCELONA	COORDINATION OF EPITHELIAL, MESODERMAL AND NEURONAL MORPHOGENESIS	A basic unresolved problem in Developmental Biology is to understand how cells from different layers coordinate to create functional structures. In this project we will explore how epidermal cells coordinate with muscles and nerves as they develop to build the adult abdomen of the fruit fly. The adult <i>Drosophila</i> epidermis is formed by cells that descend from histoblasts. The adult muscles are guided by persistent nerves and develop their attachments in coordination with the expansion of the epidermis. We will employ in vivo microscopy and optogenetics to reveal the mechanistic details of the coordination of this process. Different human pathologies (hereditary muscular dystrophies) are associated to genes, whose homologous in <i>Drosophila</i> affect the proper attachment of muscles. A different aspect of this project will be to explore how the coordination between epidermis, muscles and nerves is affected in mutants for these genes. Last, we have already identify some potential phenotypic suppressors of the defects in muscle attachments observed in mutants for these genes with the aim to design gene or pharmacological therapies. An alternative aim of the project could be to analyze the cellular events rescued in these conditions or to screen the genome for further suppressors.	<a href="https://www.ibm.csic.es/en/departament-of-cells-and-tissues/signalling-events-controlling-cell-migration-during-morphogenesis/">https://www.ibm.csic.es/en/departament-of-cells-and-tissues/signalling-events-controlling-cell-migration-during-morphogenesis/</a>
JAEINT24_EX_0161	MARTIN ESTEBAN, ANTONIO	amartin@inia.csic.es	INSTO. NAC. DE INVESTIG Y TECNOLOGIA AGRARIA Y ALIMENTARIA	Sostenibilidad de los métodos analíticos en Química Ambiental	La competencia general de esta actuación consiste en proporcionar especialización en preparación de muestras y en técnicas cromatográficas desde una perspectiva ambiental sostenible de manera que el/la estudiante adquiera no sólo conocimientos técnicos y científicos sino también una concienciación ambiental dentro de un laboratorio con el objetivo de minimizar al máximo la generación de residuos y la peligrosidad a la exposición de sustancias/reactivos tóxicos. Plan de formación: 1.- Preparación de muestras y técnicas de microextracción: Fundamentos de la preparación de muestras sólidas y líquidas. 2.- Empleo de disolventes eutécticos profundos como alternativa "verde" a los disolventes orgánicos convencionales. 3.- Cromatografía de líquidos de alta resolución (HPLC): Cromatógrafo de líquidos, Columnas, Modos de separación. Elución isocrática y en gradiente. Resolución de problemas, mantenimiento de equipos y minimización de la generación de residuos. De manera transversal, el/la estudiante adquirirá experiencia en el manejo y mantenimiento de equipamiento y material básico de laboratorio (balanzas, material volumétrico, micropipetas, etc.) y de gestión de residuos. El/la estudiante ha de demostrar al final de su periodo de formación que ha alcanzado una autonomía completa para la realización de las siguientes actividades: - Operaciones básicas de laboratorio. - Preparación de muestras. - Manejo y mantenimiento básico de los equipos cromatográficos - Capacidad para proponer alternativas sostenibles a los métodos analíticos convencionales.	<a href="https://www.inia.es/investigacion/Medio%20ambiente%20y%20agronomia/Qu%C3%ADmica%20ambiental/Pages/Home.aspx">https://www.inia.es/investigacion/Medio%20ambiente%20y%20agronomia/Qu%C3%ADmica%20ambiental/Pages/Home.aspx</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0940	MARTIN GARCIA, ANTONIO IGNACIO	ignacio.m@csic.es	ESTACION EXPERIMENTAL DEL ZAIDIN	Valor nutritivo de pastos generados mediante herbivorismo pírico: interacción fuego - pastoreo en zonas de montaña semiárida	El paisaje mediterráneo ha sido moldeado desde el Holoceno por prácticas agropecuarias generadoras de estructuras heterogéneas en el tiempo y el espacio cuya alteración amenaza la biodiversidad. El abandono de tales prácticas, unido a las masivas repoblaciones forestales, ha propiciado el desarrollo de vegetación densa y continua, muy susceptible a los incendios. Europa, que ha invertido mucho más en detección y extinción de incendios forestales que en su prevención, sigue sufriendo voraces fuegos muy difícil de extinguir, por lo que urge fomentar técnicas preventivas. Entre las más eficaces están las quemaduras prescritas y el pastoreo dirigido, que son económicas, fáciles de implementar por la población autóctona y favorecen la diversidad florística, la fertilidad del suelo, la ganadería local y la fijación de la población rural. Este tipo de ganadería es reconocido pues como un servicio ecosistémico. La interacción ecológica fuego/pastoreo (herbivorismo pírico, HP), que emula las perturbaciones naturales evolutivas del monte, crea un mosaico complejo de hábitats resilientes que favorece la heterogeneidad del paisaje, considerada ésta como un pilar fundamental en la conservación y gestión de los ecosistemas. El fuego retroalimenta el pastoreo, pues los herbívoros son atraídos por los pastos que se han quemado recientemente al presentar un valor nutritivo mejorado, mientras que el ganado previene el fuego al reducir la carga combustible del monte. Desde 2018 estamos llevando a cabo las primeras experiencias de HP sobre evolución de la dinámica del combustible vegetal y la aplicación de TIC (seguimiento de la carga combustible mediante teledetección y de movimientos de ganado mediante GPS). Pero son pocos los estudios sobre el binomio HP - calidad nutritiva de los arbustos y nulos en montes semiáridos como los del SE de España, la zona más seca de Europa, donde el abandono rural se ha visto acelerado por la mayor crudeza de sus desencadenantes (clima, discriminación social, aumento del precio de piensos y combustibles y estancamiento de los de los productos agropecuarios). Nuestro objetivo, más allá de iniciar al candidato en el uso de una serie de metodologías para evaluar la calidad de los pastos de zonas de montaña semiárida manejados con HP, pretende formarlo en uno de los problemas más actuales del cambio global y el conocimiento de una potente herramienta alternativa de silvicultura preventiva para montes con riesgo de incendios forestales y de abandono.	<a href="https://www.eez.csic.es/produccion-sostenible-de-rumiantes">https://www.eez.csic.es/produccion-sostenible-de-rumiantes</a>
JAEINT24_EX_0399	MARTIN IBAÑEZ, FRANCISCO JAVIER	javiermartin@ipb.csic.es	INSTITUTO DE PARASITOLOGIA Y BIOMEDICINA LOPEZ NEYRA	Medicina Genómica en Autoinmunidad	Nuestro grupo de investigación ha liderado un estudio del genoma completo –GWAS- en esclerosis sistémica (SSc) identificando vías moleculares involucradas en la vasculopatía y la fibrosis (López-Isac et al., Nat Commun, 2019) y proponiendo un genomic risk score para la SSc (Bossini-Castillo L et al., Ann Rheum Dis, 2021). Estos trabajos suponen una mejor comprensión de la base genética de SSc y su utilidad clínica. Sin embargo aún quedan interrogantes acerca del papel funcional de las variantes genéticas asociadas a la SSc. Nuestras investigaciones a medio plazo están dirigidas hacia la Genómica Funcional, de tal manera que nos proponemos a descifrar cuales son las consecuencias de las variantes genéticas asociadas a la SSc mediante por una parte la realización de estudios transcripcionales -RNAseq- y epigenómicos –metiloma- y su integración con los datos de GWAS, y por otra la realización de estudios de conformación de la cromatina –capture HiC- y ATA-seq. Estos análisis se complementarán con estudios de secuenciación de célula única -scRNAseq de diferentes tipos celulares de relevancia en la enfermedad como células CD4+, monocitos/macrófagos y fibroblastos.	<a href="http://www.ipb.csic.es">www.ipb.csic.es</a>
JAEINT24_EX_1606	MARTÍN PLAGARO, CÉSAR AUGUSTO	cesar.martin@ehu.eus	INSTITUTO BIOFISIKA	Empleo de nanopartículas como herramienta terapéutica en enfermedad cardiovascular	Las características biofísicas de las HDL recombinantes posibilitan su uso para la eliminación de la acumulación extracelular de colesterol en las lesiones ateroscleróticas. El desarrollo y uso de este tipo de nanopartículas contribuiría a reducir la inflamación y mejorar el pronóstico de la enfermedad. Previos datos de nuestro grupo de investigación muestran que las rHDL de DPPC son muy eficientes en la eliminación de colesterol debido a la alta afinidad de unión al colesterol de las cadenas saturadas de DPPC. Este hecho sugiere que las rHDL de DPPC pueden ser eficaces terapéuticamente para la aterosclerosis al modular los componentes en las placas y contrarrestar la inflamación inducida por los cristales de colesterol. Por lo tanto, la nueva herramienta que pretendemos desarrollar tendrá el potencial terapéutico de promover la regresión y estabilización de la placa de ateroma y mejorar el pronóstico de la enfermedad cardiovascular. El objetivo es estudiar la dinámica de rHDL en el plasma y con depósitos extracelulares de colesterol, así como la capacidad de eliminación de los depósitos extracelulares de colesterol in vitro. OE 1: Estudiar la dinámica de las rHDL en plasma mediante la inserción de una etiqueta en el ApoA-I para su posterior purificación por afinidad, lo que facilitará el aislamiento y la distinción de las rHDL de otras partículas endógenas de HDL en las muestras de plasma. Determinaremos mediante lipidómica y proteómica el perfil de lípidos/proteínas de las rHDL después de la incubación en plasma. OE2: Estudiar la dinámica de las rHDL con lipoproteínas mediante microscopía de fuerza atómica de alta velocidad (HS-AFM). Se utilizará un microscopio de fuerza atómica de alta velocidad (HS-AFM), equipado con una sonda corta con una frecuencia de resonancia de aproximadamente 600 kHz y un factor de calidad Q=1.5 en líquido (Nanoworld). Se utilizará mica fresca como soporte para las rHDL con líquido. Se inyectará plasma fresco directamente en el HS-AFM durante la obtención de imágenes para evaluar la dinámica de las rHDL en el plasma (1-4 segundos por imagen). Las películas de HS-AFM se analizarán utilizando el software ImageJ y WSxM 5.0. OE 3: Caracterización biofísica de la capacidad de las rHDL para eliminar los depósitos extracelulares de colesterol: Se utilizará la microscopía de fuerza atómica rápida para seguir el efecto de solubilización de las rHDL sobre la acumulación extracelular de colesterol.	<a href="https://www.biofisika.org/en/about/people/cesar-augusto-martin">https://www.biofisika.org/en/about/people/cesar-augusto-martin</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0800	MARTIN RAMIREZ, AZAHARA CARMEN	azahara.martin@ias.csic.es	INSTITUTO DE AGRICULTURA SOSTENIBLE	Mejora genética de trigo: desarrollo de líneas tolerantes a las altas temperaturas durante la fase reproductiva	Se espera que el Mediterráneo sufra un incremento de temperatura de 2.2 °C en 2040 y que, además, haya más olas de calor, más intensas y más duraderas. Estos periodos breves pero extremos, pueden afectar terriblemente a la producción, sobre todo si tienen lugar durante el desarrollo reproductivo. Tanto en el trigo como en la mayoría de cereales, los periodos más sensibles a estreses abióticos en general, y a altas temperaturas en particular, son los estadios reproductivos. Incluso pequeños estreses abióticos pueden ser fatales, sin afectar en absoluto al desarrollo vegetativo de la planta. En colaboración con ICARDA (Centro Internacional para la Investigación Agrícola en las Zonas Áridas) se han seleccionado 4 líneas de trigo duro con distintos niveles de tolerancia al calor durante la reproducción: 2 líneas altamente tolerantes y 2 muy sensibles. Estas líneas se han seleccionado en base a ensayos de campo en regiones con gran estrés térmico del norte de África. El objetivo de estas prácticas es realizar una caracterización más profunda de estas 4 líneas o genotipos para, en un futuro, localizar genes asociados a esta tolerancia. Para ello, las 4 líneas se cultivarán en una cámara climática bajo diferentes condiciones de estrés térmico, y se identificará el proceso concreto afectado durante la reproducción: la meiosis (microesporogénesis), la formación del grano de polen (microgametogénesis), la antesis (momento de liberación del grano de polen y consecuente polinización), o incluso procesos posteriores. El/la estudiante comenzará sus prácticas aprendiendo protocolos habituales para el crecimiento del trigo, prestando especial atención a la identificación de los distintos estadios reproductivos. Para el estudio de la meiosis y el desarrollo del polen se utilizarán principalmente técnicas microscópicas (de campo brillante, contraste de fase y fluorescencia). Sin embargo, para evaluar grandes colecciones es necesario usar un método de alto rendimiento, bajo coste y estadísticamente significativo, para lo que pondremos a punto el empleo de un citómetro de flujo (Attune NxT Flow Cytometer), basándonos en un método desarrollado previamente usando un contador de partículas (doi: 10.3390/biology10040290). Paralelamente, se ofrecerá la oportunidad de participar en otras actividades del grupo de biotecnología vegetal, incluyendo aislamiento de ADN y ARN, técnicas de PCR y marcadores moleculares, GISH y FISH (genomic and fluorescence in situ hybridization).	<a href="https://www.ias.csic.es/investigacion/departamentos/mejora-genetica-vegetal/biotecnologia-vegetal/">https://www.ias.csic.es/investigacion/departamentos/mejora-genetica-vegetal/biotecnologia-vegetal/</a>
JAEINT24_EX_0300	MARTIN SANCHEZ, PEDRO MARIA	pmartin@irnase.csic.es	INSTITUTO DE RECURSOS NATURALES Y AGROBIOLOGIA DE SEVILLA	Hongos en ambientes hospitalarios: riesgo de infecciones invasivas resistentes a los antibióticos	Los hospitales requieren una atención especial para proteger a sus pacientes frente a las infecciones que se pueden adquirir en los ambientes sanitarios. Los hongos patógenos oportunistas originan infecciones fúngicas invasivas (IFI) en pacientes inmunodeprimidos, ocasionando aproximadamente un millón y medio de muertes al año en todo el mundo. Sin embargo, los métodos actuales de control y seguimiento microbiológico en ambientes hospitalarios son escasos y principalmente basado en técnicas de cultivo, las cuales presentan importantes limitaciones. Además, la creciente resistencia microbiana a los antibióticos, incluyendo la resistencia a los compuestos antifúngicos más usados para combatir las IFI, señala la necesidad de abordar estudios ambientales que permitan descubrir el origen de este problema. Teniendo en cuenta estos desafíos, el proyecto Mycospitolomics ("Proyecto de Generación de Conocimiento 2021", Ministerio de Ciencia e Innovación) está estudiando la diversidad fúngica en varios hospitales españoles, con intensos muestreos ambientales (aire, superficies, agua, filtros de ventilación, etc.) y la aplicación de técnicas de cultivo y análisis del ADN (DNA metabarcoding y qPCR); para abordar tres objetivos principales: (i) mejorar el conocimiento de las comunidades de hongos (micobiotas) asociadas al ambiente hospitalario, (ii) mejorar los métodos de detección/cuantificación fúngica en hospitales, así como (iii) identificar los principales patógenos fúngicos oportunistas y caracterizar su susceptibilidad a los compuestos antifúngicos. Este proyecto, coordinado por el IRNAS-CSIC (Sevilla), en el cual participan el Instituto de Salud Carlos III (Madrid), el IATA-CSIC (Valencia), y tres hospitales universitarios de referencia nacional (Virgen del Rocío en Sevilla, La Fé en Valencia y Severo Ochoa en Madrid), ofrece una excelente oportunidad para la formación de un becario JAE Intro en los campos de microbiología ambiental y micología clínica. El becario colaborará en las tareas del proyecto Mycospitolomics recibiendo una completa formación en estudios aerobiológicos, técnicas de cultivo, aislamiento e identificación de hongos, técnicas de biología molecular y análisis bioinformáticos. Esta formación mejorará las habilidades del becario en centros de investigación y en laboratorios microbiológicos, lo cual contribuirá positivamente a su desarrollo profesional.	<a href="https://mapc.csic.es/">https://mapc.csic.es/</a>
JAEINT24_EX_1045	MARTIN SANTAMARIA, SONSOLES	smsantamaria@cib.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLOGICAS MARGARITA SALAS	Estudios computacionales de receptores de la inmunidad innata y la resistencia antimicrobiana	Nuestro grupo se dedica al estudio de receptores de reconocimiento de patrones moleculares del sistema inmune, fundamentalmente a los receptores Toll-like (TLRs, actores principales en la inmunidad innata), el sistema de complemento y otras dianas relacionadas con la resistencia antimicrobiana. Nuestro interés es conocer con detalle las bases moleculares de la interacción y la respuesta a nivel atómico, mediante el empleo de técnicas computacionales y de modelado molecular. Nuestros objetivos son: i) estudiar el mecanismo de reconocimiento molecular de los TLRs y proteínas del sistema del complemento, ii) estudiar cómo los cambios en la envoltura bacteriana influyen en el desarrollo de resistencias a agentes antimicrobianos, y iii) aplicar este conocimiento al diseño y obtención de nuevos compuestos capaces de modular el comportamiento de la diana, con posibles aplicaciones terapéuticas. Nuestro enfoque es multidisciplinar y colaboramos con grupos experimentales para llevar a cabo estudios biológicos y estructurales, la síntesis de nuevos compuestos y mutagénesis dirigida. El/la investigador/a llevará a cabo estudios del modo de unión de ligandos a las dianas mencionadas y de su mecanismo de acción, empleando para ello técnicas de docking, cribado virtual de quimiotecas y simulaciones multiescala de dinámica molecular.	<a href="https://www.cib.csic.es/research/structural-and-chemical-biology/computational-chemical-biology">https://www.cib.csic.es/research/structural-and-chemical-biology/computational-chemical-biology</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1080	MARTIN SINTES, DANIEL	dani@ceab.csic.es	CENTRO DE ESTUDIOS AVANZADOS DE BLANES	Herramientas morfológicas para la taxonomía y descripción de nuevas especies de anélidos poliquetos	Uno de los objetivos principales de nuestro grupo de investigación es el estudio de la biodiversidad del bentos marino, manteniendo un enfoque tradicional basado en la morfología de las especies y combinándolo con nuevas técnicas moleculares. En los últimos años, sin embargo, el equilibrio entre ambas aproximaciones se ha desviado en favor de las técnicas moleculares, más atractivas para los estudiantes por la inmediatez de los resultados. Sin embargo, si una sólida base morfológica, el estudio de la biodiversidad cojea. Desgraciadamente, son cada vez menos los científicos capaces de formar gente nueva en, poniendo en peligro el reemplazo generacional. Puesto que mi especialidad es justamente esta, el objetivo de esta propuesta es formar a un(a) estudiante en las técnicas de análisis morfológico de invertebrados marinos, empleando como sujeto a los anélidos poliquetos, con la finalidad de que sea capaz de identificar un organismo hasta llegar a nivel de especie, reconocer cuando esto no es posible y, en su caso, proceder a la descripción de la especie potencialmente nueva para la ciencia. Ello implica saber moverse entra la información previamente publicada, usar claves dicotómicas, familiarizarse con técnicas de microscopía óptica (incluyendo la micro disección, el montaje de preparaciones, y la fotografía digital) y electrónica (desde la deshidratación al montaje en portaobjetos y el metalizado, hasta la obtención de imágenes digitales). Teniendo una sólida base de análisis morfológico, podrá también más adelante afrontar los retos de las técnicas moleculares, evitando cometer los mismo errores de asignación de secuencias a especies que actualmente son tan frecuentes en bases de datos públicas como GenBank. También se proporcionará al alumno(a) las directrices necesarias para la redacción de un artículo científico, sin descartar que, en función de los resultados que obtenga, pueda acabar efectivamente publicando su investigación en una revista científica.	<a href="https://www.ceab.csic.es/en/grupos-recerca/molecular-ecology-of-the-marine-benthos/">https://www.ceab.csic.es/en/grupos-recerca/molecular-ecology-of-the-marine-benthos/</a>
JAEINT24_EX_0889	MARTIN VELEZ, VICTOR	victormartin@icm.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS DEL MAR	Aplicación de la ecología del movimiento y tecnología GPS para entender el papel funcional de especies centinelas en ambientes humanizados	El proyecto propuesto busca utilizar las gaviotas urbanas como indicadores de contaminación y patógenos en entornos humanizados. Dado el creciente enfoque en la salud urbana, el proyecto aborda la necesidad de métodos innovadores multidisciplinares para monitorear la contaminación ambiental y los procesos de dispersión de contaminantes. Se destaca el papel de las gaviotas como especies centinela, que pueden indicar la presencia de contaminantes y patógenos debido a su comportamiento oportunista para explotar recursos urbanos relacionados con la actividad humana (depuradoras y vertederos). Dado su carácter móvil pueden usar habitats sensibles para la transmisión humana. El estudio se centrará en (1) la determinación del origen y distribución de contaminantes, (2) comparación de efectos acumulados en especies de gaviotas y (3) su posterior evaluación del riesgo para la salud pública. La metodología incluye la combinación de la ecología de movimiento mediante el uso de dispositivos GPS con análisis de laboratorio para elaborar mapas de riesgo de contaminación. Se espera que los resultados contribuyan a la comprensión de la contaminación urbana y la formulación de políticas de gestión.	<a href="https://www.icm.csic.es/es/staff/victor-martin-velez-4828">https://www.icm.csic.es/es/staff/victor-martin-velez-4828</a>
JAEINT24_EX_0296	MARTINEZ ALVAREZ, OSCAR	o.martinez.alvarez@csic.es	INSTITUTO DE CIENCIA Y TECNOLOGIA DE ALIMENTOS Y NUTRICION	Aislamiento y caracterización de enzimas procedentes de invertebrados marinos	La persona beneficiaria se formará en el seno del grupo investigador Desarrollo, Valorización e Innovación de Productos Pesqueros, dentro del Departamento de Productos Cárnicos y Pesqueros del ICTAN. Su estancia formativa se centrará en adquirir las competencias necesarias para llevar a cabo estudios de aislamiento y caracterización de enzimas procedentes de invertebrados marinos, principalmente crustáceos, equinodermos, y/o ascidias. Las enzimas objeto de interés serán principalmente proteasas y polifenoloxidasas. Las proteasas de invertebrados marinos han sido escasamente estudiadas, y su caracterización es de interés dado que pueden tener aplicaciones en distintos sectores, tales como la industria alimentaria o farmacéutica. Las polifenoloxidasas, por otra parte, son enzimas asociadas al desarrollo de coloraciones anómalas en crustáceos, y el estudio de su activación tras la captura (por proteasas) y del efecto de diversos inhibidores naturales tiene su interés para el mantenimiento de la calidad sensorial de los crustáceos. El plan formativo se centrará principalmente en evaluar las constantes cinéticas de las enzimas de interés, su actividad y estabilidad a distintos pHs y temperaturas, así como en su aislamiento y caracterización por técnicas cromatográficas. El programa incluye la formación en el uso de diverso equipamiento del grupo investigador, como espectrofluorímetros de placas y de cubetas, pipetas electrónicas, cromatógrafos, centrifugas, etc. Es importante destacar que la persona beneficiaria será instruida en la buena praxis de trabajo en laboratorio y en el manejo de bases de datos bibliográficas. Por normativa del Instituto, adquirirá la formación necesaria en cuanto a higiene y seguridad en el trabajo en laboratorio y realizará cursos de formación organizados por las Unidades de Servicio del ICTAN para trabajo con diverso equipamiento común.	<a href="https://www.ictan.csic.es/grupos-de-investigacion/desarrollo-valorizacion-e-innovacion-de-productos-de-la-pesca-innovapesca/">https://www.ictan.csic.es/grupos-de-investigacion/desarrollo-valorizacion-e-innovacion-de-productos-de-la-pesca-innovapesca/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_021 I	MARTINEZ BALBAS, MANGELES	mmbmc@ibmb.csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA MOLECULAR DE BARCELONA	Uncovering the epigenetic component of Intellectual Disability: role of the PHF2/8 histone demethylase maintaining neural progenitor expansion	Recently a high number of genes have been identified that link intellectual disability to disrupted epigenetic mechanisms, one of this is the histone demethylase PHF2/8 whose mutations have been found in patients with X-linked intellectual disability (XLID) and cleft lip/palate and autism. These conditions are neurodevelopmental diseases. During neural development, a critical process is generating the right number of neural progenitors that will give rise the total number of cells in the nervous system. Increasing evidence suggests that metabolites can regulate progenitor proliferation, self-renewal and differentiation. However, it remains unknown the epigenetic factors that rewire endogenous metabolic programs in neural progenitor cells. Recent results from our laboratory suggest that PHF2/8 is involved in the regulation of metabolic pathways that are crucial to maintain progenitor proliferation, and doing so, generation of the proper number of neurons. Thus, PHF2/8 mutations could cause epigenetic alterations that lead to deficient metabolic control in neural progenitors and neurons. We are investigating this hypothesis. To do that we are using next generation sequence experiments, biochemical and functional assays. Moreover, we are modeling human neurogenesis in vitro using brain organoids to study the contribution of PHF2/8 mutations to XLID. The proposed training plan will be included in this project. In general, the student will learn to handle neural stem cells and to perform transcriptomic and functional experiments with them. In particular, the student will address the following objectives, using the techniques described below: 1. To determine the metabolic alterations associated to the PHF8's lack of function. We will perform metabolomics experiments using the UCLA service. 2.- To analyse the molecular mechanisms underlying the metabolic changes. The student will identify the genes responsible for the metabolic changes using the RNA-seq and ATAC-seq previously performed in the laboratory. Once identified, he/she will analyze the chromatin landscape by ChIP analysis of the epigenetic modifications and transcription factors. 3.- To investigate the functional consequences of these metabolic changes in proliferation, self-renewal and morphology by immunostaining assays using specific markers. 4.- Finally, the student will contribute to set up the conditions to growth the stem cells control and mutated in PHF8/2 into brain organoids.	<a href="https://www.ibmb.csic.es/en/department-of-structural-and-molecular-biology/molecular-signaling-and-chromatin/#lab-presentation">https://www.ibmb.csic.es/en/department-of-structural-and-molecular-biology/molecular-signaling-and-chromatin/#lab-presentation</a>
JAEINT24_EX_1170	MARTINEZ DE LA PUENTE, JOSUE	jmp@ebd.csic.es	ESTACION BIOLOGICA DE DOÑANA	Patrones de infección por parásitos de la malaria aviar en una especie de ave común	Los parásitos de la malaria aviar son un grupo de parásitos que afectan naturalmente a las aves y son transmitidos por mosquitos. Estos parásitos suponen un excelente modelo de estudio de los efectos de los patógenos en la fauna silvestre, sin suponer un riesgo para las personas. El plan de formación de esta solicitud incluye la identificación de parásitos de la malaria aviar en muestras de gorrión común de diferentes localidades del sur peninsular. Las aves han sido muestreadas en zonas con diferentes tipologías de hábitat (zonas rurales, urbanas y naturales) y se pretende identificar los parásitos que infectan a estas aves. Estos resultados permitirán identificar la asociación entre este estado de infección por estos parásitos y factores como: el tipo de hábitat que ocupan las aves y su estado fisiológico y de salud. Además, se identificará el papel de la microbiota cloacal de las aves en los patrones de infección por parásitos. La persona candidata desarrollará tareas de identificación de parásitos en muestras sanguíneas de aves silvestres. Para ello, utilizando una aproximación molecular, se extraerá el ADN de las muestras y se realizarán tareas de amplificación y secuenciación de parásitos. Finalmente se utilizarán herramientas bioinformáticas para la edición y análisis de las secuencias obtenidas, con el fin de identificar los linajes genéticos de parásitos de la malaria aviar que afectan a las aves. Los resultados obtenidos se analizarán con herramientas estadísticas para responder a las cuestiones planteadas. Se desarrollará una formación y supervisión activa de la persona candidata, que será incluida en las tareas cotidianas del grupo de investigación así como en las actividades formativas desarrolladas en el centro, tales como la impartición de seminarios.	<a href="http://www.ebd.csic.es/biologia-de-la-conservacion-y-cambio-global">http://www.ebd.csic.es/biologia-de-la-conservacion-y-cambio-global</a>
JAEINT24_EX_0948	MARTINEZ FERNANDEZ, BEATRIZ	bmf1@ipla.csic.es	INSTITUTO DE PRODUCTOS LACTEOS DE ASTURIAS	Respuesta a estrés y regulación génica en Lactococcus lactis	Lactococcus lactis es una bacteria utilizada como cultivo iniciador en la industria quesera y como factoria celular para la producción de compuestos de interés biotecnológico (vacunas, antimicrobianos, enzimas, etc.). El éxito de ambas aplicaciones depende de la viabilidad y actividad metabólica de esta bacteria en las condiciones adversas, inherentes a estos procesos industriales. Nuestro objetivo es conocer cómo L. lactis responde al daño de la pared celular y sus mecanismos de defensa con vistas a desarrollar estrategias para la selección de cepas más robustas y eficientes. La pared celular es la estructura más externa de las bacterias Gram positivas y es, por tanto, la principal vía de detección e intercambio de señales entre la célula y el ambiente en el que se encuentra. Por esta razón, garantizar su integridad es crucial para la supervivencia. Nuestro grupo de investigación ha identificado las principales rutas de respuesta al daño de la pared de L. lactis, así como los posibles genes regulados, muchos de ellos de función desconocida. Actualmente, llevamos a cabo la caracterización funcional de estos circuitos de señalización para lograr una visión global de la respuesta de L. lactis al daño de la pared celular. Las aproximaciones experimentales que utilizamos incluyen clonación y/o inactivación de genes y la caracterización fenotípica, genética y tecnológica de mutantes. Se aplican, por tanto, técnicas de Microbiología (ensayos de antagonismo, de viabilidad y propagación de bacteriófagos) y Biología Molecular, incluyendo técnicas de alto rendimiento como secuenciación masiva y RNA-seq. Otras técnicas como la purificación de proteínas y/o ensayos enzimáticos también son abordadas para la validación de los resultados en función del gen de interés.	<a href="https://www.ipla.csic.es/dairysafe/">https://www.ipla.csic.es/dairysafe/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1422	MARTINEZ FERNANDEZ, LARA	lmartinez@iqf.csic.es	INSTITUTO DE QUIMICA FISICA BLAS CABRERA	Diseño de nanomateriales de interés en biomedicina basados en ADN	Los nanodispositivos basados en ADN que se utilizan para la detección biomolecular son, en la actualidad, complejos y muchos de ellos presentan posibles efectos secundarios debido a su uso en combinación con metales. El principal objetivo de este proyecto es simplificar estos biosensores, diseñando estructuras de ADN nuevas y simples y caracterizando sus propiedades espaciales y ópticas. En concreto, se buscarán derivados ideales lo más parecidos posible a las bases canónicas de ADN, que, desplacen hacia el rojo los espectros de absorción, aumenten significativamente su fluorescencia pero no alteren sus propiedades intrínsecas. Para ello se llevarán a cabo cálculos computacionales utilizando diversos métodos de química cuántica. El/la estudiante se formará en todos los aspectos relativos a la química teórica y modelización computacional. La adquisición de conocimientos en bioinformática será muy útil tanto si el/la estudiante continúa en la investigación como de cara a su empleabilidad futura ya que son conocimientos muy demandados por ejemplo en empresas farmacéuticas y de desarrollo de software.	<a href="https://www.msm.iqf.csic.es">https://www.msm.iqf.csic.es</a>
JAEINT24_EX_0589	MARTINEZ GARCIA, LAURA BEATRIZ	lbmartinez@ead.csic.es	ESTACION EXPERIMENTAL AULA DEI	Salud del suelo y cambio climático	El suelo representa un sistema complejo y dinámico que sostiene los principales sistemas de producción alimentaria, de fibra y biocombustibles. Sin embargo, el acelerado crecimiento de la población mundial y la intensificación de las prácticas agrícolas han provocado una alta tasa de degradación de los suelos. Los microorganismos del suelo, incluyendo hongos y bacterias, desempeñan un papel esencial en los procesos biológicos que favorecen la estabilización de la materia orgánica y la activación de los ciclos de carbono y nutrientes. El objetivo principal de esta investigación, en la que se enmarca el contrato JAE-intro, es evaluar el impacto de las prácticas agrícolas convencionales y sostenibles, en la salud del suelo y, por ende, en la diversidad y actividad biológica de los microorganismos. El/la estudiante se integrará en el grupo de investigación "Manejo del Suelo y Cambio Global" de la EEAD-CSIC, que se enfoca en optimizar las prácticas agrícolas mediante métodos más sostenibles, como la fertilización orgánica, el no laboreo y la diversificación de cultivos. A través de nuestro programa de formación, el/la estudiante aprenderá las metodologías necesarias para evaluar la salud del suelo, considerando parámetros biológicos, físicos y químicos. En el laboratorio, el/la estudiante desarrollará habilidades para llevar a cabo una amplia gama de metodologías, que incluyen técnicas genéticas y moleculares, visualización microscópica, así como análisis físicos y químicos. Además, el/la estudiante adquirirá experiencia en la medición de gases de efecto invernadero y el secuestro de carbono en el suelo. Se encargará de recopilar los resultados de manera precisa y procesar las bases de datos correspondientes. Participando en reuniones de grupo y campañas de campo, el/la estudiante aprenderá sobre los sistemas de manejo agrícola, tanto de secano como de regadío, así como las competencias fundamentales para la investigación. Este programa de formación capacitará al estudiante para mejorar su perfil y optar a contratos predoctorales (FPI, FPU), brindándole oportunidades para su desarrollo profesional en el campo de la investigación.	<a href="https://www.eead.csic.es/web/guest/research/smgc/indexjsessionid=B2E389F04272EDD2278065039CF1E4FE">https://www.eead.csic.es/web/guest/research/smgc/indexjsessionid=B2E389F04272EDD2278065039CF1E4FE</a>
JAEINT24_EX_0176	MARTINEZ GIL, ANA	ana.martinez@csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLOGICAS MARGARITA SALAS	Moduladores de TDP-43 como terapia para la ELA y otras patologías del SNC	La esclerosis lateral amiotrófica es una enfermedad neurodegenerativa mortal sin tratamiento efectivo al día de hoy. Desde 2006, se conoce que existen agregados de la proteína TDP-43 en las motoneuronas de los pacientes y al día de hoy no hay duda de que la ELA es una TDP-43-patía estando presente esta marca histopatológica en más del 97% de los pacientes tanto de origen esporádico como familiar. Asimismo, la patología de TDP-43 está presente en numerosas enfermedades del SNC como la demencia frontotemporal y otras demencias. El candidato participará activamente en los diferentes proyectos de investigación abiertos en el grupo con el objetivo principal de modular la proteína TDP-43 utilizando moléculas pequeñas como una estrategia terapéutica prometedora para modificar el curso neurodegenerativo de la ELA y/o diferentes patologías del SNC. En este sentido, el candidato tendrá la oportunidad de participar en las siguientes tareas experimentales: 1. Cribados virtuales sobre dianas de interés utilizando diferentes quimiotecas 2. Síntesis orgánica de moléculas heterocíclicas con potencial modulador sobre TDP-43 3. Inhibición de la actividad quinasas in vitro de moléculas preparadas en el laboratorio 4. Evaluación en cultivos celulares de la modulación de TDP-43 por las moléculas preparadas 5. Caracterización de la permeabilidad hematoencefálica de las moléculas preparadas Este periodo de formación multidisciplinar ofrecerá al candidato la posibilidad de ir consolidando sus propios intereses científicos.	<a href="https://www.cib.csic.es/research/structural-and-chemical-biology/translational-medical-and-biological-chemistry">https://www.cib.csic.es/research/structural-and-chemical-biology/translational-medical-and-biological-chemistry</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1287	MARTINEZ GONZALEZ, JOSE	jose.martinez@iibb.csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES BIOMEDICAS DE BARCELONA	Análisis de genes regulados por el receptor nuclear NOR-1 en el aneurisma de aorta	Nuestra principal línea de investigación estudia los mecanismos que involucran al receptor nuclear NOR-1 en el aneurisma de aorta abdominal (AAA) y la aterosclerosis. El trabajo a desarrollar estará relacionado con el estudio de la regulación de la expresión génica por NOR-1 en relación con el AAA. Se partirá de los resultados obtenidos mediante un análisis de RNAseq en el que se comparó la expresión génica en aorta de animales control (WT) y transgénicos que sobre-expresan NOR-1 en las células musculares lisas vasculares (TgNOR-CMLV) a los que se indujo dilatación aórtica mediante la implantación subcutánea de minibombas osmóticas de liberación sostenida de angiotensina II. A partir de estos resultados se han identificado una serie de vías y genes diferencialmente expresados. El trabajo a desarrollar puede desglosarse en las siguientes tareas: -Se obtendrán RNA de aortas de animales y mediante PCR a tiempo real se confirmará la expresión diferencial de los genes candidatos. - Se localizarán y obtendrán las secuencias promotoras (regiones proximales) de los genes seleccionados (Ensembl; <a href="https://www.ensembl.org">https://www.ensembl.org</a> ) y se analizarán in silico (e.g. JASPAR) para identificar posibles elementos de respuesta a NOR-1. - Se diseñarán cebadores con dianas de restricción mediante programas específicos (e.g. Prime blast) para amplificar por PCR la región promotora de los genes candidatos, que se purificarán mediante columna (a partir de geles de agarosa), se digerirán enzimáticamente y se clonarán en un vector reportero (pGL4.10) para analizar la actividad transcripcional. - Se transformarán bacterias con las construcciones generadas y se preparará DNA de plásmido libre de endotoxina mediante purificación en columna. - Se utilizarán células musculares de ratón que se transfectarán transitoriamente con las construcciones generadas y un vector de expresión de NOR-1 (Lipofectamine LTX). Las células se lisarán y se determinará actividad luciférasa mediante un luminómetro. - Para confirmar la funcionalidad de los elementos de respuesta se realizarán experimentos de mutagénesis dirigida (kit Quick Exchange lightning) o bien se generarán deleciones. - Se realizarán experimentos de silenciamiento de NOR-1 (mediante siRNAs) en células vasculares para determinar su impacto en los niveles de expresión de los genes candidatos. El Dr. Martínez dirigirá al estudiante y contará con la colaboración de otros miembros del equipo que participarán en su formación práctica.	<a href="https://www.iibb.csic.es/research/1364">https://www.iibb.csic.es/research/1364</a>
JAEINT24_EX_0637	MARTINEZ HARO, MONICA	monica.martinez@csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACION EN RECURSOS CINEGETICOS	Estudio de exposición y efectos de fitosanitarios en fauna silvestre	Se calcula que en Europa el 50% de todas las especies silvestres dependen de los paisajes agrícolas, incluidas las especies endémicas y amenazadas. A lo largo del siglo XX, los paisajes agrícolas han sufrido importantes alteraciones debido a la intensificación de la agricultura, que se ha relacionado con la disminución de biodiversidad. Esta intensificación ha provocado, además entre otras cosas, la entrada de fitosanitarios en el medio ambiente. Los fitosanitarios destruyen organismos objetivo, es decir, aquellos para los que han sido diseñados, reduciendo la disponibilidad de alimentos para los siguientes eslabones de la cadena alimentaria. Pero también tienen efectos letales y subletales en organismos no objetivo, incluida la fauna silvestre. Es por ello que en el grupo de Toxicología de Fauna Silvestre del IREC, estamos especializados en el estudio de la exposición y efectos de fitosanitarios en fauna silvestre. En este contexto, el estudiante que se incorpore con una de las becas JAE intro en nuestro grupo, podrá aprender procedimientos relativos al procesamiento y análisis toxicológico de muestras biológicas, así como de técnicas para el estudio de los efectos de los mismos. Concretamente en: - Tomas de muestras biológicas de animales cazados y/o encontrados muertos, a través de la necropsia de los mismos. - Extracción y análisis de residuos de fitosanitarios en diferentes muestras biológicas, como contenido gástrico e hígado, a través de técnicas de cromatografía líquida de alta resolución acoplada tanto a espectrometría de masas, como a espectrometría de masas de tiempo de vuelo con cuadrupolo, y cromatografía de gases acoplada a espectrometría de masas. - Extracción y análisis elementos traza en muestras biológicas como hígado, a través de espectrometría de masa con plasma acoplado inductivamente. - Extracción y análisis de hormonas sexuales afectadas por la exposición a fitosanitarios, a través también de técnicas de cromatografía líquida de alta resolución acoplada a espectrometría de masas. - Análisis de biomarcadores a través de técnicas de espectrofotometría, como, por ejemplo, actividad de las enzimas superóxido dismutasa, glutatión peroxidasa, y acetilcolinesterasa y niveles de glutatión; y a través de técnicas de cromatografía líquida, como, por ejemplo, niveles de malondialdehído, biomarcador de peroxidación lipídica.	<a href="https://apps.csic.es/grupos/pages/grupo/edicionGrupo.html?idGrupo=642159">https://apps.csic.es/grupos/pages/grupo/edicionGrupo.html?idGrupo=642159</a>
JAEINT24_EX_0277	MARTINEZ MARTIN, NURIA	nmartinez@cbm.csic.es	CENTRO DE BIOLOGIA MOLECULAR SEVERO OCHOA	Deciphering the Role of Metabolic Rewiring in B Cells During Infection	B-lymphocytes are vital components of the adaptive immune response producing highly specific antibodies. In vivo, activated B cells rapidly differentiate into antibody-secreting cells or enter into germinal centres (GC) where BCR affinity maturation and class switch recombination occur. Once B cells exit the GC, they differentiate into either high-affinity antibody long-lived plasma cells or memory cells. It has been described that metabolic reprogramming is essential for regulating these fate decisions in B cells 1, 2, 3, however, the precise function of mitochondria in the GC reaction is still unknown. In this project, we will evaluate the role of the mitochondria function in the GC reaction, analyzing different aspects of B cell function, such as B cell activation, proliferation, antigen presentation, B cell differentiation and antibody production. For this purpose, we will use mice whose B cells lack Tfam (a mitochondria transcription factor) precisely at the GC. These cells present a mitochondria dysfunction once B cells are activated. The student will be part of a group with a good research atmosphere. He/she will learn many techniques such as cell culture, confocal microscopy, flow cytometry and ELISA. - I. Martínez-Martin, N. et al. A switch from canonical to noncanonical autophagy shapes B cell responses. Science 355, 641-647 (2017). 2. Mendoza, P. et al. R-Ras2 is required for germinal center formation to aid B cells during energetically demanding processes. Sci Signal 11 (2018). 3. Tsui, C. et al. Protein Kinase C-beta Dictates B Cell Fate by Regulating Mitochondrial Remodeling, Metabolic Reprogramming, and Heme Biosynthesis. Immunity 48, 1144-1159 e1145 (2018).	<a href="http://www.cbm.uam.es/nmartinez">www.cbm.uam.es/nmartinez</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1222	MARTINEZ MIR, AMALIA	amm-ibis@us.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA DE SEVILLA	Disfunción sináptica en la enfermedad de Alzheimer	El Plan de formación se enmarcará en el trabajo del grupo centrado en la identificación de mecanismos sinápticos que juegan un papel en el desarrollo de enfermedades del cerebro, con especial énfasis en la enfermedad de Alzheimer. El trabajo previo del grupo ha llevado a la identificación de mutaciones en genes neuronales en pacientes y a la generación de modelos animales basados en dichos hallazgos genéticos. El personal en formación participará en las líneas activas en el grupo, que incluyen aproximaciones experimentales diversas, entre ellas: - Aproximaciones de biología celular y molecular para el estudio de marcadores sinápticos en cultivos de neuronas o líneas celulares. - Caracterización de los modelos animales de la enfermedad de Alzheimer ya generados en el grupo mediante aproximaciones de inmunohistoquímica en tejido cerebral de ratón y biología molecular.	<a href="https://www.ibis-sevilla.es/es/investigacion/neurociencias/disfuncion-sinaptica-y-enfermedad/">https://www.ibis-sevilla.es/es/investigacion/neurociencias/disfuncion-sinaptica-y-enfermedad/</a>
JAEINT24_EX_0089	MARTINEZ MORALES, JUAN RAMON	jrmarmor@upo.es	CENTRO ANDALUZ DE BIOLOGIA DEL DESARROLLO	Análisis de la dinámica de activación de enhancers mecano-sensibles	El proyecto de investigación explora como la tensión mecánica es interpretada por las células, empleando como modelo la gastrulación de los peces teleosteos. Durante la morfogénesis y la remodelación de tejidos, las células responden a las fuerzas ambientales adaptando sus propiedades intrínsecas a las demandas de los programas fisiológicos y del desarrollo. Estos bucles homeostáticos estabilizan los procesos morfogenéticos y previenen patologías como la fibrosis y el cáncer. A pesar de su papel clave, todavía tenemos poca información sobre cómo estos bucles mecano-reguladores participan en la auto-organización de los tejidos. Además, los mecanismos de mecanotransducción en sí mismos están lejos de ser completamente entendidos. El proyecto global se centra en entender cómo la tensión mecánica es interpretada a nivel transcripcional. Con este fin, aplicamos una combinación de edición génica CRISPR, ATAC-seq, transgénesis y perturbaciones mecánicas para identificar y analizar funcionalmente aquellas regiones de la cromatina que responden a tensión mecánica en embriones de pez cebra y pez medaka in vivo. La propuesta concreta JAE intro tiene como objetivo validar funcionalmente regiones cis-reguladoras mecanosensibles identificadas a escala genómica. Para ello las distintas regiones genómicas se clonarán en vectores de expresión e inyectarán en nuestros modelos teleosteos, medaka y zebrafish, con el fin de generar líneas transgénicas estables. La expresión de estas líneas se monitorizará durante la gastrulación tanto en condiciones control como sometiendo los embriones a estimulación mecánica; bien por compresión directa o mediante activación con drogas específicas. Las distintas cinéticas de activación se cuantificarán mediante microscopía confocal in vivo. Se trata de una propuesta muy formativa que permitirá adquirir las siguientes competencias: - Manejo y mantenimiento de modelos teleosteos - Genética general com modelos teleosteos - Técnicas básicas de clonaje en vectores de expresión - Técnicas de microinyección en estadio de una-célula - Microscopía confocal in vivo - Imaging cuantitativo (Fiji). Los resultados obtenidos serán de interés general, más allá de profundizar en los mecanismos que confieren robustez al proceso de gastrulación. La desregulación de los bucles de retroalimentación de la información mecánica es una característica común en numerosas patologías, incluyendo numerosos trastornos fibróticos, miopatías y cáncer.	<a href="https://www.cabd.es/en/research_groups/control-of-epithelial-morphogenesis-in-vertebrates/relevant-publications-222.html">https://www.cabd.es/en/research_groups/control-of-epithelial-morphogenesis-in-vertebrates/relevant-publications-222.html</a>
JAEINT24_EX_1076	MARTINEZ RICART, AURORA	amricart@icm.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS DEL MAR	Coastal nature-based solutions: Assessing the role of seagrass ecosystems as climate change refugia	Through a combination of field and laboratory work the JAE Intro Student will gain expertise in climate change impacts as well as potential solutions in coastal areas, and will acquire knowledge and skills in the research areas of marine ecology and coastal biogeochemistry. The training plan will focus on marine ecosystems in the Mediterranean composed of seagrass meadows (Posidonia oceanica) to assess if their presence facilitates the well-being of associated invertebrate communities since these are among the most vulnerable to the effects of climate change. Therefore, throughout the training plan, the student will study the effects of multiple stressors of climate change on marine organisms' physiology with the main goal to assess the capacity of these marine forests to act as refugia in coastal regions. The student will be involved in the following tasks: Experiments in aquaria in static and press-pulse biogeochemical conditions: with a subset of invertebrate species associated with seagrass meadows (including mollusks, crustaceans, and echinoderms). Experimental designs will focus on impacts related to ocean acidification in combination with warming, deoxygenation, and excess nutrients. The experiments will be carried out at the Institute of Marine Sciences, ICM-CSIC. Measurements of environmental parameters with sensors and laboratory analysis: Variables to measure will be related to seawater physicochemical conditions (pH, alkalinity, dissolved inorganic carbon, dissolved oxygen, temperature, salinity, and nutrients) and organisms physiology (including growth and metabolic rates of photosynthesis, respiration and also calcification in invertebrates). Analytical procedures will be carried out at the Institute of Marine Sciences, ICM-CSIC. Identification of species-specific refugia in the field: The fieldwork will be done in different marine protected areas (MPA) along the North Western Mediterranean with seagrass beds. Physicochemical conditions of these areas will be characterized to identify those locations with higher refugial value based on results on organisms' physiological thresholds from laboratory experiments and the performance of organisms will be tested. By the end of the training, the student will be competent in developing experiments in aquaria, use of sensors, analytical procedures in the laboratory, and fieldwork in marine coastal areas.	<a href="https://www.icm.csic.es/es/grupo-investigacion/biogeoquimica-marina-atmosfera-y-clima">https://www.icm.csic.es/es/grupo-investigacion/biogeoquimica-marina-atmosfera-y-clima</a>



REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0629	MARTINEZ RODRIGUEZ, ADOLFO JOSE	adolfo.martinez@csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACION EN CIENCIAS DE LA ALIMENTACION	Eliminación de la ocratoxina A (OTA) en alimentos por enzimas heterólogas	Las micotoxinas pueden causar severos problemas de salud tanto al ser humano como a los animales cuando son ingeridas con los alimentos incluso en muy bajas concentraciones. Se han identificado aproximadamente 300 micotoxinas pero las aflatoxinas y la OTA se consideran de las más relevantes debido a sus implicaciones en seguridad alimentaria. Por tanto, el objeto principal de este trabajo es desarrollar un método de degradación enzimática con el objetivo de eliminar la ocratoxina A (OTA) en los alimentos que pueden ser más afectados por esta toxina, como son el café y los cereales. El trabajo propuesto está asociado al proyecto OTADETOX (PID2021-123291OB-I00) del cual el Dr. Adolfo J. Martínez Rodríguez es IP. Las actividades a desarrollar serían las siguientes: 1-Aprendizaje y familiarización con los métodos de cultivo, mantenimiento, y conservación de bacterias. 2-Obtención y purificación de preparados enzimáticos. 3- Evaluación de la capacidad de degradación utilizando diferentes sustratos alimentarios 4- Evaluación de la toxicidad de los productos de degradación obtenidos en líneas celulares humanas de riñón y de hígado. Las actividades propuestas permitirán al estudiante afianzar y adquirir nuevas competencias científico-tecnológicas. El Plan de Formación del contratado se estructurará en 3 fases: a) Plan de acogida, b) Plan de formación y c) Proyecto de Trabajo. El Plan de acogida incluirá tanto la instrucción inicial sobre el funcionamiento del Instituto y el trabajo en un laboratorio de Investigación, así como relativas al departamento, infraestructuras y plataformas científico-técnicas comunes y servicios generales. El Plan de Formación incluirá acciones formativas personalizadas relativas a las actividades a realizar. Por último, la ejecución del Proyecto de Trabajo consistirá en la realización del trabajo experimental propio que le permitirá familiarizarse con la forma de obtener, procesar, y presentar los resultados experimentales en el marco de la investigación científica.	<a href="https://microbio.csic.es/">https://microbio.csic.es/</a>
JAEINT24_EX_1004	MARTINEZ RODRIGUEZ, M.CARMEN	carmenmartinez@mbg.csic.es	MISION BIOLOGICA DE GALICIA	Rosas cultivadas antiguas. Comportamiento agronómico y selección para la industria del perfume	Rosa Narcea es la primera rosa cultivada antigua española y la tercera del mundo, para uso en la industria del perfume, la alimentación y la farmacología. Dicha rosa ha sido seleccionada por el grupo VIOR, siendo los científicos que lo integran los obtentores y estando reconocida y protegida a nivel internacional, por la Oficina Europea de Variedades Vegetales. Los cuatro científicos del grupo, junto con otros socios del ámbito del perfume y las finanzas, han creado una Empresa de Base Tecnológica (Aromas del Narcea S.L.), para el cultivo y explotación de esta rosa. En España no existe ningún grupo de investigación que aborde el estudio de rosas para perfumería, siendo el grupo VIOR pionero en este campo. El candidato/a se formará en el estudio de las rosas cultivadas antiguas con uso en la industria del perfume Rosa Narcea y Rosa Nidia Odorata, cosmética y otros. Realizará trabajos prácticos de toma de datos en campo (fecha de floración, tiempo transcurrido hasta la producción de la primera flor, número de flores/planta, peso de cada flor, número de pétalos/flor), etc. Aprenderá también a diferenciar los síntomas de las distintas enfermedades y plagas que atacan a esta variedad de rosa (roya, pulgón). Aprenderá a relacionar los datos climáticos recogidos en las parcelas experimentales, con la fenología, el comportamiento agronómico y la incidencia de enfermedades en estos rosales. También se formará en las técnicas de extracción de aceites esenciales, agua de rosas, concreto y otros extractos, a partir de los pétalos de rosa (hidrodestilación, destilación mediante solventes, etc). Aprenderá técnicas para determinar la calidad de los aceites esenciales obtenidos, mediante métodos químicos y organolépticos	<a href="https://viior.mbg.csic.es/">https://viior.mbg.csic.es/</a>
JAEINT24_EX_0804	MARTINEZ ROIG, MARCOS	marcos.martinez.roig@csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES SOBRE DESERTIFICACION	Implementación de un monitor basado en inteligencia artificial para la creación de mapas de viento extremo y su predicción en el corto-medio plazo	La PTI+Clima y Servicios Climáticos del CSIC tiene por objetivo proporcionar a los ciudadanos y entidades publico-privadas de herramientas completas y mejoradas sobre indicadores climáticos con múltiples implicaciones socioeconómicas y medioambientales. El Climato-Lab de CIDE (Valencia) lidera un servicio basado en inteligencia artificial (IA) para la reconstrucción de mapas de velocidad del viento medio y rachas máximas. Además, este sistema basado en IA aborda la mejora de las predicciones de vientos extremos (6-12 horas), que hipotéticamente aumentarán con el calentamiento global. La creación de este servicio de viento es de vital importancia debido a su uso tanto con fines de investigación para comprender mejor el comportamiento y la naturaleza del viento, una de las variables más caóticas del sistema atmosférico, como para optimizar la producción de energía eólica, o para múltiples aplicaciones directamente relacionados con la seguridad de las personas, tales como el control de la calidad del aire, el pronóstico de tormentas con fuertes vientos que representan más del 50% de las pérdidas económicas asociadas a desastres naturales en Europa, entre otros. Dos de los productos más utilizados hoy en día para este tipo de estudios son las estaciones meteorológicas y los modelos climáticos. Las estaciones meteorológicas son capaces de producir medidas muy precisas de las distintas variables climáticas a escala local pero estas se encuentran distribuidas de manera dispersa, siendo complicado inferir la información entre ellas (especialmente en situaciones de orografía complicada). Los modelos climáticos simulan la física del viento permitiendo obtener información uniforme de distintas variables climáticas en todo el terreno pero presentan una resolución espacial muy baja, siendo imposible observar muchos de los efectos del viento que ocurren a escalas menores y que si son observables con las estaciones meteorológicas. Se espera que el modelo desarrollado basado en inteligencia artificial obtenga lo mejor de ambos productos, creando mapas de viento uniformes y precisos que reflejen efectos del viento que ocurren a escalas locales. El plan de formación ofrece el aprendizaje de algunas de las técnicas de IA más utilizadas hoy en día, aplicado al viento, y con potencial de transferencia y/o aplicación en otros campos del conocimiento.	<a href="https://climatoclab.csic.es/">https://climatoclab.csic.es/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0080	MARTINEZ SALAS, M.ENCARNACION	emartinez@cbm.csic.es	CENTRO DE BIOLOGIA MOLECULAR SEVERO OCHOA	Proteínas de interacción con RNA: función de Gemin5 en expresión génica	Nuestro grupo está interesado en entender la implicación de proteínas de interacción con RNA (RBPs) en nuevos mecanismos de control de la traducción. Estudios de genómica y proteómica han permitido la identificación de nuevas proteínas que desempeñan papeles claves en la regulación de la expresión génica. Gemin5 es un miembro del complejo SMN (survival of motor neuron), responsable del ensamblaje de los snRNPs, los componentes principales de la maquinaria de splicing. Defectos en este complejo causan atrofia muscular espinal (SMA). Por otro lado, mutaciones en Gemin5 causan graves enfermedades neurodegenerativas, distintas de SMA. Estos datos, junto con el hecho de que su ausencia en modelos animales (ratón y drosophila) es letal embrionario, demuestra el papel esencial de Gemin5 para la viabilidad celular. Nuestro grupo ha estudiado en detalle la estructura y función de los dominios de la proteína, descubriendo un motivo de unión a RNA (RBS) no canónico (RNA Biology 2021; 18(sup1):496-506; Nat Commun 2022; 13(1):5166). Mediante ensayos de CLIP y secuenciación masiva hemos encontrado RNAs celulares que son dianas de Gemin5. Su caracterización funcional ha revelado un mecanismo de retroalimentación que promueve la traducción y contrarresta el papel negativo de la proteína en síntesis global de proteínas. Gemin5 contiene un motivo de dimerización (TRP-like) en la región central, cuya función es clave para reclutar factores implicados en síntesis de proteínas y metabolismo del RNA (Nucleic Acids Res 2020; 48(2):788-801). Recientemente se han descrito mutaciones bialélicas localizadas predominantemente en los dominios de dimerización e interacción con RNA causan graves defectos neurológicos, entre los que se incluye atrofia cerebelar (Life Sci Alliance 2022; 5(7):e202201403). Por otra parte, la identificación de los mRNAs asociados a polisomas (RNA-seq) dependiendo de los niveles de expresión de Gemin5 ha contribuido a entender los procesos celulares en los que esta implicada esta proteína (Cell Mol Life Sci 2022; 79(9):490). En conjunto, los resultados obtenidos hasta el momento abren la posibilidad de poder llegar a entender el mecanismo por el cual esta proteína esencial contribuye a regular procesos celulares fundamentales.	<a href="https://www.cbm.uam.es/encarna_martinez-salas">https://www.cbm.uam.es/encarna_martinez-salas</a>
JAEINT24_EX_0094	MARTINEZ SANZ, MARTA	marta.martinez@csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACION EN CIENCIAS DE LA ALIMENTACION	Digestibilidad y calidad nutricional de ingredientes proteicos obtenidos a partir de algas	El principal objetivo del plan de formación propuesto consiste en estudiar el impacto de la composición y estructura de distintas macroalgas y de extractos proteicos obtenidos a partir de las mismas en la calidad nutricional y digestibilidad de las proteínas. En primer lugar, se caracterizará la composición (proteínas, polisacáridos, lípidos, minerales) y la estructura de distintas algas, aplicando métodos analíticos y técnicas de microscopía y difracción de rayos-X. Además, la fracción proteica se caracterizará mediante PAGE-SDS, UPLC y potencial zeta, para determinar los pesos moleculares, perfil de amino ácidos y carga superficial de las proteínas. En una segunda fase, se llevarán a cabo digestiones gastrointestinales in vitro, simulando las condiciones fisiológicas, para determinar la digestibilidad de las proteínas en los distintos sustratos. La digestibilidad se determinará en los digeridos intestinales a partir del análisis del contenido proteico mediante Kjeldahl y análisis de amino ácidos totales y la calidad nutricional se determinará a partir del perfil de amino ácidos y el cálculo del Índice de Aminoácidos Indispensables Digestibles (DIAAS). El objetivo final será identificar aquellas especies de algas con mayor potencial para el desarrollo de ingredientes alimentarios proteicos nutritivos y sostenibles.	<a href="https://foodproteins.csic.es/">https://foodproteins.csic.es/</a>
JAEINT24_EX_0707	MARTIN-MONTALVO SANCHEZ, ALEJANDRO	alejandro.martinmontalvo@cabimer.es	CENTRO ANDALUZ DE BIOLOGIA MOLECULAR Y MEDICINA REGENERATIVA	Formación en biología celular y molecular del cáncer y la neurodegeneración.	La investigación de nuestro grupo en el CABIMER se centra en estudiar procesos asociados al cáncer y las enfermedades neurodegenerativas. Estamos investigando una nueva terapia que disminuye la progresión de los tumores y mejora la salud neurocognitiva en modelos animales. Si estás interesado@ en investigar con nosotros escribenos! CABIMER es un espacio científico multidisciplinar en biomedicina, donde se desarrollan proyectos de investigación que integran a grupos básicos con otros cuyos objetivos trascienden hacia una investigación traslacional con repercusión en algunos de los principales problemas de salud de nuestra sociedad. Descripción de la actividad: La adquisición de formación práctica y teórica en la evaluación de intervenciones que modulan rutas metabólicas asociadas al cáncer y la neurodegeneración. Plan de Formación: El plan de formación que se detalla a continuación estará en todo momento supervisado por el responsable del laboratorio. •Formación en técnicas de cultivos celulares y de ingeniería tisular para la realización de experimentos mecanísticos utilizando biología celular, molecular y genética. •Formación en el trabajo con muestras de tejidos de mamíferos para la realización de experimentos mecanísticos utilizando una aproximación de tecnologías ómicas. •Formación en el diseño experimental de proyectos de investigación •Formación en la divulgación de investigaciones científicas •Formación en la preparación de solicitudes de proyectos y contratos de investigación. Plan de desarrollo de la formación: La persona becada contribuirá tanto en actividades de relativas al uso de muestras humanas como ensayos en modelos experimentales en roedores. Dentro del programa de formación del investigador se incluirá la asistencia a congresos científicos a los que asiduamente asisten los demás miembros de nuestro equipo científico. Además, presentará candidaturas a programas científicos para investigadores en formación. Adicionalmente, siguiendo el programa de formación que el investigador responsable solicitante está realizando en el CABIMER, se garantiza que la persona becada será merecedora de la autoría de artículos de investigación que se generarán y también del registro de patentes. El Dr. Martín-Montalvo trabajará de manera estrecha con la persona becada para que la continuación de su formación sea excelente y desarrolle una carrera científica llena de éxitos. Únete a nosotros!	<a href="https://www.cabimer.es/en/research-groups/development-of-metabolic-interventions/">https://www.cabimer.es/en/research-groups/development-of-metabolic-interventions/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0408	MASMITJA RUSIÑOL, IVAN	masmitja@icm.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS DEL MAR	Coordinación entre robots submarinos para localizar animales marcados con etiquetas acústicas	This project will take inspiration from previous works but focus on pushing the limits of target tracking by implementing multi-agent reinforcement learning algorithms to localize acoustically tagged species with a fleet of coordinated vehicles. Autonomous surface vehicles equipped with deep reinforcement learning (RL) algorithms could monitor areas of interest to provide temporally varying location information for valuable and often challenging in situ behavioral studies. Initial deep RL tests have been conducted at Monterey Bay (California, USA) showing the potentiality of these algorithms as path planning to guide a surface vehicle to localize and track underwater targets using range-only methods. For the first time, CSIC presented a complete pipeline to train, validate, and deploy the algorithms in real-world-class robots. Additionally, CSIC has developed a novel multi-agent reinforcement learning (MARL) architecture based on QMix and Transformers, which has been demonstrated to learn greater coordination policies and outperform existing cutting-edge algorithms. The JAE Intro candidate will work on the preparation and construction of autonomous vehicles capable of running the MARL algorithms in real-time. He/She will also get involved in the deployment and testing of these algorithms in controlled areas in order to fine-tune them. The candidate, therefore, will gain cutting-edge skills in robotics, marine tracking, electronics, and machine-learning to overcome specific challenges in marine monitoring and restoration initiatives within different national and international projects conducted in the research group.	<a href="https://www.icm.csic.es/staffivan-masmitja-rusinol-136">https://www.icm.csic.es/staffivan-masmitja-rusinol-136</a>
JAEINT24_EX_0307	MATEOS BRIZ, MARIA RAQUEL	raquel.mateos@ictan.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIA Y TECNOLOGIA DE ALIMENTOS Y NUTRICION	Propiedades cardiometabólicas de omega-3 funcionalizado con hidroxitirosol en población sana y de riesgo	El objetivo general de este estudio es evaluar el posible papel beneficioso en la salud cardiovascular del consumo diario de un ácido omega-3 (EPA) enriquecido en hidroxitirosol presente en la aceituna (HT) en humanos, así como su impacto en la microbiota intestinal. Para ello, se plantea un estudio de intervención nutricional aleatorizado, cruzado, controlado y ciego en sujetos con niveles normales de colesterol y triglicéridos, y otro grupo con niveles altos de ambos biomarcadores, en el que los voluntarios serán distribuidos al azar en tres grupos de estudio para consumir EPA+HT, EPA o Placebo elaborado con aceite de girasol alto oleico carente de EPA. Cabe señalar que este ensayo clínico se encuentra dentro de la línea de investigación desarrollada por el equipo del proyecto durante los últimos años, en el marco del cual se han llevado a cabo previamente otros estudios de intervención nutricional autorizados por el CEIm del Hospital Universitario Puerta de Hierro-Majadahonda. La participación de seres humanos en este estudio se justifica por su potencial contribución al avance científico, los posibles beneficios para la salud individual y pública, así como por la rigurosidad científica y ética del diseño del estudio.	<a href="https://www.ictan.csic.es/grupos-de-investigacion/fitoquimicos-nutricion-y-salud-phytochemicals/">https://www.ictan.csic.es/grupos-de-investigacion/fitoquimicos-nutricion-y-salud-phytochemicals/</a>
JAEINT24_EX_0748	MATESANZ DEL BARRIO, MARIA FUENCISLA	lindo@ipb.csic.es	INSTITUTO DE PARASITOLOGIA Y BIOMEDICINA LOPEZ NEYRA	Búsqueda de las alteraciones moleculares asociadas con esclerosis múltiple	La esclerosis múltiple es una enfermedad que afecta al sistema nervioso central, donde se produce inflamación y neurodegeneración que causan una amplia variedad de síntomas que derivan en una progresiva incapacidad. Sabemos que en el origen de la enfermedad concurren factores genéticos y ambientales. Sin embargo, desconocemos cómo se combinan para desencadenar la enfermedad y cuáles son las causas de la importante variabilidad en la evolución y sintomatología que se observa entre los enfermos de esclerosis múltiple. Nuestro grupo aborda el reto de determinar las alteraciones moleculares que hay detrás de la esclerosis múltiple con el objeto de conocer su fisiopatología y diseñar nuevas terapias y marcadores genéticos para un tratamiento personalizado. Nuestro abordaje experimental consiste en la identificación de factores genéticos que se asocian con el desarrollo de la enfermedad y la variabilidad de la esclerosis múltiple. Para ello, realizamos análisis de millones de variantes en el genoma utilizando la técnica de "Genome Wide Association Study" (GWAS) y posterior identificación de las funciones celulares alteradas en estas regiones. El trabajo que se realizará en este proyecto consistirá en estudiar una región concreta del genoma que ya se ha visto asociada con esclerosis múltiple en estudios previos del grupo. Se analizarán los niveles de expresión de los genes que se localizan en la región utilizando técnicas de PCR digital y análisis de datos de "New Generation Sequencing (NGS)" de células de pacientes de esclerosis múltiple. Se clonarán en plásmidos aquellas variantes del genoma que alteran la expresión y se analizará funcionalmente el efecto en modelos celulares con genes reportadores. Este proyecto dará una visión general de los planteamientos experimentales que se utilizan en estudios de enfermedades complejas como la esclerosis múltiple.	<a href="https://www.ipb.csic.es/departamentos/lindo.html?depto=Dpto.deBiologiaCelularInmunologia">https://www.ipb.csic.es/departamentos/lindo.html?depto=Dpto.deBiologiaCelularInmunologia</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0688	MATIAS DA FONSECA, SANDRA CRISTINA	fonseca@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Mecanismos integradores de las respuestas a estreses múltiples en un contexto de cambio climático.	Las plantas son esenciales para la vida en la tierra. Son la base de las cadenas tróficas que sostienen el mundo animal, regulan la temperatura global y el oxígeno disponible. Entender las bases moleculares del crecimiento vegetal y consecuente producción de biomasa, su relación con la luz disponible y respuesta a estreses ambientales como la sequía y la temperatura es clave para poder predecir y actuar frente a los estreses ambientales derivados del cambio climático. Nuestros datos previos, publicados (Cañibano et al., 2021, Molecular Plant; Cañibano et al., 2024, bioRxiv) demuestran que las rutas de señalización por luz condicionan directamente el crecimiento de la planta, al controlar los mecanismos de elongación celular. Las altas intensidades luminicas y la señal de sequía (mediada por la hormona ácido abscísico – ABA) convergen en grupos de proteínas cuya activación o inactivación es clave para retrasar el crecimiento de las plantas. Mediante análisis de RNA-seq identificamos en Cañibano et al. (2024), un reducido grupo de genes controlados por ABA y por luz que están específicamente relacionados con la elongación celular. El/la estudiante analizará los fenotipos de mutantes y de sobreexpresión de los genes de interés, realizará análisis genético y buscará interacciones moleculares entre las proteínas de interés y reguladores conocidos de la ruta de señalización del ácido abscísico. En este proyecto se pretende que el/la estudiante desarrolle un análisis funcional integral de los genes candidatos mediante técnicas de fenotipado, genética, biología molecular y bioquímica, asociados a predicciones estructurales. El/la estudiante será formado y supervisado por el IP y se pretende que adquiera autonomía en el laboratorio. Mas allá del aprendizaje de nuevas técnicas, se fomentará la lectura bibliográfica, es espíritu analítico, y crítico de interpretación de resultados. El/la estudiante participará en las reuniones de laboratorio tendrá la oportunidad de exponer su trabajo durante estas reuniones. Participará en los seminarios de departamento y del centro de investigación y se pretende que participe un congreso nacional, exponiendo los resultados obtenidos.	<a href="https://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/genetica-molecular-de-plantas/senalizacion-luminica-adapta">https://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/genetica-molecular-de-plantas/senalizacion-luminica-adapta</a>
JAEINT24_EX_0462	MATILLA VAZQUEZ, MIGUEL ANGEL	miguel.matilla@eez.csic.es	ESTACION EXPERIMENTAL DEL ZAIDIN	Descifrando la comunicación bacteria-planta en el contexto de cambio climático y agricultura sostenible	El microbioma vegetal es clave para la salud y la productividad de las plantas. Entre los mecanismos que utilizan las bacterias asociadas a plantas (BAP) para desarrollar sus propiedades beneficiosas (ej. promoción del crecimiento, protección frente a fitopatógenos) o patológicas (ej. virulencia) se encuentra la síntesis de fitohormonas y compuestos antimicrobianos - producción que está altamente regulada por distintos sistemas regulatorios, moléculas señal (MS) y señales ambientales. Estos procesos regulatorios implican una amplia diversidad de MS y la comunicación química entre plantas y bacterias juega un papel clave. Así, las fitohormonas están emergiendo como MS que regulan procesos bacterianos importantes durante la interacción con plantas y nuestras investigaciones han demostrado que modulan la producción de antimicrobianos, motilidad, formación de biopelículas y resistencia a tóxicos. Tenemos acceso a una colección de BAP que sintetizan antimicrobianos activos frente a fitopatógenos y/o que presentan quimiotaxis hacia fitohormonas. El objetivo general de este proyecto comprende la caracterización del papel regulador de fitohormonas sobre procesos bacterianos de relevancia durante la interacción con plantas (ej. motilidad, formación de biopelículas) y protección frente a fitopatógenos (ej. síntesis de antimicrobianos). Para avanzar en estos propósitos, se emplearán una diversidad de aproximaciones multidisciplinares de microbiología, biología molecular (ej. generación de plásmidos y mutantes), proteómica (ej. purificación de proteínas, interacción proteína-ligando), transcriptómica (ej. expresión génica), interacción planta-bacteria (ej. colonización de plantas) y bioinformática. Estas investigaciones permitirán progresar en el conocimiento de los mecanismos de interacción con plantas por BAP y prosperar en el desarrollo de nuevos biofertilizantes y biopesticidas microbianos. El plan formativo incluye la participación en las reuniones del grupo y seminarios científicos. Se apoyará la asistencia a cursos y congresos con el fin de divulgar los resultados obtenidos; los cuales se publicarán en revistas internacionales de impacto. El entorno científico del grupo es altamente dinámico y este proyecto formativo está enfocado a estimular el desarrollo científico-profesional del candidato/a. Las actividades propuestas podrían dar lugar al inicio de una tesis doctoral enmarcada en el estudio de los mecanismos de la interacción planta-bacteria.	<a href="https://www.eez.csic.es/microbiologia-ambiental-y-biotecnologia">https://www.eez.csic.es/microbiologia-ambiental-y-biotecnologia</a>
JAEINT24_EX_1295	MEDIATO ARRIBAS, JOSE FRANCISCO	jf.mediato@csic.es	INSTITUTO GEOLOGICO Y MINERO DE ESPAÑA	Caracterización geoquímica de materiales volcánicos mediante equipo portátil de Fluorescencia de Rayos X. Análisis de su aplicabilidad en emergencia	Los estudios actuales de las variaciones geoquímicas de las coladas de lavas y piroclastos durante el evento volcánico de La Palma, en 2021, han demostrado que éstas variaciones responden a la evolución del proceso eruptivo. Dichas determinaciones se han realizado más de 1 año después de la erupción a partir de análisis de laboratorio. Actualmente, existen técnicas analíticas de campo, como puede ser la Fluorescencia de rayos X, que provienen del campo de la exploración minera, que permite de una forma semicuantitativa obtener datos geoquímicos. La posibilidad de obtener datos geoquímicos in situ durante el propio evento puede permitir predecir la evolución del proceso eruptivo. Para ello una posible formula, no utilizada hasta este momento, es buscar indicadores geoquímicos con una herramienta portátil de fluorescencia de rayos X. Así, pues el objetivo de esta propuesta es buscar una herramienta que pueda atender la emergencia volcánica durante el propio proceso y esta ayuda permitiría introducir a un joven en la investigación con un sentido muy aplicado y de apoyo a la sociedad, en el caso de que ocurra una nueva erupción de similares características. Para ello, tendrá que familiarizarse con los metodología de medidas, tanto en lavas como en piroclastos, generar un protocolo estándar, utilizable en cualquier emergencia y por diferentes usuarios, y comprobar que la metodología y los indicadores geoquímicos son concluyentes.	igme.es

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1028	MEDINA ALCAZAR, JOAQUIN	medina.joaquin@inia.csic.es	CENTRO DE BIOTECNOLOGIA Y GENOMICA DE PLANTAS	Estudio de los mecanismos de señalización sistémica por nitrato en Arabidopsis	Objetivo: El proyecto experimental que va a desarrollar el estudiante tiene por objetivo el aprendizaje de distintas técnicas moleculares y genéticas, así como el diseño de experimentos y conocimientos básicos relacionados con distintos aspectos de la biotecnología de plantas. Concretamente se pretende obtener mediante ingeniería genética, nuevas líneas transgénicas de plantas, aprender diversas técnicas básicas de biología molecular para analizarlas y finalmente evaluar distintos aspectos de su fenotipo y fisiología. Particularmente se pretende profundizar en el papel de distintos genes reguladores en el programa de desarrollo de la raíz y la regulación y de su papel en las respuestas a la limitación de nutrientes. Metodología y desarrollo: Los distintos experimentos se desarrollarán en el laboratorio 127 (Nutrient lab) del Centro de biotecnología y Genómica de Plantas (CBGP). El centro y mi laboratorio cuentan con todas las infraestructuras necesarias para llevar a cabo los distintos aspectos mencionados anteriormente.	<a href="https://www.cbgp.upm.es/index.php/es/option=com_content&amp;view=article&amp;id=167">https://www.cbgp.upm.es/index.php/es/option=com_content&amp;view=article&amp;id=167</a>
JAEINT24_EX_1411	MEDINA PRADAS, EDUARDO	emedina@ig.csic.es	INSTITUTO DE LA GRASA	Estudio de la fermentación de bebidas a partir de hojas de olivo	1. ANTECEDENTES La kombucha se obtiene mediante fermentación del té endulzado por una simbiosis de bacterias y levaduras conocida como SCOBY. Durante la fermentación se producen ácidos orgánicos, CO <sub>2</sub> y etanol, que contribuyen a sus características organolépticas y estabilidad. Rica en probióticos, la kombucha puede mejorar la salud intestinal y fortalecer el sistema inmune. Por otro lado, las hojas de olivo, consideradas subproductos, son ricas en compuestos bioactivos (fenoles y triterpenos), con numerosos beneficios para la salud. A pesar de su potencial, hay poca variedad de productos derivados de las hojas de olivo en el mercado. La combinación de estos dos ingredientes en una bebida fermentada presenta una oportunidad única para crear un producto novedoso y funcional que podría mejorar las propiedades probióticas de la kombucha actual. La propuesta de desarrollar una kombucha de olivo es relevante en el contexto actual de la industria alimentaria, aprovechando la demanda por productos naturales, saludables y probióticos, además de satisfacer las necesidades del mercado y los consumidores contemporáneos. 2. OBJETIVOS El objetivo es generar conocimiento sobre un nuevo proceso de producción de kombucha elaborada a partir de hojas de olivo, un producto funcional que beneficie la salud, avanzando en el ámbito de la fermentación de alimentos desde una perspectiva innovadora. 3. METODOLOGÍA 1. Caracterización de kombuchas comerciales: será crucial para entender la variabilidad en la composición de kombuchas de té y proporcionar una base para comparar con la kombucha de hoja de olivo que se elaborará en el proyecto. 1.1. Caracterización microbiológica: recuento, aislamiento e identificación y diversidad microbiana por métodos clásicos, moleculares y NGS. 1.2. Caracterización fisicoquímica: análisis de polifenoles, azúcares y ácidos orgánicos mediante HPLC. Determinación de pH, acidez libre y color. 2. Caracterización de la kombucha de olivo. 2.1. Fermentación de kombucha de olivo: estudio microbiológico y fisicoquímico de la capacidad fermentativa de cepas aisladas en la actividad 1.1., SCOBYs comerciales y kombuchas comerciales no pasteurizadas inoculados en un té de olivo. 2.2. Estudio en fermentaciones sucesivas: estudio sobre cómo las fermentaciones sucesivas afectan la regeneración del SCOBY para comprender la evolución de la microbiota mediante análisis microbiológicos de recuento en placa y de secuenciación masiva	<a href="https://www.ig.csic.es/quimica-y-tecnologia-de-aceitunas-de-mesa/">https://www.ig.csic.es/quimica-y-tecnologia-de-aceitunas-de-mesa/</a>
JAEINT24_EX_0495	MENA OLIVER, CATALINA	catalina.mena@ieo.csic.es	CENTRO OCEANOGRAFICO DE ILLES BALEARS	Mixotrofia en comunidades naturales de fitoplancton: efecto de los cambios ambientales en la composición y actividad de organismos mixótrofos	Los organismos del fitoplancton son los principales productores primarios en el océano, proporcionando la mayoría de la energía que sustenta las redes tróficas marinas y jugando un papel esencial en el ciclo global del carbono. Sin embargo, pocas especies del fitoplancton son estrictamente fotosintéticas, y la mayoría son capaces de adicionalmente depredar a otros microorganismos o absorber compuestos orgánicos disueltos directamente del medio. Esta combinación de modos de nutrición se conoce como mixotrofia. Aunque se sabe que la mixotrofia es muy común en el océano global, se conoce muy poco sobre cómo los organismos del fitoplancton regulan los distintos modos de nutrición, el efecto de los cambios ambientales en la actividad mixótrofa o sus implicaciones ecológicas. El objetivo de este proyecto es estudiar el impacto del fitoplancton mixótrofo en el funcionamiento de las redes tróficas marinas y explorar su variabilidad y magnitud en diferentes condiciones ambientales. Las actividades previstas para el alumno/a se dirigirán a la formación en las técnicas moleculares y metodologías básicas que se usan en ecología microbiana marina, centradas en el estudio del fitoplancton mixótrofo. En el laboratorio de acogida, el alumno/a adquirirá experiencia en la extracción y cuantificación de ADN y ARN de muestras naturales, realización de PCR con primers específicos para la identificación filogenética de eucariotas, electroforesis en geles de agarosa y experimentación mediante el uso de isótopos estables de carbono. El alumno/a también aprenderá a analizar los datos de secuenciación obtenidos y evaluar la composición y estructura de las comunidades de fitoplancton. El/la estudiante tendrá también la posibilidad de participar en una campaña oceanográfica en el Mediterráneo occidental para la recogida de muestras, donde adquirirá experiencia en el muestreo de ADN y ARN y en la obtención de otras muestras biológicas y ambientales que se recogen en esta campaña. En resumen, el alumno/a adquirirá experiencia tanto en el laboratorio como en el muestreo de campo y podrá involucrarse en todos los aspectos de un proyecto de investigación en el ámbito de la ecología marina microbiana y molecular. El/la estudiante se integrará en el grupo de Oceanografía de Ecosistemas (GRECO), un grupo dinámico y multidisciplinar donde organizamos seminarios de grupo y diversas actividades formativas y divulgativas que estimulan el desarrollo científico-profesional.	<a href="http://www.ba.ieo.es/es/personal/12-contacts/97-catalina-mena-oliver">http://www.ba.ieo.es/es/personal/12-contacts/97-catalina-mena-oliver</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0696	MENDEZ GARCIA, PABLO	pmendez@cajal.csic.es	INSTITUTO CAJAL	Formación en análisis avanzado de conducta animal y señales neurofisiológicas	El plan dará formación especializada en investigación biomédica aplicada y es especialmente adecuado a estudiantes de Máster de Neurociencia, Bioinformática o Biología Computacional con interés en análisis de datos con herramientas computacionales de inteligencia artificial. En el contexto de una línea de trabajo en los efectos del sexo en el cerebro, el laboratorio receptor presentará al candidato con un abanico de técnicas de vanguardia en Neurociencia. El plan de formación se resume en los siguientes puntos: 1) Formación básica en técnicas de adquisición de datos neurofisiológicos en animales de experimentación usando electrofisiología e imagen funcional (fotometría de fibra y microscopía intravital). 2) Uso de Inteligencia Artificial y de herramientas computacionales para la caracterización del comportamiento animal (DeepLabCut, BehaviourDepot). 3) Análisis de variables comportamentales y neurofisiológicas mediante la aplicación de técnicas de aprendizaje no supervisado. Este proyecto supondrá la inmersión del candidato en el Instituto Cajal, un centro de referencia para la investigación en Neurociencia. El laboratorio que acogerá al candidato y el Instituto Cajal cuentan con todos los medios tecnológicos necesarios para el plan de formación propuestos. El solicitante se incorporará a un laboratorio con un proyecto científico financiado y publicaciones científicas en revistas de alto impacto en el campo de la Neurociencia (Nature Communications, Neuron, Cell Reports). El plan de trabajo incluye un seguimiento continuo de la evolución del trabajo y adquisición de capacidades por parte candidato mediante reuniones semanales individuales. Así mismo, bimensualmente, el candidato participará en reuniones para discutir resultados y literatura reciente.	<a href="https://cajal.csic.es/laboratorios/microcircuitos-inhibitorios/">https://cajal.csic.es/laboratorios/microcircuitos-inhibitorios/</a>
JAEINT24_EX_0737	MENENDEZ ARIAS, LUIS	lmenendez@cbm.csic.es	CENTRO DE BIOLOGIA MOLECULAR SEVERO OCHOA	REPLICACIÓN DE RETROVIRUS: BIOTECNOLOGÍA Y NUEVOS ANTIVIRALES FRENTE A VIH, HERPESVIRUS Y HEPADNAVIRUS	En nuestro laboratorio estamos interesados en el estudio de dianas terapéuticas de antivirales, con un énfasis particular en aquellas enzimas que participan en la replicación viral. Nuestro grupo tiene una larga trayectoria investigadora sobre la replicación del VIH y otros retrovirus, incluyendo la caracterización de las enzimas responsables de la síntesis de su genoma, denominadas transcriptasas inversas o retrotranscriptasas (RTs). Estos trabajos nos han permitido conocer el papel de distintos aminoácidos de la RT en la especificidad de nucleótido y fidelidad de copia de la enzima y determinar cuáles son los mecanismos moleculares implicados en resistencia a fármacos antirretrovirales. Nuestra investigación actual se centra en la búsqueda de nuevos antivirales que actúen sobre dianas no explotadas en las terapias actuales frente al VIH (por ej., la ribonucleasa H (RNasa H)), así como en la comprensión de las relaciones estructura-función de la RT viral para mejorar su potencial biotecnológico. En este contexto se ofrece la posibilidad de trabajar en un proyecto orientado al descubrimiento de nuevas moléculas que inhiban de forma específica la replicación viral. Las moléculas identificadas se ensayarán con distintas variantes de la RT disponibles en el laboratorio tanto del VIH-1 como del VIH-2, y se evaluará su potencial inhibidor sobre la integrasa de estos virus. Además, muchos inhibidores de la RNasa H del VIH-1 son agentes potencialmente inhibidores de otras nucleasas virales relacionadas estructuralmente, entre las que podríamos citar a la RNasa H del virus de la hepatitis B (en cuya replicación participa una RT) y nucleasas de herpesvirus. El trabajo a desarrollar implicará la obtención mediante ingeniería de proteínas de variantes de RTs del VIH-1 y VIH-2 u otras enzimas víricas interesantes como dianas terapéuticas. Se ensayará su actividad con oligonucleótidos sintéticos de RNA y DNA y se evaluará la actividad DNA polimerasa, RNasa H, integrasa o nucleasa de las enzimas obtenidas, todo ello en ausencia y presencia de compuestos potencialmente antivirales. Estos estudios servirán de base para la elaboración de un trabajo fin de máster o fin de grado según la formación del estudiante. Es un proyecto especialmente recomendable para estudiantes de Máster en Virología, Microbiología, Biotecnología y otras disciplinas experimentales en el campo de las ciencias de la vida.	<a href="http://www.cbm.csic.es/retrovir">www.cbm.csic.es/retrovir</a>
JAEINT24_EX_0389	MENENDEZ DIAZ, JOSE ANGEL	angelmd@incar.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIA Y TECNOLOGIA DEL CARBONO	Bioimpresión de andamios óseos C/HA para la caracterización de sarcomas	El trabajo a desarrollar consistirá en preparar, mediante técnicas desarrolladas en nuestro laboratorio, unos nuevos andamios óseos de un material compuesto de carbono (C) e hidroxiapatita (HA). Estos andamios, de diferentes topografías y composición química, se utilizarán, en colaboración con un equipo de investigación del ISPA especializado en el estudio del cáncer de huesos, para la caracterización de subpoblaciones de células madre en sarcomas. El candidato recibirá la formación necesaria para: (i) preparar las pastas biomprimibles, (ii) manejar las impresoras 3D para la fabricación de los andamios y (iii) caracterizar los materiales. Estas serán, fundamentalmente, sus tareas durante el periodo de estancia en el grupo de investigación. Se prefieren estudiantes de Ingeniería (Industrial, Química, etc.) que posean conocimientos en impresión 3D y programas CAD.	<a href="https://www.incar.csic.es/mca/">https://www.incar.csic.es/mca/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1402	MERBT , STEPHANIE	stephanie.merbt@ceab.csic.es	CENTRO DE ESTUDIOS AVANZADOS DE BLANES	Impacto de actividades turísticas sobre la diversidad de la comunidad microbiana en los ríos alpinos.	Esta beca JAE.Intro formara parte del proyecto: Efectos de las aguas residuales en ríos alpinos: estrategia de mitigación (IWAS) financiado por la Red de Parques Nacionales. IWAS tiene como objetivo A) proporcionar información sobre la calidad de las aguas residuales de refugios guardados de alta montaña, B) estudiar su efecto sobre el ecosistema del río receptor y C) evaluar estrategias de mitigación. El proyecto se divide en un enfoque de seguimiento, experimental y de ingeniería y es altamente interdisciplinario ya que combina diferentes campos de las ciencias ambientales, que son la biogeoquímica, ecotoxicología, ecología molecular con la ingeniería ambiental. El/la becario/a formara parte en todas las actividades desarrolladas, los cuales son: muestreos, experimentos, proceso de muestras y análisis de datos, reuniones con empresas privadas y la administración durante la duración de la beca. Además, aprenderá bases conceptuales de investigación científica tal como investigación impulsada por hipótesis, revisión sistemática de la literatura científica. El/la trabajo está localizado en el Centro de Estudios Avanzados de Blanes (CEAB-CSIC) en Girona. El trabajo incluye visitas regulares a los distintos puntos de muestreo. Además, se contempla dos estancias cortas en diferentes Parques Nacionales de alta montaña de España. Metodología: Se le hará una introducción a el/la becario al trabajo en el laboratorio, el campo y en la gestión de datos. En concreto se transmitirán los siguientes métodos y técnicas: Laboratorio: • determinación de biomasa orgánica en diferentes sustratos • medición de actividad fotosintética de microalgas • medición concentración de diferentes nutrientes en la columna de agua • extracción de ADN de sedimentos y agua • caracterización de la comunidad microbiana vía PCR, PCR cuantitativa y secuenciación Trabajo de Campo: • preparación de la logística/material de excursiones al campo • medición factores físico-químicos en la columna de agua del río • técnicas de toma de diferentes tipos de muestras (agua, sedimentos, gases, ADN, plantas etc.) • medición del metabolismo y caudal del río • mantenimiento de los sensores de medición en continuo de los factores físico-químicos Gestión de datos: • mantenimiento de bases de datos • análisis de datos con diferentes programas (ej. excel) • visualización de datos con diferentes programas (	<a href="https://www.ceab.csic.es/en/member/merbt-stephanie/">https://www.ceab.csic.es/en/member/merbt-stephanie/</a>
JAEINT24_EX_1351	MERCHANTE BERG, MARIA CATHARINA	merchante@csic.es	INSTITUTO DE HORTOFRUTICULTURA SUBTROPICAL Y MEDITERRANEA LA MAYORA	Regulación traduccional mediada por proteínas ribosomales en Arabidopsis	Al ser sésiles, la supervivencia de las plantas depende de su capacidad para adaptarse a un medio en constante cambio. La regulación de la traducción es clave en esta adaptación. La respuesta de la planta al ambiente depende en gran medida de las proteínas de que disponga. Por ello, y por su alto coste energético, la traducción debe estar finamente controlada y sincronizada con las señales que la planta recibe. Aún así, es muy poco lo que se conoce acerca de la regulación traduccional de mRNAs específicos y se desconoce si el ribosoma desempeña un papel activo en esta regulación. El proyecto de formación que propongo tiene como objetivo el poder distinguir entre diferentes tipos de los ribosomas en Arabidopsis en términos de su composición de proteínas ribosomales, y determinar si esta diversidad se puede vincular a ribosomas que tienen preferencias hacia la traducción de ciertos ARNm sobre otros. Para ello disponemos de una colección de mutantes de proteínas ribosomales (RPs) de Arabidopsis, donde tenemos mutados todos los parálogos de distintas familias de RPs. El proyecto de investigación consistirá en la caracterización fenotípica y molecular de mutantes de una misma familia: se analizará su crecimiento en distintas condiciones experimentales y se caracterizarán sus tasas de traducción global. También se generarán construcciones con los distintos parálogos marcados con tags y se transformarán los mutantes, para determinar en qué condiciones se incorpora al ribosoma un parálogo u otro. El estudiante aprenderá, además de las técnicas básicas de biología molecular, a hacer análisis de fenotipos, construcciones, transformar Arabidopsis, caracterizar plantas transgénicas, y a trabajar específicamente con técnicas de estudio de la traducción como perfiles polisomales. Este proyecto de investigación se realizará en el marco de dos proyectos activos en el laboratorio: PID2021-123240-NB y CNS2023-143737 de los que soy investigadora principal, pero no suple tareas de dichos proyectos.	<a href="https://www.ihsm.uma.csic.es/grupos/11">https://www.ihsm.uma.csic.es/grupos/11</a>
JAEINT24_EX_0342	MESA BANQUERI, MARIA SOCORRO	socorro.mesa@eez.csic.es	ESTACION EXPERIMENTAL DEL ZAIDIN	Mecanismos de regulación de los procesos de fijación de nitrógeno y desnitrificación en rizobios	Bradyrhizobium diazoefficiens, el endosimbionte de la soja, es capaz de llevar a cabo el proceso de fijación de nitrógeno y también de desnitrificar, es decir, de utilizar nitrato como aceptor final de electrones en condiciones de limitación de oxígeno (microoxia). Estos procesos son claves en el balance del ciclo del nitrógeno de la biosfera, por lo que el mejor conocimiento de su regulación ayudaría a desarrollar estrategias para una agricultura sostenible con menor impacto negativo para el medio ambiente y la salud. En B. diazoefficiens, las proteínas FixK2 y NnrR juegan un papel clave en una compleja red de regulación de genes implicados en el metabolismo microoixico, simbiótico y en el proceso de desnitrificación. La expresión y actividad de FixK2, la cual activa un grupo numeroso de genes en respuesta a microoxia, se regulan a nivel transcripcional, postranscripcional y postraduccional. Este último control ocurre tanto por oxidación del residuo C183, como por proteólisis mediada por el sistema ClpAPI51. Por su parte, la proteína NnrR, en presencia de óxido nítrico, activa la expresión de los genes norCBQD que codifican la enzima óxido nítrico reductasa, clave en la producción del gas de efecto invernadero óxido nitroso. FixK2 y NnrR son dos factores transcripcionales de tipo CRP/FNR, proteínas que responden a diversas señales intracelulares y medioambientales. Por otro lado, los complejos chaperona-proteasa de tipo Clp, a los que pertenece ClpAPI51, son sistemas proteolíticos dependientes de ATP muy conservados que degradan proteínas dañadas o mal plegadas, así como sustratos específicos, y a los que se les ha atribuido, además, un papel en la respuesta a estreses abióticos. Cabe mencionar que, en otros rizobios, como Ensifer meliloti, Rhizobium etli o Rhizobium leguminosarum se han identificado sistemas reguladores homólogos a los descritos en B. diazoefficiens, si bien su función y mecanismo molecular no se han estudiado en profundidad. Para mejorar el conocimiento sobre los procesos de fijación de nitrógeno y desnitrificación, se profundizará en el mecanismo molecular, in vitro e in vivo, de sistemas reguladores implicados en el control de ambos procesos en rizobios, empleando como modelo B. diazoefficiens. Para ello, se aplicará una estrategia multidisciplinar que permitirá al candidato familiarizarse con metodologías de bioinformática, microbiología, bioquímica, biología molecular e interacción rizobio-leguminosa.	<a href="https://www.eez.csic.es/metabolismo-del-nitrogeno-en-bacterias-rizosfericas">https://www.eez.csic.es/metabolismo-del-nitrogeno-en-bacterias-rizosfericas</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1096	MESIAS GARCIA, MARTA	mmesias@ictan.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIA Y TECNOLOGIA DE ALIMENTOS Y NUTRICION	EVALUACIÓN DE LA CAPACIDAD FORMADORA DE ACRILAMIDA EN MUESTRAS DE HARINA	La acrilamida es un contaminante químico que se genera de forma natural durante el tratamiento térmico de determinados alimentos. Su presencia en los alimentos está asociada con un aumento en la probabilidad de desarrollar determinados tipos de cáncer y, por tanto, implica un riesgo para la población. Por este motivo, deben controlarse los niveles de acrilamida en los alimentos procesados tratando de minimizarlos tanto como sea posible. La presente propuesta se enmarca dentro del proyecto del plan nacional de investigación (PID2022-137697NB-I00), "Reevaluación del riesgo asociado al contenido de acrilamida en alimentos de base cereal considerando el efecto de la composición y matriz alimentaria sobre su bioaccesibilidad". La persona contratada JAE-Intro participará en uno de los objetivos del proyecto, en el que se pretende evaluar la capacidad formadora de acrilamida de distintas muestras de harinas de cereales y pseudocereales como ingredientes de alimentos de base cereal. Las actividades desarrolladas en esta propuesta incluirán: (1) selección de harinas de trigo (blanco e integral), espelta, avena y centeno, además de trigo-sarraceno (como pseudocereal sin gluten); (2) caracterización de las harinas por su capacidad formadora de acrilamida, incluyendo determinación de precursores (azúcares reductores y aminoácido asparagina) y calentamiento de las muestras con y sin sacarosa, simulando los ingredientes de una masa panaria y de una masa de galletas; (3) tratamiento de las harinas para modificar la integridad del almidón y el desarrollo de la red de gluten en las masas y en las muestras horneadas; (4) desarrollo de formulaciones de panes y galletas y caracterización de los productos en un contexto riesgo/beneficio. Todo ello conllevará la utilización de diversas técnicas de laboratorio incluyendo análisis físico-químicos, cromatográficos y espectrofotométricos, que aumentarán la formación de la candidato/a en relación al trabajo de laboratorio y al análisis de los alimentos. Durante el contrato, la persona se integrará dentro del grupo CHEMPROFOOD del ICTAN, participando en todas las actividades formativas, científicas, técnicas y divulgativas que se desarrollen en el grupo y en el ICTAN, adquiriendo conocimientos y experiencia que redundarán en su formación y en el fortalecimiento de sus capacidades en el área de Ciencia y Tecnología de Alimentos y, en concreto, en Seguridad Alimentaria.	<a href="https://www.ictan.csic.es/grupos-de-investigacion/modificaciones-quimicas-en-alimentos-procesados-chemprofood/">https://www.ictan.csic.es/grupos-de-investigacion/modificaciones-quimicas-en-alimentos-procesados-chemprofood/</a>
JAEINT24_EX_1289	MESTRE MARTIN, MIREIA	mireia.mestre@mncn.csic.es	MUSEO NACIONAL DE CIENCIAS NATURALES	Antártida, animales gelatinosos, el mar y el microbioma.	En las últimas décadas, se han detectado alteraciones en los ecosistemas antárticos debido al Cambio Global. Entre ellas, cada verano se observan proliferaciones masivas de un animal marino gelatinoso: la salpa (Salpa thompsoni). Las salpas, pese a ser parte del plancton gelatinoso, no son medusas (cnidarios), sino cordados (y por lo tanto, son evolutivamente cercanas a los vertebrados). Este animal parece estar desplazando el krill antártico, provocando cambios profundos en los ecosistemas antárticos, que tienen impacto directo en redes tróficas (por ejemplo, en la alimentación de pingüinos y ballenas) y en los ciclos biogeoquímicos marinos (por ejemplo, en los mecanismos de secuestro de carbono). Los microorganismos son decisivos para la vida en el planeta: presentan metabolismos exclusivos que juegan un papel muy relevante en los ciclos biogeoquímicos y el funcionamiento de ecosistemas, y son fundamentales para el crecimiento, desarrollo y salud de organismos hospedadores. Sin embargo, todavía es escasa la información sobre los microorganismos que viven en la Antártida y las funciones que allí desarrollan. En este contexto, las salpas representan nichos marinos que los microorganismos colonizan. Todavía está pendiente un análisis detallado de la microbiota de las salpas antárticas. El principal objetivo de este proyecto es describir el microbioma asociado a Salpa thompsoni. Determinaremos qué microorganismos están presentes y cuál es su función, y posteriormente exploraremos su papel en el ecosistema antártico. Para ello, utilizaremos datos de secuenciación masiva de DNA. Concretamente, la persona candidata aprenderá a: (i) analizar e interpretar datos del microbioma de salpas: datos de diversidad microbiana. (ii) analizar e interpretar datos del microbioma de salpas: datos de función microbiana (metagenomas). (iii) preparar un trabajo científico (presentación oral o póster) para presentar en congreso científico. Este Plan de Formación se integrará en un contexto amplio de proyectos antárticos internacionales, a través de los cuales también se podrá aprender: técnicas moleculares, análisis bioinformáticos, obtención y procesamiento de datos ambientales, y preparación de campañas antárticas. El anuncio está dirigido a estudiantes con alta motivación en desarrollar carrera científica. Por ello, las actividades están planificadas de manera que la persona beneficiaria pueda elaborar una publicación científica e iniciar su tesis doctoral.	<a href="https://www.mncn.csic.es/es/quienes_somos/mestre-mireia">https://www.mncn.csic.es/es/quienes_somos/mestre-mireia</a>
JAEINT24_EX_0571	MIGUEL CASTRO, MARTA	marta.miguel@csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACION EN CIENCIAS DE LA ALIMENTACION	Envejecimiento saludable. Hidrolizados de proteínas alimentarias multifuncionales como abordaje terapéutico en el síndrome de sarcopenia.	En el año 2050 España será el país más envejecido del mundo. Una de las consecuencias del aumento de la esperanza de vida es el aumento progresivo de enfermedades crónicas o problemas relacionados con el envejecimiento, para los que aún no se dispone de medidas correctoras y/o preventivas eficaces. Uno de los problemas más frecuentes asociados al envejecimiento es la sarcopenia o pérdida de masa y fuerza muscular de manera gradual y progresiva, que está asociada con un aumento del estrés oxidativo, y que, en la actualidad, se considera una enfermedad multifactorial que afecta no solo al ámbito biomédico, sino también al económico, al psicológico y al social. El alumno se incorporará a un proyecto de investigación recientemente concedido (PID2022-138610OB-I00) y que tiene como objetivo evaluar el efecto de hidrolizados proteicos de alto valor biológico y con actividad multifuncional, derivados de clara de huevo o de quinua, como abordaje terapéutico en el síndrome de sarcopenia. Durante este periodo el alumno aprenderá y se familiarizará con el método y la metodología científica. Está previsto que realice el curso de experimentación animal que le capacite para poder participar en las investigaciones programadas, y también realizará formación sobre ensayos clínicos para que pueda colaborar en el estudio de intervención programado. Tendrá la posibilidad de asistir a los seminarios de investigación programados en el CIAL y en el resto de instituciones participantes en el proyecto, adquirirá conocimiento sobre las actividades de transferencia e innovación, y podrá participar y colaborar en aquellas actividades dedicadas a la difusión y a la divulgación científica llevadas a cabo por el grupo de investigación. En resumen, el alumno recibirá una excelente formación de introducción a la investigación, que será además multidisciplinar, al integrarse en un equipo cuyos investigadores pertenecen a diferentes instituciones docentes, sanitarias y de investigación de referencia a nivel nacional e internacional. No solo se iniciará en el aprendizaje de técnicas in vitro, sino que tendrá la oportunidad de trasladar esos conocimientos a un modelo in vivo, y aprender cómo se realiza un estudio de intervención en humanos, así como iniciarse en el análisis y discusión crítica de los resultados obtenidos. El estudiante se incorporará a un proyecto de investigación en un tema de gran repercusión clínica y social como es la sarcopenia.	<a href="https://www.cial.uam-csic.es/investigacion/departamentos/departamento-de-bioactividad-y-analisis-de-alimentos/grupo-bioactive-gastronomy/">https://www.cial.uam-csic.es/investigacion/departamentos/departamento-de-bioactividad-y-analisis-de-alimentos/grupo-bioactive-gastronomy/</a>



REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1568	MILES PAEZ, PAULO ALBERTO	pamiles@cab.inta-csic.es	CENTRO DE ASTROBIOLOGIA	Searching for giant spots and bands in very low-mass stars and brown dwarfs	Several very low-mass stars and brown dwarfs are known to vary photometrically. The origin of this variability is attributed to the presence of spots and bands like those seen in the giant planets of our solar system. In this project the student will i) learn about the atmospheres of very low-mass stars, brown dwarfs, and giant planets, ii) get familiar with astronomical archives for ground- and space-based telescopes to retrieve photometric data, and iii) process these data sets to obtain photometric light curves that inform on surface inhomogeneities. The student will also use publicly available codes to model the data, which will lead to brightness maps that will potentially reveal Jupiter-like spots in these exoplanet-like atmospheres.	<a href="https://cab.inta-csic.es/investigacion/lineas-de-investigacion/grupo-de-formacion-y-evolucion-de-estrellas-enanas-marrones-y-planetas/">https://cab.inta-csic.es/investigacion/lineas-de-investigacion/grupo-de-formacion-y-evolucion-de-estrellas-enanas-marrones-y-planetas/</a>
JAEINT24_EX_0824	MILLAN ESCOLANO, ANGEL	angel.millan@csic.es	INSTITUTO DE NANOCIENCIA Y MATERIALES DE ARAGON	Nanotermometría intracelular y hipotermia magnética	Línea: Nanotermometría e hipotermia magnética Esta línea de investigación se viene desarrollando desde hace más de 20 años en colaboración con diversos centros nacionales y europeos (EPFL, Lausanne, Suiza; Universidad de Aveiro, Portugal; INSA, Toulouse, Francia; Universidad de Pavia, Italia; CIC BiomGUNE, San Sebastián; Hospital Clínico Lozano Blesa; Universidad de Zaragoza ...). Se especializa en diagnóstico por imagen MRI y SPECT y en terapia del cáncer mediante hipotermia. Paralelamente, y en colaboración con la Universidad de Aveiro, el grupo desarrolla una tecnología de Nanotermometría luminiscente que ha tenido un fuerte impacto en esta área científica (a destacar publicaciones en revistas como Advanced Materials, Advanced Functional Materials, Advanced Optical Materials, ACS Nano, Nano Letters, Nanoscale), tres capítulos de libro, una patente en Europa y EE.UU.), proyectos europeos FET-OPEN (2) y MSCA (1) y otros proyectos bilaterales, nacionales y autonómicos. Las actividades de formación del estudiante se enmarcan en el proyecto nacional en curso: " Nanotermómetro intracelular para el estudio térmico de la fisiología celular y terapia del cáncer por hipotermia magnética local ", PID2021-124354NB-I00. Este proyecto se dirige a la terapia del cáncer mediante la actuación de herramientas nanotecnológicas a nivel intracelular. Precedentes. Se han fabricado ya un equipo capaz de realizar imágenes de temperatura intracelular y medidas de gradiente local de temperatura en células cancerígenas y se han realizado pruebas de concepto de dicho equipo. También se ha realizado un programa preliminar de Matlab para el control de dicho equipo, análisis de datos y elaboración de resultados. Tareas. El estudiante realizará las siguientes tareas: 1) Adiestramiento en el manejo del software para la obtención de imágenes de temperatura intracelular. 2) Realizar imágenes de temperatura en phantoms de geles que contienen sondas termométricas y fabricación de dichos geles. 3) Preparar cultivos de células cancerígenas con sondas termométricas incorporadas y realizar medidas de temperatura intracelular en dichas células. Interés de la investigación para el investigador contratado: El investigador contratado se beneficiará de la integración en un grupo internacional multidisciplinar que incluye expertos en síntesis química, biología molecular, magnetismo, ingeniería y óptica.	<a href="https://www.csic.es/es/investigacion/grupos-de-investigacion/bionanosurf-biofuncionalizacion-de-nanoparticulas-y-superficies">https://www.csic.es/es/investigacion/grupos-de-investigacion/bionanosurf-biofuncionalizacion-de-nanoparticulas-y-superficies</a>
JAEINT24_EX_0085	MILLAN LINARES, MARIA CARMEN	mcmillan@ig.csic.es	INSTITUTO DE LA GRASA	Evaluación inmunonutricional de péptidos bioactivos de alpeorujó	Según la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO) debemos conseguir que la alimentación sea nutritiva y accesible para todos y que la gestión de los recursos naturales preserve las funciones de los ecosistemas para respaldar la satisfacción de las actuales y futuras necesidades humanas. Las industrias verdes, como el cultivo del olivar, ofrecen oportunidades para obtener más beneficios a largo plazo a través de prácticas sostenibles de agricultura regenerativa. Uno de los grandes problemas en la olivicultura es el exceso de subproductos como el alpeorujó generado durante el proceso de producción de aceite de oliva que está provocando en los últimos años la parada involuntaria, general o parcial, de su procesamiento debido a la saturación de las balsas de recepción de las plantas de tratamiento. Sin embargo, este subproducto, representa una fuente potencial de compuestos bioactivos que podrían ser destinados a la alimentación humana. La preocupación creciente sobre cuestiones alimentarias y una exigente normativa nacional y europea, hacen de los alimentos funcionales un valor añadido para el sector agroalimentario dada la repercusión económica que supone la comercialización de este tipo de alimentos. Según la Organización Mundial de la Salud (OMS) y la FAO, los patrones dietéticos junto con los hábitos de vida constituyen importantes factores de riesgo modificables en relación con el desarrollo de enfermedades tales como enfermedades crónicas no transmisibles que disponen de una farmacoterapia eficaz. Las proteínas de los alimentos son fuente de péptidos bioactivos que pueden ejercer funciones biológicas y promover la salud. Esta tendencia actual hacia el uso de la dieta como una estrategia global para reducir la incidencia y severidad de enfermedades, ha dado lugar a la búsqueda de nuevas fuentes proteicas vegetales como una terapia alternativa a la farmacoterapia clásica. Estudios recientes de nuestro grupo de investigación han demostrado que péptidos bioactivos procedentes de subproductos agroindustriales de cultivos tradicionales como trigo soja o altramuz o emergentes como quinoa, chía o cáñamo pueden presentarse como una alternativa eficaz en el tratamiento de enfermedades. Sin embargo, hasta ahora, pocos estudios han evaluado la capacidad inmunonutricional de las proteínas y péptidos del alpeorujó, objetivo fundamental de la propuesta de investigación.	<a href="https://www.ig.csic.es/es/">https://www.ig.csic.es/es/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0400	MILLAN MARTINEZ, JAIME	jmillan@cbm.csic.es	CENTRO DE BIOLOGIA MOLECULAR SEVERO OCHOA	Role of microvilli and adhesion receptors in the vesicular intracellular trafficking of hepatic organoids	Inflammation constitutes the initial response to infection, stress, or tissue damage. Pathological inflammation leads to chronic pathologies such as arteriosclerosis, multiple sclerosis, or hepatitis, as well as to acute, systemic, and lethal diseases such as septicemia. Inflammatory responses are orchestrated by the secretion of cytokines in the vicinity of the inflammatory focus, which produce, among other effects, the alteration of endothelial and epithelial barrier function in tissue parenchyma, thus facilitating the passage of soluble mediators and immune cells into the inflamed region. Our main objective is to investigate the effect of these inflammatory mediators on cellular barrier function and, reciprocally, to study how these barriers regulate the inflammatory response. Part of our research interest is focused on hepatic epithelial cells, in which we have demonstrated the reciprocal relationship between the inflammatory response and their apicobasal polarity, mechanistically supported by the polarization and signaling capacity of the ICAM-1 adhesion receptor (Reglero-Real et al., Cell Rep, 2014; Marcos-Ramiro, J Cell Biol, 2016; Cacho-Navas et al., CMLS, 2022). To demonstrate that this new role for ICAM-1 is independent of its function mediating lymphocyte adhesion, we have developed and cultured hepatic organoids in 3D from liver bipotent precursors (Cacho-Navas et al., eLife 2024, Blazquez-Garcia et al. J Proteome Res 2024). To investigate further the role of ICAM-1 on apicobasal polarity, our laboratory has identified new components of the ICAM-1 interactome, which consist of proteins involved in intracellular trafficking and the formation and maintenance of microvilli. Within this context, to investigate whether ICAM-1 and surface microvilli regulate vesicular exocytosis in hepatic epithelia, the student will get familiar with the culture of epithelial cell barriers and liver organoids, their stimulation with inflammatory cytokines and cellular analyses by high-resolution confocal microscopy in polarized hepatic cells and organoids. She/he will get also familiar with CRISPR-CAS9 and siRNA technology to edit and silence genes, respectively, as well as with modern biochemical strategies to investigate protein-protein interactions. The Cell Biology of Inflammation lab is a young research group, passionate for science, which make use of state-of-the-art technology to respond essential questions in the field of physio-pathological inflammation	<a href="https://www.cbm.uam.es/es/investigacion/programas/homeostasis-de-tejidos-y-organos/comunicacion-intercelular-e-inflamacion">https://www.cbm.uam.es/es/investigacion/programas/homeostasis-de-tejidos-y-organos/comunicacion-intercelular-e-inflamacion</a>
JAEINT24_EX_0900	MILLAN ZAMBRANO, GONZALO	gonzalo.millan@cabimer.es	CENTRO ANDALUZ DE BIOLOGIA MOLECULAR Y MEDICINA REGENERATIVA	Estudio del papel de nuevas marcas epigenéticas en cáncer	Prácticamente todas las células de nuestro cuerpo contienen la misma información genética almacenada en aproximadamente dos metros de ADN lineal, lo que representa un problema; cómo albergar dicha molécula en el núcleo celular, que mide sólo unos 10 micrómetros de diámetro. Esto se consigue mediante la asociación del ADN con las histonas, lo que facilita su empaquetamiento en forma de cromatina. Sin embargo, la estructura de la cromatina reprime fuertemente el acceso a la información genética codificada en el ADN. Hoy en día sabemos que las histonas sufren una gran variedad de modificaciones post-traduccionales capaces de modular la accesibilidad de la cromatina. Estas modificaciones, también denominadas en muchos casos marcas epigenéticas, son reversibles. Es decir, son depositadas, mantenidas y borradas por numerosas rutas de señalización interconectadas entre sí en las que están involucradas enzimas que las catalizan ("escritoras"), proteínas que las reconocen a través de dominios específicos ("lectoras"), y enzimas que las retiran ("borradoras"). Dado que estas proteínas contienen actividad enzimática y/o dominios de unión específicos, representan blancos ideales para el desarrollo de compuestos terapéuticos. De hecho, actualmente hay aprobados once medicamentos dirigidos frente reguladores epigenéticos para su uso en el tratamiento de diferentes tipos de cáncer, incluyendo linfomas, síndromes mielodisplásicos y cánceres sólidos. Además, más de sesenta nuevos fármacos se encuentran en fase de ensayos clínicos. El interés principal de nuestro grupo reside en la caracterización, mediante técnicas ómicas (ChIPseq, RNAseq, etc) y de modificación del ADN (CRISPR, adenovirus, etc), de las rutas que dan lugar a nuevas modificaciones de la cromatina y su implicación en cáncer. Bajo la supervisión de investigadores experimentados, el beneficiario del programa JAE INTRO indagará en la posible función de dos nuevas marcas epigenéticas descubiertas recientemente en nuestro laboratorio. El proyecto propuesto incluye la generación de nuevas líneas celulares, así como la caracterización de los fenotipos asociados mediante diferentes ensayos (citometría de flujo, inmunofluorescencia, transcriptómica, etc). Por tanto, el beneficiario tendrá la oportunidad de formarse en técnicas de cultivo celular, bioquímica de proteínas y biología molecular.	<a href="https://www.cabimer.es/en/research-groups/chromatin-modifications/">https://www.cabimer.es/en/research-groups/chromatin-modifications/</a>
JAEINT24_EX_1220	MIR RIVERA, PABLO	pmir@us.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA DE SEVILLA	Avances en Neuropsicología y Neuroimagen para la Comprensión y Manejo del Deterioro Cognitivo y Neuropsiquiátrico en la Enfermedad de Parkinson	La enfermedad de Parkinson (EP) es una afección neurodegenerativa que no solo afecta la motricidad, sino que también conlleva consecuencias significativas cognitivas y neuropsiquiátricas. Estos aspectos de la enfermedad pueden ser tan debilitantes como los síntomas motores y requieren un enfoque especializado en neuropsicología para su comprensión y manejo. Este programa se enfoca en profundizar el conocimiento y la capacidad de investigación en las áreas de deterioro cognitivo y trastornos neuropsiquiátricos asociados a la EP, complementándose con una formación en técnicas de neuroimagen y neurofisiología. La combinación de estos enfoques permite una comprensión más completa de cómo los cambios estructurales y funcionales en el cerebro se correlacionan con los cambios cognitivos y conductuales en la EP. El plan de trabajo incluirá los siguientes componentes: 1. Fundamentos de neuropsicología en la EP (Mes 1): Comprender los aspectos cognitivos y emocionales de la EP, incluyendo la memoria, la función ejecutiva, y la salud emocional. 2. Introducción a la neuroimagen y neurofisiología en la EP (Meses 1 y 2): Familiarización con técnicas de neuroimagen (RM, PET, SPECT) y su aplicación en la neuropsicología. 3. Análisis de Datos de neuroimagen y neuropsicológicos (Meses 2-4): Aprendizaje en el manejo y análisis de datos de neuroimagen relacionados con la función cognitiva y emocional. 4. Estudios Prácticos y Aplicados (Meses 4-6): Participación en distintas fases de proyectos de investigación que integren neuropsicología y neuroimagen en el contexto de la EP. 5. Integración con Datos Clínicos y neurofisiológicos (Meses 6-7): Aprender a correlacionar los hallazgos neuropsicológicos y neuroimagen con datos clínicos y neurofisiológicos para una comprensión holística de la EP. El participante estará inmerso en un entorno de investigación activa, colaborando con expertos en las distintas áreas que incluye este programa formativo, y tendrá la oportunidad de contribuir a la investigación de vanguardia en la EP. El objetivo es formar profesionales que no solo posean un conocimiento teórico sólido, sino también habilidades prácticas avanzadas en la evaluación y manejo del deterioro cognitivo y los trastornos neuropsiquiátricos en pacientes con EP. Este programa está pensado para una dedicación de 20 horas por semana.	<a href="https://www.ibis-sevilla.es/es/investigacion/neurociencias/trastornos-del-movimiento/">https://www.ibis-sevilla.es/es/investigacion/neurociencias/trastornos-del-movimiento/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0494	MIRALLES BURAGLIA, MARIA ANGELES BEATRIZ	beatriz.miralles@csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACION EN CIENCIAS DE LA ALIMENTACION	Modelos celulares del epitelio intestinal	El objetivo de este estudio es poner a punto un modelo in vitro del epitelio intestinal estandarizado y reproducible que permita recrear los procesos que ocurren desde la digestión hasta la absorción de alimentos. La biodisponibilidad de los nutrientes es un proceso complejo donde entran en juego diversos tipos celulares y mecanismos reguladores. Actualmente se utilizan modelos de diversa relevancia fisiológica en los que se ha visto que son determinantes tanto la naturaleza de cada compuesto como la concentración de la fracción bioaccesible. Los modelos celulares no son totalmente predictivos de la biodisponibilidad humana, no solo por la variabilidad interindividual, sino porque no existen procedimientos estandarizados. Se emplearán compuestos patrón y sistemas alimentarios modelo basados en proteínas (péptidos y aminoácidos) para evaluar un sistema celular en cultivo que está siendo evaluado en un ensayo colaborativo por laboratorios de distintos países, que permita relacionar los datos de transporte celular con la absorción fisiológica. Con los resultados obtenidos se pretende validar un protocolo in vitro de determinación de la biodisponibilidad alimentaria que permitirá reducir en el futuro los ensayos en animales de experimentación.	<a href="https://foodproteins.csic.es/">https://foodproteins.csic.es/</a>
JAEINT24_EX_0288	MIRANDA VIZUETE, ANTONIO	amiranda-ibis@us.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA DE SEVILLA	Ferroptosis meets Proteostasis: Is this novel programmed cell death behind neurodegenerative diseases associated to aberrant protein aggregation?	Maintenance of redox homeostasis is critical for the survival of all organisms. We have recently discovered that an impairment of glutathione redox homeostasis in <i>Caenorhabditis elegans</i> models of neurodegenerative diseases cause a lethal phenotype (PMID: 30770874). Our preliminary results on the molecular mechanism underlying this lethal phenotype indicate that this death is not caused by apoptosis or necrosis. Ferroptosis is a recently described form of cell death characterized by three hallmarks: a) the loss of lipid peroxide repair capacity by the glutathione-dependent phospholipid hydroperoxidase GPX4; b) the availability of redox-active iron; c) oxidation of polyunsaturated fatty acid (PUFA)-containing phospholipids (PMID: 28985560). As glutathione deficiency triggers ferroptosis in mammals, we reasoned that the lethal phenotype we have found in <i>C. elegans</i> with altered glutathione homeostasis may be caused by this modality of programmed cell death. Surprisingly, while ferroptosis is relatively well characterized in mammals, it has just been reported and remains extremely poorly characterized in <i>C. elegans</i> . Therefore, the main objective of this project aims to demonstrate that ferroptosis occurs in worm models of neurodegenerative diseases associated to aberrant protein aggregation, a link that has not been explored so far. For this purpose, we will undertake the following, complementary approaches: 1.1 Generation of animals expressing aggregation-prone proteins in mutant backgrounds of genes encoding components of the two pathways responsible for cysteine provision for glutathione synthesis: transsulfuration and cystine incorporation pathways 1.2. Validation of well-established inhibitors and activators of mammalian ferroptosis in the <i>C. elegans</i> models of protein aggregation. Similarly, we will try to identify which other pathways regulate this novel cell death modality in the worm model. 1.3. Depending on the progresses in the previous two sections, we will aim to find other types of stresses and treatments in <i>C. elegans</i> (cadmium toxicity, exposure to cold temperatures, pathogen infection, etc) that may also induce ferroptotic cell death in this organism. As a whole, we expect that the proposed project will contribute to demonstrate the existence of ferroptosis in <i>C. elegans</i> and that this form of cell death is behind the lethal phenotypes associated to pathological protein aggregation in neurodegenerative diseases.	<a href="https://www.ibis-sevilla.es/es/investigacion/neurociencias/homeostasis-redox/">https://www.ibis-sevilla.es/es/investigacion/neurociencias/homeostasis-redox/</a>
JAEINT24_EX_0305	MIRAS AVALOS, JOSE MANUEL	jmmiras@mbg.csic.es	MISION BIOLOGICA DE GALICIA	Impacto de cubiertas vegetales sobre la funcionalidad del suelo y el estado hídrico del viñedo.	El/la becario/a se incorporará a las investigaciones que actualmente lleva a cabo el grupo en las que se analiza y compara el impacto de distintas prácticas agrícolas convencionales y ecológicas en viñedos. Para ello, se están poniendo en marcha experimentos en los que, frente a un manejo que incluye el laboreo del suelo, se comparan diferentes alternativas de cubiertas vegetales (leguminosas, gramíneas, brassicáceas). Se realizará una caracterización de las propiedades generales del suelo y un seguimiento pormenorizado de la funcionalidad del suelo (actividad microbiana, actividades enzimáticas, capacidad de infiltración y almacenamiento de agua, etc.) Dependiendo de cuando se incorpore el/la becario/a, colaborará en las tareas que en ese momento del año se estén realizando en relación con los experimentos de campo actualmente en marcha. El/la becario/a colaborará en el seguimiento de los experimentos de campo, mediciones en el propio viñedo (potencial hídrico, superficie foliar), toma de muestras de suelo y plantas, caracterización general de los suelos y en la determinación de diferentes propiedades biológicas y bioquímicas, con el fin de investigar la funcionalidad del suelo y sus modificaciones como consecuencia del diferente manejo que se está llevando a cabo.	<a href="https://mbg.csic.es/es/">https://mbg.csic.es/es/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1206	MOBINI , SAHBA	sahba.mobini@csic.es	INSTITUTO DE MICRO Y NANOTECNOLOGIA	Potenciación y control de vesículas extracelulares terapéuticas secretadas por células madre mediante estimulación eléctrica	Neurological disorders are the leading cause of lifetime disabilities. Stem/stromal cell therapy offers an alternative approach for managing several neural disorders. However, cell transplantation comes with drawbacks such as reduced cell survival and immune rejection. Nonetheless, it is well-defined that the paracrine signaling of cells is the primary mechanism of action in stem cell transplantation. Stem cells release a broad range of trophic factors, immunomodulatory cytokines, chemokines, and bioactive lipids, collectively referred to as the "secretome," which therefore presents a potential alternative for stem cell therapy. In addition to soluble factors, the stem cell secretome consists of several types of extracellular vesicles (EVs), which are nano/micro-spherical lipid membrane fragments containing biological contents. Secretome and EVs engineering represent a new frontier in nanotherapeutics, focusing on developing the next generation of efficient secretome and EVs that are customizable and scalable. Recently, we demonstrated that low-voltage electrical stimulation (ES) is a potential tool for increasing the secretion of EVs and tailoring their cargo. We and others have recently shown that the gene expression and paracrine activity of stem cells dramatically alter with ES. This is evidenced by the effect of EVs from electrically stimulated cells on neural differentiation and axonal elongation in neuroblastoma cells in vitro. In this project, we aim to optimize ES of stem cells from different sources to boost EVs concentration and regenerative function. This project has three objectives: 1) Electrical stimulation of stem cells from adipose tissue and bone marrow and extraction of cell secretome and EVs; 2) Evaluation of EVs: concentration and cargo (proteomics) and their relation to ES parameters; 3) Mechanistic study on secretion under ES. The student will learn cell culture and biochemical processing and imaging; protein extraction, analysis, and immunofluorescent assays; secretome extraction and EVs separation. They will also learn about the biophysical principles of ES and will perform ES on the cultured cells. The student will have the opportunity to gain experience in an international research environment. Our team is multidisciplinary and consists of biomedical engineers and physicists, focusing on the use of ES in regenerative medicine.	<a href="https://es4term.csic.es/">https://es4term.csic.es/</a>
JAEINT24_EX_0930	MOLES FERNANDEZ, ANA BELEN	ana.moles@csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES BIOMEDICAS DE BARCELONA	Caracterización de nuevas vías de señalización proteolíticas asociadas al microambiente tumoral.	El cáncer de hígado (HCC) es la tercera causa mundial más común de muertes relacionadas con el cáncer. A pesar de su enorme relevancia clínica, el conocimiento sobre los mecanismos celulares y moleculares que controlan su desarrollo va por detrás del de otros tipos de cáncer que anteriormente se consideraban tumores metastásicos intratables, ahora con múltiples opciones de tratamiento sistémico. Actualmente se está descifrando con éxito el genoma y el proteoma de muchos tipos de cáncer generando conocimientos esenciales para el desarrollo de nuevos fármacos. Sin embargo, estos enfoques de investigación no han logrado mejorar las tasas de supervivencia del HCC. Por esta razón, nuestro grupo de investigación aborda este desafío desde una perspectiva de investigación radicalmente novedosa centrándonos en descifrar el papel del degradoma durante el HCC. El degradoma se define como el conjunto completo de proteasas de un organismo. Las proteasas operan en redes proteolíticas que se organizan en vías lineales de señalización y cascadas de amplificación contribuyendo a la progresión de la enfermedad. Las proteasas contribuyen a la carcinogénesis, el potencial invasivo y la metástasis y se sobreexpresan en multitud de tipos de cáncer. Por lo tanto, se consideran prometedoras dianas terapéuticas para el desarrollo de terapias contra el cáncer. El papel de las proteasas en el desarrollo de la enfermedad hepática ha sido estudiado por nuestro laboratorio (J Hepatol. 2021 Nov;75(5):1192-1202). Sin embargo, y a pesar de la probada importancia de las proteasas tanto en la enfermedad hepática como en diferentes tipos de cáncer, su papel en la progresión del HCC es totalmente desconocido. Así pues, el objetivo de este proyecto es descifrar la red de proteasas asociada al microambiente tumoral y su función durante el desarrollo y la progresión del cáncer de hígado. En este proyecto se utilizarán modelos celulares in vitro (2D y esferoides 3D) de carcinoma hepatocelular y modelos preclínicos murinos in vivo de cáncer de hígado. El candidato/a analizará los modelos utilizando técnicas histológicas (IHP, IF), moleculares (RTqPCR), analíticas (WB) y ómicas, microscopía confocal y procesamiento de imágenes utilizando Fiji. Este proyecto puede revelar información biológica importante sobre las redes proteolíticas que controlan el desarrollo del cáncer de hígado.	<a href="https://www.iibb.csic.es/es/research/1681">https://www.iibb.csic.es/es/research/1681</a>
JAEINT24_EX_1226	MOLINA GARCIA, ANTONIO DIEGO	antoniom@ictan.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIA Y TECNOLOGIA DE ALIMENTOS Y NUTRICION	Biofísica de la Crioconservación: identificación de actividades crio-activas en diversos sistemas biológicos	Las bajas temperaturas, ambientales o inducidas en procesos de refrigeración o congelación, pueden dar lugar a formación de cristales de hielo y deshidratación, causando la muerte celular. Una prometedora estrategia para evitarlo (que pueden redundar tanto en la reducción de daños por frío en cosechas, como en sistemas conservados a baja temperatura: alimentos, células, tejidos y organismos crioconservados) es la modulación del efecto de las bajas temperaturas por sustancias de diversa naturaleza, incluyendo algunas de bajo peso molecular, pero también proteínas y polisacáridos. Nuestro grupo está trabajando en la producción de compuestos derivados de la hidrólisis parcial de subproductos vegetales (permitiendo su reutilización, como parte de iniciativas de Agroeconomía Circular) o de fuentes poco aprovechadas (tales como algas), empleando enzimas producidas por diversos microorganismos, cuya estructura y función han sido optimizadas. Los oligosacáridos obtenidos pueden tener propiedades crioactivas, permitiendo modular la formación de cristales de hielo y protegiendo membranas y proteínas celulares frente a la deshidratación asociada, que lleva a su muerte por congelación. El trabajo del estudiante seleccionado incluirá diversos aspectos, desde la modificación molecular de los enzimas a ser empleados, la producción de oligosacáridos mediante tratamiento enzimático a alta presión hidrostática, a la investigación sobre la crioactividad de los extractos obtenidos, empleando técnicas como calorimetría diferencial de barrido, microscopía electrónica, y métodos biofísicos específicos para observar la influencia en la dinámica del hielo.	<a href="https://www.ictan.csic.es/grupos-de-investigacion/aspectos-biofisicos-de-los-alimentos-sus-procesos-y-su-conservacion-foodcryophys/">https://www.ictan.csic.es/grupos-de-investigacion/aspectos-biofisicos-de-los-alimentos-sus-procesos-y-su-conservacion-foodcryophys/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1416	MOLINA HERNANDEZ, MARIA ELENA	e.molina@csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACION EN CIENCIAS DE LA ALIMENTACION	Hidrolizados proteicos bioactivos (hipoalergénicos e inmunomodulantes) a partir de alimentos alergénicos (pescado, huevo, leche y frutos secos).	El/la candidato/a se integrará en el grupo de Alergia a Alimentos del Instituto de Investigación en Ciencias de la Alimentación. Se trata de un grupo de investigación muy dinámico y con alta capacidad para obtener financiación de proyectos nacionales e internacionales, así como contratos de personal en investigación. Se puede consultar más información sobre el grupo en el siguiente enlace: <a href="https://alergia-alimentos.csic.es/el-grupo-de-investigacion-alergia-a-alimentos/">https://alergia-alimentos.csic.es/el-grupo-de-investigacion-alergia-a-alimentos/</a> . El trabajo se centrará en la obtención de hidrolizados proteicos de los alimentos que más frecuentemente producen alergia para valorar la actividad de los péptidos generados en el tratamiento de la alergia alimentaria. Se realizará un screening con diferentes enzimas para seleccionar las mejores condiciones de hidrólisis y los más eficaces. Para determinar su baja alergenicidad y su capacidad inmunomodulante, se utilizarán técnicas inmunológicas, citometría de flujo, cultivos celulares y muestras derivadas de experimentación animal.	<a href="https://alergia-alimentos.csic.es">https://alergia-alimentos.csic.es</a>
JAEINT24_EX_0777	MOLINERO RUIZ, M.LEIRE	leire.moliner@csic.es	INSTITUTO DE AGRICULTURA SOSTENIBLE	Marchitez tardía del maíz causada por <i>Magnaportheopsis maydis</i> . Análisis de la dinámica de la infección	Las enfermedades vasculares por patógenos de suelo constituyen la amenaza biótica más importante para la sostenibilidad de los cultivos en el Mediterráneo. Los síntomas de la marchitez tardía (MT) del maíz ( <i>Magnaportheopsis maydis</i> ) aparecen al final de la estación y se confunden con estrés hídrico o con senescencia natural de la planta (Bergstrom et al. 2008) y, con altas temperaturas y baja humedad relativa, su severidad es mayor. La MT es parcialmente consecuencia del hongo sobre el desarrollo y tamaño del sistema radical (Ortiz-Bustos et al. 2019). Nuestra hipótesis es que, en función de las condiciones ambientales, un sistema radical alterado puede dificultar el flujo de savia a las hojas, originando por lo tanto marchitez y desecación de los tejidos, con síntomas análogos al estrés hídrico. El objetivo para contrastar esta hipótesis es la comparación de alteraciones fisiológicas y colonización de tejidos mediante técnicas moleculares y de microscopía. Como plan de trabajo, planteamos experimentos en macetas, en plantas control e infectadas sin estrés hídrico, en diferentes periodos del año para obtener información en diferentes estados de desarrollo y demanda evaporativa, e identificación de los mecanismos de daño fisiológico. Posteriormente compararemos alteraciones fisiológicas con observaciones in planta del crecimiento fúngico y con su detección molecular durante el proceso infeccioso. Se usarán técnicas de microscopía óptica (campo brillante, contraste de fase, fluorescencia) así como amplificación del ADN con cebadores diagnósticos del hongo.	<a href="https://www.ias.csic.es/investigacion/departamentos/proteccion-de-cultivos/etiologia-y-control-de-enfermedades-de-los-cultivo/">https://www.ias.csic.es/investigacion/departamentos/proteccion-de-cultivos/etiologia-y-control-de-enfermedades-de-los-cultivo/</a>
JAEINT24_EX_0223	MONCALIAN MONTES, GABRIEL	moncalig@unican.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA Y BIOTECNOLOGIA DE CANTABRIA	Ingeniería de Proteínas para la producción de precursores químicos sostenibles	Durante la duración de la estancia, el estudiante colaborará en la expresión, purificación y cristalización o estudio mediante criomicroscopía electrónica de diversos dominios funcionales de las proteínas implicadas en la síntesis de ácidos grasos poliinsaturados Omega-3. La función de los dominios de estas proteínas es similar a la de las proteínas responsables de la selección de las unidades extensoras en la síntesis de ácidos grasos y policétidos, por lo que el conocimiento de la estructura y selectividad de estos dominios puede servir para la obtención de diversos compuestos activos, tanto ácidos grasos omega-3 como moléculas con actividad antibacteriana, antiinflamatoria o anticancerígena u otros precursores químicos. Para realizar este trabajo estamos equipados con un laboratorio con espacio para unas 7-8 personas y todo el equipamiento necesario para estudios de biología molecular y purificación y caracterización de proteínas. Esto incluye FPLCs, fluorímetro, termocicladores de PCR convencionales, centrifugas, etc. También tendrá acceso al laboratorio de cristalografía del Instituto de Biomedicina y Biotecnología de Cantabria (CSIC-Universidad de Cantabria) y acceso remoto al sincrotrón ALBA para la resolución de estructuras de proteínas por difracción de rayos X. También dispondrá de acceso al resto de equipamiento del IBBTec, dispondrá de un espacio de poyata y un escritorio, así como acceso a nuestra biblioteca universitaria y a nuestros recursos de internet.	<a href="https://web.unican.es/ibbt/ec/es-es/sobre-el-ibbt/ec/equipo/directorio/detalle-miembro?d=GabrielMoncalianLab">https://web.unican.es/ibbt/ec/es-es/sobre-el-ibbt/ec/equipo/directorio/detalle-miembro?d=GabrielMoncalianLab</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0535	MONJE CASAS, FERNANDO	fernando.monje@cabimer.es	CENTRO ANDALUZ DE BIOLOGIA MOLECULAR Y MEDICINA REGENERATIVA	Herencia asimétrica de centrosomas: relevancia en cáncer y otras enfermedades asociadas al envejecimiento	Un modelo clásico de células con una división asimétrica es el de las células madre de animales, que son esenciales durante el desarrollo del organismo y para el mantenimiento de la homeostasis tisular. Para coordinar la correcta distribución del material genético con el reparto diferencial de ciertos componentes celulares durante una división asimétrica, el huso mitótico debe alinearse a lo largo de un eje de polaridad pre-establecido. El huso es un haz bipolar de microtúbulos que emanan desde centros organizadores de microtúbulos (MTOCs) y que permiten la segregación de los cromosomas. No obstante, esta maquinaria también es empleada por las células para establecer asimetría durante su división. Entre los procesos de asimetría asociados al huso, un fenómeno fascinante es la distribución no aleatoria durante mitosis de los propios MTOCs que orquestan la formación del huso. La herencia asimétrica de los MTOCs es un proceso conservado evolutivamente, que puede observarse tanto durante la duplicación de la levadura <i>Saccharomyces cerevisiae</i> como durante la división de distintas células madre de animales, en las que los MTOCs del huso se denominan centrosomas. Nuestro grupo ha contribuido al descubrimiento de nuevos reguladores clave para la distribución no aleatoria de estos MTOCs (eLife (2020). 2(9):x61488) y, lo que es más importante, también a desvelar la relevancia biológica de este proceso. Nuestros resultados previos demuestran que la herencia asimétrica de los MTOCs del huso es esencial para mantener el potencial replicativo de <i>S. cerevisiae</i> (Nat Cell Biol (2019). 21(8):952-965), al permitir la distribución diferencial de moléculas y orgánulos celulares dañados entre la célula madre y la célula hija durante mitosis. Ahora, usando líneas celulares de neuroblastoma, queremos estudiar el fenómeno de asimetría en la distribución de los centrosomas en células humanas, donde trataremos de identificar nuevos factores implicados en este proceso. El proyecto propuesto para la beca JAE-Intro se enmarcará dentro de esta nueva línea de investigación, que abre la puerta al conocimiento de procesos que podrían reducir el potencial replicativo de las células madre y, de este modo, estar asociados con el origen de enfermedades relacionadas con el envejecimiento, como el cáncer o ciertos síndromes neurodegenerativos.	<a href="http://www.cabimer.es/web3/en/research-groups/cell-division-control/">http://www.cabimer.es/web3/en/research-groups/cell-division-control/</a>
JAEINT24_EX_0114	MONSALVE PEREZ, M.PURIFICACION	m.monsalve@csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES BIOMEDICAS SOLS-MORREALE	Biomarcadores metabólicos de riesgo cardiovascular en diabetes tipo 2	CONTENIDO DEL PROYECTO FORMATIVO (COMPETENCIAS Y ACTIVIDADES A DESARROLLAR): 1. DEMOSTRAR CAPACIDAD, HABILIDAD Y DESTREZA PARA APLICAR CONOCIMIENTOS, TÉCNICAS Y METODOLOGÍAS DE TRABAJO EN MATERIA DE BIOLOGÍA SANITARIA. 2. ENTENDER E INTERPRETAR LITERATURA CIENTÍFICA E INFORMACIÓN PARA SU APLICACIÓN EN EL PLANTEAMIENTO DE UN PROYECTO DE INVESTIGACIÓN. 3. TRABAJAR EN UN LABORATORIO Y/O EN EMPRESAS DE BASE BIOSANITARIA SIGUIENDO LAS NORMAS FUNDAMENTALES DE SEGURIDAD Y ÉTICA PROFESIONAL. 4. DEMOSTRAR CAPACIDAD DE PLASMAR LA INVESTIGACIÓN LLEVADA A CABO EN UNA MEMORIA ESTRUCTURADA. 5. DEMOSTRAR CAPACIDAD DE COMUNICACIÓN ORAL Y EXPOSICIÓN Y DEFENSA FRENTE A UN TRIBUNAL DE EXPERTOS, EN AUDIENCIA PÚBLICA, DEL TRABAJO DE INVESTIGACIÓN REALIZADO. ACTIVIDADES A DESARROLLAR: PREPARACIÓN DE MUESTRAS BIOLÓGICAS (SANGRE Y TEJIDO), AISLAMIENTO Y CUANTIFICACIÓN DE RNA, DNA, PREPARACIÓN DE EXTRACTOS PROTÉICOS Y MUESTRAS DE TEJIDO PARA ANÁLISIS HISTOLÓGICO. PCR CUANTITATIVA Y CONVENCIONAL, WESTERN BLOT, TINCIONES DE CORTES DE TEJIDO, INMUNO HISTOQUÍMICA E INMUNOFLUORESCENCIA, USO DE MICROSCOPIOS, ADQUISICIÓN DE IMÁGENES, ANÁLISIS CUANTITATIVO Y ESTADÍSTICO DE IMÁGENES Y DATOS.	<a href="https://www.iib.uam.es/web/iibm/departamentos?p_id=APGIportlet_WAR_IIBMappPortlets_INSTANCE_kZizqVBi9jPM&amp;p_p_lifecycle=0&amp;_APGIportlet_WAR_">https://www.iib.uam.es/web/iibm/departamentos?p_id=APGIportlet_WAR_IIBMappPortlets_INSTANCE_kZizqVBi9jPM&amp;p_p_lifecycle=0&amp;_APGIportlet_WAR_</a>
JAEINT24_EX_1323	MONTERO GARCIA, M.PILAR	mpmontero@ictan.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIA Y TECNOLOGIA DE ALIMENTOS Y NUTRICION	Desarrollo de nuevos alimentos para personas con problemas de masticación y deglución (disfagia)	El objetivo principal de este plan de formación es introducir al estudiante en el área de investigación relacionada con el desarrollo de alimentos innovadores destinados a personas con problemas de masticación y deglución. Para ello se centrará tanto en el propio desarrollo tecnológico, como en el estudio y valoración nutricional de los componentes de los alimentos y su biodisponibilidad tras la ingesta. Durante la elaboración de los productos pueden producirse interacciones de los bioactivos con la matriz o por el contrario facilitar su liberación según estén vehiculizadas en nanoestructuras. Para abordar estos temas, inicialmente el estudiante recibirá cursos de formación básica en el laboratorio sobre: prevención de riesgos laborales, gestión de residuos, aprendizaje de técnicas e instrumentación básica en la Unidad de Servicios Analíticos del ICTAN, uso y verificación de pipetas automáticas, utilización de balanzas, espectrofotómetros, etc, así como en el manejo de bases de datos para búsquedas bibliográficas. Una vez adiestrado en el manejo básico de laboratorio, se diseñará un plan de trabajo experimental para que adquiera competencias, que se dividirán en diferentes etapas: - Selección de materias primas, biopolímeros, bioactivos y compuestos de interés para la población a la que va dirigido y caracterización de las mismas. - Elaboración de matrices tipo geles, emulsiones o sistemas mixtos tipo gel/emulsión para la elaboración de sistemas alimentarios modelos. - Síntesis de nanoliposomas y encapsulación de compuestos de interés. Caracterización físico-química y funcional de los sistemas nanoencapsulados. Evaluación de la actividad biológica resultante. - Inclusión de nanoliposomas cargados en los sistemas alimentarios para el desarrollo de nuevos productos, tanto desde el punto de vista tecnofuncional como nutracéutico. Caracterización química, física, funcional, estudio de estabilidad y sensorial de los alimentos desarrollados. - Digestión gastrointestinal in vitro y evaluación de bioaccesibilidad de compuestos Durante la estancia el estudiante adquirirá capacidades para desarrollo de técnicas, y nuevas metodologías tanto en laboratorio como en planta piloto. Participará en el diseño de los experimentos, preparación de muestras, realización de análisis, obtención de datos y análisis estadístico de los mismos e interpretación de los resultados. Se le enseñará a presentar los resultados y redacción de manuscritos. También se considera impo	<a href="https://www.ictan.csic.es/grupos-de-investigacion/desarrollo-valorizacion-e-innovacion-de-productos-de-la-pesca-innovapesca/">https://www.ictan.csic.es/grupos-de-investigacion/desarrollo-valorizacion-e-innovacion-de-productos-de-la-pesca-innovapesca/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0331	MONTESINOS NAVARRO, ALICIA	alicia.montesinos@csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES SOBRE DESERTIFICACION	Cooperación en comunidades vegetales a través del intercambio de nutrientes	<p>El nitrógeno, después del agua, es el principal factor limitante en ecosistemas áridos para la provisión de servicios ecosistémicos como la producción primaria y la descomposición de la materia orgánica. Por tanto, entender los mecanismos por los que las comunidades vegetales pueden minimizar la pérdida de este nutriente en estos ambientes es crucial para garantizar la provisión de sus servicios ecosistémicos. Nuestra línea de investigación aborda un intrigante mecanismo de cooperación multi-específico, estudiando las implicaciones ecológicas y evolutivas del intercambio de nutrientes entre plantas. En concreto, hipotetizamos que: (a) este intercambio puede beneficiar a múltiples especies de plantas que co-ocurren en un determinado lugar permitiendo aunar sus capacidades de acumulación de este nutriente, (b) si la magnitud de este beneficio es considerable, la selección natural ha podido favorecer a aquellos individuos que segregan temporalmente su uso del N, resultando en procesos de co-adaptación local de las especies a la comunidad de plantas con la que coexisten. Profundizar en la comprensión de los beneficios de la cooperación multi-específica entre plantas puede abrir nuevas formas de entender la organización de las comunidades vegetales y sus implicaciones para el mantenimiento de la biodiversidad. El estudiante que se integre en nuestras líneas de trabajo mediante un contrato JAE-Intro se familiarizará con el uso de isótopos estables para cuantificar el intercambio anual de N entre plantas en condiciones de campo (procesando muestras de hojas para su análisis isotópico), y las técnicas para estimar su efecto sobre la eficiencia biológica de las plantas (i.e. relación con conteos de producción de flores y frutos). Además, colaborará en las tareas de mantenimiento de experimentos en condiciones controladas (experimentos de invernadero) para evaluar si la variación temporal en el uso del N es un rasgo heredable y si existe diferenciación genética entre poblaciones que sugiera procesos de co-adaptación de las especies a su comunidad.</p> <p>(ali.montesinos@gmail.com/alicia.montesinos@csic.es)</p>	<a href="https://scholar.google.com/citations?user=e-dAeDEAAA&amp;hl=es">https://scholar.google.com/citations?user=e-dAeDEAAA&amp;hl=es</a>
JAEINT24_EX_0477	MONTILLA CORREDERA, ANTONIA	a.montilla@csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACION EN CIENCIAS DE LA ALIMENTACION	Obtención de bioetanol a partir de residuos vegetales despectinizados por co-fermentación de <i>Saccharomyces cerevisiae</i> y <i>Pichia stipitis</i>	<p>El procesamiento de los vegetales puede originar importantes problemas, ya que no existe un aprovechamiento integral de los residuos que se generan. En ocasiones son aprovechados como fuente de compuestos funcionales, como fitoquímicos o pectina. Sin embargo, su extracción conlleva la generación de residuos en los que están presentes polisacáridos como celulosa y hemicelulosa, que pueden ser utilizados para la producción, por vía fermentativa, de bioetanol. Sin embargo, la hemicelulosa es un grupo de heteropolisacáridos complejos formados en parte por pentosas (xilosa y arabinosa) que no pueden ser fermentados exclusivamente por <i>Saccharomyces cerevisiae</i>. Teniendo en cuenta esto, el objetivo de esta propuesta es la optimización de la utilización de dichos residuos para la producción eficiente de bioetanol por co-cultivo de <i>S. cerevisiae</i> y <i>Pichia stipitis</i>, levadura capaz de metabolizar pentosas, para maximizar la producción de bioetanol. Para ello será necesario estudiar la sacarificación enzimática de los polisacáridos y los factores que pueden afectar a la posterior co-fermentación, como la tasa de crecimiento de las levaduras, que determinará la proporción de las mismas. El seguimiento de las reacciones de sacarificación y fermentación (concentración de azúcares, etanol y otros metabolitos) se realizará mediante diferentes técnicas cromatográficas como GC-FID, HPSEC-ELSD y HPLC-UV que proporcionarán información complementaria y exhaustiva sobre ambos tipos de reacciones y la modificación de los sustratos. Esto supondrá para el/la estudiante una formación multidisciplinar, al combinar procesos biológicos con la utilización de técnicas de análisis avanzadas.</p>	<a href="https://prebioin.csic.es/">https://prebioin.csic.es/</a>
JAEINT24_EX_1387	MONTOLIU JOSE, LLUIS	montoliu@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Validación de nuevas herramientas CRISPR para generar y corregir mutaciones en el genoma del ratón	<p>Tras los desarrollos de David Liu (BROAD) con las herramientas CRISPR de segunda (editores de bases) y de tercera (editores de calidad) generación, en sus múltiples y diversas versiones en los que están disponibles, y la aparición de nuevos sistemas CRISPR-Cas9 aislados de bacterias de la naturaleza o de tiempos remotos ancestrales, que ha acometido nuestro grupo durante el pasado año 2023 (ver publicaciones: Esquerra-Ruvira B, Baquedano I, Ruiz R, Fernandez A, Montoliu L, Mojica FJM. Identification of the EH CRISPR-Cas9 system on a metagenome and its application to genome engineering. <i>Microb Biotechnol.</i> 2023 Jul; 16(7):1505-1523. <a href="https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/37097160/">https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/37097160/</a> y Alonso-Lerma B, Jabalera Y, Samperio S, Morin M, Fernandez A, Hille LT, Silverstein RA, Quesada-Ganuza A, Reifs A, Fernández-Peñalver S, Benitez Y, Soletto L, Gavira JA, Diaz A, Vranken W, Sanchez-Mejias A, Güell M, Mojica FJM, Kleinstiver BP, Moreno-Pelayo MA, Montoliu L, Perez-Jimenez R. Evolution of CRISPR-associated endonucleases as inferred from resurrected proteins. <i>Nat Microbiol.</i> 2023 Jan;8(1):77-90. <a href="https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36593295/">https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36593295/</a>) se impone validar la efectividad de las mismas en embriones de ratón y en embriones de pez cebra, usando los genes de pigmentación cuyas mutaciones están asociadas a albinismo, que conocemos bien en nuestro laboratorio. La evaluación de las variantes CRISPR en embriones de ratón la abordaremos en el CNB, mientras que las pruebas con embriones de pez cebra las realizaremos en colaboración con el laboratorio de Miguel Ángel Moreno Mateos, del CABD. Se trata de encontrar la combinación de guías y de herramientas CRISPR que sean más efectivas tanto para instaurar como para resolver una mutación específica del genoma, con vistas a poder usarlas en un futuro a medio-largo plazo en desarrollos de terapia génica.</p>	<a href="http://wwwuser.cnb.csic.es/montoliu/">http://wwwuser.cnb.csic.es/montoliu/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1599	MONTOYA GONZALEZ, MARIA	maria.montoya@cib.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS MARGARITA SALAS	Reprogramación metabólica inducida por las proteínas accesorias de SARC-COV-2	La señalización antiviral, la respuesta inmune y el metabolismo celular están desregulados por el SARS-CoV-2, el agente causal de la COVID-19. Aquí investigaremos las varias proteínas accesorias tales como ORF3a, ORF9b, ORF9c y ORF10 del SARS-CoV-2 para determinar si inducen una reprogramación metabólica significativa en las células epiteliales pulmonares o en células del sistema inmune. Mientras que ORF9b, ORF9c y ORF10 parecen tener en gran medida transcriptomas superpuestos, ORF3a indujo un transcriptoma distintivo, incluida la regulación negativa de numerosos genes con funciones críticas en la función y morfología mitocondrial. Los Modelos Metabólicos a Escala Genómica identificarán características de reprogramación del flujo metabólico compartidas entre todas las proteínas accesorias y específicas para cada proteína accesorias. Estos hallazgos revelarían dependencias metabólicas y vulnerabilidades provocadas por las proteínas accesorias del SARS-CoV-2 que podrían ser explotadas para identificar nuevos objetivos de intervención en el futuro. La persona candidate trabajará con técnicas OMICAS y bioinformáticas así como en técnicas de inmunología, biología celular o biología molecular en un laboratorio multidisciplinar con investigadores de otros países y en un ambiente adecuado para desarrollar los primeros pasos de una carrera investigadora.	<a href="https://www.cib.csic.es/departamentos/biomedicina-molecular/inmunologia-viral-terapias-y-vacunas">https://www.cib.csic.es/departamentos/biomedicina-molecular/inmunologia-viral-terapias-y-vacunas</a>
JAEINT24_EX_0878	MONTOYA REDONDO, MARIA LUISA	mmontoya@fis.ucm.es	INSTITUTO DE GEOCIENCIAS	Modelización de los mantos de hielo	Los mantos de hielo de Groenlandia y la Antártida juegan un papel esencial en el clima de la Tierra. Su elevado albedo reduce la radiación solar absorbida por la superficie terrestre. Su elevación disminuye las temperaturas de las regiones circundantes y afecta a la circulación atmosférica. Además, almacenan cantidades muy importantes de agua dulce, por lo que las variaciones en su volumen repercuten en el nivel del mar así como en la circulación oceánica a escala global. La respuesta de dichos mantos al calentamiento global, sin embargo, es una de las incertidumbres principales en las proyecciones futuras de nivel del mar. Los mantos de hielo se consideran puntos de inflexión del sistema terrestre, es decir, que podrían mostrar un comportamiento umbral no lineal e incluso irreversible en respuesta a cambios en clima o en los niveles de CO2 atmosférico, con consecuencias importantes para el nivel del mar global. Nuestro grupo investiga la evolución pasada y futura de los mantos de hielo usando un modelo de mantos de hielo tridimensional ( <a href="https://palma-ice.github.io/yelmo-docs/">https://palma-ice.github.io/yelmo-docs/</a> ). El objetivo consistirá en realizar simulaciones numéricas con dicho modelo para estudiar su respuesta futura. El estudiante se integrará en un grupo activo, con la posibilidad de colaborar con todos sus miembros así como con colaboraciones externas internacionales. Este trabajo permitirá familiarizarse con las técnicas de simulación numérica del clima y hielo y análisis de datos utilizadas habitualmente. Contacto: Marisa Montoya (mmontoya@ucm.es) Página web de interés: <a href="https://igeo.ucm-csic.es/investigador/marisa-montoya-redondo/">https://igeo.ucm-csic.es/investigador/marisa-montoya-redondo/</a> <a href="https://www.ucm.es/palma">https://www.ucm.es/palma</a>	<a href="https://www.ucm.es/palma/">https://www.ucm.es/palma/</a>
JAEINT24_EX_0636	MONTOYA ROMO, ENCARNACION	emontoya@geo3bcn.csic.es	GEOCIENCIAS BARCELONA	Dinámicas de incendios en regiones tropicales megadiversas: estudio desde una perspectiva a largo plazo	Las dinámicas ambientales están cambiando a ritmos sin precedentes en la escala temporal humana. Uno de los agentes de cambio ambiental que preocupa a la sociedad es el relacionado con los regímenes de incendios. Por un lado, se cuestiona si el ritmo de ocurrencia de grandes eventos catastróficos es nuevo o si forma parte de su variabilidad natural. Por otro lado, existen biomas que han convivido con un régimen activo de incendios a lo largo de su historia. Sin embargo, los efectos de la ocurrencia de fuegos sobre la biodiversidad en zonas históricamente libres de fuego permanecen desconocidos. El presente trabajo está destinado al estudio del régimen de incendios a lo largo del tiempo en zonas megadiversas del norte de Sudamérica donde se piensa que la irrupción del fuego en el ecosistema es relativamente reciente. Consistirá en la identificación de partículas de carbón bajo la lupa o el microscopio contenidas en registros sedimentarios (turberas, lagos). Se observarán las tendencias en el régimen de incendios y mediante la comparación con otros indicadores ambientales, se intentará establecer el origen o naturaleza de algunos factores relacionados con el régimen de incendios observado, como el clima, la vegetación o el ser humano. - Tareas a realizar: 1) Selección del material de trabajo 2) Sub-muestreo continuo (cada centímetro) 3) Procesamiento de muestras (tratamiento de laboratorio) 4) Análisis de macrocarbones (bajo lupa) 5) Análisis estadístico con programa informático específico (PSIMPOL) 6) Revisión bibliográfica de estudios paleoclimáticos y de carbones previos 7) Interpretación paleoambiental de los resultados obtenidos 8) Complementación con datos adicionales en la medida de lo posible: LOL, XRF Financiación relacionada con el trabajo propuesto: 1. A Palaeoenvironmental Investigation of Amazonian Lowland Sensitivity to Climatic Drivers Using Pollen-based Modelling Approaches (PALOMA), MSCA Postdoctoral Fellowships 2022 (ref. 101105420). Co-IPs: Dr Encarni Montoya (supervisora) & Dr Dael Sassoon (candidato). Duración: 2024 - 2026. Presupuesto aprobado: €165,312.96. 2. Past analogues of sustainable food production under climate change scenarios: assessing pre-Columbian large-scale practices' viability in flood-prone environments (MOMPAST). Financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación (ref. PID2022-138059NB-I00). IP: Dr Encarni Montoya. Duración: 2023 - 2027. Presupuesto aprobado: €175,000.00.	<a href="http://www.mauritastories.wordpress.com">www.mauritastories.wordpress.com</a>



REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1114	MORALES GARCIA, VICTORIA AIXA	aixamoraless@cajal.csic.es	INSTITUTO CAJAL	Buscando el origen de la neurogénesis hipocampal adulta mediante el uso de ratones transgénicos y técnicas de inmunofluorescencia y comportamiento animal	La neurogénesis adulta, proceso mediante el que se generan nuevas neuronas, está muy restringida en el cerebro de los mamíferos adultos. Las dos regiones principales donde se localiza son la zona subependimial de los ventrículos laterales y la zona subgranular del giro dentado (DG). En el DG, la capacidad neurogénica reside en una población de células madre neurales (NSC) que mayoritariamente están en estado de quiescencia o parada reversible del ciclo celular en G0. Estas células pueden activarse y dividirse para generar neuronas granulares inmaduras que maduran progresivamente y se integran en los circuitos hipocámpales adultos. Este proceso es una fuente de plasticidad importante del hipocampo y participa en funciones como el aprendizaje, la memoria y la regulación del estado de ánimo. El tránsito entre el estado quiescente y el activo de las NSCs adultas está regulado, en parte, por señales locales y por factores intrínsecos (Morales y Mira, 2019). Nuestro laboratorio ha publicado recientemente que Sox5, factor de transcripción de tipo HMG, es necesario para que las NSCs salgan de quiescencia en el DG adulto y, por lo tanto, para la generación de nuevas neuronas (Li et al., 2022). Sin embargo, se sabe poco sobre cómo se generan las NSCs adultas durante el desarrollo. En nuestro laboratorio estamos interesados en analizar los mecanismos moleculares responsables del origen de esas NSCs adultas y de su entrada en quiescencia, esencial para constituir el nicho neurogénico hipocámpal adulto. Como esquema de trabajo para la formación de un estudiante JAE-Intro proponemos: 1. Aprendizaje y realización de técnicas de inmunohistoquímica en cortes de cerebro de ratones mutantes de Sox5 en etapas postnatales tempranas para detectar la población de NSCs, su estado proliferativo y algunas señales del nicho neurogénico. Las imágenes se adquirirán en microscopio confocal y se analizarán mediante ImageJ. 2. Con la ayuda de la Unidad de comportamiento del Instituto Cajal, se realizarán ensayos de memoria espacial (test de reconocimiento y localización de objetos) y social (preferencia social y test de las tres cámaras). El/la estudiante estará siempre apoyado por personal técnico y por estudiantes predoctorales de nuestro laboratorio y personal de las unidades de apoyo a la investigación del Instituto Cajal. Además, adquirirá una sólida formación en inmunohistoquímica de fluorescencia del cerebro de ratón y una introducción al análisis comportamental en ratón.	<a href="https://cajal.csic.es/laboratorios/control-molecular-de-la-neurogenesis/">https://cajal.csic.es/laboratorios/control-molecular-de-la-neurogenesis/</a>
JAEINT24_EX_0437	MORALES LAZARO, PAULA	paula.morales@iqm.csic.es	INSTITUTO DE QUIMICA MEDICA	Towards the identification of GPR12 modulators for the treatment of Parkinson's Disease	This JAE intro project is framed in the context of the recently awarded grant from the Spanish Ministry of Science PID2022-139197OA-I00 (Sept 2023-Sept 2026; Unravelling the therapeutic potential of the orphan receptor GPR12 in Parkinson's disease; Junior Principal Investigator: Paula Morales). This project aims to tackle the identification of modulators of the orphan receptor GPR12 and their evaluation in Parkinson's disease (PD). Due to the nature of this proposal the JAE intro student will be able to acquire multidisciplinary research skills. The student will be involved in the establishment of a new research line in the "Modulators of the Endocannabinoid System" group at IQM-CSIC. This will let him/her be involved a variety of research tasks associated to the early stage of the project, while counting on the wide experience in drug discovery of cannabinoid-related compounds held by the group. The student will be trained in synthesis, molecular modeling and binding studies by the supervisor but he/she will also be assisted by specialized technicians as well as other members of the research group. The main objective of this proposal is to progress in understanding the therapeutic potential of the orphan receptor GPR12. This general goal will be achieved tackling the identification of modulators and their evaluation in PD models. In order to identify chemical entities that may serve as pharmacological tools and therapeutic agents we first aim to computationally analyze the structural basis of GPR12 activation. High content virtual screening in GPR12 and related GPCRs will let us filter chemotypes with specific modulatory and selectivity profile. The affinity and functionality of selected hits will be evaluated taking into account not only their G protein signaling but also considering the $\beta$ -arrestin pathway (potential biased agonism). The results will be used for fine-tuning activity and selectivity obtaining new scaffolds with optimized GPR12 functionality. To this end, the JAE intro student will work with a PhD student achieving a very solid background and complete training in drug discovery chemical and biological techniques. This training program will include: molecular modeling (HTVS, docking and scaffold hopping studies in GPCRs); organic synthesis (as well as structural analysis, NMR and HPLC-MS among other techniques); pharmacological evaluation (binding and functional studies). The student will be encouraged to	<a href="http://www.iqm.csic.es/en/modulators-of-the-endocannabinoid-system/">http://www.iqm.csic.es/en/modulators-of-the-endocannabinoid-system/</a>
JAEINT24_EX_0697	MORALES SANCHEZ, JUAN CARLOS	jcmarales@ipb.csic.es	INSTITUTO DE PARASITOLOGIA Y BIOMEDICINA LOPEZ NEYRA	Nuevos fármacos de quimioterapia dirigidos a nuevas dianas terapéuticas: los ADN G-cuádruplex	Hoy día siguen siendo necesarios nuevos tratamientos para ciertos tipos de cáncer que no responden bien a las terapias actuales. Recientemente se han identificado unas nuevas dianas terapéuticas en oncología que son los ADN G-cuádruplex (G4). Son estructuras secundarias del ADN que se forman en secuencias ricas en guaninas (con el motivo repetitivo -GGG-XYZ-GGG-XYZ-GGG-) y tienen forma de nudo. Estos G4 se localizan en zonas promotoras que modulan la expresión génica y en concreto existen como parte de promotores oncogénicos como por ejemplo c-MYC, c-KIT, RET y KRAS. La estabilización de los G4 formados en estos promotores oncogénicos con ligandos de tipo molécula pequeña inhibe la maquinaria de transcripción y disminuye la expresión de estos oncogenes y, consecuentemente, tiene efectos inhibitorios sobre el crecimiento aberrante de células tumorales. Además, para aumentar la selectividad de estos nuevos ligandos de G4 por células tumorales frente a células sanas, preparamos ligandos de G4 conjugados a unidades de glucosa. Se sabe que las células tumorales tienen gran afección por glucosa y por ello tienen sobreexpresados los transportadores de glucosa (GLUT). Por ello, la entrada de los "conjugados glucosa-ligando de G4" está favorecida en las células tumorales. Esta estrategia de unión de un agente de quimioterapia a glucosa ya se está ensayando en humanos con el fármaco glufosfamida. Nuestros primeros resultados con "conjugados glucosa-ligando de G4" (en concreto glucosa-naftalendimida o glic-NDI), muestran que son tan eficaces reduciendo el tamaño del tumor en un modelo animal de cáncer colorrectal como la quimioterapia combinada actual utilizada en clínica (FOLFOX, que contiene ácido folínico, fluorouracilo y oxaliplatino). Recientemente, Pyrinium (PYR), un fármaco antiparasitario y ligando de cuádruplex, ha mostrado una potente actividad en modelos animales de cáncer de páncreas y se ha comenzado a ensayar en pacientes en 2022. En nuestro laboratorio hemos comenzado a preparar "conjugados carbohidrato-PYR (carb-PYR)" para mejorar la eficacia y disminuir su toxicidad, y los primeros resultados son prometedores teniendo varios compuestos con mejor eficacia que PYR y mucha menos toxicidad. El objetivo de este proyecto es el diseño, síntesis y evaluación de "carb-PYR" en modelos de cáncer de páncreas. Los objetivos específicos son: a) sintetizar una familia de "carb-PYR" b) evaluar	<a href="https://www.ipb.csic.es/departamentos/jcmarales.html">https://www.ipb.csic.es/departamentos/jcmarales.html</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0018	MORARD PEDROUZO, MIGUEL	miguel.morard@iata.csic.es	INSTITUTO DE AGROQUIMICA Y TECNOLOGIA DE ALIMENTOS	Bioinformática y Genómica de Levaduras industriales	Las levaduras del género <i>Saccharomyces</i> son microorganismos eucariotas de gran importancia, destacando tanto por su utilidad como organismo modelo en investigaciones básicas, como por sus numerosas aplicaciones industriales en la fermentación de vino, cerveza o pan. Si bien el genoma de estas levaduras fue el primero en ser secuenciado entre los eucariotas, actualmente contamos con miles de secuencias genómicas de cepas provenientes de diversos orígenes. Esta abundancia de datos posiciona a <i>Saccharomyces</i> como un modelo ideal para explorar cuestiones evolutivas fundamentales y adentrarse en el análisis genómico y la bioinformática. Durante estas prácticas, la persona participante tendrá la oportunidad de iniciarse en el análisis de genomas completos de levaduras del género <i>Saccharomyces</i> . Se utilizarán datos de secuenciación de cepas provenientes de distintas fuentes para llevar a cabo un trabajo de genómica comparativa. El proceso comprenderá desde el ensamblaje de novo de genomas hasta la anotación de las secuencias resultantes. Se realizarán análisis poblacionales usando mapeo de reads contra una referencia. Con los genes anotados se realizarán análisis de divergencia genética, filogenias y selección natural. A nivel práctico, la persona becada recibirá formación en el manejo de la línea de comandos en entornos Linux, así como en la escritura de scripts en Python y el análisis de datos en R. Este enfoque integral permitirá a los participantes adquirir habilidades prácticas en bioinformática y genómica comparativa, preparándose para contribuir significativamente en estos campos de investigación en constante evolución.	<a href="https://www.iata.csic.es/investigacion/biologia-de-sistemas-en-levaduras-de-interes-biotecnologico">https://www.iata.csic.es/investigacion/biologia-de-sistemas-en-levaduras-de-interes-biotecnologico</a>
JAEINT24_EX_1326	MORCUENDE MORCUENDE, ROSA MARIA	rosa.morcuende@irnasa.csic.es	INSTITUTO DE RECURSOS NATURALES Y AGROBIOLOGIA DE SALAMANCA	Variabilidad genotípica en la respuesta a la sequía de plantas de maíz cultivadas en CO2 y temperatura elevados	Oferta de colaboración en el marco de un proyecto de investigación financiado por el programa de Transición Ecológica y Transición Digital 2021 del Ministerio de Ciencia e Innovación, cofinanciado por la Unión Europea (NextGeneration EU) Plan de Recuperación, Transformación y Resiliencia, titulado "Desarrollo de variedades de maíz con doble aprovechamiento en un escenario de cambio climático" (DUALCORN, Ref. TED2021-129405B-I00) que cuenta con la colaboración de investigadores de la Misión Biológica de Galicia (MBG-CSIC), el Instituto de Agrobiotecnología (IdAB-CSIC) y el Instituto de Recursos Naturales y Agrobiología de Salamanca (IRNASA-CSIC). Esta actividad formativa contempla la caracterización a nivel foliar de los cambios bioquímicos y moleculares en el metabolismo central del carbono y nitrógeno inducidos por la sequía en varios genotipos de maíz cultivados en una atmósfera enriquecida en CO2 y temperatura alta. Con esta finalidad, se determinará el contenido de carbohidratos solubles (glucosa, fructosa, sacarosa y fructanos), almidón, aminoácidos y proteínas en alcuotas de material vegetal foliar correspondiente a la quinta hoja de las plantas cultivadas con amplia disponibilidad hídrica y sequía. Asimismo, se evaluarán los niveles de transcritos de genes relacionados con la fotosíntesis y la asimilación de nitrógeno, lo cual facilitará realizar estudios de correlación entre los niveles de metabolitos y la abundancia de transcritos. Esta actividad investigadora permitirá al candidato/a adquirir conocimientos sobre el impacto del cambio climático en la productividad agrícola, además de habilidades y competencias en el tratamiento estadístico de los datos y el manejo de diferentes técnicas bioquímicas y de biología molecular de amplia aplicación no sólo en el campo de la Biología Vegetal sino en otros ámbitos del conocimiento científico e incluso en el sector industrial.	<a href="https://www.irnasa.csic.es/grupo-de-fotosintesis/">https://www.irnasa.csic.es/grupo-de-fotosintesis/</a>
JAEINT24_EX_0423	MOREDA MARTINO, WENCESLAO	wmoreda@ig.csic.es	INSTITUTO DE LA GRASA	Estudio del carácter endógeno de los Hidrocarburos de tipo Aceite Mineral (MOH) en aceitunas y aceites de oliva y orujo de oliva	La exposición de los consumidores a los hidrocarburos de origen mineral (MOH) es constante, bien a través de la ingesta, la inhalación o la penetración cutánea. Dichos hidrocarburos (conocidos como MOSH y MOAH, por sus siglas en inglés) consisten, entre otras cosas, en mezclas de naftenos (cicloalcanos ramificados) y parafinas (alcanos lineales y/o ramificados), y compuestos aromáticos altamente alquilados, respectivamente. La presencia de MOH en los alimentos tiene su origen en la existencia de los mismos en la atmósfera, los ecosistemas acuáticos, la maquinaria usada en la cadena alimentaria, el material en contacto con los alimentos, los pesticidas, etc. El aceite mineral de grado alimentario (aceite blanco) está tratado de manera que la presencia de MOAH en el mismo es muy reducida; en cambio, en el aceite mineral de grado técnico éstos pueden estar en un 15-35 %. Dada su complejidad no es posible separar las mezclas de MOH en compuestos individuales, por lo que durante el análisis únicamente se determinan las fracciones MOSH y MOAH como dos grupos separados, incluyendo en cada caso hidrocarburos que contienen en su estructura entre 10 y 50 átomos de carbono, que son los que suelen estar presentes en los alimentos. Para este análisis el método de referencia aceptado es el HPLC-GC-FID, mediante el que se hace una separación de las dos fracciones (MOSH y MOAH) por HPLC y luego cada una de ellas se determina individualmente por GC-FID. El método proporciona la mayor sensibilidad posible y está automatizado, minimizando el riesgo de introducir las contaminaciones que conllevaría el hacerlo de forma manual. La cromatografía de gases permite distinguir entre hidrocarburos de origen mineral y aquellos sintetizados por la planta. Permite también la caracterización de los primeros en función del rango de pesos moleculares, pero no alcanza a resolver compuestos individuales. En la fracción de MOSH se alcanzan a distinguir sub-grupos en función del peso molecular y la estructura (n-alcanos, alcanos ramificados y cicloalcanos). En el caso de los MOAH la separación en sub-clases no es posible, siendo estos además mutagénicos y carcinogénicos en el caso de contar con 3 o más anillos aromáticos en su estructura, de ahí la necesidad de controlar su presencia. El método más eficaz para este propósito es la cromatografía de gases bidimensional (GCxGC), que permite una cierta separación en función del número de anillos aromáticos; al mismo tiempo, utilizando espectrom	<a href="https://www.ig.csic.es/calidad-pureza-y-tecnologia-de-aceite-de-oliva/">https://www.ig.csic.es/calidad-pureza-y-tecnologia-de-aceite-de-oliva/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0467	MORELL ROVIRA, BERTA	bertamorell@imf.csic.es	INSTITUCION MILA Y FONTANALS DE INVESTIGACION EN HUMANIDADES	Análisis bioarqueológico de contextos funerarios, etnoarqueología y divulgación científica inclusiva	El plan de formación propuesto abordará tres aspectos fundamentales en el ámbito de la arqueología y la divulgación científica inclusiva. A través de una serie de actividades, se busca proporcionar formación a la persona beneficiaria de la JAE-INTRO en tres áreas clave: el análisis bioarqueológico de contextos funerarios, el estudio de sociedades etnográficas y la divulgación científica inclusiva. Análisis Bioarqueológico: el objetivo principal de esta sección es dar formación en el análisis bioarqueológico de restos humanos provenientes de contextos funerarios. Esta formación se centrará especialmente en el método de datación por radiocarbono y en el análisis e interpretación de isótopos de estroncio, carbono y nitrógeno para determinar los patrones de movilidad y dieta de las sociedades del pasado. Recopilación de Datos Etnográficos: en esta parte del plan, la formación se enfocará en la recopilación y análisis de datos etnográficos sobre sociedades contemporáneas que puedan ser relevantes para formular hipótesis arqueológicas sobre los patrones de movilidad de las sociedades del pasado. Se recopilarán datos sobre aspectos relacionados con las prácticas de subsistencia, la organización social y los sistemas de movilidad en diferentes contextos culturales, con el fin de enriquecer el enfoque arqueológico con perspectivas antropológicas contemporáneas. Divulgación Científica Inclusiva: la tercera parte del plan estará dedicada a la formación en divulgación científica inclusiva. Los participantes aprenderán estrategias y técnicas para comunicar eficazmente conceptos arqueológicos a diferentes audiencias, especialmente a colectivos tradicionalmente olvidados, como personas privadas de libertad, con dificultades socioeconómicas o niños y adolescentes en tratamiento oncológico. Se organizarán actividades de divulgación adaptadas a las necesidades y características de estos grupos, con el objetivo de promover la inclusión y el acceso equitativo al conocimiento arqueológico.	<a href="https://www.imf.csic.es/">https://www.imf.csic.es/</a>
JAEINT24_EX_1526	MORELLO , GIUSEPPE	gmorello@iaa.es	INSTITUTO DE ASTROFISICA DE ANDALUCIA	Exploring the diversity of small-sized exoplanets	Since the earliest discoveries, exoplanets have appeared with a great variety of physical and orbital parameters. According to recent demographic studies, the vast majority of exoplanets are intermediate in size between Earth and Neptune, unlike any planet in our Solar System. Their radius distribution is bimodal, suggesting a dichotomy between rocky and small gaseous planets (Fulton & Petigura 2017). Other studies have hypothesized the existence of a third population made up of the so-called water worlds (Luque & Pallé 2022), which is currently being debated (Rogers et al. 2023; Parviainen et al. 2024). There is a compositional degeneracy of models for such small planets with given values of mass and radius only, which can be reduced through observations of their atmospheres. A statistical approach could also reveal the existence of distinct exoplanet populations through the identification of clusters in parameter space, e.g., using machine-learning classification and regression algorithms. This project aims to increase our knowledge of small planets either through the study of spectroscopic observations of an exoplanet atmosphere, the development of improved techniques to detrend instrumental and astrophysical disturbances (e.g. stellar activity) or the exploitation of extensive catalogs.	<a href="https://www.iaa.csic.es/departments/stellar-physics-department">https://www.iaa.csic.es/departments/stellar-physics-department</a>
JAEINT24_EX_0682	MORENO BRAVO, JUAN ANTONIO	juan.moreno@umh.es	INSTITUTO DE NEUROCIENCIAS	Desarrollo de los circuitos del cerebelo	El propósito del laboratorio es comprender cómo las alteraciones tempranas en el cerebelo están vinculadas con diversas neuropatologías del desarrollo, como el autismo. Con este fin, buscamos determinar, desde una perspectiva del neurodesarrollo, cómo las alteraciones en el cerebelo afectan la función global del cerebro. El candidato participará en una línea de investigación enfocada en entender cómo se desarrollan los circuitos cerebelosos y el impacto de sus alteraciones. Para lograrlo, combinaremos la genética de ratones con técnicas de embriología experimental para crear modelos de ratones con alteraciones cerebelosas tempranas. El candidato estará directamente involucrado en la caracterización de estos modelos y adquirirá experiencia en diversas metodologías experimentales. Se emplearán técnicas histológicas de vanguardia, como la microscopía 3Dlight sheet, que permite caracterizar el cerebro y sus circuitos tridimensionalmente, además de técnicas de mapeado de circuitos neuronales como trazadores virales.	<a href="https://morenobravoja.wixsite.com/website">https://morenobravoja.wixsite.com/website</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0016	MORENO CABALLUD, ANA	amoreno@ipe.csic.es	INSTITUTO PIRENAICO DE ECOLOGIA	Cuantificación cambios rápidos de temperatura en el Pirineo en el último ciclo glaciar	Esta JAE-Intro se centra en el estudio de archivos paleoclimáticos para abordar la cuantificación de temperaturas pasadas y comprender mejor de este modo los mecanismos que causaron cambios climáticos rápidos en el pasado, especialmente en el Pirineo y desde la última deglaciación (últimos 20.000 años). Se cuenta con material geológico de calidad excepcional, tanto en registros sedimentarios lacustres como en espeleotemas de cuevas donde, aplicando diversas técnicas geoquímicas, podemos obtener valores cuantitativos de la amplitud térmica del cambio. Actualmente existe un consenso científico sobre la causa antrópica del reciente calentamiento global apoyado por las grandes redes instrumentales de observación de datos meteorológicos y los impactos climáticos que ya afectan a nuestra vida cotidiana. Sin embargo, las incertidumbres sobre las consecuencias previstas del aumento de la temperatura en nuestro planeta y en nuestra sociedad siguen siendo grandes y es necesario desentrañarlas para aplicar mejor las estrategias de adaptación. El estudio de los cambios climáticos del pasado, en particular los que se produjeron con rapidez, como los que se abordan en esta JAE-INTRO, se presenta como la mejor forma de obtener datos de escenarios climáticos comparables a nuestra situación climática actual. La persona que se forme con esta JAE-INTRO se iniciará en la investigación paleoclimática con indicadores geoquímicos, entre los que se encuentran la composición isotópica de sedimentos carbonatados lacustres y espeleotemas, los isótopos clumped medidos en carbonatos tanto en lagos (ej. ostrácodos) como en cuevas y la composición en lípidos de glicerol dialquil glicerol tetraéter ramificados (GDGT ramificados) medidos en sedimentos lacustres y espeleotemas. Para ello se contará también con la colaboración de otros investigadores del centro y de otros centros del CSIC, así como colaboraciones internacionales. Su formación incluirá tareas de campo (ej. toma de muestras lacustres, monitorización en cavidades) y de laboratorio (submuestreo de sedimentos lacustres y de espeleotemas, manejo de equipo analizador isotópico PICARRO, etc). Además, adquirirá habilidades informáticas relacionadas con la representación y análisis de datos paleoclimáticos (ej. realización de un modelo cronológico), con la gestión bibliográfica y con la escritura de resúmenes para presentación de datos. Se plantea que realice una charla en los seminarios del IPE y que se integre en la d	www.ipe.csic.es
JAEINT24_EX_0405	MORENO GARRIDO, IGNACIO	ignacio.moreno@cman.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS MARINAS DE ANDALUCIA	Efecto del cambio climático sobre microcosmos marino (microalgas/rotíferos)	Las predicciones de cambio climático apuntan a un incremento en la temperatura media de los océanos de alrededor de tres grados hacia final del siglo XXI. Se desconocen los efectos cuantitativos y cualitativos que tales cambios puedan tener sobre la fauna y la flora marinas, así como sobre la sensibilidad de estos organismos ante la presencia de contaminantes. La línea de investigación que se propone en esta expresión de interés pretende continuar las investigaciones ya iniciadas por el grupo EEBAS sobre la microflora marina, aumentando un nivel trófico más (consumidores primarios, concretamente rotíferos). Así, poblaciones del rotífero <i>Brachionus picalilis</i> serán incubados junto con algas marinas ( <i>Tetraselmis suecica</i> ) para conocer cómo cambian las interacciones tróficas entre ellos en situaciones de incremento de temperatura. Una vez establecidas estas diferencias, se realizarán ensayos en microcosmos con los dos organismos expuestos a diversos contaminantes (metales, microplásticos, fármacos, nanopartículas, etc.), en condiciones de incremento de temperatura. Se monitorizarán las poblaciones de algas y rotíferos a lo largo de experimentos de exposición aguda (alrededor de una semana). El Instituto de Ciencias Marinas de Andalucía cuenta con el equipamiento necesario para llevar a cabo estos ensayos, así como experiencia previa tanto en estudios de evolución de la población de microorganismos en condiciones de cambio climático como en estudios ecotoxicológicos frente a contaminantes clásicos y emergentes.	<a href="http://www.icman.csic.es/es/departamentos/ecologia-y-gestion-costera/">http://www.icman.csic.es/es/departamentos/ecologia-y-gestion-costera/</a>
JAEINT24_EX_0357	MORENO LOZANO, ARANZAZU	amoreno@ica.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS AGRARIAS	Efecto de la sequía y las infecciones virales sobre la producción de cultivos	Es un hecho aceptado que la producción agrícola necesita incrementarse de manera considerable para atender la demanda de alimento por parte de la población mundial. Sin embargo, la producción de cultivos está amenazada por una serie de factores bióticos y abióticos que tienen una influencia negativa en el crecimiento y desarrollo de los cultivos, reduciendo así su rendimiento. Entre los factores bióticos, las pérdidas potenciales en la producción mundial de alimentos causadas por enfermedades de las plantas se estiman en un 15%, siendo la efectividad en su control muy baja. Al mismo tiempo, tenemos que asumir que el cambio climático es una realidad presente en todo el planeta y que debido a éste la producción agraria sufrirá un descenso a nivel mundial, tanto por el efecto directo de la modificación de factores ambientales como la temperatura, aporte hídrico o concentración de CO2 en la atmósfera, como por su efecto en plagas y enfermedades. En el Grupo de Insectos de Vectores de Plantas evaluamos cómo los períodos de sequía severas pueden afectar a las poblaciones de insectos vectores y la propagación de virus de plantas. Y es que, los virus vegetales son uno de principales agentes patógenos que causan enfermedades de los cultivos agrícolas y, aunque pueden transmitirse por otras vías, la mayoría se transmiten por insectos vectores y, concretamente, por pulgones. Así, evaluamos cómo el déficit hídrico puede condicionar la elección de una planta por el insecto, cómo afecta al desarrollo de éste o cómo se ve afectada la transmisión de virus por insectos. ¿Qué ocurriría si, por efecto del cambio climático, los períodos de escasez de agua modificasen el comportamiento de los insectos o la transmisión de patógenos? ¿Seguirían las epidemias virales el mismo modelo que hasta el momento, o se verían modificadas espacio-temporalmente, incrementando los daños que originan en los cultivos? ¿Y si el hecho de que una planta esté infectada por un virus, modificase la tolerancia del cultivo a la falta de agua, haciendo que el cultivo sufriese más o menos el estrés hídrico? Para contestar alguna de estas preguntas, el alumno participará con estudiantes e investigadores, de forma multidisciplinar y aplicada, en los ensayos realizados para ampliar el conocimiento del efecto del déficit hídrico y la infección viral sobre los cultivos con el fin de adelantarnos a posibles escenarios futuros y así poder establecer las medidas de control oportunas.	<a href="https://www.ica.csic.es/index.php/departamentos/departamento-de-proteccion-vegetal/insectos-vectores-de-patogenos-de-plantas">https://www.ica.csic.es/index.php/departamentos/departamento-de-proteccion-vegetal/insectos-vectores-de-patogenos-de-plantas</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1680	MORENO MATEOS, MIGUEL ANGEL	mamormat@upo.es	CENTRO ANDALUZ DE BIOLOGIA DEL DESARROLLO	Entendiendo las modificaciones postraduccionales durante la transición materno cigótica	La transición materno-cigótica (TMC) es un proceso compartido por todos los animales durante el desarrollo embrionario temprano. Este evento combina la eliminación del ARN depositado en el oocito y la activación del genoma cigótico (AGC) que genera la primera transcripción en el embrión. Así, durante este evento de reprogramación celular desde un estado pluripotente a diferenciación celular, se elimina el antiguo programa materno y se implementan nuevas instrucciones cigóticas. Aunque trabajos recientes han dilucidado el papel de algunos factores de transcripción y otros reguladores con un papel en este proceso aún hay una gran cantidad de genes proporcionados por la madre en el oocito como ARN mensajero (ARNm) cuyo papel durante la TMC es desconocido. Por lo tanto, es necesario un análisis sistemático de los ARNm maternos para aclarar su contribución. Recientemente, nuestro laboratorio ha demostrado que CRISPR-RfxCas13d es un sistema eficaz y preciso para eliminar transcritos de ARNm en el pez cebra y otros animales. Usando esta tecnología se ha llevado a cabo un escrutinio donde se han eliminado los ARNm maternos de distintos modificadores postraduccionales (quinasas, fosfatasa, ligasa de ubiquitinas, etc.) y se han descubierto una serie de candidatos con un papel esencial en el desarrollo embrionario temprano y la TMC. Esta propuesta tiene como objetivo la caracterización de estos candidatos donde se usarán aproximaciones CRISPR-RfxCas13d pero también otros sistemas CRISPR-Cas de eliminación de RNA que favorecerán la capacidad de knockdown múltiple para candidatos relacionados funcionalmente. La eficiencia y efectividad de los sistemas para la eliminación RNA se evaluará por tecnologías como qPCR y RNAseq. Posteriormente, se llevará a cabo un análisis de los fenotipos de desarrollo y moleculares mediante aproximaciones transcriptómicas, genómicas y proteómicas optimizadas en el laboratorio, así como la tecnología CRISPR-Cas13d (Chan SH et al., 2019 Dev. Cell, Kushwah G et al., 2020 Dev. Cell, Hernandez-Huertas L et al., 2022 Star Protocols, Hernandez-Huertas L et al., enviado a Dev. Cell). En resumen, esta propuesta pretende completar el trabajo inicial del estudio de las modificaciones postraduccionales durante la TMC y con ello no sólo contribuir a un mejor entendimiento de la TMC si no también al descubrimiento de nuevos factores que puedan estar relacionados con la pluripotencia y la reprogramación celular.	<a href="https://www.cabd.es/en/research_groups/crispr-cas-in-vivo-optimizations-to-understand-early-vertebrate-development-and-human-diseases/summary">https://www.cabd.es/en/research_groups/crispr-cas-in-vivo-optimizations-to-understand-early-vertebrate-development-and-human-diseases/summary</a>
JAEINT24_EX_0583	MORENTE FONTELA, MARCOS	m.fontela@csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES MARINAS	Hacking marine carbon dioxide uptake: environmental side effects of alkalinity additions on plankton communities	According with the latest IPCC report, in order to limit global warming below 2°C by 2100, carbon dioxide removal (CDR) from the atmosphere will be necessary. Ocean alkalinity enhancement (OAE) is a promising marine CDR technique based on the natural process of weathering that has the largest global potential between all the other marine CDR technologies proposed to date. This alkalinity addition is able to neutralize more CO <sub>2</sub> present in the water and more CO <sub>2</sub> to be uptake from the atmosphere. Furthermore, adding alkalinity not only allow the ocean to store more anthropogenic carbon but also ameliorates ocean acidification, increasing seawater pH and calcium carbonate saturation state. Therefore, along with the urgency to mitigate climate change, it is necessary to understand the potential efficiency, environmental safety, and monitoring viability of OAE as technique. Here, we propose an integrated cross-disciplinary approach. This research will conduct OAE microcosm experiment with in situ plankton communities to address the research objectives. Briefly, the same alkalinity addition treatment will be applied to two different scenarios: un-equilibrated and equilibrated. The un-equilibrated scenario will simulate the fact that CO <sub>2</sub> influx has not yet happened right after alkalinity addition, and the equilibrated scenario where the alkalinity enhanced seawater has already CO <sub>2</sub> -equilibrated with the atmosphere. The alkalinity addition will be the same: +500 µmol/kg-1. Furthermore, there will be a control microcosm with no alkalinity addition at all. A total of 9 microcosm (3 replicates by scenario) will be daily followed during three weeks. Biogeochemical parameter measurements and samples for total alkalinity, pH, salinity, light, temperature, inorganic nutrients, chlorophyll a, particulate organic carbon, biogenic silica, flow cytometry, microscopy and DNA samples will be retrieved on scheduled basis. Special attention will be given to set cost-efficient and standard methodologies ensuring reproducibility and intercomparison. The JAE-Intro student will be trained in the microcosm setup, multidisciplinary sample processing and inorganic carbon chemistry analysis.	<a href="https://www.iim.csic.es/es/research/all-groups/procesos-oceanicos-en-cambio-global">https://www.iim.csic.es/es/research/all-groups/procesos-oceanicos-en-cambio-global</a>
JAEINT24_EX_1657	MOROS CABALLERO, MARIA	m.moros@csic.es	INSTITUTO DE NANOCIENCIA Y MATERIALES DE ARAGON	Activación de vías intracelulares utilizando magnetogenética	Las nanopartículas magnéticas se pueden utilizar para generar fuerzas de manera selectiva y remota sobre determinadas proteínas de la membrana celular denominadas mecanorreceptores, como la E-cadherina. El objetivo principal de este proyecto es emplear partículas magnéticas funcionalizadas con diferentes fragmentos de E-cadherina para generar una fuerza mecánica que active una vía importante de señalización intracelular, la cual juega papel esencial en la proliferación y diferenciación celular. Esto permitirá activar vías implicadas en la curación de heridas de manera selectiva y a distancia. Metodologías en las que se formará el o la estudiante 1. Generación de fragmentos de la proteína E-cadherina, a partir de bacterias transformadas o células transducidas con diferentes plásmidos obtenidos mediante mutagénesis. Caracterización de las mismas. 2. Funcionalización de partículas magnéticas con los fragmentos de E-cadherina de forma orientada, y caracterización de las mismas por citometría de flujo, usando anticuerpos anti-E-cadherina. El estudiante podrá aprender a usar diferentes técnicas de caracterización de nanomateriales tales como microscopía electrónica de transmisión y escaneo (TEM y SEM), dispersión de luz dinámica (DLS), potencial Z... 3. Estudio de la activación de vías de señalización mediante la aplicación de campos magnéticos a células con las partículas funcionalizadas con E-cadherina. Para ello se emplearán líneas celulares reporteras que expresen GFP o luciferasa. El estudiante aprenderá a trabajar con cultivos celulares y a analizar los efectos de la aplicación de campos mediante técnicas de PCR o microscopía de fluorescencia. El estudiante tendrá una reunión semanal con la supervisora y participará en los seminarios semanales de grupo, pudiendo presentar sus resultados en los mismos. El equipo de investigación que participa en este proyecto está involucrado en un proyecto europeo por lo que el estudiante también podrá asistir a las reuniones internacionales, expandiendo de esta forma su formación y abriendo nuevos horizontes en su carrera.	<a href="https://bionanosurf.unizar.es/">https://bionanosurf.unizar.es/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1401	MOYANO FERNANDEZ, CRISTIAN	cristian.moyano@cchs.csic.es	INSTITUTO DE FILOSOFIA	Una cartografía normativa de la justicia ecológica y de la renaturalización	Estamos en un contexto de crisis ecológica, marcada por un cambio climático acelerado, una contaminación globalizada, una grave pérdida de biodiversidad y una perturbación sistémica de los ecosistemas. La justicia ecológica busca atender a esta situación, proponiendo unos deberes ético-políticos para tratar de hacerle frente en base a las mejores razones. En esta línea, el Parlamento Europeo ha aprobado recientemente la Ley de Restauración de la Naturaleza, la primera legislación integral de la Unión Europea en materia de naturaleza en treinta años. Esta ley establece un marco jurídico comunitario para la biodiversidad que resulta clave para encarar semejante crisis ecológica. Se abre una llamada a aquellos investigadores noveles que quieran profundizar en el estudio filosófico de la justicia ecológica y, más en detalle, de los retos éticos de las prácticas de renaturalización (o rewilding). La investigación que se propone en esta llamada presenta dos líneas temáticas complementarias: por un lado, examinar las dimensiones normativas que dan cuerpo a lo que podemos entender como "justicia ecológica", y, por otro lado, analizar los desafíos ético-políticos que presentan las distintas estrategias destinadas a restaurar y proteger la naturaleza. Durante este estudio será imprescindible discutir epistemológicamente nociones como las de naturaleza, biodiversidad o integridad ecológica, así como reflexionar críticamente sobre la pluralidad axiológica que suele acompañar los esfuerzos de biología de la conservación. Cartografiar las dimensiones morales que hay tras las líneas de actuación para cuidar y recuperar la vida salvaje es una tarea clave para comprender cómo es más justo que nos relacionemos con la naturaleza no humana. Con este fin, no se dejará de lado la preocupación de lo que últimamente se viene llamando la "transición ecológica justa": cómo convivir bien humanos y no humanos en un planeta compartido y cuyos ecosistemas se encuentran cada vez más alterados debido a las presiones antropogénicas. Ante tal escenario problemático, resulta pertinente explorar las razones que pueden llevar a elegir una hoja de ruta para las políticas de renaturalización que, si bien no queda exenta de contrapartidas, puede considerarse como un mal menor si se compara con otras hojas de ruta posibles.	<a href="https://ifs.csic.es/es/org-structure/grupo-etica-aplicada-gea">https://ifs.csic.es/es/org-structure/grupo-etica-aplicada-gea</a>
JAEINT24_EX_0990	MUÑOZ BONILLA, ALEXANDRA	sbonilla@ictp.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIA Y TECNOLOGIA DE POLIMEROS	Desarrollo de andamios (scaffolds) biobasados para su aplicación en ingeniería de tejidos	La ingeniería tisular se centra fundamentalmente en el diseño de andamios para el reemplazo y reparación de tejidos dañados o defectuosos del cuerpo humano. Su principal función es servir de soporte a las células para que proliferen y se diferencien. Por lo tanto, su diseño debe incluir factores como la biocompatibilidad, biodegradabilidad, bioactividad, espacio para regenerar nuevo tejido, permitir el transporte de nutrientes y oxígeno, así como soportar cargas mecánicas. Otro aspecto importante, es evitar la colonización bacteriana de dichos andamios, por el riesgo que ello implica de infección grave, además de ralentizar la reparación tisular. En este proyecto se desarrollarán andamios (scaffolds) basados en el biopolímero quitosano para su aplicación en ingeniería de tejidos. El quitosano es un biopolímero biodegradable y biocompatible, obtenido principalmente de los caparzones de crustáceos que presenta cierta actividad antimicrobiana inherente. El proyecto consiste en el desarrollo de andamios porosos de quitosano reforzados con nanocristales de quitina para mejorar sus propiedades mecánicas. Además, los materiales contendrán pequeñas proporciones de quitosano modificado con grupos antimicrobianos y antioxidantes para mejorar e impartir dichas bioactividades a los materiales, con el objetivo de reducir infecciones y mejorar los procesos de regeneración tisular. Los materiales se caracterizarán mediante diferentes técnicas, como microscopía electrónica de barrido (SEM), espectroscopia de IR, calorimetría diferencial de barrido (DSC), análisis termogravimétrico (TGA) y ensayos de tracción de esfuerzo-deformación. Finalmente, se evaluará la capacidad antioxidante de los materiales, así como su actividad antimicrobiana frente a bacterias y hongos.	<a href="http://www.ictp.csic.es/">http://www.ictp.csic.es/</a>
JAEINT24_EX_0969	MURO PASTOR, ALICIA MARIA	alicia@ibvf.csic.es	INSTITUTO DE BIOQUIMICA VEGETAL Y FOTOSINTESIS	Regulación mediada por RNAs antisentido en cianobacterias	Las cianobacterias son los únicos procariontes que realizan fotosíntesis oxigénica, lo que les permite obtener electrones del agua para reducir y en última instancia asimilar el dióxido de carbono. Por tanto, son elementos cruciales que afectan el balance global de CO <sub>2</sub> en el planeta y también objetivo de la biotecnología, como factorias celulares fotoautótrofas para generar gran variedad de productos químicos y biocombustibles de manera sostenible. El análisis de los transcriptomas bacterianos ha revelado una transcripción generalizada de regiones no codificantes. La regulación postranscripcional por RNAs no codificantes se observa con frecuencia en bacterias con estilos de vida complejos que implican transiciones metabólicas globales, como los patógenos que establecen interacciones con sus huéspedes o los rizobios que interactúan con sus socios simbióticos. La fisiología de nuestro modelo de trabajo, <i>Nostoc</i> sp. PCC 7120, una cianobacteria filamentosas capaz de diferenciar células especializadas fijadoras de nitrógeno y también capaz de adaptarse a cambios en la disponibilidad de luz, proporciona varios escenarios en los que se requiere una regulación precisa de las transiciones metabólicas. Recientemente hemos realizado un análisis global de los cambios transcriptómicos que ocurren en respuesta a la limitación de nitrógeno y hemos definido el transcriptoma global de esta cianobacteria, que incluye numerosos transcritos antisentido. Este proyecto tiene como objetivo el estudio de las consecuencias reguladoras de la transcripción antisentido en la adaptación de las cianobacterias filamentosas a la limitación de nitrógeno, que conduce a la diferenciación celular y a la división de tareas entre las células vegetativas fotosintéticas y los heterocistos fijadores de nitrógeno. A partir del mapa transcriptómico que hemos generado para <i>Nostoc</i> ( <a href="https://doi.org/10.1093/pnasnexus/pgad1187">https://doi.org/10.1093/pnasnexus/pgad1187</a> ), hemos seleccionado para su caracterización varios RNAs antisentido regulados por nitrógeno. Los RNAs antisentido cuya expresión está regulada en respuesta a señales ambientales podrían desempeñar un papel en la adaptación a estos cambios ambientales.	<a href="https://www.ibvf.us-csic.es/biologiaRNA/RNAs_reguladores">https://www.ibvf.us-csic.es/biologiaRNA/RNAs_reguladores</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0837	MURO PASTOR, MARIA ISABEL	imuro@ibvf.csic.es	INSTITUTO DE BIOQUIMICA VEGETAL Y FOTOSINTESIS	Estudio del regulador metabólico del flujo de carbono en cianobacterias CfrA. Aproximaciones biotecnológicas.	En el grupo de investigación donde se integraría el becario/a estudiamos la regulación del metabolismo del nitrógeno y el carbono en cianobacterias. Estos organismos tienen un enorme potencial biotecnológico por su capacidad de fijar CO2 fotosintéticamente y en algunos casos también N2 atmosférico. Nuestro objetivo global es aumentar el conocimiento básico de los procesos metabólicos y los mecanismos adaptativos a distintas condiciones de estrés en cianobacterias. En este sentido, las cianobacterias constituyen un grupo importante en la detección de los efectos del cambio climático, en relación al metabolismo del carbono. El proyecto que se llevará a cabo se engloba en un proyecto más amplio financiado recientemente por el MCIU "Papel de los reguladores de flujo y los sistemas redox en el control del metabolismo del carbono y la acumulación de glucógeno en cianobacterias" PID2022-138317NB-I00. Una proteína clave en el control del flujo de carbono es el regulador descrito en nuestro grupo CfrA, implicado en la adaptación de las cianobacterias a la deficiencia de nitrógeno (1). En estas condiciones las cianobacterias almacenan el exceso de carbono en forma de glucógeno, como polímero de reserva. CfrA determina entre otros eventos la cantidad de glucógeno que acumulan las células y tiene por tanto un papel fundamental en el proceso de adaptación. Hemos generado diferentes estirpes de la cianobacteria modelo <i>Synechocystis</i> sp. PCC 6803 con expresión controlada de CfrA en distintos fondos genéticos. La sobreexpresión de CfrA en estirpes mutantes para la síntesis de glucógeno conduce a una masiva acumulación de azúcares (2). Nuestros datos indican que la expresión controlada de CfrA permitiría redirigir el flujo de carbono hacia diferentes compuestos de interés biotecnológico. El proyecto consistirá en el análisis de estas estirpes a nivel fisiológico y metabólico con objeto de identificar la acumulación de estos compuestos. Plan de trabajo - Construcción de estirpes para la producción de compuestos de interés (sacarosa o lactato) en combinación con la expresión regulada de CfrA. - Recogida y procesamiento de muestras para análisis del contenido en glucógeno, proteínas y otros compuestos de interés. - Tratamiento de muestras para análisis metabólico mediante espectrometría de masas. (1) Muro-Pastor MI et al. (2020) <i>Plant Physiol.</i> 184:1792. doi: 10.1104/pp.20.00802. 2020. (2) Domínguez-Lobo MT. et al. (2024) <i>Plant Physiol.</i> doi: 10.1093/plphy	<a href="https://www.ibvf.us-csic.es/node/70">https://www.ibvf.us-csic.es/node/70</a>
JAEINT24_EX_1433	NADAL ROMERO, MARIA ESTELA	estelanr@ipe.csic.es	INSTITUTO PIRENAICO DE ECOLOGIA	La expansión forestal en la media montaña mediterránea: gestión del paisaje para optimizar la calidad del suelo	Los paisajes reflejan el impacto de la actividad humana, los cambios de usos del suelo y cubiertas vegetales, y las prácticas de gestión. La expansión forestal en la media montaña mediterránea durante el último siglo es un fenómeno generalizado resultado de procesos naturales de revegetación, debido al abandono de actividades agrícolas y ganaderas, así como a intensos programas de repoblación forestal. En la actualidad, los bosques de las montañas mediterráneas muestran un alto nivel de diversidad y complejidad como resultado de prácticas de gestión pasadas y presentes, características edáficas y condiciones climáticas. Estos bosques están dominados por especies como quercus, fagus, y coníferas, que alternan con sistemas silvopastorales tradicionales (dehesas), que se conservan próximos a los pueblos. El bosque juega un papel esencial en la regulación de servicios ecosistémicos críticos como el suelo. La expansión de los bosques puede aumentar significativamente la acumulación de carbono orgánico en el suelo, puede modificar propiedades físico-químicas del suelo, y, en consecuencia, puede afectar su calidad y/o degradación. Sin embargo, los efectos de los diferentes bosques mediterráneos en las propiedades del suelo y en la dinámica del carbono orgánico del suelo aún son inciertos. En la actualidad, el cambio global (el aumento anticipado de las temperaturas y el abandono de tierras) constituye un desafío complejo en la respuesta de los sistemas forestales mediterráneos en áreas marginales de montaña. En este contexto, la gestión forestal emerge como un factor crucial que necesita evidencias científicas para determinar la optimización de servicios forestales clave, como la acumulación de carbono orgánico en el suelo. El objetivo general es comprender los efectos de los cambios en la cubierta forestal y su gestión en la montaña mediterránea, así como las variaciones climáticas, en la provisión de servicios forestales clave, como la conservación y calidad del suelo. Para ello, se utilizará un enfoque interdisciplinar y multi-escalar, que abarca trabajo de campo y laboratorio y técnicas cartográficas. Esto incluye el estudio de distintos tipos de bosques representativos y estrategias de gestión forestal bajo condiciones climáticas mediterráneas contrastadas y diferentes sistemas forestales, y la implementación de recomendaciones para mejorar la gestión forestal en la montaña mediterránea en un contexto de Cambio Global.	<a href="https://manmount.es/">https://manmount.es/</a>
JAEINT24_EX_1026	NARANJO OROVIO, JOSE RAMON	joseramon.naranjo@csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Desarrollo de nuevas terapias para enfermedades neurodegenerativas	Desde el laboratorio análisis funcional del represor transcripcional DREAM, liderado por el Dr. Naranjo, ofrecemos la oportunidad de participar en una innovadora línea de investigación cuyo objetivo es potenciar la respuesta a proteínas mal plegadas mediante la modulación de DREAM por medio de la administración de repaglinida y nuevos inhibidores en modelos de tres enfermedades neurodegenerativas: ELA, enfermedad de Alzheimer y la demencia fronto-temporal. En 2016, nuestro grupo demostró que el fármaco repaglinida aumenta el procesamiento de ATF6, lo que mejora la UPR reticular y reduce la muerte neuronal en la enfermedad de Huntington (EH). El mecanismo implica el bloqueo de la interacción entre ATF6 y DREAM, lo que favorece la traslocación a núcleo de ATF6 y su función. Ello conlleva un retraso en la aparición de síntomas motores y de deterioro cognitivo en la EH (Naranjo y cols. <i>J. Clin. Invest.</i> 2016). Más recientemente, en colaboración con el IQM del CSIC, hemos desarrollado nuevas moléculas capaces de unirse a DREAM, bloquear la interacción con ATF6 y reducir los síntomas cognitivos y motores en EH y ELA (Lopez-Hurtado y cols. <i>Sci. Rep.</i> 2019, Gonzalo-Gobernado y cols. <i>IJMS.</i> 2023). La persona candidata recibirá toda la formación necesaria para colaborar activamente en el desarrollo del proyecto de investigación del Grupo. Ello incluye el aprendizaje de: 1) Técnicas de análisis conductual para detección de alteraciones en la capacidad cognitiva y en la coordinación motora en modelos animales de enfermedades neurodegenerativas. 2) Técnicas de cuantificación en tiempo real (PCR) de la expresión de ARNm en cerebro y médula espinal. 3) Cuantificación de proteínas, análisis de interacciones proteína-proteína por coimmunoprecipitación y pull-down. 4) Preparación y purificación de proteínas recombinantes y de anticuerpos por cromatografía de afinidad. 5) Técnicas de fraccionamiento sub-celular. 6) Técnicas de disección de áreas cerebrales, histología y microscopía del Sistema Nervioso. Igualmente, el plan de formación incluirá la participación seminarios semanales del grupo y del CNB. Además, participará en el análisis crítico de artículos aparecidos en la literatura y que sean importantes para el desarrollo del proyecto. En caso de que la ejecución de este programa fuese beneficiosa para ambas partes, nuestro grupo podría ofertar la oportunidad de continuar con su trayectoria científica mediante el desarrollo de un programa predoctoral.	<a href="http://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/biologia-molecular-y-celular/analisis-funcional-del-represo">http://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/biologia-molecular-y-celular/analisis-funcional-del-represo</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0893	NAVARRO , LAETITIA MARIE LUCIE	laetitia.navarro@ebd.csic.es	ESTACION BIOLOGICA DE DOÑANA	¿Sabemos lo suficiente sobre los vertebrados de Doñana para poder conservarlos?	El planeta se enfrenta a una crisis de biodiversidad y las decisiones que tomemos para pararla dependen en gran medida de lo que sepamos sobre las especies y los ecosistemas. Podemos preguntarnos, por ejemplo: ¿qué especies son las más afectadas? ¿Cómo responden a las distintas presiones humanas? ¿Y por qué? Para responder a estas preguntas, es necesario disponer de información sobre dónde se encuentran las especies, sobre sus rasgos (por ejemplo, reproducción, movimiento), sobre su demografía y sobre su estado de conservación actual. Esto es especialmente importante en zonas como el Espacio Natural de Doñana, que además de ser extremadamente valioso para la biodiversidad regional e internacional, es también especialmente vulnerable a los efectos del cambio global. Por ello, el objetivo de este proyecto es investigar si realmente sabemos lo suficiente sobre las especies de este espacio único para poderlas proteger. Para ello construiremos un "indicador de conocimiento" para las especies de vertebrados de Doñana. TAREAS DEL CANDIDATO: El estudiante participará, y recibirá formación, en las siguientes actividades de investigación: 1) Integración de bases de datos disponibles públicamente sobre la distribución, rasgos y amenazas de las especies de vertebrados de Doñana. Estos conjuntos de datos ya han sido identificados y la lista de especies preparada para que el trabajo pueda comenzar directamente con la integración de datos. 2) Análisis de datos (por ejemplo, con R y QGIS) e interpretación de resultados. 3) Desarrollo de un proceso automatizado para generar un denominado indicador de conocimiento de especies para los vertebrados de Doñana. 4) Identificación de lagunas de conocimiento y futuras líneas de investigación. 5) Posible elaboración de un manuscrito científico sobre la prueba de concepto de un indicador de conocimiento de especies. El trabajo se desarrollará principalmente en la Estación Biológica de Doñana (EBD-CSIC) en la ciudad de Sevilla (España), aunque la estancia podría complementarse también con algunas salidas de campo al Parque Natural de Doñana. Además, el proyecto se enmarca dentro del proyecto Horizon Europe NaturaConnect, y puede convertirse en el punto de partida de futuras colaboraciones con otros investigadores de la EBD-CSIC y dentro del consorcio NaturaConnect ( <a href="https://naturaconnect.eu/">https://naturaconnect.eu/</a> ).	<a href="http://www.ebd.csic.es/biologia-de-la-conservacion-y-cambio-global">http://www.ebd.csic.es/biologia-de-la-conservacion-y-cambio-global</a>
JAEINT24_EX_0885	NAVARRO BERNABE, JOAN JOSEP	joan@icm.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS DEL MAR	Especies ganadoras en un mundo urbanizado: investigando la ecología y las consecuencias de vivir en ciudades de un depredador oportunista	Las actividades humanas no afectan a todas las especies de la misma manera y los hábitats transformados por el ser humano se han convertido en hábitats óptimos para especies tolerantes a alteraciones humanas. El estudio de las expansiones poblacionales de algunas especies en relación a las transformaciones humanas han ganado mucha importancia, presentándose como uno de los mayores problemas de conservación y gestión en ambientes naturales con cierto grado de transformación humana. Entre los ecosistemas naturales, el medio marino ha sido modificado por el ser humano desde la antigüedad, conllevando una pérdida, degradación y transformación de estos hábitats naturales. Asociado a este deterioro, numerosas especies de depredadores marinos han sufrido una reducción severa en sus tamaños poblacionales durante las últimas décadas. Sin embargo, algunas de estas especies han aprendido a explotar de manera eficiente la diversidad de recursos ofrecidos por el ser humano en diferentes ambientes antrópicos, incluidos los ecosistemas marinos urbanos. En este proyecto, el objetivo principal es investigar los principales factores ecológicos y repercusiones relacionadas con el éxito y la expansión de la gaviota patiamarilla ( <i>Larus michahellis</i> ) en ecosistemas urbanos, un depredador marino considerado "especie ganadora" y altamente adaptada y beneficiada a la transformación humana. Para ello, la persona candidata combinará el trabajo de campo (captura, marcaje con GPS y toma de muestras), de laboratorio y de análisis estadístico de una población urbana de esta especie con la finalidad de investigar: (i) la selección del hábitat; (ii) el grado de interacción con las actividades humanas; (iii) el estado ecofisiológico; (iv) la prevalencia de patógenos zoonóticos; (v) la concentración de contaminantes urbanos; y (vi) la dieta. Este enfoque claramente interdisciplinar permitirá entender mucho mejor la ecología de esta especie en ambientes urbanos, incluido las propias repercusiones sobre su condición física.	<a href="https://sites.google.com/site/joannavarro/">https://sites.google.com/site/joannavarro/</a>
JAEINT24_EX_0491	NAVARRO CARRUESCO, JOSE ANTONIO	jnavarro@ibvf.csic.es	INSTITUTO DE BIOQUIMICA VEGETAL Y FOTOSINTESIS	Mejora de la productividad de microorganismos fotosintéticos con aplicaciones en biotecnología y acuicultura	Plan de Formación. Grado en Biología, Bioquímica o Biotecnología: La línea de trabajo del grupo está enfocada a mejorar la productividad fotosintética de cianobacterias y microalgas en condiciones limitantes, como pueden ser el estrés por metales o el inducido por elevada luz o temperatura. El grupo está financiado actualmente por proyectos del Plan Nacional (PID2020-112645GB-I00 y TED2021-129165B-I00) y Junta de Andalucía (PCM_00004), y dispone de un laboratorio bien equipado en técnicas básicas y avanzadas de investigación (termoluminiscencia, espectrofotometría, biología molecular, etc.). Además, las instalaciones generales del IBVF ponen a disposición del grupo técnicas y servicios avanzados adicionales, como cámaras de cultivo de microalgas, microscopía, PAM, cromatografía (FPLC y HPLC), qPCR, etc. Dentro de la línea de trabajo del grupo, el/la joven investigador/a podría llevar a cabo las siguientes actividades: clonación y purificación de proteínas, manejo de cultivos de algas y bacterias, genética de cianobacterias y microalgas, obtención de extractos celulares, análisis funcionales de células y proteínas, microscopía, PAM, termoluminiscencia, técnicas inmunológicas de detección, regulación de la expresión génica, transcriptómica y genómica. El grupo tiene así una gran capacidad de formación en técnicas especializadas, dado que nuestro trabajo tiene un carácter multidisciplinar, y el/la estudiante irá avanzando progresivamente en la complejidad de las técnicas a usar, según vaya dominando tareas y protocolos cada vez más avanzados. El grupo participa en la docencia de dos Másteres Universitarios y en dos Programas de Doctorado de la Universidad de Sevilla, y desarrolla además un programa específico de formación de jóvenes investigadores basado en seminarios quincenales, con presentaciones y debates en lengua inglesa. El equipo de investigación también participa regularmente en eventos científicos, como congresos, seminarios, cursos y reuniones científicas. En particular, el/la joven investigador/a asistirá al programa de Charlas Doctorales desarrollado en el cicCartuja, al ciclo de Seminarios que organiza el IBVF, o a su simposio bianual. Además, podrá participar en las Jornadas de los Programas de Doctorado de la Universidad de Sevilla, un ciclo de conferencias impartidas por científicos de reconocido prestigio y experiencia en sus campos de investigación, organizado por diferentes Centros e Institutos de Investigación.	<a href="https://www.ibvf.us-csic.es/respuesta-estr%C3%A9s-y-biolog%C3%ADa-sint%C3%A9tica-de-microorganismos-fotosint%C3%A9ticos">https://www.ibvf.us-csic.es/respuesta-estr%C3%A9s-y-biolog%C3%ADa-sint%C3%A9tica-de-microorganismos-fotosint%C3%A9ticos</a>



REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1400	NAVARRO CUARTIELLAS, ARCADI	arcadi.navarro@upf.edu	INSTITUTO DE BIOLOGIA EVOLUTIVA	Exploring Pleiotropy Between Anthropometric and Lifestyle Markers and Disease in Human Populations — a Genomic Analysis	Many phenotypical traits show correlation with the occurrence of certain diseases, and the underlying causes of these associations remain subjects of ongoing investigation. It has been established that complex traits and diseases have a highly polygenic architecture, and different phenotypes can be interconnected by the deep complexity of their genetic architecture. Pleiotropy is the phenomenon by which a genetic variant simultaneously affects two or more phenotypes. This may arise either by the direct involvement of the same locus to several phenotypes (horizontal pleiotropy), or through a causal chain from one intermediate phenotype to another (vertical pleiotropy). Moreover, the role of pleiotropy extends beyond the immediate phenotypic associations, influencing natural selection and evolutionary trajectories, thereby contributing to outcomes that deviate from expected patterns in the absence of pleiotropic effects. Certain traits have been extensively documented to show correlation, and even causality, with complex diseases. However, the recent increase of interest on pleiotropy has raised discussions surrounding the potential influence of pleiotropy on previously established causal relationships between phenotypes. This research project aims to obtain GWAS data from the UK Biobank (UKBB) and other sources within the GWAS Catalogue and perform an extensive study on pleiotropy interconnecting related traits and diseases. Furthermore, the study intends to deepen our insights on the biological architecture underlying the pleiotropic relationships.	<a href="https://www.ibe.upf-csic.es/">https://www.ibe.upf-csic.es/</a>
JAEINT24_EX_1383	NAVARRO LOBATO, MARIA DE LAS NIEVES	marian.navarro@cbm.csic.es	CENTRO DE BIOLOGIA MOLECULAR SEVERO OCHOA	Mitochondrial and metabolic interference in interleukin 23-related autoimmune pathologies	Our lab is seeking for a highly motivated candidate to develop his/her master studies in the fields of Immunology, Intracellular Signalling and Metabolism. The axis formed by interleukin 23 and interleukin 17 (IL-23/IL-17) has emerged as a dangerous cell-cell communication hub in autoimmune and inflammatory pathologies such as psoriasis, inflammatory bowel diseases or multiple sclerosis. We propose a comprehensive study of how IL-23 signalling regulates mitochondrial and cellular metabolism, and we expect to unravel new therapeutic strategies aimed to break the self-sustaining cycle of chronic inflammation in autoimmune diseases. To address our research questions, we use in vitro and in vivo techniques, including cutting-edge spectral flow cytometry, metabolic assays (Seahorse), quantitative proteomics and phosphoproteomics, single-cell RNAseq and murine models of autoimmune diseases.	<a href="http://www.cbm.uam.es/mnavarro">http://www.cbm.uam.es/mnavarro</a>
JAEINT24_EX_1280	NAVARRO MEDRANO, PILAR	pilar.navarro@iibb.csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES BIOMEDICAS DE BARCELONA	Identificación y caracterización de nuevas dianas moleculares para diagnóstico y tratamiento de cáncer de páncreas	Nuestro grupo centra su línea de investigación en los mecanismos moleculares responsables de la tumorigenesis y progresión tumoral, con especial énfasis en el cáncer de páncreas. Este tumor, en particular el adenocarcinoma ductal pancreático (PDAC), es la tercera causa de muerte por cáncer en los países desarrollados y es uno de los tumores humanos más agresivos. La supervivencia del paciente a 5 años es inferior al 5%. Este mal pronóstico es debido fundamentalmente a su diagnóstico tardío y la falta de respuesta a las terapias convencionales, por lo que la identificación de nuevos biomarcadores así como de nuevas dianas moleculares es una necesidad urgente. Nuestro grupo ha sido pionero en varias líneas de investigación para aumentar el conocimiento sobre los mecanismos moleculares que subyacen a la progresión del cáncer de páncreas así como a de la relevancia de la comunicación entre el tumor y el estroma en esta patología. Además, considerando que el cáncer es una enfermedad genética causada por cambios en la expresión génica durante la transformación maligna, también estamos interesados en descifrar cómo se regulan estos cambios genéticos. En el curso de estos proyectos hemos identificado diferentes proteínas con expresión alterada en los tumores pancreáticos que pueden ser potencialmente dianas moleculares para esta enfermedad, como por ejemplo tPA (activador tisular del plasminógeno, Roda et al. Gastroenterology 2009), CPEB4 (Ortiz-Zapater et al. Nat Med. 2012; Villanueva et al. Nat. Comm. 2017), Galectina-I (Martinez-Bosch et al. Cancer Res. 2014; Martinez-Bosch & Navarro, Oncoimmunology 2014; Orozco et al. PNAS 2018), PARP-1 (Martinez-Bosch et al. J. Pathol. 2014) , Dhhl1 (Jungfleisch et al. Genome Res. 2017) o AXLL (Martinez-Bosch et al. eBioMedicine 2022). El candidato se incorporará en esta línea de investigación, que actualmente tiene un cariz altamente traslacional para trasladar los resultados obtenidos con las proteínas mencionadas, hacia una perspectiva clínica que pueda contribuir a mejorar la situación de los paciente con cáncer de páncreas. Las tareas formativas del candidato incluirán una formación exhaustiva en técnicas de Biología Celular y Molecular (cultivos celulares, histología, inmunofluorescencia e inmunohistoquímica, electroforesis de ácidos nucleicos y proteínas, PCR, clonaje, transfección, etc), así como en modelos preclínicos de cáncer (ratones transgénicos, xenografts, organoides, etc).	<a href="https://www.iibb.csic.es/es/research/870">https://www.iibb.csic.es/es/research/870</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1520	NAVAS CORTES, JUAN ANTONIO	j.navas@csic.es	INSTITUTO DE AGRICULTURA SOSTENIBLE	Modelización y análisis de parámetros fisiológicos en plantas relacionados con estrés biótico y factores abióticos asociados al cambio climático	La modelización y análisis de parámetros fisiológicos en plantas, especialmente aquellos relacionados con el estrés biótico y los factores abióticos asociados al cambio climático, puede contribuir a una mejor comprensión de cómo las plantas responden a diversas presiones ambientales, y a la interpretación de las complejas interacciones entre plantas y su entorno. El uso de sensores proximales para la obtención de parámetros fisiológicos asociados a estrés ofrece una herramienta útil para la monitorización precisa y en tiempo real del estado sanitario de las plantas, así como de su respuesta a diversos tipos de estrés ambiental o biótico. Se utilizarán sensores que permiten obtener una amplia gama de indicadores fisiológicos, incluyendo el contenido en pigmentos como clorofila, flavonoides y antocianos, la reflectancia espectral y la fluorescencia clorofílica y la Radiación Fotosintéticamente Activa. Se pretende identificar patrones y diferencias en la respuesta fisiológica de plantas para discriminar el efecto de la infección por la bacteria Xylella fastidiosa y en qué medida esta respuesta pueda ser modificada por la interacción con factores abióticos representativos de escenarios de cambio climático que incluyen variación en la temperatura, la concentración de dióxido de carbono y el estrés hídrico.	<a href="https://www.ias.csic.es/investigacion/departamentos/proteccion-de-cultivos/fitopatologias-de-sistemas-agricolas-sostenibles/">https://www.ias.csic.es/investigacion/departamentos/proteccion-de-cultivos/fitopatologias-de-sistemas-agricolas-sostenibles/</a>
JAEINT24_EX_0106	NIETO LOPEZ, MARTA	mnlopez@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Crossmodal auditory visual plasticity	General objectives: Despite the fact that what we see, hear, feel, taste and smell is processed separately by our senses, we perceive our environment as a unified and coherent whole. This is because brain regions that process the inputs from different senses are interconnected and provide contextual information to each other, allowing multisensory integration, which creates a better representation of the world than what is achieved by each sense separately. How these crossmodal inputs develop and are fine-tuned by experience has not been studied extensively. In this project, we investigate the functional anatomy of crossmodal connections in the typical and sensory-deprived brain, which neural cell types are targeted, and how crossmodal plasticity is regulated during development. These strategies are intended to improve sight perception after visual restoration in cataract patients. Working plan 1. Analysis of connectivity using AVV that trans-synaptically anterograde tagging properties2. Analysis of the effects of eliminating GABAergic interneuron subpopulations, Methodology We will use mouse models combined with several experimental tools: i) IUE of plasmid vectors, ii) injections of fluorescence tracing molecules in the mature cortex, iii) histology and immunohistochemistry, iii) confocal microscopy. In vivo, animal manipulations and procedures will be performed by Ph.D. investigators according to legislation. Additional training: The student will attend conferences at the CNB and UAM campuses and join lab meetings. He will prepare and present his work in a regular lab meeting at the mid-stage of his stay.	<a href="http://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/biologia-molecular-y-celular/desarrollo-de-la-corteza-cerebr">http://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/biologia-molecular-y-celular/desarrollo-de-la-corteza-cerebr</a>
JAEINT24_EX_0027	NIETO SOLANA, HECTOR	hector.nieto@csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS AGRARIAS	Geofísica aplicada para un uso sostenible del agua en agricultura	El aumento de la población, junto con un escenario de cambio climático, obliga a tomar medidas de adaptación a la escasez de agua, así como a fomentar un uso más sostenible del agua, con el fin de asegurar la seguridad alimentaria. Para ello, la geofísica aplicada (o ambiental) es una herramienta clave en el manejo sostenible de los recursos hídricos. En particular, el uso de métodos no destructivos capaces de caracterizar el subsuelo, como las tomografías de resistividad, permite obtener estimaciones de la humedad del suelo y del agua disponible para la planta para determinar el mejor método de irrigación. Este plan de formación tiene como objetivo enseñar las técnicas e imágenes de geofísica más útiles para un uso sostenible del agua en agricultura. El/la candidato/a recibirá formación en: - a. Procesamiento automático de imágenes de tomografía - b. Evaluación de variables biofísicas del suelo, incluida la composición del suelo. - c. Profundización en la comprensión de los procesos asociados con la absorción de agua por las raíces. - d. Uso de modelos físicos para traducir las propiedades físicas del suelo a indicadores para guiar la irrigación, como el potencial hídrico y la humedad del suelo y el agua total disponible. - e. Relación entre las observaciones geofísicas del subsuelo y las observaciones de teledetección. - f. Programación básica en Python. Para ello se utilizarán herramientas de código abierto, como el software libre Resipy y Emagpy para el manejo de datos geofísicos, y librerías propias en el entorno Python ( <a href="https://github.com/BenJMy">https://github.com/BenJMy</a> ). Además, se proporcionará acceso a cuadernos digitales interactivos, desarrollados bajo la plataforma JupyterLab, con los que el alumno podrá profundizar su conocimiento en modelización de procesos biofísicos y en programación.	<a href="https://tec4agro.csic.es/">https://tec4agro.csic.es/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0807	NIEVES CORDONES, MANUEL JESUS	mncordones@cebas.csic.es	CENTRO DE EDAFOLOGIA Y BIOLOGIA APLICADA DEL SEGURA	Nutrición de K+ en plantas de tomate editadas con CRISPR-Cas	Las proteínas quinasas CIPK juegan un papel clave en la adaptación de las plantas al medio terrestre. En nuestro grupo estudiamos proteínas CIPK de tomate y su papel en la nutrición mineral (por ejemplo, de nitrógeno y potasio) a través de la regulación de sistemas de transporte de nutrientes. Estos procesos son importantes para obtener cultivos mejor adaptados al cambio climático y que requieran un menor aporte de fertilizantes. Nuestros trabajos recientes sobre la quinasa de tomate SICIPK23 (Amo et al. 2021 Plant Cell Environ, doi: 10.1111/pce.14189; Nieves-Cordones et al. 2023 New Phytol, doi: 10.1111/nph.18910; Amo et al. 2024 Plant Physiol Biochem doi: 10.1016/j.plaphy.2024.108373) muestran que los mecanismos que regula esta quinasa varían entre especies de plantas (por ejemplo, hay mecanismos que están ausentes en la planta modelo Arabidopsis pero presentes en tomate y en otros cultivos). Para avanzar en el conocimiento de las rutas reguladas por SICIPK23, hemos identificado recientemente mediante un abordaje de doble híbrido en levaduras, proteínas de tomate que interactúan con SICIPK23 (interactoma). Este abordaje ha permitido identificar nuevas cascadas de señalización ya que entre estas proteínas hay algunas que participan en procesos fisiológicos no relacionados hasta la fecha con proteínas CIPKs y que pueden ser relevantes en la coordinación de la nutrición mineral con el desarrollo de la planta. El trabajo propuesto incluye: (i) clonaje de las proteínas que interactúan con la quinasa de tomate SICIPK23 (ii) validación de las interacciones mediante experimentos de complementación molecular de bioluminiscencia BiFC (iii) estudio de la regulación de la expresión de genes implicados por qPCR (iv) obtención de mutantes de tomate mediante edición génica por CRISPR-Cas de las proteínas diana de SICIPK23 (diseño de gRNAs, clonaje en vectores de edición génica, amplificación secuencias genómicas por PCR, secuenciación e identificación de alelos mutados, selección de líneas de pérdida de función) (v) fenotipado de plantas mutantes (obtención de ionomas y metabolomas)	<a href="https://tomatopotassium.wordpress.com/">https://tomatopotassium.wordpress.com/</a>
JAEINT24_EX_1571	NIEVES MORION, MARIA MERCEDES	mercedes.nieves@bvf.csic.es	INSTITUTO DE BIOQUIMICA VEGETAL Y FOTOSINTESIS	Mecanismos de enriquecimiento de nitrógeno en ecosistemas acuáticos por cianobacterias	Las cianobacterias son organismos procariontes fotosintéticos que tuvieron un papel clave en la oxigenación de la Tierra. Además, son consideradas precursoras de los cloroplastos de plantas y algas. Este grupo procarionte presenta una gran diversidad morfológica, presentando formas unicelulares y multicelulares. Las cianobacterias están ampliamente distribuidas en la biosfera y forman parte del fitoplancton. Algunas cianobacterias pueden fijar nitrógeno atmosférico permitiendo colonizar ambientes muy diversos, entre los que se incluyen zonas oceánicas donde el nitrógeno es un bioelemento primario limitante. En este ambiente, las cianobacterias suministran nitrógeno combinado a otros organismos permitiendo el desarrollo del ecosistema y dando lugar a interacciones metabólicas de gran interés. Entre las interacciones marinas más relevantes a nivel biogeoquímico están las asociaciones entre cianobacterias y algas diatomeas. Estas asociaciones contribuyen significativamente a la fijación de dióxido de carbono y a la productividad primaria de los océanos, actividades esenciales para mitigar la acumulación de dióxido de carbono en la atmósfera, factor esencial en el cambio climático. En este proyecto, el estudiante participará en tareas experimentales enfocadas a investigar (i) los mecanismos mediante los cuales las cianobacterias liberan nitrógeno y (ii) cómo este puede ser utilizado por organismos no fijadores de nitrógeno. Este trabajo implicará (i) el estudio de la participación de ciertas proteínas candidatas en la mediación de transferencia de nitrógeno disuelto, que implicará el aislamiento y caracterización de mutantes cianobacterianos, y (ii) un estudio del efecto de la interacción entre cianobacterias fijadoras de nitrógeno y organismos no fijadores que tengan una relación metabólica basada en el nitrógeno. Este estudio se realizará mediante el análisis transcriptómico de co-cultivos de cianobacterias y diatomeas, y puede ampliarse para investigar cómo distintos factores ambientales podrían jugar un papel significativo en estas interacciones. El trabajo experimental propuesto permitirá al estudiante familiarizarse con un amplio número de técnicas de biología molecular y celular implicadas en la manipulación genética de cianobacterias, el cultivo de cianobacterias y microalgas de alto interés ecológico, y el análisis de datos de expresión génica.	<a href="https://apps.csic.es/grupos/pages/grupo/edicionGrupo.html?dGrupo=641665">https://apps.csic.es/grupos/pages/grupo/edicionGrupo.html?dGrupo=641665</a>
JAEINT24_EX_0863	NISO GALAN, JULIA GUIOMAR	guiomar.niso@cajal.csic.es	INSTITUTO CAJAL	Desarrollo de una aplicación para el control en tiempo real de un dispositivo robótico mediante señales cerebrales en humanos	En el Grupo de Neuroimagen del Instituto Cajal del CSIC, se lleva a cabo una línea de investigación enfocada al desarrollo de interfaces cerebro-ordenador basadas en señales cerebrales humanas obtenidas de manera no invasiva. Se busca entender la complejidad de la actividad cerebral con el fin de aplicarlo en áreas como la rehabilitación neurológica, el control de dispositivos electrónicos mediante el pensamiento, la mejora del rendimiento cognitivo o el desarrollo de herramientas para el diagnóstico y monitorización de enfermedades neurológicas. El principal objetivo del trabajo a realizar es el desarrollo de una aplicación que permita a un usuario controlar un dispositivo robótico en tiempo real mediante el análisis de sus señales cerebrales registradas mediante electroencefalografía (EEG). De esta forma, se explorarán las posibilidades de la interfaz cerebro-ordenador para facilitar la comunicación entre la mente humana y la tecnología robótica. En el trabajo se adquirirán las señales cerebrales utilizando un dispositivo de EEG y se preprocesarán para eliminar posibles artefactos y ruido. Además, se desarrollará un algoritmo de análisis y clasificación de señales cerebrales utilizando técnicas de aprendizaje automático para identificar los comandos mentales del usuario. Y finalmente, se diseñará la interfaz de usuario de la aplicación, que permitirá enviar comandos al dispositivo robótico que se interpretarán de acuerdo a la actividad cerebral del usuario. En el proceso, la estudiante adquirirá los conceptos clave de neurociencia y señales cerebrales, y aprenderá a utilizar y a desarrollar herramientas de preprocesado y análisis de registros de EEG para estudiar sus características fundamentales. Además, se familiarizará con las distintas fases de un proyecto de investigación, desde el diseño hasta la recogida y el análisis de datos, siguiendo los principios de ciencia abierta, y participando activamente en un equipo interdisciplinar. El siguiente plan de formación proporcionará a la estudiante los conocimientos y habilidades necesarios para llevar a cabo con éxito el trabajo de investigación propuesto: – Fundamentos de neurociencia – EEG – Procesamiento de señales cerebrales – Estandarización de datos – Interfaz cerebro-computadora – Desarrollo de software – Ciencia abierta – Ética en la investigación – Trabajo interdisciplinario – Comunicación científica	<a href="https://cajal.csic.es/laboratorios/neuroimagen">https://cajal.csic.es/laboratorios/neuroimagen</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0382	NOGALES ENRIQUE, JUAN	j.nogales@csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Desarrollo de un ciclo de optimización DBTL asistido por inteligencia artificial para la identificación y biosíntesis de inhibidores virales	La biotecnología como campo de estudio conceptual se encuentra en un incipiente cambio de paradigma impulsado por la necesidad de hacer frente a las exigencias de sostenibilidad, la aparición de nuevos patógenos y la lucha contra el cambio climático. Estas urgencias están obligando al desarrollo de bioprocesos más eficientes, más sostenibles, y en marcos temporales más reducidos para hacer frente a urgencias inesperadas tales como la pasada pandemia de Covid19. En este contexto, se está desarrollando el concepto de "Biofoundry", el cual viene a sustituir las aproximaciones biotecnológicas reinantes hasta ahora. Una Biofoundry es un laboratorio especializado en biología sintética y biotecnología que utiliza enfoques de ingeniería genética, automatización y estandarización para diseñar, construir y probar sistemas biológicos en el contexto de ciclos de iteración DBTL (Design, Build, Test & Learn). El laboratorio receptor está desarrollando una incipiente Biofoundry en el contexto de la producción de nuevos materiales, alimentos y compuestos antimicrobianos. En este proyecto se pretende implementar un bioproceso automatizado para la síntesis de inhibidores virales. En concreto se pretende explorar el espacio químico de los flavonoides, compuestos vegetales con conocida actividad antiviral, para inhibir la proteasa principal del virus Sarscov-2. Para ello se ha construido ya un biosensor que detecta la inhibición de dicha proteasa, por lo cual la presencia de flavonoides con capacidad de inhibir esta enzima es fácilmente identificable. Por tanto, en el curso del proyecto se pretende: i) generar una librería combinatorial de rutas de síntesis de flavonoides utilizando tecnología de vanguardia de Biología Sintética y Robótica. ii) cribar la librería de rutas desarrollada utilizando el biosensor existente de forma automática. iii) secuenciar aquellas cepas que muestren mayor inhibición y generar un modelo de Machine Learning con objeto de sugerir nueva combinación de genes resultando en la síntesis de flavonoides con mayor poder inhibidor. iv) se repetirá el ciclo de forma automática hasta generar inhibidores eficientes. El estudiante se familiarizará con técnicas de vanguardia de biología sintética, biología de sistemas y computacional, robótica, ingeniería evolutiva y de inteligencia artificial.	<a href="https://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/biologia-de-sistemas/nogales">https://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/biologia-de-sistemas/nogales</a>
JAEINT24_EX_0887	NOVA REBATO, ESTHER	enova@ictan.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIA Y TECNOLOGIA DE ALIMENTOS Y NUTRICION	Alimentación, eje intestino-cerebro y relación con trastornos de conducta alimentaria en adolescentes.	Los trastornos de la conducta alimentaria (TCA) son patologías psiquiátricas graves y complejas caracterizadas por la presencia de patrones alimentarios anormales. Se han identificado rasgos neurológicos, genéticos, biológicos y psicológicos y experiencias tempranas en la vida como posibles factores predisponentes, que podrían sensibilizar al individuo al estrés y a la disregulación del eje hipotálamico-hipofisario-adrenal, asociándose a alteraciones del apetito y del comportamiento. Según hipótesis desarrolladas recientemente, es posible que entre los mecanismos implicados haya que considerar vías dependientes de la microbiota intestinal, sus metabolitos y su interacción con algunos circuitos nerviosos. Nuestro grupo de Inmunonutrición aborda el estudio de la interacción de los sistemas inmunológico, nervioso y endocrino, incluyendo la microbiota intestinal, a través de estudios en humanos, sanos y con diversas patologías, teniendo en cuenta, además, el componente psicológico. Así, el candidato tendrá oportunidad de formarse en los procedimientos propios de los estudios en humanos, particularmente aplicados al desarrollo de un estudio longitudinal controlado de pacientes pediátricos con anorexia nerviosa, bulimia nerviosa, cuadros atípicos o trastorno de evitación / restricción de la ingesta de alimentos. Este enfoque multidisciplinar abarca la evaluación del estado clínico, la historia clínica, las experiencias y acontecimientos vitales tempranos, las pruebas psicométricas, el patrón dietético y otros factores de estilo de vida, marcadores biológicos neuroendocrinos implicados en la homeostasis energética y la regulación del apetito, el estado inflamatorio y la composición y función de la microbiota intestinal. De forma práctica, el candidato tomará contacto con procedimientos para el reclutamiento de casos y controles; sesiones formativas para capacitación en la recogida de información dietética; capacitación en manejo, codificación y conservación de muestras biológicas; procedimientos de puesta a punto de protocolos de análisis bioquímico y técnicas inmunológicas para cuantificación de analitos en dichas muestras. Aprenderá a usar recursos de búsqueda bibliográfica, registro y tratamiento de datos y podrá asistir a los seminarios científicos impartidos en el centro. Finalmente, tendrá la posibilidad de realizar un TFG o TFM en esta línea de investigación.	<a href="https://www.ictan.csic.es/grupos-de-investigacion/inmunonutricion/">https://www.ictan.csic.es/grupos-de-investigacion/inmunonutricion/</a>
JAEINT24_EX_1337	NOVO UZAL, ESTHER	esther.novo@inia.csic.es	CENTRO DE BIOTECNOLOGIA Y GENOMICA DE PLANTAS	Regulación de la traducción en plantas en respuesta a la luz	La traducción (síntesis de proteínas) se considera un proceso altamente conservado. No obstante, los organismos han desarrollado diferentes reguladores de la traducción para adaptarse a sus propias necesidades específicas. La alternancia diaria entre la luz y la oscuridad es uno de los cambios ambientales más radicales. En cuanto a las plantas, la luz controla la producción de energía metabólica a través de la fotosíntesis, proporcionando picos de energía durante el ciclo diario que deben coordinarse con importantes procesos que requieren mucha energía, como la traducción. Dado que la dependencia de la energía procedente de la luz es específica de plantas, no es sorprendente que las plantas hayan desarrollado mecanismos específicos de regulación de la traducción asociados a la luz. Recientemente, se identificaron dos factores reguladores de la traducción específicos de plantas, que permiten ajustar la síntesis de proteínas a la disponibilidad de luz. En este proyecto buscaremos proteínas que interactúen con estos reguladores de la traducción en plantas ( <i>Arabidopsis</i> , <i>Nicotiana benthamiana</i> ) mediante técnicas de biología molecular y proteómicas, y posteriormente las caracterizaremos, con el fin de entender los mecanismos que regulan la traducción durante el ciclo diario de luz en las plantas. Este trabajo se realizará en el contexto del proyecto 2020-TI/BIO-19900 (2022-2027) del programa de Atracción de Talento de la Comunidad Autónoma de Madrid. La formación del candidato se llevará a cabo en el Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (CBGP). La formación del candidato será tutelada por la Dra. Esther Novo Uzal, incluyendo reuniones semanales personales y reuniones generales de laboratorio. Con el fin de garantizar una formación completa y transversal, se facilitará la asistencia del candidato a seminarios científicos impartidos en el CBGP y en congresos afines a la temática. Durante este proyecto, el candidato adquirirá una extensa experiencia en un amplio abanico de técnicas de laboratorio, que incluirán técnicas de fisiología vegetal (cultivo in vitro y en invernadero de plantas, agroinfiltración en <i>Nicotiana benthamiana</i> , etc.), biología molecular (clonación, aislamiento de ácidos nucleicos, PCR, RT-qPCR, electroforesis de ácidos nucleicos y de proteínas, Western-blot, etc) y técnicas específicas de proteómica (LC-MS/MS). Su formación se completará a través de cursos que tanto el CSIC y el CBGP ofrecen a su personal.	<a href="https://www.cbgp.upm.es/index.php/es/opticon=com_content&amp;view=article&amp;id=155">https://www.cbgp.upm.es/index.php/es/opticon=com_content&amp;view=article&amp;id=155</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1659	NOVOA GARCIA, BEATRIZ	beatriznova@iim.csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES MARINAS	Estudio de la respuesta inmune antiviral empleando el pez cebra como modelo	El objetivo del proyecto de esta Eol es estudiar las bases moleculares de la respuesta antiviral empleando como modelo el pez cebra (Danio rerio). Pretendemos entender cómo aspectos intrínsecos del organismo como la inflamación o el microbioma pueden afectar a la resistencia frente a enfermedades virales. El alumno empleará herramientas de biología celular e inmunología y también herramientas transcriptómicas (RNA seq) y varias herramientas bioinformáticas para analizar la modulación de la respuesta inflamatoria y antiviral de macrófagos y neutrófilos frente a infecciones. Se estudiará el papel de diferentes genes en la respuesta inmune innata, principalmente aquellos con relevancia en enfermedades inflamatorias humanas, mediante bloqueo transitorio o incremento de su expresión.	<a href="https://www.iim.csic.es/index.php/en/research/all-groups/immunology-genomics">https://www.iim.csic.es/index.php/en/research/all-groups/immunology-genomics</a>
JAEINT24_EX_1547	NUNES DA COSTA DA GRACA MATIAS, MIGUEL	miguel.matias@mncn.csic.es	MUSEO NACIONAL DE CIENCIAS NATURALES	Detección de respuestas al cambio climático en sistemas acuáticos utilizando genómica ambiental	Contexto: Predecir dinámicas ecológicas en un contexto de cambio global es un reto por la incertidumbre sobre cómo el cambio global afecta la estructura y función de los ecosistemas a lo largo del tiempo y espacio. Los avances en genómica ambiental (por ejemplo, ADN ambiental y antiguo) ofrecen una oportunidad para abordar este reto y contribuir de manera decisiva a mejorar las previsiones de los impactos de cambios futuros. Esta beca JAE Intro se centrará en la aplicación de la genómica ambiental para investigar los cambios en los ecosistemas acuáticos en respuesta al cambio climático. Plan de investigación y formación: El becario desarrollará un proyecto de investigación centrado en la detección de respuestas al cambio climático en sistemas acuáticos. El principal objetivo del proyecto de investigación será extraer, amplificar y secuenciar ADN recogido de muestras de sedimentos de ecosistemas lacustres a través de la península ibérica y el archipiélago de las Azores. El becario recibirá formación mediante tutoriales individuales de laboratorio y computación; reuniones de grupo semanales y asistencia a cursos de formación complementarios en el MNCN. Supervisión y recursos disponibles: El becario se unirá al grupo de Biogeografía y Cambio Global y estará supervisado por Miguel Matias, un Científico Titular con (i) amplia experiencia internacional; (ii) un historial multidisciplinario de publicaciones en revistas de impacto; y (iii) liderazgo de proyectos de investigación nacionales e internacionales. El becario se unirá a un grupo de investigación dinámico e interactuará con otros colaboradores del proyecto como Miguel B. Araújo y Manuel Mendoza. El proyecto cuenta con financiación completa a través de un proyecto de investigación en curso, asegurando que todas las herramientas técnicas y analíticas estén disponibles para su formación. En el MNCN, el becario se beneficiará del acceso al laboratorio de Sistemática Molecular y Genética de Poblaciones. Impacto de la beca: El becario ampliará su experiencia de investigación actual adquiriendo nuevas habilidades profesionales: (i) Investigación: la participación en un proyecto interdisciplinario y potencialmente en publicaciones y/o presentaciones en conferencias internacionales potenciará el perfil científico del CV del becario, lo que aumentará sus posibilidades de obtener una futura beca doctoral. (ii) Industria: la experiencia práctica en la planificación e implementación de protocolos de análisis	<a href="https://www.mncn.csic.es">https://www.mncn.csic.es</a>
JAEINT24_EX_1274	NUÑEZ AGUILERA, M.ROSARIO	rosario.nunez@csic.es	INSTITUTO DE CIENCIA DE MATERIALES DE BARCELONA	Boron-containing photosensitizers: Towards effective visible light-triggered antimicrobial activity	The increasing resistance of microorganisms (bacteria, virus, fungi...) against antimicrobials and antiseptics is one of the most challenging topics in current medicine and biology. One promising approach to fight against infections is antimicrobial photodynamic therapy (aPDT) using biocompatible photosensitizers (PSs). A photosensitizer (PS) is a compound that can be excited with visible light to generate reactive oxygen species (ROS), i.e singlet oxygen, $^1O_2$ , that induce irreparable oxidative damage of target microbial cells. The main targets of photodynamic action are the biomolecules that constitute the external microbial structures, such as the cell wall, cell membrane, or virus capsid and envelope. Compared to classical antimicrobials, the biggest advantage of the aPDT is the very low probability that the target microorganisms have the opportunity to develop resistance. The main objectives are (i) to synthesize and characterize new efficient boron rich biocompatible photosensitizers (PSs); (ii) to delineate their role in the photophysical process of singlet oxygen production; (iii) to evaluate their bactericidal activity as aPDT agents. In this project the student will perform the following tasks: 1. Synthesis of new boron clusters-based photosensitizers by covalent bonding between bodipy of porphyrionoids derivatives as luminescent systems and inorganic boron clusters. For the preparation of the new PSs we will use well-known synthetic approaches and the expertise of Dr. Rosario Núñez's group in the synthesis of boron cluster-based compounds. 2. Characterization by standard spectroscopic techniques of the above systems (FT-IR, $^1H$ , $^{13}C$ , $^{11}B$ NMR), mass spectrometry and X-Ray diffraction analyses will be performed. 3. The photophysical properties of the synthesized PSs will be evaluated by UV-Vis and fluorescence spectroscopy in solution. Molar extinction coefficients and fluorescent quantum yields will be determined using standard methods. Later, the singlet oxygen production will be also evaluated. 4. Some of the most promising synthesized PSs will be evaluated for their antibacterial properties triggered by visible light excitation toward a set of bacterial pathogens (Gram-positive and Gram-negative) commonly associated with antimicrobial resistance. These studies will be performed in the BMG group at IBB (Campus UAB). The candidate will be directly involved in these studies which will give a complementary training.	<a href="https://www.icmb.es/smhnm/imi">https://www.icmb.es/smhnm/imi</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0594	OLIAS SANCHEZ, RAQUEL	rolias@eez.csic.es	ESTACION EXPERIMENTAL DEL ZAIDIN	Diseño de una barrera intestinal inmadura a partir de la línea Celular Caco-2 para mimetizar el epitelio intestinal del bebé	El grupo de Nutrición, Salud Gastrointestinal y Seguridad Alimentaria de la EEZ-CSIC está desarrollando el proyecto del plan estatal "Estrategias combinadas para evaluar la biodisponibilidad de nutrientes y la funcionalidad de fórmulas infantiles (IFs) suplementadas con oligosacáridos de leche humana (HMOs)", IPs: Alfonso Clemente Gimeno y Cristina Delgado Andrade. La evaluación de la funcionalidad de las IFs enriquecidas en HMOs consideradas en este proyecto hace necesario el desarrollo de una barrera intestinal que mimetice el epitelio intestinal del neonato sano (2-5 meses de edad), caracterizado por tener un alto grado de inmadurez y una permeabilidad distinta del epitelio del adulto sano. Nuestro grupo de investigación participa en la red internacional INFOGEST, que persigue la armonización de los protocolos de digestión gastrointestinal para las distintas edades población (Brodtkorb et al. 2019, Nat Protoc 14, 991–1014; Delgado-Andrade et al. 2023, Antioxidants 13, 118) y el desarrollo de modelos de absorción para estudiar el transporte de nutrientes y compuestos bioactivos accesibles tras digestión. Gracias al apoyo de esta red, nuestro proyecto desarrollará un modelo de epitelio inmaduro de neonato sano partiendo de una línea celular procedente de carcinoma de colon humano, la Caco-2. Tras un tratamiento con compuestos químicos capaces de alterar las uniones estrechas del enterocito, se analizará la integridad de la barrera empleando la medida de la resistencia eléctrica transepitelial (TEER) y el estudio de la permeabilidad paracelular con el test lucifer yellow. Una que la permeabilidad y la TEER hayan quedado ajustadas a las condiciones del neonato, se empleará la barrera diseñada en ensayos de viabilidad celular y en estudios de absorción y transporte de aminoácidos desde la fracción bioaccesible de IFs en polvo y en forma líquida. El mencionado proyecto supone una oportunidad formativa para un recién graduado con interés en conocer los fundamentos de la carrera científica y su aportación a la sociedad. El estudiante se involucrará en todas las tareas de puesta a punto de los procedimientos, participando con los investigadores en la implementación de la nueva metodología en el grupo de investigación. Además de capacitarlo en esta técnica, se beneficiará de participar en un entorno de trabajo altamente especializado, con acceso a seminarios formativos dentro del ciclo interno de la Estación Experimental del Zaidín y de la Unive	<a href="https://www.eez.csic.es/nutricion-salud-y-seguridad-alimentaria">https://www.eez.csic.es/nutricion-salud-y-seguridad-alimentaria</a>
JAEINT24_EX_0542	OLIVEIRA BARROSO, FILIPE ANDRE	filipe.barroso@cajal.csic.es	INSTITUTO CAJAL	Evaluación de la plasticidad corticoespinal y reducción del temblor tras la estimulación eléctrica periférica – estudio longitudinal	El temblor patológico es el trastorno del movimiento más común y un síntoma cardinal del temblor esencial. Aproximadamente un tercio de los pacientes con temblor esencial no responden al tratamiento farmacológico. Para los casos refractarios se puede recurrir a otras opciones como la estimulación cerebral profunda o la cirugía ablativa. Sin embargo, estas intervenciones son caras e invasivas y no todos los pacientes son candidatos. Por lo tanto, existe una clara necesidad de una solución eficaz, inocua y accesible para estos pacientes. En los últimos años, la estimulación eléctrica periférica (EEP) ha surgido como una alternativa para la reducción del temblor. La EEP consiste en la aplicación de corrientes eléctricas a través de electrodos para modular la función sensoriomotora mediante el reclutamiento de vías aferentes y eferentes con el propósito de, en este caso, alterar los circuitos anormales involucrados en la manifestación del temblor. Estudios previos de nuestro grupo (Pascual-Valdúnciel et al., 2021 - DOI: 10.1109/TBME.2020.3015572) demostraron efectos prolongados (hasta 24h) en la reducción del temblor en pacientes con temblor esencial tras una sola sesión de estimulación. Nuestros resultados preliminares apuntan a que la reducción del temblor observada en pacientes se debe a cambios plásticos neuronales. Estas evidencias abren el camino para desarrollar intervenciones longitudinales hacia una terapia estandarizada ampliamente accesible para pacientes que no responden a la medicación o no son elegibles para tratamientos quirúrgicos. Este Plan de formación incluye la participación en 1) el desarrollo de una terapia basada en un control inteligente de la EEP, utilizando técnicas basadas en Inteligencia Artificial, capaz de reducir el temblor a corto y medio plazo, mejorando sus efectos en la vida cotidiana de pacientes con temblor esencial; 2) la investigación de la capacidad de la EEP para modular los centros espinales y supraespinales involucrados en la patogénesis del temblor, utilizando evaluaciones electrofisiológicas, incluyendo grabaciones intracerebrales. El objetivo principal del proyecto es validar una tecnología que pueda ser usada en un escenario naturalista ecológicamente válido (es decir, en casa) o en la visita ambulatoria, y que pueda mejorar eficazmente la vida diaria de los pacientes con temblor esencial.	<a href="https://cajal.csic.es/en/neural-engineering-lab/">https://cajal.csic.es/en/neural-engineering-lab/</a>
JAEINT24_EX_0977	OLIVER PEREZ, EDUARDO	eduardo.oliver@cib.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS MARGARITA SALAS	Iniciación a la investigación traslacional en enfermedades cardiopulmonares	La persona beneficiaria se incorporará al grupo de investigación dirigido por el Dr. Eduardo Oliver, investigador Ramón y Cajal, especializado en investigación traslacional en farmacología experimental y búsqueda de dianas terapéuticas en trastornos cardiopulmonares, en el Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas (CIB) en Madrid. Este laboratorio aborda desde la investigación básica o pre-clínica con cultivos celulares y modelos animales de ratón hasta la investigación traslacional-clínica trabajando con muestras de pacientes. La persona beneficiaria será formada y supervisada estrechamente por el Dr. Oliver y su equipo, y participará en el proyecto ADRENALIN financiado por las ayudas a Proyectos de Generación de Conocimiento 2021 del Ministerio de Ciencia e Innovación (Ref: PID2021-123167OB-I00). El objetivo principal del proyecto es comprender mejor el papel de la disfunción endotelial en la aparición, evolución y tratamiento de la Hipertensión Arterial Pulmonar, y el estudio del eje del receptor adrenérgico β3-endotelial y la conexión con el metabolismo celular como posible estrategia terapéutica para proteger la vasculatura pulmonar. Para ello, la persona beneficiaria aprenderá y realizará diversas técnicas en el ámbito de la biología molecular y celular como extracción y cuantificación de ácidos nucleicos y proteínas, PCR a tiempo real, Western Blot, cultivo de células primarias de arterias, microscopía confocal, microscopía electrónica de transmisión, ELISA, citometría de flujo y estudio de metabolismo celular. Además de aplicarse sobre células, estas técnicas se aplicarán sobre muestras de tejidos de ratones con hipertensión pulmonar sometidos a diferentes tratamientos con el fin de evaluar su impacto desde el plano molecular y anatomopatológico mediante el uso de tinciones de histopatología e inmunohistoquímica en cortes de pulmón y corazón. La persona beneficiaria formará parte de publicaciones y comunicaciones en correspondencia con el trabajo realizado. El laboratorio cuenta con fondos adicionales suficientes para garantizar la implicación y formación de la persona candidata y apoyará en la solicitud de ayudas a la persona beneficiaria que muestre aptitudes y deseo de realizar una tesis doctoral en el grupo.	<a href="https://www.cib.csic.es/es/departamentos/biomedicina-molecular/farmacologia-experimental-y-nuevas-dianas-en-desordenes">https://www.cib.csic.es/es/departamentos/biomedicina-molecular/farmacologia-experimental-y-nuevas-dianas-en-desordenes</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1724	OLIVER POZO, FRANCISCO JAVIER	joliver@pb.csic.es	INSTITUTO DE PARASITOLOGIA Y BIOMEDICINA LOPEZ NEYRA	Unraveling the Hidden Regulatory Complexities of Intratumor Hypoxia	<p>Tumor angiogenesis, driven by hypoxia, is a hallmark of cancer cell spread and resistance to antiangiogenic treatment remains a major clinical challenge. Tumors resistant to anti-angiogenic drugs seek alternative strategies, mainly through non-endothelial vascular channels denominated vasculogenic mimicry (VM), for nutrient and oxygen supply. Tumor adaptation to hypoxia triggers drastic metabolic changes in cells: Over 1500 hypoxia-inducible factor (HIF) target genes are involved in processes such as blood vessel formation, glycolysis activation, cancer stem cell regulation, tumor dormancy, exosome production, promoting cell survival, growth, migration, and metastasis. Hypoxia correlates with poor overall and disease-free survival and treatment failure. HIFs, consisting of O<sub>2</sub>-regulated HIF-<math>\alpha</math> and constitutively expressed HIF-1<math>\beta</math> subunits, respond to low oxygen levels by modulating gene expression. The identification of novel regulators of tumor hypoxia is crucial for overcoming aberrant angiogenesis, resistance to antiangiogenic treatment and tumor adaptation to low oxygen conditions. TNKS1 and 2, members of the PARP family, influence various cellular functions, including mitotic progression, glucose metabolism, and protein degradation. Preliminary findings from our group indicate that TNKS, particularly TNKS1, affect HIF-1<math>\alpha</math> stability and the expression of HIF-1-dependent targets, as well as VM formation. VM, driven by hypoxia, poses a challenge in cancer research, limiting the efficacy of anti-angiogenic treatments. TNKS may play a role in both HIF-1<math>\alpha</math> stability and VM formation. The hypothesis postulates that intratumor hypoxia modulation by tankyrase(s) influences HIF-1<math>\alpha</math> stability, activation, and cancer-associated VM. TNKS, which regulate telomeres, hypoxia, and glycolysis, may alter the conversion of metastatic cells to endothelial-like cells, impacting tumor aberrant angiogenesis at different levels. The JAEintro personnel will develop a working program with this Specific aim: Characterize the functional interaction of Tankyrases (TNKS1 and 2) with the hypoxic-response components including prolylhydroxylases and other ankyrin binding proteins, in VM deficient and proficient uveal melanoma and skin melanoma cell through the use of methodology involving 3D cell culture, site-directed mutagenesis assays, protein-protein interaction methods, global proteomic assays and bioinformatic analysis.</p>	<a href="https://www.ipb.csic.es/departamentos/joliver.html?depto=Dpto.deBiologiaCelulareInmunologia">https://www.ipb.csic.es/departamentos/joliver.html?depto=Dpto.deBiologiaCelulareInmunologia</a>
JAEINT24_EX_0500	OLMEDA CASADOME, DAVID	dolmeda@iib.uam.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES BIOMEDICAS SOLS-MORREALE	Explorando los Nichos Pre-metastásicos linfovasculares y su Impacto en la Metástasis y Latencia del Cáncer de Mama.	<p>La metástasis representa uno de los mayores desafíos en el campo de la oncología, siendo la capacidad de las células cancerosas de diseminarse y formar nuevas masas tumorales en sitios distantes del cuerpo un factor crucial en la progresión de la enfermedad y la mortalidad asociada. A pesar de los significativos avances científicos en la comprensión de los mecanismos moleculares que subyacen a la formación de tumores primarios, los procesos específicos que regulan la metástasis continúan siendo en gran medida un enigma. En particular, la activación de nichos pre-metastásicos representa uno de los aspectos más críticos y menos comprendidos en el desarrollo de la metástasis. Nuestro laboratorio ha avanzado significativamente en el estudio de los nichos pre-metastásicos al identificar un elemento hasta ahora no reconocido en su compleja estructura: el endotelio linfático. Este hallazgo es de vital importancia, revelando que el endotelio linfático desempeña un papel activo en la configuración de los nichos pre-metastásicos linfovasculares. De forma sorprendente, estos nichos son preparados por el tumor primario con antelación a la llegada de las células cancerígenas, designando anticipadamente los sitios para el desarrollo metastásico futuro (Olmeda D. et al. Nature 2017; <a href="https://bit.ly/MetAlert_m">https://bit.ly/MetAlert_m</a>). Sin embargo, aún queda por desvelar el papel exacto de estos nichos linfovasculares en la futura colonización y en la regulación de la transición hacia un estado de latencia prolongada, o "Dormancy". Para avanzar en nuestra comprensión de estos procesos, usaremos de co-cultivos de endotelio linfático y organoides de cáncer de mama con distinta capacidad metastásica. Estos modelos serán analizados mediante técnicas avanzadas de imagen para observar la interacción entre las células cancerosas y los nichos linfovasculares. Paralelamente, análisis multi-ómicos facilitarán la decodificación de la comunicación entre las células tumorales y el endotelio linfático. Este enfoque multidisciplinar nos permitirá investigar cómo estas interacciones afectan el destino metastásico de las células y su capacidad para ingresar en estados de latencia.</p>	<a href="https://www.iib.uam.es/web/iibm/departamentos?p_id=APGIportlet_WAR_IIBMappPortlets_INSTANCE_kZlZqVBi9jPM&amp;p_p_lifecycle=0&amp;_APGIportlet_WAR_">https://www.iib.uam.es/web/iibm/departamentos?p_id=APGIportlet_WAR_IIBMappPortlets_INSTANCE_kZlZqVBi9jPM&amp;p_p_lifecycle=0&amp;_APGIportlet_WAR_</a>
JAEINT24_EX_1507	OLMOS ARANDA, ENRIQUE MANUEL	eolmos@cebas.csic.es	CENTRO DE EDAFOLOGIA Y BIOLOGIA APLICADA DEL SEGURA	Mecanismo de tolerancia al estrés salino en quinoa	<p>La salinidad en suelos y en aguas de riego es un problema para la agricultura, siendo uno de los factores que más va a limitar la productividad de los cultivos. En los últimos años se ha propuesto la introducción de nuevas especies que sean capaces de crecer y desarrollarse en condiciones de baja necesidad hídrica y alta conductividad eléctrica de las aguas de riego. Una de las opciones es la introducción de especies halófitas. Actualmente, una de las especies halófitas con mayor potencial como fuente de alimentación humana es la quinoa (<i>Chenopodium quinoa</i> Willd.) debido a su alta tolerancia al estrés abiótico y alta calidad nutricional. Este trabajo pretende incrementar el conocimiento de los mecanismos que gobiernan la tolerancia al estrés salino de la quinoa. Se explorarán las respuestas morfológicas, metabólicas, celulares y moleculares que pueden dirigir esta tolerancia. La quinoa posee una gran variabilidad en su respuesta al estrés salino por lo que se compararán diferentes variedades. La formación del estudiante incluirá la realización de actividades para la mejora de sus conocimientos y destrezas en investigación. Para ello, propondremos actividades donde el estudiante aplique los conocimientos adquiridos durante su grado y que, con la ayuda del investigador, sea capaz de realizar un estudio fisiológico y bioquímico de diferentes genotipos de quinoa. JUSTIFICACIÓN: Introducción del cultivo de especies emergentes como la quinoa que sean sostenibles para la agricultura y medioambiente y adaptadas a condiciones de estrés abiótico. El trabajo a realizar por el estudiante se enmarcará en este ámbito. FASES DEL TRABAJO: Estudio del efecto del estrés salino en quinoa mediante caracterización fisiológica y bioquímica de las diferentes variedades en los diferentes tratamientos. Identificación/cuantificación de nutrientes y metabolitos relacionados con los mecanismos de tolerancia al estrés salino. El estudiante estará implicado en las actividades de formación: -Germinación y crecimiento, así como la caracterización de plantas de quinoa, crecidas en condiciones control y de estrés salino. -Aprender a hacer extracciones de hoja, tallo y raíz para iónica, metabolómica, etc. -Identificación-cuantificación de compuestos del metabolismo primario-secundario implicados en la respuesta al estrés salino. --Análisis de la homeostasis iónica (hojas, tallo y raíces). -Estudio celular mediante el uso de técnicas de microscopía óptica y electrónica.</p>	<a href="http://www.cebas.csic.es">www.cebas.csic.es</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0245	O'LOGHLEN VELICIA, ANNE PATRICIA	ana.ologhlen@cib.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS MARGARITA SALAS	Identification of novel genes regulating cellular senescence and cancer for personalized chemotherapy treatment.	A key characteristic of cancer cells is the deregulation of cyclin-dependent kinases (CDKs) leading to uncontrolled cell proliferation. Accordingly, treatment with CDK4/6 inhibitors in cancer induce a cellular phenotype denominated senescence. Cellular senescence is defined as a state in which cells lose their proliferative capacity and comprise a complex inflammatory response known as the senescence-associated secretory phenotype (SASP). The SASP is composed by the secretion of a mixture of cytokines, enzymes, chemokines and extracellular vesicles that cause inflammation and is pivotal for the clearance of senescent cells by the immune system. However, the role that senescent cells plays during cancer is still under debate, with some studies showing its beneficial effects as a tumour suppressor mechanism, but others demonstrating it promotes tumorigenesis. In this project, we aim to gain a better understanding of how cancer patients will respond to CDK4/6 inhibitors in order to provide personalized and individualized cancer treatment. We have previously identified several novel genes involved in tumorigenesis by unveiling genes regulating senescence using unbiased functional screens. These screens include the use of short hairpin RNA (shRNA)4, microRNA (miRNA)3 and also CRISPR/Cas9 screens. In fact, we performed a CRISPR/Cas9 screen to identify genes whose loss of function prevent the proliferative arrest induced by treating breast cancer cells with cyclin dependent pharmacological inhibitors. Here, we identified different pathways that regulate senescence and cancer such as the coagulation and lipid biosynthesis pathways. We will validate the CRISPR/Cas9 screen with additional shRNA technology and other cancer models. Furthermore, we will investigate lipidomic changes induced during senescence in cancer and perform functional assay to confirm the importance of this pathway in senescence. Our in vitro data will be further confirmed using animal models and patient samples. Overall, this project will identify the implication of lipidomics in regulating senescence with the aim to predict patient chemotherapy response and allow patient stratification and personalized treatment. References 1. Carpintero-Fernandez et al. (2022) Cell Death Dis 13, 163 2. Rapisarda et al. (2017) Cell Rep 18, 2480-2493 3. O'Loghlen et al. (2012) Cell Stem Cell 10, 33-46 4. Acosta et al. (2008) Cell 133, 1006-1018 5. Shalem et al. (2014) Science 343, 84-87	<a href="https://www.cib.csic.es/members/ana-ologhlen-velicia">https://www.cib.csic.es/members/ana-ologhlen-velicia</a>
JAEINT24_EX_0452	ORGAZ BUENO, JOSE LUIS	jlorgaz@iib.uam.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES BIOMÉDICAS SOLS-MORREALE	Estudio de la regulación del citoesqueleto de miosina no muscular durante la progresión maligna del melanoma cutáneo y la resistencia a terapia	El proyecto formativo incluye la participación en labores experimentales en los proyectos en curso "Investigando la regulación de miosina II durante la adaptación a terapias dirigidas en melanoma e intervenciones terapéuticas potenciales para retrasar la resistencia" (Atracción de Talento CAM) y "Estudio de la regulación de miosina no muscular de clase II en la progresión del melanoma" (Proyectos de Generación de Conocimiento MCIN). La persona seleccionada participará en el estudio de la regulación de la expresión y actividad del citoesqueleto de miosina no muscular de clase II (NMII) durante la progresión maligna del melanoma cutáneo y durante la adaptación y resistencia a inhibidores de la vía MAPK. El fin último es encontrar nuevos reguladores de NMII que puedan ser dianas terapéuticas en melanoma y quizá en otros tumores. El trabajo en el laboratorio durante la estancia contribuirá a la adquisición de una base formativa para el desarrollo de una carrera investigadora en el área de la biología molecular y celular y biomedicina. En particular, contribuirá a adquirir las destrezas básicas para el trabajo en un laboratorio de biología molecular y celular, saber aplicar el método científico, organizar y planificar correctamente el trabajo de laboratorio, y conocer las normas y principios generales de seguridad y salud en laboratorios. Se promoverá la adquisición de conocimientos básicos en el área de estudio (melanoma, citoesqueleto), de la capacidad de análisis crítico de los resultados obtenidos, y de la habilidad para identificar problemas técnicos y buscar soluciones prácticas y creativas, en el contexto del proyecto de investigación. Asimismo, se hará especial énfasis en ayudar a desarrollar la capacidad de presentar los resultados obtenidos durante la estancia, tanto de manera oral como escrita, de una manera clara, concisa y efectiva. Las técnicas a aprender serán, entre otras: - cultivo celular; cultivo de líneas celulares de melanoma y de cultivos primarios de melanocitos, tratamiento con fármacos de bajo peso molecular, transfección con RNAi; - análisis bioquímico (immunoblot, RT-PCR cuantitativa) y celular (immunofluorescencia); - análisis de ciclo celular, viabilidad y supervivencia celular; - análisis bioinformático de datos de expresión génica de bases de datos públicas. La supervisión será llevada a cabo por el IP del laboratorio, Jose Orgaz, con la colaboración de 2 investigadoras predoctorales.	<a href="http://iib.uam.es/grupo?id=gr_cytoskinvasme">http://iib.uam.es/grupo?id=gr_cytoskinvasme</a>
JAEINT24_EX_1191	ORTEGA CASAMAYOR, EMILIO	e.o.casamayor@csic.es	CENTRO DE ESTUDIOS AVANZADOS DE BLANES	Ecología microbiana de las conexiones cerebro-intestino y comportamiento animal	El comportamiento es la forma en que un sistema cognitivo reacciona en respuesta a una situación o estímulo particular. Es un continuo natural en el que coexisten algunas de las preguntas más desafiantes de la física, la biología, las neurociencias, la psicología y las ciencias sociales. La forma en que un sistema cognitivo elige priorizar y ordenar sus actividades es esencial para su capacidad de sobrevivir, adaptarse y reproducirse. Comprender cómo estos sistemas integran la información del entorno, la experiencia pasada y los estados internos para producir comportamientos útiles es un objetivo clave de las ciencias del comportamiento. En la última década, disciplinas como la Microbiología y la Neurociencia han confluído en la caracterización de las interacciones dinámicas que se dan entre animales y bacterias intestinales residentes, que contribuyen al establecimiento y funcionamiento de los sistemas neurológicos. Estudios recientes han desvelado el papel primordial de la microbiota intestinal en el desarrollo cognitivo, el comportamiento y la homeostasis, generalmente a través de la producción y modulación de factores metabólicos, inmunológicos y neuroquímicos. Esta nueva perspectiva ha permitido correlacionar la composición y función de la microbiota intestinal con los mecanismos subyacentes de muchos desórdenes neuropsiquiátricos y neurodegenerativos, provocando un cambio de paradigma en cuanto al impacto que ejercen los microorganismos del intestino en la salud y en la enfermedad de los individuos. El término gut-brain axis designa la compleja red de interconexiones que permiten comunicación bidireccional entre el tracto gastrointestinal y el cerebro. Consecuentemente, entran en sinergia mecanismos intestinales periféricos que pueden estar modulados por bacterias (activación inmunológica, permeabilidad y motilidad entérica, señalización entero-endocrina) y funciones del sistema nervioso central y autónomo (regulación del comportamiento, emociones, cognición). La persona seleccionada se integrará en el grupo de Ecología del Microbioma Global del CEAB utilizando aproximaciones empíricas y computacionales de alto rendimiento y sistemas experimentales avanzados de rastreo de movimiento animal de alta resolución explorando la ecología microbiana de las conexiones cerebro-intestino y la manifestación de esas interacciones en los cambios del comportamiento animal. Se ofrece la posibilidad de desarrollar esta temática como proyecto de tesis doctoral.	<a href="https://www.ceab.csic.es/persona/emilio-ortega-casamayor/">https://www.ceab.csic.es/persona/emilio-ortega-casamayor/</a>



REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1176	ORTEGA CERDA, MIGUEL	m.ortega@csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS DEL MAR	Diseño de indicadores socio-ecológicos y económicos pesqueros	La persona que se incorpore a través de esta ayuda se integrará a la línea de trabajo que estamos llevando a cabo de diseño de indicadores socio-económico y ecológicos pesqueros. En concreto, contribuirá al cálculo de indicadores siguiendo la estructura propuesta en el marco de la "economía doughnut" en diversas flotas pesqueras, un ámbito en el que el grupo de trabajo ha sido pionero y dispone de experiencia demostrada. El investigador podrá optar entre trabajar en pesquerías de cerco o arrastre Mediterráneas españolas, o de cerco cantábrico o gallego en aguas nacionales, según su preferencia. Las tareas a realizar incluyen: entrevistas a actores clave relacionados con la pesquería (pescadores, administración, científicos, ONGs), revisión bibliográfica, recopilación de información estadística, cálculo de indicadores a partir de la información recogida, y elaboración de un informe específico. El informe final incluirá la explicación del marco en el que se ha trabajado, la metodología utilizada, los resultados obtenidos, así como la comparación con otros marcos conceptuales y con los resultados en otras pesquerías. En función de los resultados obtenidos se contemplará la posibilidad de elaborar un artículo para una revista científica, la preparación de infografías, así como la comunicación a los actores potencialmente interesados a través de la participación en jornadas de comunicación y otras estrategias comunicativas. Durante todo el proceso se llevará a cabo un seguimiento por parte del investigador responsable, incluyendo cuanto mínimo una reunión bisemanal formal de seguimiento. El perfil del candidato es flexible en términos de formación, si bien se requiere un buen conocimiento de inglés, ya que toda la documentación sobre la temática es en este idioma, buen conocimiento las herramientas básicas de office, capacidad de trabajar con bases de datos y responsabilidad, rigurosidad y autonomía. No es imprescindible el trabajo presencial en el Instituto de Ciencias del Mar.	<a href="https://www.icm.csic.es/es/grupo-investigacion/funcionamiento-y-vulnerabilidad-de-ecosistemas-marinos">https://www.icm.csic.es/es/grupo-investigacion/funcionamiento-y-vulnerabilidad-de-ecosistemas-marinos</a>
JAEINT24_EX_0198	ORTEGA MOLINA, ANA	aortega@cibm.csic.es	CENTRO DE BIOLOGIA MOLECULAR SEVERO OCHOA	Estudio de posibles alternativas para superar la resistencia a inmunoterapia de los linfomas B agresivos	El candidato con este programa contribuirá al desarrollo del proyecto "Estudio de posibles alternativas para superar la resistencia a inmunoterapia de los linfomas B agresivos" y específicamente, las actividades de formación se pueden describir atendiendo a los objetivos descritos son: 1. Identificar genes y rutas relacionadas con respuesta inmune que estén diferencialmente expresados en los linfomas de células B de alto grado (HGBL) que portan translocaciones en MYC y en BCL2. El candidato adquirirá conocimientos de biología molecular y celular como son las técnicas de extracción y detección de ARN mensajero (ARNm). Aprenderá a manejar softwares bioinformáticos para el procesamiento de datos de secuenciación y estudios de transcriptómica funcional. 2. Cultivo celulares de líneas celulares de linfomas y ensayos funcionales de pérdida y ganancia de función de diferentes candidatos. El candidato adquirirá conocimientos de clonaje y cultivos celulares, así como PCR y diseño de oligos. Empleará herramientas de edición genética y citometría de flujo. 3. Caracterización del microambiente tumoral en diferentes modelos de linfoma agresivo usando técnicas de citometría espectral	<a href="https://www.cbm.uam.es/en/research/programs/interactions-with-the-environment/immune-system-development-and-function/metabolism-in-cancer-an">https://www.cbm.uam.es/en/research/programs/interactions-with-the-environment/immune-system-development-and-function/metabolism-in-cancer-an</a>
JAEINT24_EX_0538	ORTEGA PORTERO, ESTHER	eortega@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Caracterización de factores proteicos implicados en estrés replicativo.	El estudiante se integrará en un proyecto de investigación en el grupo de la Dra. Esther Ortega en el Centro Nacional de Biotecnología (CNB-CSIC). Nuestro grupo está interesado en investigar el papel de diferentes factores proteicos que son importantes y clave en la protección de la maquinaria de replicación en células eucariotas en condiciones de estrés oxidativo. Descifrar la estructura de estas proteínas a nivel molecular/atómico es esencial para entender su función en la integridad del genoma celular. Los objetivos experimentales que el estudiante realizará durante estos meses, serán a) clonación de fragmentos de ADN - en vectores de expresión - que codifican para proteínas recombinantes importantes en estos procesos, b) El análisis de expresión de proteínas recombinantes en bacteria y sistemas eucariotas c) La expresión de proteínas recombinantes como proteínas de fusión c) La purificación de proteínas recombinantes mediante cromatografía de afinidad, intercambio iónico y exclusión molecular d) La posibilidad de realizar ensayos de interacción entre proteína/ADN. Para alcanzar estos objetivos, el estudiante recibirá formación en técnicas de biología molecular, como: amplificación de fragmentos de ADN mediante PCR, electroforesis en geles de agarosa, digestión de ADN con enzimas de restricción, clonación en vectores de expresión, transformación en células bacterianas o transfección en células eucariotas. Además de formación y experiencia en técnicas de purificación de proteínas, biofísicas y la posibilidad de realizar experimentos de criomicroscopía electrónica, cristalización de rayos-x y análisis de estos datos experimentales.	<a href="https://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/estructura-de-macromoleculas/molecular-mechanisms-transcri">https://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/estructura-de-macromoleculas/molecular-mechanisms-transcri</a>



REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1502	OTERO HERMIDA, PAULA	pauother@upvnet.upv.es	INSTITUTO DE GESTION DE LA INNOVACION Y DEL CONOCIMIENTO	Estudios sociales de la investigación neurológica de las transformaciones maternas (Matrescencia)	A continuación se presentan las líneas de investigación transdisciplinares recientemente debatidas por el equipo del centro de ciencias sociales INGENIO CSIC-UPV (Paula Otero, Oksana Udovik, Sara Sánchez) y el grupo de investigación en el cerebro materno Neuromaternal del Hospital Gregorio Marañón, liderado por Susana Carmona. Se trata de un programa emergente de largo alcance para el que estamos buscando distintas financiación, y que se centra en el impacto social y la dimensión social de las investigaciones sobre las transformaciones neurológicas maternas durante embarazo y crianza. El grupo Neuromaternal del Hospital Gregorio Marañón es un equipo puntero a nivel mundial con varias publicaciones en Nature y amplia y conflictiva repercusión social, presente en medios como The Economist o New York Times. Su investigación es emergente y el tratamiento mediático es muy controvertido. Se ha detectado que ideologías muy diferentes utilizan sus resultados para apoyar sus ideas y que el tratamiento mediático de los cambios cerebrales puede impactar negativamente en las madres, ya que frecuentemente se presenta como atrofia, a pesar de que los resultados no apuntan hacia ahí, entre otros aspectos. El equipo realiza diferentes estrategias para abordar esta realidad, así como este impacto social percibido influencia cómo desarrollan su investigación, apuntando hacia una mayor cautela, entre otros. Así mismo, Otero ha desarrollado un trabajo teórico sobre la insensibilización- aquello que no sólo es invisible, sino que está limitado en sus condiciones para ser percibido (Rancière, 2000)- de las transformaciones maternas y cómo esto impacta en nuestra concepción filosófica y fisiológica de los procesos de materialización. Sumando estas preocupaciones e interés científico, hemos planteado las siguientes líneas a desarrollar: 1) Análisis del impacto social de la investigación Neuromaternal y su relación bidireccional con los planteamientos científicos del investigador. 2) Colaboración interdisciplinar en la investigación sobre cerebros maternos y parentales: contribución desde las Ciencias Sociales al análisis del entorno social y las condiciones de las mujeres objeto de estudio en términos neurológicos. 3) Análisis de la percepción social de la maternidad: imaginarios sociales actuales y posibles escenarios futuros. Ampliar la comprensión de qué es ser madre/padre y qué cambios conlleva, conocer mejor el "sustrato" sobre el que las madres perciben los resul	<a href="https://www.ingenio.upv.es/es">https://www.ingenio.upv.es/es</a>
JAEINT24_EX_1233	PACHECO LABRADOR, JAVIER	javier.pacheco@csic.es	INSTITUTO DE ECONOMIA, GEOGRAFIA Y DEMOGRAFIA	Espectro-radiometría y teledetección ambiental aplicadas al estudio del funcionamiento de los ecosistemas mediterráneos y su diversidad	El Laboratorio de Espectro-radiometría y Teledetección Ambiental (SpecLab) del CSIC es un laboratorio de referencia a nivel nacional y competitivo a nivel internacional en el ámbito de la espectro-radiometría aplicada a la teledetección ambiental en ecosistemas Mediterráneos. El laboratorio desarrolla diversos proyectos relacionados la estimación de la diversidad de la vegetación y la monitorización del funcionamiento de ecosistemas de dehesa, la eficiencia del uso del agua y la productividad en pastizales y cultivos de cereal mediterráneos mediante teledetección. El plan de formación JAE Intro propuesto incluye: 1. Formación teórica que complemente la adquirida por el candidato/a en sus estudios de ingeniería, licenciatura y/o grado en los siguientes temas: • Diseño experimental de muestreos y análisis de muestras de vegetación para la estimación de parámetros biofísicos, caracterización del funcionamiento de los ecosistemas y su diversidad • Fundamentos de programación y gestión y organización de bases de datos ambientales y espectrales • Manejo de software especializado de SIG y Teledetección • Análisis de datos e imágenes espectrales. 2. Formación práctica en relación a los complementos teóricos antes mencionados, incluyendo el manejo de la instrumentación específica de espectro-radiometría y medidas biofísicas de la vegetación. 3. Participación activa en las actividades científico-técnicas del laboratorio: • Adquisición de datos espectrales con sensores de campo y muestras vegetales para estimar parámetros biofísicos de la vegetación y diversidad funcional con medidas in situ y/o para interpretar o validar las mediciones obtenidas desde plataformas aéreas (drones, aviones) • Planificación y ejecución de campañas de adquisición de datos con espectro-radiómetro portátil para la calibración de imágenes aeroportadas (aviones y drones)/satelitales y la caracterización espectral de cubiertas • Tratamiento y análisis de los datos obtenidos en campo -documentación, depuración e interpretación-, así como imágenes adquiridas por satélites u otras plataformas. Esta formación será impartida por el personal de SpecLab y complementada mediante cursos y seminarios especializados, de carácter eminentemente práctico, ofertados por Centros-Universidades nacionales e internacionales en el marco de las colaboraciones científicas que mantienen investigadores de SpecLab con estos centros.	<a href="http://speclab.csic.es/">http://speclab.csic.es/</a>
JAEINT24_EX_0141	PACHÓN IBÁÑEZ, Mª EUGENIA	mpachon-ibis@us.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA DE SEVILLA	Estudio de las bacteriemia por Campylobacter spp. Impacto de las inmunodeficiencias primarias en las recidivas y optimización del tratamiento antibiót	La bacteriemia por Campylobacter spp., y específicamente por Campylobacter coli, es una enfermedad emergente que afecta principalmente a pacientes inmunocomprometidos. Su alta tasa de recurrencia en pacientes con agammaglobulinemia y su creciente resistencia a los antimicrobianos hace que su tratamiento sea un desafío ya que la información disponible es muy escasa. Los objetivos de este estudio son evaluar la incidencia de las diferentes especies de Campylobacter que causan bacteriemia, su relación con enfermedades concomitantes, así como sus complicaciones focales (infecciosas y no infecciosas) y el pronóstico; estudiar la virulencia de las cepas aisladas, in vitro e in vivo; determinar si las recidivas son reinfecciones o recidivas; estudiar la eficacia del tratamiento antibiótico para evitar recidivas tanto en las cohortes clínicas como en modelos murinos y analizar la concentración de anticuerpos neutralizantes frente a este microorganismo en los diferentes preparados comerciales de inmunoglobulinas. Para ello se realizará un estudio multicéntrico de cohortes clínicas de bacteriemia por Campylobacter spp. que incluye a los CSUR de inmunodeficiencia primaria españoles, en el que se realizarán análisis de factores de riesgo y evolutivos, estudios fenotípicos, estudios de secuenciación y estudios de factores de virulencia de los aislados en sangre; así como un modelo murino para evaluar la eficacia del tratamiento antibiótico. El candidato, trabajara en los estudios fenotípicos, estudios de secuenciación y estudios de factores de virulencia de los aislados en sangre.	<a href="https://www.ibis-sevilla.es/es/investigacion/enfermedades-infecciosas-y-del-sistema-inmunitario/resistencia-bacterianas-y-antimicrobianos/">https://www.ibis-sevilla.es/es/investigacion/enfermedades-infecciosas-y-del-sistema-inmunitario/resistencia-bacterianas-y-antimicrobianos/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1531	PALOMER VILA, ERNEST	epalomer@cbm.csic.es	CENTRO DE BIOLOGIA MOLECULAR SEVERO OCHOA	Cell-type study of H4K20me3: new targets for Alzheimer's disease	Alzheimer's disease (AD) studies have shown that genetic variants and gene expression changes underlie AD onset and progression. In fact, targeting epigenetic regulation of gene expression improves memory deficits in AD models. Among the different epigenetic regulations, histone methylation is emerging as a key because a clinical trial aiming to increase an activating histone methylation ameliorates aggression, agitation, and CSF markers in AD patients. Interestingly, histone methylation enzymes present high substrate specificity and their expression is rather cell-type specific in the brain. Thus, new cell-type studies are required to understand the role of histone methylation in AD. The repressive epigenetic mark tri-methylation of lysine 20 of histone H4 (H4K20me3) is the only repressive histone methylation found increased in AD human brains (Nativio et al. 2020). We found increased expression of H4K20me3 methyltransferases (KMT5s) in AD human brains, which are upregulated in a cell-type manner. In addition, our results show that KMT5s and their upstream regulators are targetable in AD, rescuing H4K20me3 levels in vitro and in vivo. In this project, we will use a multidisciplinary cell-type approach including chromatin immunoprecipitation of brain cells sorted from human tissue, single RNA molecule studies and behavioural experiments. We will first study post-mortem human AD brains to then use models and provide mechanistic insights on how aberrant H4K20me3 favours AD progression.	<a href="https://www.cbm.uam.es/es/investigacion/programas/procesos-fisiologicos-y-patologicos/neuropatologia-molecular/neuroepigenetica-de-la-fisiol">https://www.cbm.uam.es/es/investigacion/programas/procesos-fisiologicos-y-patologicos/neuropatologia-molecular/neuroepigenetica-de-la-fisiol</a>
JAEINT24_EX_0918	PANIW , MARIA	maria.paniw@ebd.csic.es	ESTACION BIOLOGICA DE DOÑANA	Invertebrados bajo estrés climático e implicaciones para los servicios ecosistémicos en Doñana	Este proyecto forma parte de nuestra investigación en curso sobre predicciones de las respuestas de invertebrados y vertebrados al cambio climático y los cambios resultantes en los servicios ecosistémicos. La becaria/el becario de JAE Intro (1) participará en experimentos de laboratorio en los que criaremos hormigas león en diferentes condiciones; (2) participará en el trabajo de campo en el Parque Nacional de Doñana donde monitorizaremos la supervivencia y el crecimiento de las hormigas león; (3) ayudará con la introducción y gestión de datos; y (4) ayudará con la modelización de los servicios ecosistémicos que proporcionan los invertebrados. Este proyecto también ofrece un amplio margen para desarrollar y ejecutar investigación propia – en particular en análisis estadístico – dependiendo del interés, las habilidades y los planes futuros de la persona en prácticas. Este proyecto es un punto de partida ideal para una tesis de máster o doctorado, en un equipo internacional dinámico y diverso.	<a href="https://globalchangeeco.com/">https://globalchangeeco.com/</a>
JAEINT24_EX_0546	PARDO MENDOZA, ISABEL	isabel.pardo@cib.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLOGICAS MARGARITA SALAS	Desarrollo de chasis bacterianos para la valorización de residuos plásticos	La creciente preocupación respecto a la contaminación causada por los plásticos ha propiciado la búsqueda de tecnologías alternativas para su reciclado y la producción sostenible de nuevos materiales bioderivados. En este proyecto, se abordará la optimización de la bacteria <i>Acinetobacter baylyi</i> como un nuevo chasis bacteriano para la bioconversión de residuos de plásticos convencionales en nuevos productos de valor añadido. Concretamente, el objetivo es obtener cepas capaces de emplear sustratos derivados de plásticos para producir ceras bacterianas y compuestos relacionados que pueden ser empleados para la síntesis de nuevos polímeros con un ciclo de vida circular, contribuyendo así a la economía sostenible de los plásticos. Para ello, se emplearán técnicas de biología sintética para elucidar y rediseñar el metabolismo de <i>A. baylyi</i> , incluyendo la generación de mutantes, el ensamblaje combinatorio de circuitos genéticos, el uso de biosensores, etc. El trabajo propuesto se engloba dentro de una línea de investigación financiada a través de un acuerdo entre el CSIC y la Fundación Reina Sofía en colaboración con la Fundación Primafrio (acuerdo no. 20210510) y un proyecto de MCIN/AEI/10.13039/50110001103 y la Unión Europea "NextGenerationEU/PRTR" (TED2021-130850A-I00), de los cuales la investigadora responsable de la estancia es la investigadora principal. Durante el proyecto, se adquirirá experiencia en técnicas de biología molecular, ingeniería metabólica, ingeniería de proteínas, cromatografía y "high-throughput screening". Además, se facilitará el desarrollo de habilidades transversales al fomentar el trabajo autónomo en el diseño, ejecución e interpretación de experimentos; la presentación de resultados en reuniones de grupo; y la asistencia a seminarios impartidos en el centro. El proyecto se llevará a cabo dentro del grupo de Biotecnología de Polímeros (POLYBIO) del CIB Margarita Salas, por lo que se tendrá la oportunidad de colaborar con un equipo multidisciplinar con gran experiencia en biología sintética y de sistemas, bioplásticos, revalorización biológica de residuos, ingeniería de procesos y ciencia de materiales.	<a href="https://cib.csic.es/project/revalorizacion-de-plasticos-ceras-bacterianas-para-produccion-de-plasticos-reciclables-en">https://cib.csic.es/project/revalorizacion-de-plasticos-ceras-bacterianas-para-produccion-de-plasticos-reciclables-en</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1149	PARDOS MINGUEZ, MARTA	pardos@inia.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS FORESTALES	Dinámica y Gestión Forestal en un escenario de cambio climático	El plan de formación se encuadra dentro de las siguientes líneas de investigación desarrolladas por la investigadora tutora: (1) Dinámica, procesos funcionales y Silvicultura de los bosques antes el cambio global, (2) Adaptación de los sistemas forestales y mitigación del cambio climático mediante gestión forestal; (3) Modelización y optimización para una gestión forestal multifuncional y sostenible. El plan tiene como objetivo introducir al solicitante en la investigación en el ámbito de la dinámica y gestión forestal, con especial énfasis en la respuesta de los sistemas forestales al cambio global, su capacidad de adaptación y su función de mitigación. Entre las actividades se incluyen el aprendizaje en (a) la realización de inventarios y toma de datos en parcelas situadas en distintos sistemas forestales y grado de madurez, (b) el seguimiento de diferentes ensayos de campo de distintas especies, (c) la caracterización de la estructura de parcelas forestales mediante el uso de LIDAR terrestre, (d) procesado de muestras en laboratorio, (e) la toma de datos biométricos de piñas y semillas de diferentes especies, y (f) la lectura de anillos de crecimiento con tableta LINTAB. Además, se realizará la formación en (i) la gestión de base de datos (depuración y preparación); (ii) la realización de análisis estadísticos preliminares de los mismos e (iii) interpretación de los resultados. Todas estas labores se realizarán bajo la supervisión de la tutora y personal del Grupo. Se contempla la posibilidad de realización de un estudio/trabajo de fin de grado/máster, así como una posible orientación a la realización de una tesis doctoral. La persona beneficiaria de la ayuda se incorporará en el Grupo de Investigación de Dinámica, Modelización y Gestión Forestal, con amplia experiencia en el estudio de los efectos de la gestión forestal en la dinámica de los sistemas forestales y sus servicios ecosistémicos, en el desarrollo de modelos que ayuden a su comprensión y en acciones ligadas con la mitigación y adaptación de los bosques al cambio climático. El grupo tiene a su vez amplia experiencia docente y de formación de investigadores en temas forestales, incluyendo la supervisión tanto de tesis doctorales como de trabajos de fin de Grado y Máster. La investigadora tutora del plan de formación cuenta con una amplia red nacional e internacional de colaboraciones en el ámbito de la dinámica y modelización forestal, ofreciendo una oportunidad excelente para adquirir	<a href="https://www.inia.es/investigacion/forestal/Gesti%C3%B3n%20forestal/Din%C3%A1mica%20modelizaci%C3%B3n%20y%20gesti%C3%B3n%20forestal/Pages/Hom">https://www.inia.es/investigacion/forestal/Gesti%C3%B3n%20forestal/Din%C3%A1mica%20modelizaci%C3%B3n%20y%20gesti%C3%B3n%20forestal/Pages/Hom</a>
JAEINT24_EX_0091	PASCUAL BRAVO, ALBERTO	a.pascual@csic.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA DE SEVILLA	La barrera hematoencefálica en salud y enfermedad, papel de la enfermedad de Alzheimer	La población europea envejece y las enfermedades asociadas a la edad ya son una carga para los sistemas socioeconómicos. En el cerebro, la edad está fuertemente asociada con una mayor incidencia de neurodegeneración, que no solo tiene un importante coste económico sino también social, constituyendo una carga duradera para las familias. La enfermedad de Alzheimer (EA) se caracteriza por la acumulación extracelular del péptido $\beta$ amiloide (A $\beta$ ) y la agregación citoplasmática de la proteína Tau hiperfosforilada. Además, el propio Alzheimer describió un aumento de la proliferación endotelial y alteraciones vasculares en el primer caso de EA descrito. Posteriormente, múltiples estudios han mostrado anomalías en los vasos sanguíneos del cerebro, hipoperfusión, acumulación de factores pro-angiogénicos y activación e inhibición contradictorias de la angiogénesis en la EA. La acumulación de A $\beta$ puede desencadenar una patología vascular, lo que lleva a una reducción subsiguiente del CBF. En apoyo de esta hipótesis, se ha sugerido que la red vascular asociada a las placas de A $\beta$ está alterada precozmente tanto en pacientes con EA como en modelos, donde hemos encontrado agujeros vasculares rodeados de áreas hipervasculares asociadas a depósitos de A $\beta$ . En trabajos anteriores con modelos de ratón con EA, describimos que i) las placas AB son generadoras de hipoxia de corto alcance, que producen una alteración local de la perfusión y una modulación de la expresión génica asociada a la hipoxia en astrocitos y microglía (Nat. Aging 2021); ii) la angiogénesis no productiva (NPA), caracterizada por la conversión masiva de células endoteliales en cicatrices vasculares (Va5) que rodean los depósitos de A $\beta$ en un proceso que requiere NOTCH y la actividad gamma-secretasa y que altera la BBB (Nat. Commun. 2021). Nuestro objetivo es caracterizar el papel de A $\beta$ en NPA y la búsqueda de supresores, mejorar las alteraciones de BBB por NPA, estudiar las alteraciones en muestras humanas, caracterizar las interacciones entre la microglía y la BBB y buscar biomarcadores de disfunción vascular. El descubrimiento de NPA como un nuevo mecanismo patológico de EA constituye una observación pionera en el campo que desafía nuestra visión actual de la enfermedad. La descripción de los mecanismos que operan en la NPA podría conducir al descubrimiento de nuevas herramientas terapéuticas y biomarcadores para esta enfermedad huérfana de tratamiento y altamente prevalente.	<a href="https://www.ibis-sevilla.es/investigacion/neurociencias/meanismos-de-mantenimiento-neuronal.aspx">https://www.ibis-sevilla.es/investigacion/neurociencias/meanismos-de-mantenimiento-neuronal.aspx</a>
JAEINT24_EX_0875	PASCUAL DURAN, NURIA	npdqob@cid.csic.es	INSTITUTO DE QUIMICA AVANZADA DE CATALUÑA	Desarrollo de anticuerpos monoclonales para diagnóstico de infecciones bacterianas en seguridad alimentaria	El trabajo a desarrollar por el candidato se llevará a cabo en el Grupo de Nanotecnología para el Diagnóstico del instituto de Química avanzada de Cataluña (IQAC-CSIC), dentro del marco de las líneas de investigación sobre diagnóstico de infecciones bacterianas, tanto en el campo de la seguridad alimentaria como en el campo clínico. El objetivo principal del candidato será enfocarse en el desarrollo de anticuerpos monoclonales dirigidos contra especies bacterianas relevantes en el ámbito de la seguridad alimentaria, con el fin de establecer sistemas de diagnóstico efectivos. Dicho trabajo sería tutorizado por la Dra. Nuria Pascual, directora Técnica del servicio de producción de anticuerpos (CABS), del grupo NB4D del IQAC (CABS), con amplia experiencia en el campo de desarrollo de anticuerpos y diseño de inmunoensayos. Entre las especies más comunes asociadas con infecciones alimentarias se encuentran Salmonella, Escherichia coli, Listeria monocytogenes, Campylobacter, Clostridium botulinum y Staphylococcus aureus. A pesar de la disponibilidad de anticuerpos comerciales para muchas de estas especies, algunos carecen de la especificidad y sensibilidad necesarias para detectar bacterias en concentraciones mínimas. Es crucial destacar la importancia de que los ensayos sean específicos para los patógenos de interés y que no detecten bacterias afines no patógenas. Para la búsqueda de anticuerpos monoclonales específicos de las especies de interés, el primer paso será la búsqueda y diseño de antígenos específicos que sean accesibles al sistema inmunitario, ya sea como antígenos de membrana o antígenos secretados en el medio. Dichos antígenos seleccionados serán sintetizados (si es necesario), y bioconjugados (si se trata de moléculas pequeñas) con el fin de obtener el inmunógeno apropiado para el desarrollo de anticuerpos. La especificidad también será evaluada durante el desarrollo de los anticuerpos monoclonales de interés, diseñando un método de screening que permita seleccionar aquellos híbridos capaces de secretar los anticuerpos más específicos entre los híbridos positivos obtenidos. Además, es fundamental alcanzar la máxima sensibilidad posible para prevenir infecciones. Los límites de detección requeridos deben ser al menos los definidos por la EFSA. Una vez desarrollados los anticuerpos de interés, el siguiente paso será su caracterización para implementarlos en sistemas de diagnóstico portátiles, preferiblemente sistemas POC (Point of Care)	<a href="https://nb4d.csic.es/">https://nb4d.csic.es/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1446	PASCUAL GARCIA, ALBERTO	alberto.pascual@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Principios que determinan la estabilidad de comunidades microbianas complejas.	Comprender los principios que determinan la formación y sostenimiento de comunidades microbianas complejas es necesario para su eventual domesticación, con un potencial tremendo en aplicaciones tan diversas como la biorremediación, la generación de nuevos polímeros o la regulación del microbioma humano. Sin embargo, las comunidades microbianas son muy complejas: contienen una gran diversidad con especies que, en la mayoría de los casos, eluden su cultivo en el laboratorio. De modo que para entender estos principios debemos servirnos de varias estrategias complementarias: i) el análisis de "omics data" que, en función de la tecnología utilizada, nos permiten saber qué especies están presentes en muestras tomadas del medio natural, los genes mayoritarios o su actividad; ii) modelos computacionales, que nos permiten hacer predicciones de la dinámica de las comunidades y de la modificación de su entorno y iii) experimentos de laboratorio. En este proyecto, el estudiante será entrenado la integración de estas tres estrategias con el objetivo de INVESTIGAR LOS PRINCIPIOS QUE DETERMINAN LA ESTABILIDAD DE COMUNIDADES MICROBIANAS COMPLEJAS a través de la parametrización de modelos dinámicos con datos reales. Para ello recibirá instrucción en el análisis de datos ómicos utilizando software disponible en R y Python como phyloseq ó qiime 2 y la aplicación de modelos estadísticos para la inferencia de interacciones y el análisis de redes complejas. Posteriormente, trabajará con modelos dinámicos especificados en ecuaciones diferenciales, e investigará cómo parametrizarlos con los resultados del análisis de datos. En función de las competencias previas e interés del estudiante, se acomodará el proyecto para hacer más énfasis en los aspectos biológicos (ej. análisis de funciones medidas en laboratorio), computacionales (ej. flux balance analysis), teóricos (ej. teoremas sobre estabilidad) o incluso experimentales. La formación incluirá competencias necesarias para el desarrollo integral del estudiante como científico en cuestiones como la reproducibilidad (ej. control de versiones, cuaderno de laboratorio), comunicación y difusión de resultados (elaboración de informes y posters), y ciencia abierta (creación de repositorios públicos, alojamiento y estandarización de datos), además de la interacción continuada a través de seminarios y reuniones con el resto del grupo, del departamento de Biología de Sistemas y de nuestros colaboradores.	<a href="https://apascualgarcia.github.io/">https://apascualgarcia.github.io/</a>
JAEINT24_EX_0134	PATIÑO LLORENTE, JAIRO	jpatino@ipna.csic.es	INSTITUTO DE PRODUCTOS NATURALES Y AGROBIOLOGIA	Caracterización de la diversidad funcional y filogenética de la flora de las Islas Canarias	El/la beneficiario/a de la beca JAE Intro se integrará en una de las líneas fundamentales de investigación del iEcoEvoLab, la cual tiene como objetivo principal caracterizar la diversidad funcional y filogenética de la flora de las Islas Canarias. El trabajo se centrará en investigar los mecanismos que influyen en los patrones de diversidad y ensamblaje de comunidades de plantas en ecosistemas insulares. Esta línea destaca por su enfoque multidisciplinar, brindando a el/la candidato/a la oportunidad de adquirir habilidades y conocimientos en diversas técnicas de campo y laboratorio. En este contexto, el/la candidato/a desempeñará un papel crucial al ofrecer apoyo en actividades de campo, laboratorio, así como en la creación y mantenimiento de bases de datos. En este sentido, es crucial que esté preparada/o para llevar a cabo trabajos en la naturaleza, manipular especímenes de plantas y desempeñar tareas en el laboratorio. Trabaja estrechamente con el Investigador Principal (IP) y el resto del equipo de investigadores del iEcoEvoLab, participando activamente en cada una de las tareas especificadas a continuación. La información generada por el/la candidato/a, en colaboración con el equipo de investigación, contribuirá significativamente a las estrategias de conservación y gestión de la diversidad de plantas en las Islas Canarias. Las tareas específicas que llevará a cabo el/la candidato/a se enumeran a continuación. 1). Trabajo de campo: Recolección de hojas, frutos y especímenes de plantas, incluyendo espermátocitos, pteridófitos y briófitos; inventarios florísticos; caracterización de ejemplares de plantas; experimentación en condiciones de campo e invernadero. 2). Gestión de bases de datos: Creación y gestión de bases de datos relacionadas con los trabajos de campo y laboratorio; búsqueda bibliográfica y obtención de datos complementarios. Trabajo de laboratorio molecular: Preparación de tejidos vegetales; extracción de ADN y cuantificación de su calidad; iniciación a estudios genéticos. 3). Trabajo de laboratorio funcional: Organización y caracterización de muestras de plantas; iniciación a la taxonomía de plantas; cuantificación y caracterización de rasgos de vida de plantas. 4). Trabajo de curación de colecciones de plantas y tejidos de origen vegetal: Realización y mantenimiento de pliegos de herbario; cuidado y organización de muestras foliares; mantenimiento de muestras genéticas.	<a href="https://www.ipna.csic.es/grupo-de-investigacion/ecologia-y-evolucion-en-islas">https://www.ipna.csic.es/grupo-de-investigacion/ecologia-y-evolucion-en-islas</a>
JAEINT24_EX_1513	PAVONE, VINCENZO	vincenzo.pavone@csic.es	INSTITUTO DE POLITICAS Y BIENES PUBLICOS	Las bioeconomías reproductivas	El objetivo de esta práctica es de ofrecer formación inicial sobre la investigación sociológica y sobre estudios de economía política asociados con las nuevas bioeconomías, es decir las nuevas economías impulsadas construidas alrededor de nuevas biotecnologías y en particular las bioeconomías reproductivas. El/la candidato/a, en primer lugar, recibirá formación teórica sobre temas relevantes en el área de sociología y de estudios sociales de la ciencia y tecnología. Además, se familiarizará con los asuntos, las perspectivas y las miradas de la economía política. En segundo lugar, el candidato va a poder familiarizarse con las metodologías cualitativas tradicionales de la investigación sociológica, como por ejemplo, las entrevistas cualitativas semi-estructuradas y el análisis de discursos y de textos. Finalmente, se le dará también una formación inicial sobre métodos y nociones acerca de la escritura académica necesaria para redactar informes de resultados, informes para policy-makers y artículos académicos.	<a href="http://www.unboundingsts.wordpress.com">www.unboundingsts.wordpress.com</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0489	PEÑA SAENZ, M.ANGELES	marian.pena@eo.csic.es	CENTRO OCEANOGRAFICO DE ILLES BALEARS	Estudio de la contaminación sonora marina de origen antropogénico en las Islas Baleares.	El entorno marino de las Islas Baleares destaca por su alta biodiversidad y la presencia significativa de hábitats marinos protegidos. Este hábitat alberga una variedad de especies emblemáticas, muchas de ellas en estado vulnerable o bajo protección especial, además de especies importantes para la pesca. Las características geomorfológicas, oceanográficas y biológicas de la región hacen de las Baleares un punto clave para migradores pelágicos y la reproducción de especies de túnidos y cetáceos vulnerables. El objetivo de este estudio es analizar la contaminación sonora antropogénica en las aguas de las Islas Baleares y su impacto en la investigación de especies marinas mediante técnicas acústicas. Compararemos dos periodos veraniegos: 2019 (antes de la pandemia, con niveles de ruido normales) y 2020 (durante la pandemia, con una reducción significativa de ruido). El plan de formación incluye las siguientes tareas: i) recopilación de datos geosatelitales de ubicación de embarcaciones durante ambos periodos, ii) análisis de la distribución y características sonoras de diferentes tipos de embarcaciones, iii) estudio de las fuentes sonoras en relación con la geomorfología de los fondos marinos y otros factores de alteración del ruido, y iv) análisis conjunto de ruidos antropogénicos y los ruidos registrados durante las campañas científicas. La persona en prácticas se integrará en el grupo de acústica ACUSDEEP del COB, perteneciente al grupo multicentro BEME. Estas prácticas se enmarcarán dentro de las líneas de investigación del grupo y concretamente dentro de los proyectos MESOPELAGICOS y TUNIBAL que tienen por objetivo evaluar acústicamente el estado de las especies pelágicas de profundidad. La persona en prácticas participará activamente en las actividades que se realicen en el grupo de investigación, teniendo la posibilidad de colaborar en los eventos de formación internacionales de ciencia abierta (Python, R, git...) del proyecto HACKATON que coordina la IP del grupo y será coautor/a de las publicaciones científicas relacionadas con las prácticas. Al finalizar el periodo de formación, habrá adquirido competencias en tratamiento de datos de acceso online, lenguajes de programación abiertos, bases de datos, estadística y machine learning y elaboración de documentos científicos. También, adquirirá conocimientos sobre la zona de estudio y sus principales características físicas, hidrográficas y biológicas.	<a href="https://bemegroup.github.io/BEME/">https://bemegroup.github.io/BEME/</a>
JAEINT24_EX_1145	PEÑAS POZO, MARIA ELENA	elenape@ictan.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIA Y TECNOLOGIA DE ALIMENTOS Y NUTRICION	Aplicación de estrategias tecnológicas para el desarrollo de ingredientes y alimentos sin gluten innovadores	La persona beneficiaria se formará dentro del grupo de investigación GRAINS4HEALTH (Semillas grano para mejorar la salud), perteneciente al Departamento de Procesos Tecnológicos y Biotecnología del ICTAN. Durante su estancia formativa, participará en los proyectos de investigación en curso en el grupo y realizará actividades que incluirán la caracterización del perfil nutricional y bioactivo de semillas y granos y de los subproductos derivados, la optimización de procesos tecnológicos sostenibles e innovadores para producir nuevos ingredientes alimentarios y el desarrollo de nuevos alimentos sin gluten, seguros y saludables dirigidos a las necesidades nutricionales específicas del colectivo celíaco. Además, la persona seleccionada será instruida en materia de prevención de riesgos laborales y en buenas prácticas de trabajo en laboratorio, además de recibir formación en el manejo del equipamiento comúnmente usado en el ámbito de la Ciencia y la Tecnología de los Alimentos, en la calibración de equipos y en la preparación de protocolos de trabajo. El plan formativo también contempla el aprendizaje del manejo de bases de datos bibliográficas y de programas informáticos específicos para la modelización de procesos y el análisis estadístico de los resultados, la asistencia a seminarios de investigación y cursos de formación organizados en el ICTAN y la participación en las actividades de divulgación científica que realiza habitualmente el grupo GRAINS4HEALTH. El plan formativo está diseñado para que la persona seleccionada adquiera todas las competencias necesarias que le permitan trabajar en un laboratorio de investigación, ya sea en el área de la Ciencia y Tecnología de Alimentos y Nutrición, o en otro campo de investigación.	<a href="https://www.ictan.csic.es/grupos-de-investigacion/semillas-grano-para-mejorar-la-salud-grains4health/">https://www.ictan.csic.es/grupos-de-investigacion/semillas-grano-para-mejorar-la-salud-grains4health/</a>
JAEINT24_EX_1155	PERALES VIEJO, CELIA BELEN	celia.perales@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Diversidad de SARS-CoV-2 y control de la COVID-19.	En nuestro laboratorio hemos puesto a punto un método experimental y bioinformático que ha permitido penetrar en la composición de las variantes que hay en un aislado de SARS-CoV-2 con una profundidad sin precedentes. Podemos determinar de modo fiable mutaciones puntuales y deleciones presentes en frecuencias del 0.1% o mayores. Ello ha desvelado que los aislados individuales de SARS-CoV-2 de las siete olas de COVID-19 que han llegado a Madrid tienen una proporción de genomas de baja frecuencia muy superior a la proporción observada en otros virus RNA como es el virus de la hepatitis C estudiado previamente en nuestro laboratorio. Gracias a una colaboración con la Dra. Soledad Delgado (UPM) hemos aplicado un método de inteligencia artificial para establecer relaciones de parentesco entre los miles de haplotipos que se identifican en los pacientes infectados. Se trata de mapas neuronales auto-organizados (SOM) que despliegan los haplotipos y sus frecuencias en un entramado tridimensional (Delgado et al. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 121 (10):e2317851121, 2024). Los SOM nos han permitido demostrar que las mutaciones que surgen en los genomas que replican en los pacientes no son mero ruido genético carente de consecuencias, sino que pueden ser funcionalmente importantes. Ello se ha evidenciado mediante una colaboración que mantenemos con el grupo de la Dra. Nuria Verdagué (IBMB) donde cambios de aminoácidos incipientes en la polimerasa de los virus de los pacientes alteran la capacidad de la enzima para sintetizar RNA. Este procedimiento SOM se está empleando actualmente para diseccionar los tipos de cambios y la proporción de haplotipos durante la extinción del virus sometido a agentes antivirales sinérgicos que actúan mediante mutagénesis letal (García-Crespo et al., Br. J. Pharmacol., en prensa, 2024). Con estos antecedentes, el plan formativo que ofrecemos es altamente interdisciplinar en biología molecular, virología, bioquímica, bioinformática y farmacología anti-viral. Abarca la obtención y procesamiento de datos de secuenciación masiva, derivación de mapas SOM para organización de grandes bases de datos, consecuencias funcionales de la variación del virus y el estudio experimental de agentes antiviricos para la inhibición de la multiplicación del SARS-CoV-2 en sistemas modelo de cultivos celulares.	<a href="https://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/biologia-molecular-y-celular/dinamica-de-virus-ma-en-paci">https://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/biologia-molecular-y-celular/dinamica-de-virus-ma-en-paci</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0119	PERDOMO HERNANDEZ, GERMAN MANUEL	g.perdomo@csic.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA Y GENÉTICA MOLECULAR DE VALLADOLID	Mecanismos moleculares y celulares de las enfermedades metabólicas	INTRODUCCIÓN Las enfermedades relacionadas con el metabolismo son la gran pandemia del s. XXI. Cambios drásticos en nuestros hábitos de vida (alimentación y sedentarismo), y la exposición a agentes externos (ruido, contaminación, etc) son determinantes en el desarrollo de múltiples patologías, entre las que destacan la diabetes tipo 2 y la obesidad. Es necesario investigar en este ámbito biomédico, la comprensión de los mecanismos implicados en el desarrollo de estas enfermedades para que nos permita generar herramientas terapéuticas. LÍNEA DE INVESTIGACIÓN Investigamos los mecanismos moleculares que subyacen a la patologías de la obesidad y diabetes, con el objetivo de identificar nuevas dianas terapéuticas que puedan ser de utilidad en el desarrollo de nuevos fármacos. Trabajamos con la proteína insulin-degrading enzyme (IDE). Aunque desde hace décadas se la ha considerado como una proteasa de insulina, hemos demostrado que tiene otras funciones no-proteolíticas. Existen dos isoformas de IDE (citoplasmática y mitocondrial), pero sus funciones en la regulación de la señalización intracelular de la insulina/glucagón y la homeostasis mitocondrial son completamente desconocidas. Empleamos modelos in vitro, ex vivo, e in vivo de células beta, alfa y hepatocitos en los que se manipula la expresión de la proteína (ganancia y pérdida de función). OBJETIVOS 1) Objetivo formación: Aprendizaje del candidato/a de las metodologías y técnicas necesarias para la investigación biomédica en las patologías de diabetes y obesidad. 2) Objetivo científico: a) Investigar los mecanismos moleculares por los que IDE regula el metabolismo energético del páncreas e hígado. b) Determinar el potencial terapéutico de nuevos compuestos químicos cuya diana farmacológica es IDE. PLAN DE TRABAJO El candidato/a comenzará con el aprendizaje de cultivos celulares, y transfecciones celulares para manipular genéticamente los niveles de IDE. En paralelo adquirirá los conocimientos necesarios para evaluar los niveles de IDE (western blot y qPCR). Se familiarizará con las técnicas de inmunofluorescencia y microscopía confocal, y análisis de imagen de las mitocondrias. Finalmente, evaluará la capacidad farmacológica de distintos compuestos sobre IDE, analizando las vías intracelulares de señalización y secreción de la insulina/glucagón. El candidato/a asistirá a reuniones semanales con el investigador principal, y seminarios de investigación del centro.	<a href="http://www.ibgm.med.uva.es/investigacion/fisiologia-celular-y-molecular/fisiopatologia-de-las-enfermedades-metabolicas/">http://www.ibgm.med.uva.es/investigacion/fisiologia-celular-y-molecular/fisiopatologia-de-las-enfermedades-metabolicas/</a>
JAEINT24_EX_0121	PEREA RESA, CARLOS	carlos.perea@cbm.csic.es	CENTRO DE BIOLOGIA MOLECULAR SEVERO OCHOA	Transmisión de la maquinaria transcripcional durante el desarrollo embrionario temprano.	El desarrollo preimplantacional de los embriones depende en gran parte de factores heredados fundamentalmente por vía materna hasta que el cigoto genera su propia batería de RNAs y proteínas. A nivel de transcripción, existe un control temporal muy sofisticado de su activación con diferentes oleadas esenciales para la progresión del embrión. Sin embargo, el mecanismo que garantiza la transmisión de la Pol II heredada a lo largo de las primeras mitosis es desconocido. La presencia de Pol II en el proteoma del esperma abre la posibilidad de una potencial contribución paterna a la Pol II heredada. Los detalles moleculares de la interacción entre las maquinarias heredadas y zigóticas de Pol II también permanecen sin explorar. Nuestra hipótesis se basa que el esperma contribuye con moléculas de Pol II al cigoto; que existe nueva traducción y ensamblaje de Pol II a partir de CAPNm heredados; y que existen mecanismos precisos que garantizan la transmisión adecuada de Pol II durante las primeras divisiones celulares. El estudio de estos aspectos es esencial para conocer el desarrollo embrionario temprano, así como para entender y prevenir errores que contribuyen al alto índice de abortos silenciosos. En este proyecto combinaremos técnicas para el etiquetado diferencial de Pol II maternas y paternas. Investigaremos la existencia de nueva traducción, junto con la dinámica y los mecanismos detrás de la transmisión de Pol II a lo largo de las primeras divisiones del embrión de ratón. Finalmente, llevaremos a cabo estudios funcionales utilizando tecnologías Staccseq y deqron para diseccionar la interacción entre Pol II paternas vs maternas y heredadas vs zigóticas.	<a href="https://www.cbm.uam.es/es/investigacion/programas/dinamica-y-funcion-del-genoma/decodificacion-del-genoma/dinamica-y-reciclaje-de-la-maquina">https://www.cbm.uam.es/es/investigacion/programas/dinamica-y-funcion-del-genoma/decodificacion-del-genoma/dinamica-y-reciclaje-de-la-maquina</a>
JAEINT24_EX_0093	PEREDA VEGA, JOSE MARIA DE	jm.depereda@csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA MOLECULAR Y CELULAR DEL CANCER DE SALAMANCA	Mecanismos moleculares de señalización por la GTPasa Rap1	El/la estudiante recibirá formación mediante la realización de investigación original sobre mecanismos de señalización que regulan la adhesión celular, que es una línea de investigación prioritaria del grupo. La GTPasa Rap1 regula adhesión y otros procesos celulares. Al igual que otras GTPasas, Rap1 es regulada por dos tipos de proteínas, los GEFs que inducen la forma activa unida a GTP y las GAPs que inducen la forma inactiva unida a GDP. En nuestro grupo estudiamos dos reguladores de Rap1: C3G que es un GEF activador de Rap1 y SIPA1, que es un GAP que inactiva Rap1. Hemos descrito los mecanismos de auto-inhibición de C3G y su activación por la acción conjunta de fosforilación y de proteínas adaptadoras. Hemos identificado mutaciones en C3G detectadas en tumores que causan activación aberrante de C3G. Actualmente estudiamos el impacto de esta desregulación de C3G en modelos de linfomas. También estudiamos la activación de C3G-Rap1 en membranas y la regulación de SIPA1. El tema del trabajo estará encuadrado en estas líneas de trabajo. El plan de formación tiene tres objetivos: a) Formación científica: conocer a nivel molecular y celular la regulación de la señalización por C3G-Rap1 y SIPA1 y sus alteraciones en enfermedades. b) Formación metodológica multidisciplinar: familiarizarse y emplear diversas metodologías para el estudio de proteínas (interacciones, regulación y estructura). El/la estudiante empleará técnicas que abarcarán desde estudios in vitro con proteínas purificadas a análisis en modelos celulares. Aprenderá a purificar proteínas y a utilizar técnicas bioquímicas y biofísicas para analizar interacciones proteína-proteína y proteína-lípido. c) Formación en presentación de resultados: aprender a analizar con rigor datos experimentales, interpretar los en el contexto de la literatura y presentarlos con claridad. El/la estudiante participará en reuniones de grupo, en las que expondrá sus resultados. Con el fin de obtener una visión científica amplia, asistirá a seminarios científicos del Instituto impartidos por ponentes nacionales y extranjeros. Nuestro grupo participa en el Máster en Biología y Clínica del Cáncer y Medicina Tradicional (Universidad de Salamanca). Si el/la estudiante cursara dicho Máster, podrá realizar la asignatura Practicum y el Trabajo de Fin de Máster en nuestro grupo. En resumen, el/la estudiante adquirirá formación y experiencia en biología molecular, que le capacitará para realizar un doctorado en esta	<a href="http://xtal.cicancer.org/">http://xtal.cicancer.org/</a>



REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0950	PEREIRA VALENTE, JOAO RICARDO	joao.valente@csic.es	CENTRO DE AUTOMATICA Y ROBOTICA	Designing computer vision techniques to count sheep, goats, and cattle from UAV (drones) imagery	UAVs (aka. Drones) are a rapid and efficient data gathering system when combined with Geographical Information Systems (GIS) and Artificial Intelligence (AI). In agriculture, this is highly beneficial for farmers because it enables them to assess large crop fields in a short amount of time and supports farmers in decision-making. The UAV market applied to agriculture has been growing significantly. Understanding the functioning of UAVs/drones and gaining knowledge of their capabilities as an off-the-shelf monitoring and inspection system it is an asset for an early-stage professional or scientific career in many engineering domains. Livestock farming faces many challenges, such as scarce resources and increasingly challenging environments. Moreover, livestock causes various pressures with different effects on the ecosystem depending on their numbers. These range from negative environmental impacts such as erosion to positive ones such as reducing fire risks intensified by climate change. Resource-efficient management driven by UAV services can shape a more resilient society by implementing precision livestock farming. Detecting and counting ruminants (i.e., cattle, sheep, or goats) from UAV imagery would not only contribute to an affordable solution to optimize livestock farming management but also ensure long-term sustainability in ecosystem services. The goal of this JAE introductory internship is to gain knowledge on UAV imagery and its potential applications in agriculture and livestock farming. This will be achieved through the following main steps: 1) Identifying state-of-the-art computer vision and pattern recognition techniques that would enable the detection and/or extraction of physical traits (e.g., size, weight) from ruminants in UAV imagery; 2) Experimenting with any techniques identified in step 1) using a UAV dataset containing various ruminants; 3) Evaluating the techniques experimented with in step 2) and proposing future research directions. This work will be conducted using UAV datasets acquired between 2022 and 2024 from livestock farms located in Spain and France. This project is open to BSc and MSc students seeking a thesis topic or students interested in learning more about UAV usage in the agriculture domain.	<a href="https://www.car.upm-csic.es">https://www.car.upm-csic.es</a>
JAEINT24_EX_1664	PEREIRO GONZALEZ, PATRICIA	patriciapereiro@iim.csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES MARINAS	La inmunometabólica como herramienta para mejorar la salud de los peces en acuicultura	En este plan de trabajo se pretende estudiar las bases moleculares de la posible implicación del metabolismo, y por consiguiente de distintos metabolitos, en la respuesta inmune de peces de interés comercial, como son el rodaballo ( <i>Scophthalmus maximus</i> ) y la lubina ( <i>Dicentrarchus labrax</i> ), frente a distintos patógenos. La inmunometabólica es un área de investigación incipiente que estudia la interacción del metabolismo y la inmunidad, dos disciplinas consideradas como independientes hasta hace relativamente poco tiempo. De hecho, el término inmunometabolismo fue acuñado en el año 2011 por dos investigadores de la Universidad de Harvard y desde entonces este nuevo enfoque ha experimentado numerosos avances. En la actualidad se sabe que ambos sistemas interaccionan, tanto a nivel celular como sistémico, para responder a las infecciones de la forma más eficaz posible. Por otra parte, muchos patógenos han adquirido la capacidad de manipular el metabolismo del hospedador para favorecer su propia propagación. Es por ello que este nuevo enfoque puede proporcionar información muy valiosa y con potenciales aplicaciones para reducir el impacto de las enfermedades infecciosas en el campo de la acuicultura. Se formará al interesado en técnicas de secuenciación masiva y análisis metabólicos, que son la base para identificar las rutas y metabolitos implicados en la respuesta inmune o en la mayor o menor resistencia a enfermedades infecciosas, y se llevarán a cabo ensayos funcionales orientados a testar el posible efecto inmunomodulador de distintos metabolitos, hormonas metabólicas, o compuestos reguladores del metabolismo. Se hará también uso de la especie modelo pez cebra ( <i>Danio rerio</i> ) para screening preliminar de potenciales compuestos candidatos para posteriormente aplicar a las especies comerciales. Se realizarán análisis bioinformáticos, técnicas de biología molecular (extracción de ácidos nucleicos, síntesis cDNA, PCR en tiempo real...) y técnicas de microscopía, entre otras.	<a href="https://www.iim.csic.es/es/node/2156">https://www.iim.csic.es/es/node/2156</a>
JAEINT24_EX_1494	PEREZ ALVAREZ, EVA PILAR	evapilar.perez@icvv.es	INSTITUTO DE CIENCIAS DE LA VID Y DEL VINO	Productos naturales como alternativos a cobre y azufre en la lucha contra las principales enfermedades de la vid. Efecto en composición y calidad uva	El cambio climático está afectando a la agricultura mediterránea, siendo la vid uno de los cultivos en los que más se están notando sus efectos. Entre otros factores, se está incrementando el desarrollo de plagas y enfermedades, siendo el oidio y el mildiu las que más pérdidas productivas y económicas causan en los viñedos. Generalmente, estos hongos son combatidos mediante fungicidas sintéticos, principalmente formulados a base de cobre y azufre. Del total de fungicidas utilizados en la Unión Europea, más de la mitad son aplicados en los viñedos, ya que, en muchos casos, para controlar el oidio, se requieren más de 10 aplicaciones anuales en cada parcela. Así, el desafío es, o bien reducir su uso o bien, encontrar productos más sostenibles medioambientalmente para controlar dichos hongos sin que se vea afectada la calidad de la uva. El trabajo consistirá en estudiar la composición nitrogenada, fenólica y aromática de uvas de la variedad Montepulciano que han sido tratadas, foliarmente, por cuadruplicado, en el viñedo a lo largo de una campaña, con compuestos naturales (extractos de naranja, de ortigas, suero de leche, Bacillus, quitosano, etc.) simulando los tratamientos fitosanitarios que tradicionalmente realizan los viticultores para luchar contra el mildiu y el oidio en las cepas. Así, mediante el empleo de la cromatografía líquida (HPLC) y gaseosa (GS-MS), se determinará el efecto que la aplicación de estos compuestos naturales tuvo frente a los fitosanitarios químicos tradicionales (a base de cobre y azufre) usados en la viticultura tradicional y que, tanto por parte de la legislación como por un consumidor cada vez más concienciado con su salud y con la sostenibilidad ambiental, se quieren limitar y, en la medida de lo posible, sustituir. El trabajo a realizar tendrá una parte analítica en laboratorio, siguiendo los procedimientos y metodología habituales que desarrollamos en el grupo VIENAP para determinar los compuestos nitrogenados, fenólicos y aromáticos que configuran la composición de la uva, además de otra parte de búsqueda bibliográfica sobre la temática estudiada, de análisis estadístico de esos resultados y de discusión para obtener unas conclusiones coherentes y objetivas del estudio.	<a href="https://www.icvv.es/viticultura-y-enologia-aplicadas-vienap">https://www.icvv.es/viticultura-y-enologia-aplicadas-vienap</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1056	PEREZ AMADOR, MIGUEL ANGEL	miguel.perez.amador@csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA MOLECULAR Y CELULAR DE PLANTAS PRIMO YUFERA	Las giberelinas en la determinación del número de óvulos y semillas en especies de interés agronómico: análisis del mecanismo genético-molecular	Las giberelinas son hormonas vegetales que regulan multitud de procesos fisiológicos. Resultados recientes de nuestro laboratorio sugieren que las giberelinas también están implicadas en la iniciación de los óvulos determinando tanto el número como la forma. Se han identificado factores (genes y hormonas) implicados en la determinación de la identidad de los óvulos y en su desarrollo. Desde un punto de vista económico y agronómico, es importante determinar cuáles son estos factores ya que el número y forma de los óvulos determina en gran medida el número y el tamaño de semillas y, por tanto, afecta al rendimiento de los cultivos. Por otro lado, conocemos cuáles son los elementos que participan en la cascada de percepción y señalización de giberelinas, siendo los más relevantes los receptores GID1 y las proteínas DELLA. Cabe destacar que las DELLA han tenido un papel muy relevante en la revolución verde de los años 50-60 que permitió, mediante la implantación de variedades enanas de varios cereales, especialmente de trigo y arroz, aumentar muy significativamente la producción a nivel mundial. Varias de estas variedades nuevas son portadoras de alelos dominantes de las proteínas DELLA que no se degradan por giberelinas y que por tanto provocan enanismo, tallos robustos y aumento del índice de cosecha. Recientemente hemos recopilado pruebas experimentales, derivadas de los estudios de la función de las proteínas DELLA en el control del número y desarrollo morfológico de los óvulos, que ponen de manifiesto la implicación de las DELLA como reguladores positivos del número de óvulos y semillas, tanto en número como tamaño. El objetivo de nuestro trabajo es conocer cómo las giberelinas regulan la iniciación y desarrollo de los óvulos de Arabidopsis, y cómo la vía de señalización de interactúa con las vías de señalización de otras hormonas que también participan en estos procesos de desarrollo. Determinar cómo las giberelinas /DELLA regulan el número y tamaño de óvulos ofrece la posibilidad de desarrollar nuevas estrategias biotecnológicas encaminadas a la mejora de especies de interés agronómico para obtener más y mejores semillas. El proyecto conlleva la aplicación de técnicas de fisiología, biología molecular, transcriptómica y microscopía, para la caracterización morfológica y molecular de los óvulos que se generan en los cruces genéticos de mutantes de giberelinas con otros mutantes, localización tisular de la expresión de los componentes de la ruta genét	<a href="https://ibmcp.upv.es/grupos-investigacion/senalizaciones-hormonal-del-desarrollo-de-frutos-y-semillas/">https://ibmcp.upv.es/grupos-investigacion/senalizaciones-hormonal-del-desarrollo-de-frutos-y-semillas/</a>
JAEINT24_EX_1706	PEREZ DIAZ, JULIO	julio.perez@cchs.csic.es	INSTITUTO DE ECONOMIA, GEOGRAFIA Y DEMOGRAFIA	Proyecto piloto CSIC-INE-IECA de Generación de Nuevos Productos Estadísticos para la reconstrucción de registros longitudinales de Población	Actualmente el CSIC, en colaboración con el Instituto Nacional de Estadística (INE) y el Instituto de Estadística y Cartografía de Andalucía (IECA), y como fruto de las colaboraciones surgidas dentro de la PTI+ Salud Global, han decidido proponer un estudio piloto, que luego se extendería al resto del territorio, basado en la explotación de un conjunto de registros administrativos, primero de Huelva Capital, y posteriormente de Huelva provincia, que, en el caso de la capital, permitirá generar un registro longitudinal desde 1841 hasta 2023 con el enlace de registros padronales, censales y de registro civil ya digitalizados, que contienen información sobre salud (mortalidad) y condiciones de vida. Esto permitiría ampliar la actual Base de Datos Longitudinal de Andalucía <a href="http://www.juntadeandalucia.es/institutodeestadisticaycartografia/longevidad/">http://www.juntadeandalucia.es/institutodeestadisticaycartografia/longevidad/</a> (generada a través de la colaboración del CSIC con el IECA), de un periodo de análisis de 2001 a 2023, a 1841-2023, haciendo de este registro uno de los de más largo seguimiento en Europa y en el mundo, al igual que permitiría reusar esa información por parte del INE para la generación de nuevos productos de estadísticas experimentales. El equipo se beneficiará también de los trabajos ya iniciados por el equipo de investigación con Madrid capital, que permitirá entrenar la plataforma de IA. En la base de datos integrada del estudio podrán incluirse conjuntos de datos adicionales y evaluar el uso de tecnologías de IA para la recopilación de información de forma automática. Las herramientas y resultados de este proyecto piloto, serán luego susceptibles de ser empleados posteriormente para el reconocimiento y metadatos de documentación similar ya digitalizada por la Administración española. El JAE Intro que se incorpore a este proyecto y al proyecto del Plan Nacional de I+D en el que participo junto con Diego Ramiro, Harvested Cohorts , se formará en temáticas y técnicas que están en la frontera de conocimiento que le permitirá introducirse a nuevos métodos y tratamiento de información aplicados por la administración pública y contará con la supervisión tanto mía como de Diego Ramiro.	<a href="https://www.csic.es/es/investigacion/grupos-de-investigacion/dinamicas-demograficas">https://www.csic.es/es/investigacion/grupos-de-investigacion/dinamicas-demograficas</a>
JAEINT24_EX_1572	PEREZ DORADO, JUANA INMACULADA	jjperez@iqf.csic.es	INSTITUTO DE QUIMICA FISICA BLAS CABRERA	Caracterización de proteínas involucradas en procesos infecciosos y desarrollo de nuevos antimicrobianos	Somos un grupo de biología estructural centrado en el estudio de procesos infecciosos a nivel molecular con especial interés en la tuberculosis (TB). La TB es una infección contagiosa causada por el patógeno Mycobacterium tuberculosis y la primera causa de muerte en el mundo producida por una única bacteria según la OMS. Gran parte del éxito de M. tuberculosis como patógeno se debe a su compleja pared celular, esencial para su integridad celular y que protege a la bacteria de condiciones adversas, incluida la resistencia a antibióticos. Nuestra propuesta pretende estudiar dos sistemas biológicos relacionados con la pared celular de M. tuberculosis con interés en la búsqueda de nuevos antimicrobianos: - Sistemas de secreción, que son máquinas moleculares involucradas en el transporte de factores de virulencia claves en el proceso infeccioso. - Enzimas producidas por bacteriófagos capaces de hidrolizar la pared celular bacteriana de forma específica, lo que les confiere un gran potencial como una nueva clase de antimicrobianos denominados enzibióticos. Pretendemos llevar a cabo la caracterización estructural y funcional de estos factores proteicos con el fin de determinar los mecanismos moleculares responsables de su función en virulencia, y emplear este conocimiento en el desarrollo de nuevas estrategias para tratar la TB. Para ello se utilizará un enfoque experimental multidisciplinar que comprende el uso de técnicas de vanguardia de biología molecular, ingeniería de proteínas, difracción de rayos X, cryo-EM, biofísica, así como aproximaciones in silico e in cellulo; esta información será empleada, por un lado, para el diseño de moléculas con actividad antimicrobiana utilizando técnicas de cribado de fragmentos. Y, por otro lado, para el diseño de enzibióticos estables y específicos dirigidos a infecciones causadas por micobacterias. El trabajo a desarrollar por el estudiante comprende: • Producción y purificación de proteínas • Cristalización de proteínas mediante técnicas de alto rendimiento utilizando robots de cristalización • Toma de datos de difracción de cristales de proteínas utilizando fuentes de radiación sincrotrón • Resolución y análisis de la estructura tridimensional de proteínas • Estudios biofísicos para caracterizar interacciones proteina:ligando • Modelado in silico de estructuras 3D de proteínas orientado a evaluar el efecto de mutaciones en su actividad, especificidad y estabilidad	<a href="https://jjperez3.wixsite.com/perezdoradogroup">https://jjperez3.wixsite.com/perezdoradogroup</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0098	PEREZ FERNANDEZ, RUTH	ruth.perez@csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS MARGARITA SALAS	Protein modulation through chemical systems	Nature has developed reversible enzyme (de)activation mechanisms to maintain overall enzymatic homeostasis. This project will explore how to activate and deactivate proteins chemically. The candidate will participate in synthesising the chemical fragments of our library, preparing and optimising the dynamic libraries, learning how to use HPLC-MS, and performing enzymatic activity assays to elucidate the mode of action of the modulators found. This methodology has led to the discovery of the first synapse promoter in an animal model for Alzheimer's disease published in Nature Communications 2019, and the first molecule capable of reactivating thiol-disulfide networks in a biomimetic system with application to protein folding (Nature Communications 2021).	<a href="https://www.cib.csic.es/research/structural-and-chemical-biology/biological-systems-chemistry">https://www.cib.csic.es/research/structural-and-chemical-biology/biological-systems-chemistry</a>
JAEINT24_EX_1647	PEREZ GARCIA, VICENTE	vperez@cbm.csic.es	CENTRO DE BIOLOGIA MOLECULAR SEVERO OCHOA	The Role of Phosphatidylinositol Glycan Anchor Biosynthesis Class L (Pigl) And Pigf In Early Placentation	The placenta plays a crucial role as a temporary extraembryonic organ, facilitating mother-embryo exchange of nutrients and oxygen throughout pregnancy. This vital organ is also responsible for excretory, endocrine, and immunological functions. Despite its critical role, very little is currently known about the molecular mechanisms that regulate placentation. Analysis of the DMDD database ( <a href="http://www.dmdd.org.uk">www.dmdd.org.uk</a> ) suggested that the glycosylphosphatidylinositol (GPI)-anchor biosynthesis pathway may play a pivotal function in regulating trophoblast differentiation and placenta development. The GPI biosynthetic pathway is a highly conserved multistep process that culminates in the generation of the GPI glycolipid, which functions to anchor proteins to the cell surface. GPI-anchored proteins (GPI-APs) play diverse roles in eukaryotic organisms, serving as enzymes, adhesion molecules, complement regulators, and co-receptors in signal transduction pathways. The GPI pathway involves more than 25 enzymes that catalyse the synthesis of GPI precursor molecules in the endoplasmic reticulum (ER) membrane. Here we aimed to investigate the precise role of the GPI biosynthetic pathway in trophoblast biology. For this purpose, we focused on two ER-localized enzymes corresponding to the early and late steps in the GPI biosynthesis pathway: phosphatidylinositol glycan anchor biosynthesis class L protein (PIGL), which catalyzes the de-N-acetylation of GlcNAc-PI to GlcN-PI, the second step in GPI biosynthesis, and phosphatidylinositol glycan anchor biosynthesis class F protein (PIGF) which is involved in the ethanolamine phosphate (EtNP) transfer steps in late GPI biosynthesis. Our hypothesis for this study is that GPI pathway regulates the development of placental trophoblast by regulating Wnt signaling pathway, an essential signaling pathway involved in early placentation. In this project, the JAE intro student will assess the impact of GPI pathway defects on mouse trophoblast stem cell (mTSCs) self-renewal and trophoblast differentiation capacity. The specific tasks and objectives are: 1. Describing the dynamics of expression of Pigl and Pigf genes in mTSCs by RT-qPCR, western blot, and immunofluorescence. 2. Generating and characterizing the Pigl and Pigf gene ablation in mTSCs by using CRISPR/Cas9 technology. 3. Understanding whether the absence of Pigl and Pigf could impact on stem cell gene-regulatory network of mTSCs by RT-qPCR, western blot, and immunofluorescence.	<a href="https://www.cbm.uam.es/en/research/programs/tissue-and-organ-homeostasis/cell-architecture-organogenesis/morphogenesis-and-differentiation-o">https://www.cbm.uam.es/en/research/programs/tissue-and-organ-homeostasis/cell-architecture-organogenesis/morphogenesis-and-differentiation-o</a>
JAEINT24_EX_1253	PEREZ GARNELO, SONIA SALOME	sgarnelo@inia.csic.es	INSTITUTO NACIONAL DE INVESTIGACION Y TECNOLOGIA AGRARIA Y ALIMENTARIA	Impacto de dietas enriquecidas con ácidos grasos n-3 en la función inflamatoria, metabólica, antioxidante, reproductiva y productiva en rumiantes	Actividades a realizar dentro del proyecto coordinado PID2022-136956OR-C32 SUSALFEED2, titulado: Impacto de dietas enriquecidas con ácidos grasos n-3 en la función inflamatoria, metabólica, antioxidante, reproductiva y productiva en rumiantes, cuyo objetivo se centra en valorar el efecto de la adición de suplementos ricos en ácidos grasos ω-3 contenidos en microalgas o en alguna sustancia vegetal como la camelina, sobre la función inflamatoria, metabólica, de estrés oxidativo, reproductiva y productiva en rumiantes. Dentro del proyecto, en el INIA desarrollamos un Paquete de Trabajo en el que se van a procesar y analizar muestras de vacas (Subproyecto I coordinado por el IRTA), ovejas y terneros. Además, trabajaremos con un rebaño experimental ovino que recibirá suplementación con microalgas/camelina o dieta base (grupo control) y también en los muestreos y análisis de los terneros de un cebadero comercial. El investigador participará en las siguientes tareas: 1) Seguimiento y supervisión de los animales experimentales del rebaño ovino 2) Asistencia en la toma de muestras biológicas en estos animales (sangre, semen en moruecos) y realización de ecografías reproductivas (ováricas y de diagnóstico de gestación). 3) Determinación de la calidad seminal, congelación y análisis de crío-resistencia de muestras de eyaculados en los sementales ovinos 4) Determinación de la calidad seminal, congelación y análisis de crío-resistencia de esperma epididimario en los terneros del cebadero. 5) Seguimiento del ciclo estral por ecografía en las ovejas de la granja experimental. 6) Determinación de la fertilidad postinseminación en el modelo ovino. 7) Determinación del efecto de las dietas propuestas en la producción y calidad ovocitaria. 8) Colaboración en la determinación de la fracción lipídica de diferentes tejidos y muestras orgánicas con técnica de cromatografía de gases 9) Colaboración con la granja comercial de cebo de terneros, donde se compararán dos grupos de animales (control vs. suplementado con microalgas/camelina). a. Obtención de muestras biológicas (plasma, muestras epididimarias, tejido testicular, y carne en matadero, dietas...) b. Determinación de datos productivos comparados en cebadero 10) Determinación de biomarcadores metabólicos con técnicas de bioquímica seca con bioanalizador. 11) Determinación del estrés oxidativo con métodos colorimétricos visuales. 12) Determinación de hormonas reproductivas y marcadores inflamator	<a href="https://www.inia.es/investigacion/animal/Reproduccion/produccionanimalysostenibilidad/Paginas/Home.aspx">https://www.inia.es/investigacion/animal/Reproduccion/produccionanimalysostenibilidad/Paginas/Home.aspx</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0730	PEREZ HERRERA, RAQUEL	raquelph@unizar.es	INSTITUTO DE SINTESIS QUIMICA Y CATALISIS HOMOGENEA	SÍNTESIS DE FARMACOS DE FORMA SOSTENIBLE Y ESTUDIO DE LA ACTIVIDAD ANTICANCERIGENA	<p>La estancia se centrará en la aplicación de la Química Verde para la síntesis de compuestos anticancerígenos. Actualmente, existe un gran interés por el área de la "Química Sostenible". Así, numerosas investigaciones se centran en estudios en los que se pretenden mejorar alguno de los 12 principios que ésta incluye. Uno de estos principios, es la catálisis. Hace algo más de dos década, se dio a conocer una nueva familia de catalizadores llamados organocatalizadores, dando lugar a un nuevo tipo de catálisis, la organocatálisis asimétrica. Así, la estancia se iniciará con la búsqueda bibliográfica con la que toda actividad investigadora debe iniciarse, para conocer el estado actual del tema que se quiere estudiar. Se seguirá por el planteamiento de los experimentos a realizar, así como la interpretación de los resultados obtenidos posteriormente. Se le mostrarán al alumno las principales técnicas y métodos experimentales empleados en el campo de la Organocatálisis y más concretamente en la preparación de compuestos enantioméricamente puros de interés con propiedades anticancerígenas. A través de la estancia en el Laboratorio de Organocatálisis Asimétrica, el alumno podrá familiarizarse con las técnicas más comunes de purificación de compuestos orgánicos mediante técnicas de cromatografía, incluyendo HPLC quiral. Se mostrarán al alumno las principales técnicas de caracterización de productos (RMN, IR, UV, rayos X) y se le introducirá en los métodos de interpretación, de forma general. Con la estancia también se pretende que el alumno participe de forma activa en la metodología de trabajo diaria de un laboratorio de Organocatálisis mostrándole las principales técnicas de trabajo, que podrá realizar él mismo siempre debidamente supervisado por personal especializado. Finalmente, se le enseñará al alumno el manejo de las diferentes aplicaciones informáticas necesarias para el continuo desarrollo de la actividad investigadora que incluyen, tratamiento de bases de datos bibliográficas y software de interpretación de técnicas espectroscópicas. Los productos derivados de las reacciones estudiadas se prevé que posean actividad biológica anticancerígena y también se evaluará su actividad frente a distintas líneas de cáncer celular. Además, se introducirá al estudiante en las diferentes etapas que deben realizarse para llevar a cabo una investigación científica seria y rigurosa.</p>	<a href="https://asymmetricorganocatalysis.com/">https://asymmetricorganocatalysis.com/</a>
JAEINT24_EX_0269	PEREZ JIMENEZ, JARA	jara.perez@ictan.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIA Y TECNOLOGIA DE ALIMENTOS Y NUTRICION	Polifenoles no extraíbles, antioxidantes y fibra dietética en salud	<p>La persona seleccionada participará en las líneas y proyectos de investigación actualmente en desarrollo en el grupo de investigación POLIFIBAN (Polifenoles no extraíbles, antioxidantes y fibra dietética en salud), en el Departamento de Metabolismo y Nutrición del ICTAN. Esto incluirá actividades que abarcan desde la caracterización de nuevas fuentes de polifenoles y fibra hasta la evaluación de marcadores de actividad biológica de polifenoles. La persona seleccionada también se familiarizará con el proceso de búsqueda bibliográfica del conocimiento científico sobre una materia, así como con el procesamiento e interpretación de los resultados obtenidos. De esta manera, podrá tener una visión global del proceso completo de investigación científica en el ámbito de la Ciencia de los Alimentos y la Nutrición. Estas actividades se complementarán con la formación en aspectos generales de un laboratorio de investigación en nutrición, tales como preparación de protocolos, gestión de muestras y reactivos, verificación y calibración de equipos, etc., que le serán de utilidad en cualquier actividad posterior en laboratorios de distinto tipo. Igualmente, asistirá a los seminarios de investigación que se realizan de manera regular en el ICTAN y, en su caso, en otros centros de investigación, aumentando sus conocimientos sobre distintas investigaciones en curso. Por último, durante el periodo de su beca colaborará con las actividades de divulgación que realiza regularmente el grupo POLIFIBAN, siempre en el marco de sus líneas de investigación.</p>	<a href="https://www.ictan.csic.es/grupos-de-investigacion/polifenoles-no-extraibles-antioxidantes-y-fibra-dietetica-en-salud-polifiban/">https://www.ictan.csic.es/grupos-de-investigacion/polifenoles-no-extraibles-antioxidantes-y-fibra-dietetica-en-salud-polifiban/</a>
JAEINT24_EX_1189	PEREZ LOSADA, JESUS	jperezlosada@usal.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA MOLECULAR Y CELULAR DEL CANCER DE SALAMANCA	Desarrollo de estrategias innovadoras de quimioprevención para el cáncer de mama mediante la modulación de la involución postlactancia	<p>-Introducción: El cáncer de mama postparto, especialmente prevalente en los primeros diez años tras el parto, tiene un pronóstico desfavorable. La incidencia del cáncer de mama aumenta con la edad y el envejecimiento poblacional, destacando la urgencia de desarrollar estrategias de quimioprevención efectivas -Hipótesis: Sugerimos que la modulación farmacológica de la involución postlactacional podría atenuar el riesgo de cáncer de mama. Esta premisa se apoya en evidencias preliminares robustas que demuestran la eficacia de la cabergolina, un agonista dopaminérgico, en la potenciación de este proceso (trabajo en revisión por pares). Nuestro estudio se enfocará en evaluar cómo diversos Potenciadores de la Involución Postlactancia (PIPs) inciden en la remodelación de la glándula mamaria y reducen la susceptibilidad al cáncer de mama -Objetivos: 1. Caracterización celular y molecular: Estudiar las transformaciones en la glándula mamaria postlactancia enfocados en los PIPs, analizando su efecto en la estructura y función glandular, y en las vías moleculares involucradas. 2. Evaluación de sinergias: Investigar la interacción entre cabergolina y PIPs en la prevención del cáncer, explorando cómo esta combinación afecta la involución mamaria y reduce el riesgo de cáncer de mama. 3. Desarrollo de modelos in vitro: Crear un modelo in vitro que simule la involución mamaria para identificar quimiopreventivos potenciales, facilitando la detección rápida y optimizando la investigación. -Metodología: Combinaremos estudios in vitro e in vivo para examinar los efectos de la cabergolina y los PIPs, con una colaboración multidisciplinaria que integra oncología, endocrinología y biología molecular. -Impacto Esperado: Nuestro objetivo es establecer una estrategia de quimioprevención segura y efectiva para mujeres en riesgo de cáncer de mama, abordando los desafíos actuales y futuros en la incidencia de esta enfermedad. -Plan de Formación: El estudiante desempeñará un papel activo en todas las etapas del proyecto, desarrollando competencias en técnicas de investigación avanzadas, análisis de datos y colaboración interdisciplinaria. Esta experiencia enriquecerá su trayectoria profesional y académica. Además, se integrará en las dinámicas del laboratorio, asistiendo a reuniones y contribuyendo en seminarios y charlas de nuestra institución, siempre que su agenda académica lo permita.</p>	<a href="https://www.cicancer.org/grupo?id=60">https://www.cicancer.org/grupo?id=60</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1246	PEREZ MENDOZA, DANIEL	dpmendoza@eez.csic.es	ESTACION EXPERIMENTAL DEL ZAIDIN	Evaluación del papel de biopolímeros bacterianos activados con c-di-GMP en la biorremediación de aguas contaminadas por colorantes sintéticos	El uso extensivo de tintes sintéticos en las industrias textiles y su vertido directo a los recursos hídricos y terrestres cercanos es uno de las principales causas de contaminación. Las aguas residuales de la industria textil contienen colorantes sintéticos orgánicos que deterioran gravemente la calidad del agua. Aproximadamente se consumen 7 × 10exp5 toneladas de tintes anualmente (2/3 solamente en la industria textil), y se estima que 280.000 toneladas de efluentes contaminados con tintes sintéticos se descargan anualmente al medio ambiente. Para combatir este problema medioambiental se han estudiado y aplicado métodos tanto fisicoquímicos como biológicos. Dentro de los procesos biológicos enmarcamos lo que conocemos como biorremediación, en la cual es frecuente el uso de microorganismos para recuperar un medio ambiente alterado por contaminantes. Los biopolímeros bacterianos presentan unas propiedades fisicoquímicas excepcionales para ser aplicables a técnicas de biorremediación. Dentro de ellos, los exopolisacáridos (EPS) han centrado un gran interés, mostrando su potencial para resolver los problemas ambientales de contaminación tanto por metales pesados como por tintes industriales. Para este proyecto se propone el uso de aproximaciones genéticas y moleculares que permitan la sobreproducción a demanda de EPS bacterianos mediados por el segundo mensajero bacteriano c-di-GMP, con el fin de biorremediar aguas contaminadas con tintes sintéticos mediante biofloculación. Datos preliminares obtenidos en nuestro laboratorio auguran un interesante futuro a esta línea de investigación. El becario se incorporará a un grupo joven, multidisciplinar y dinámico localizado en el departamento de microbiología de la Estación Experimental del Zaidín. La EEZ es un centro de ciencias agrarias con ambiente internacional y de vanguardia centrado en el desarrollo de aplicaciones medioambientales y de agricultura y ganadería sostenibles.	<a href="https://www.eez.csic.es/interacciones-planta-bacteria">https://www.eez.csic.es/interacciones-planta-bacteria</a>
JAEINT24_EX_1181	PEREZ ORTEGA, SERGIO	sperezortega@rjb.csic.es	REAL JARDIN BOTANICO	Redes de interacción ecológica hongo-alga en gradientes ambientales	Los líquenes son asociaciones simbióticas obligadas entre un hongo heterótrofo y, al menos, un compañero fotosintético. Desde hace más de un siglo, se han considerado un paradigma de las interacciones mutualistas. Además, son excelente bioindicadores de los cambios en los ecosistemas, como son aquellos de origen antrópico como son la contaminación atmosférica o el aumento de temperaturas. En nuestro grupo trabajamos en una nueva aproximación al uso de los líquenes como bioindicadores, utilizando el marco de las redes de interacción ecológica, en este caso entre los hongos y las algas de las simbiosis líquénicas de comunidades de líquenes epífitos. Nuestro objetivo es poder detectar cambios en los ecosistemas mucho antes de que sea evidente por la pérdida de especies, de modo que sirva de alerta temprana de estas alteraciones. Durante el periodo de esta JAE Intro, se realizarán tareas de laboratorio para aplicar herramientas de metabarcoding (secuenciación en paralelo en muchos individuos de una región de nos permite la identificación de los organismos). En este caso, utilizamos la región ITS de hongos y de algas para identificar aquellas interacciones que se producen en las comunidades de líquenes epífitos en encinas a lo largo de un gradiente latitudinal desde el norte al sur de la Península Ibérica. Con esta información elaboraremos redes de interacción bipartitas hongo-alga en las cuales analizaremos mediante paquetes específicos de R que nos permite comparar su estructura a lo largo del gradiente. Así, durante esta beca de introducción a la investigación aprenderás: 1) a extraer ADN, 2) a amplificar regiones barcoding de dos tipos de organismos, 3) a diseñar experimentos de metabarcoding a partir de ADN ambiental, 4) a analizar datos de secuenciación masiva, 5) a analizar redes de interacción ecológica mediante paquetes de R. Además, podrás aumentar tu conocimiento sobre la biología de los líquenes, su uso como bioindicadores, y formarás parte de un grupo de investigación muy activo y prolífico.	<a href="https://rjb.csic.es/">https://rjb.csic.es/</a>
JAEINT24_EX_1662	PEREZ PEREZ, MJESUS	mjperez@iqm.csic.es	INSTITUTO DE QUIMICA MEDICA	Desarrollo de agentes antivirales frente a virus con alto potencial epidémico	CONTEXTO: La pandemia Covid-19 derivada de la infección por el virus SARS-CoV-2 ha puesto en evidencia el escaso arsenal de fármacos disponibles para hacer frente a las infecciones virales. Desafortunadamente, hay otros virus que representan una amenaza en nuestro mundo globalizado. En particular en España es especialmente preocupante el virus del Nilo Occidental (WNV), un arbovirus transmitido por mosquitos que ya ha causado muertes en la cuenca de Guadalquivir en los últimos años y frente al que no disponemos de ningún antiviral efectivo NUESTRA APROXIMACIÓN: Nuestro grupo de investigación trabaja en la identificación y optimización de compuestos dirigidos a inhibir la replicación de distintos virus patógenos emergentes (SARS-CoV-2, CHIKV, WNV, etc...). Recientemente hemos identificado una familia de compuestos que impiden la replicación de WNV mediante la inhibición alostérica de una proteína clave del virus al ser responsable de la replicación del RNA viral: la proteína NS5 en su actividad polimerasa. Nuestros compuestos muestran actividad frente a WNV en cultivo celular lo que les convierte en atractivos candidatos para su optimización. Avalan esta aproximación los inhibidores alostéricos de polimerasa ya aprobados como fármacos frente a VIH o VHC. PROYECTO FORMATIVO: El/la candidato/a se familiarizará con la temática del proyecto, participará en el diseño de los nuevos prototipos, y realizará la síntesis, purificación y caracterización estructural de un número reducido de compuestos para su evaluación frente a la actividad polimerasa de NS5 y frente a WNV. Para el diseño empleará distintas bases de datos. También determinará los parámetros físico-químicos relevantes "in silico" de los potenciales ligandos. La síntesis la realizará siguiendo procedimientos ya puestos a punto en el grupo de investigación. Para la purificación y seguimiento de reacciones utilizará distintas técnicas cromatográficas. Para la caracterización estructural, hará uso de técnicas espectroscópicas (RMN, UV, ...) y espectrométricas (HPLC-MS). Se trata de un proyecto multidisciplinar dirigido a candidatos/as interesados/as en la química orgánica y el descubrimiento de fármacos. Nuestros estudiantes de máster consideran que la estancia en nuestro grupo les ha resultado muy enriquecedora y motivadora para iniciar su carrera investigadora, destacando el trato cercano, la colaboración entre los integrantes del grupo y la constructiva discusión de resultado	<a href="http://www.iqm.csic.es/nucleoside_group/index.html">http://www.iqm.csic.es/nucleoside_group/index.html</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0973	PEREZ PEREZ, MARIA ESTHER	eperez@bvf.csic.es	INSTITUTO DE BIOQUIMICA VEGETAL Y FOTOSINTESIS	Estudio de la conexión entre autofagia, metabolismo del carbono y señalización redox en la microalga modelo <i>Chlamydomonas reinhardtii</i> (AlgaPHAGY)	La autofagia es un proceso degradativo mediante el cual las células eucariotas son capaces de eliminar componentes celulares tóxicos o dañados para mantener la homeostasis celular y afrontar condiciones de estrés. El material celular que será finalmente degradado en la vacuola es englobado en unas vesículas de doble membrana denominadas autofagosomas [1]. Las microalgas son organismos fotosintéticos de gran importancia ecológica y biotecnológica, ya que pueden eliminar CO2 atmosférico y producir compuestos de interés comercial incluyendo lípidos y carotenoides como productos secundarios de su metabolismo [2]. Nuestros estudios con la microalga modelo <i>Chlamydomonas reinhardtii</i> han demostrado que la autofagia es un proceso de supervivencia celular en condiciones limitantes como el déficit de nutrientes, el estrés oxidativo o el daño en el cloroplasto [3, 4, 5]. En nuestro laboratorio hemos generado mediante la tecnología CRISPR-Cas9 un mutante atg8 de <i>Chlamydomonas</i> . La proteína ATG8 desempeña una función esencial en la formación de los autofagosomas y se ha utilizado ampliamente como marcador molecular de la autofagia [1]. El objetivo de esta beca es realizar un estudio funcional de las estirpes WVT y atg8 de <i>Chlamydomonas</i> en condiciones de estrés tales como una alta intensidad lumínica o un daño oxidativo por tratamiento con distintos inductores de ROS. Para ello, se analizará desde un punto de vista fisiológico y molecular el fenotipo de ambas estirpes incluyendo los niveles de proteínas candidatas a ser degradadas mediante autofagia, los niveles de ROS en distintos compartimentos celulares, la actividad fotosintética o el papel de otras rutas degradativas como el proteasoma. El plan de formación de la persona seleccionada incluirá el aprendizaje de técnicas de bioquímica, biología molecular y celular, biología sintética, metabolómica y proteómica, así como de microbiología y fisiología de microalgas. El/la estudiante se integrará en un grupo científicamente activo en el que tendrá la oportunidad de asistir a reuniones y seminarios, que contribuirán positivamente a su proceso de aprendizaje y al inicio de su carrera científica. [1] Pérez-Pérez et al. (2010) <i>Plant Physiol</i> 152:1874-1888. [2] Sasso et al. (2018) <i>Elife</i> , 7:e39233. [3] Pérez-Pérez et al. (2012) <i>Autophagy</i> 8:376-388. [4] Heredia-Martínez, Andrés-Garrido et al. (2018) <i>Plant Physiol</i> 178:1112-1129. [5] Mallén-Ponce, Pérez-Pérez (2024) <i>Plant Physiol</i> 194(1):359-375.	<a href="https://www.bvf.us-csic.es/señalización-tor-y-mecanismos-de-adaptación-celular-estrés">https://www.bvf.us-csic.es/señalización-tor-y-mecanismos-de-adaptación-celular-estrés</a>
JAEINT24_EX_1699	PEREZ RAMOS, IGNACIO MANUEL	imperez@irmase.csic.es	INSTITUTO DE RECURSOS NATURALES Y AGROBIOLOGIA DE SEVILLA	"El papel de los herbívoros como moduladores de las redes de competencia entre plantas"	La herbivoría por ungulados salvajes y domésticos ha sido identificada como una de las perturbaciones más importantes para los ecosistemas terrestres debido a su gran influencia sobre una amplia gama de propiedades ecosistémicas. Los herbívoros no solo actúan como agentes directos de perturbación a través del pisoteo y la producción de excrementos, sino que también pueden ejercer efectos indirectos sobre el funcionamiento del ecosistema mediante su papel como consumidores selectivos de la biomasa vegetal. Así, los herbívoros pueden alterar la dinámica competitiva entre las especies vegetales mediante sus hábitos selectivos de forrajeo, lo que podría conducir a cambios relevantes en la composición y estructura funcional de la comunidad vegetal. Sin embargo, se desconoce aún cómo estos efectos mediados por herbívoros podrían variar en función de las condiciones ambientales. Para analizar cómo los daños causados por herbívoros podrían alterar las redes de competencia entre plantas, llevaremos a cabo un experimento de invernadero utilizando varias especies herbáceas con diferentes estrategias funcionales de resistencia a la herbivoría, que serán expuestas a diferentes escenarios de humedad y temperatura de acuerdo con las predicciones de cambio climático para la región mediterránea. La mitad de las plantas serán podadas en tres momentos diferentes, tratando de simular los daños por defoliación comúnmente causados por herbívoros mamíferos generalistas. El experimento aquí propuesto es particularmente novedoso dada la carencia de evidencias empíricas que hayan testado previamente cómo el impacto de los herbívoros puede modular la red de interacciones competitivas bajo condiciones contrastadas de disponibilidad de recursos. El alumno participará en diferentes tareas, tanto de campo como de invernadero, relacionadas con este proyecto específico así como con otros proyectos vigentes en el grupo de investigación (todos ellos relacionados con el impacto de diferentes motores de cambio global sobre interacciones planta-organismo y planta-suelo). El grupo de investigación en el que se integrará el estudiante representará una excelente oportunidad para su formación por diferentes motivos: (1) el carácter interdisciplinar del equipo le aportará información muy valiosa en aspectos relacionados con ecología funcional de plantas, biología del suelo y cambio global, entre otros; (2) su formación incluirá el aprendizaje de técnicas de diseño experimental, muestreos de vege	<a href="https://www.irmas.csic.es/sifomed/">https://www.irmas.csic.es/sifomed/</a>
JAEINT24_EX_1361	PEREZ RUIZ, JUAN MANUEL	jmperez@bvf.csic.es	INSTITUTO DE BIOQUIMICA VEGETAL Y FOTOSINTESIS	The contribution of redox signals to the biogenesis and stability of chloroplasts in <i>Arabidopsis thaliana</i>	El tema del trabajo a desarrollar se enmarca en la línea de investigación del grupo y propone abordar nuevos objetivos, no incluidos en el proyecto (PID2020-115156GB-I00) que estamos desarrollando en la actualidad. Las líneas generales de nuestra investigación se centra en el estudio de los sistemas redox del cloroplasto de plantas, utilizando el organismo modelo <i>Arabidopsis thaliana</i> . La relevancia de nuestras contribuciones científicas, publicadas en revistas de alto impacto ( <i>Plant Cell</i> , <i>Molecular Plant</i> , <i>Plant Physiology</i> , <i>Redox Biology</i> o <i>PNAS</i> , entre otras), avala la posición de liderazgo internacional alcanzada en el campo de la biología redox y la excelencia de nuestra actividad investigadora. Nuestros resultados indican que la homeostasis redox de los plástidos es muy importante en procesos de biogénesis del cloroplasto y, por tanto, en el crecimiento y desarrollo vegetal, así como en la aclimatación de las plantas a fluctuaciones ambientales. El objetivo central de nuestro grupo es el de establecer la base molecular del mecanismo de regulación redox en la que se basa la extraordinaria plasticidad del metabolismo del cloroplasto, para ello venimos utilizando una combinación de aproximaciones genéticas, fisiológicas y bioquímicas. Durante el periodo de disfrute de la ayuda de formación, el estudiante realizará labores de iniciación en las líneas de investigación del grupo, con el objetivo de aprender las técnicas básicas, rutinarias en nuestro laboratorio, de Bioquímica y Biología Molecular de plantas. Las tareas a desarrollar, siempre bajo la supervisión de miembros del grupo, incluyen cultivo y caracterización de líneas mutantes de <i>Arabidopsis</i> , determinación de parámetros fotosintéticos, análisis de expresión por técnicas de RT-PCR y Western blot, expresión y purificación de proteínas recombinantes y estudios bioquímicos. En la actualidad, el grupo está formado por cuatro profesores (1 Catedrático, 2 Prof. Titular y 1 Prof. Contratado) vinculados a la Universidad de Sevilla, además de dos investigadores postdoctorales, dos estudiantes predoctorales y un técnico de laboratorio, lo que permitirá una sólida formación del estudiante en caso de obtener la ayuda solicitada. Así mismo, resaltar que el carácter multidisciplinar del trabajo que realizamos en el grupo, tecnologías bioquímicas, genéticas, de biología molecular y celular, entre otras, será de gran utilidad para que el estudiante adquiera una excelente formación.	<a href="https://www.bvf.us-csic.es/category/12/12g2-biotecnolog%C3%ADa-de-semillas-de-cereales">https://www.bvf.us-csic.es/category/12/12g2-biotecnolog%C3%ADa-de-semillas-de-cereales</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0994	PEREZ TORRADO, ROBERTO	rober@iata.csic.es	INSTITUTO DE AGROQUIMICA Y TECNOLOGIA DE ALIMENTOS	Exploración de las fermentaciones tipo Kombucha: Desvelando consorcios óptimos, interacciones metabólicas y perfiles sensoriales	Embárcate en un viaje al reino de las fermentaciones tipo kombucha con nuestro innovador proyecto de investigación. Buscamos a un estudiante motivado que se una a nuestro equipo para desentrañar los entresijos de los consorcios microbianos, la dinámica metabólica y los matices sensoriales de esta apreciada bebida fermentada. La kombucha ha cautivado a entusiastas de todo el mundo, pero su ecología microbiana y la complejidad de su sabor siguen rodeadas de misterio. Como parte de nuestro equipo, tendrás la oportunidad de explorar los consorcios microbianos óptimos para mejorar los resultados de la fermentación. Tu papel consistirá en profundizar en las fascinantes interacciones entre especies de levaduras como <i>Brettanomyces bruxellensis</i> y bacterias como <i>Komagataeibacter intermedius</i> . Al sondear sus rutas metabólicas y relaciones ecológicas, contribuirás a descubrir los secretos que se esconden tras una fermentación satisfactoria y a identificar la mezcla fermentativa definitiva. Pero eso no es todo: vamos más allá. En nuestra búsqueda de la innovación, experimentaremos con medios de fermentación diferentes a los tradicionales de la kombucha, usando cereales como la avena, conocidos por sus prometedoras propiedades saludables. Explorando nuevos sustratos, pretendemos ampliar el espectro de sabores y beneficios para la salud que pueden ofrecer bebidas con base de cereal pero con un esquema fermentativo similar a la kombucha. Únete a nosotros en nuestra búsqueda para descifrar las complejidades metabólicas y la dinámica ecológica de las fermentaciones similares a la kombucha. Como parte de nuestra comunidad de investigación inclusiva y colaborativa, sus ideas y contribuciones serán valoradas y celebradas. Tanto si te atrae la microbiología, la ciencia sensorial o el arte de la fermentación, este proyecto te ofrece una oportunidad única de tener un impacto tangible en un campo en rápida evolución. Sumérgete en el mundo de las fermentaciones tipo kombucha y forma parte de un esfuerzo de investigación transformador. Presenta ahora tu solicitud para unirse a nuestro equipo y embarcarte en un viaje de descubrimiento científico e innovación en el sabor. Juntos, redefinamos el futuro de las bebidas fermentadas y liberemos todo su potencial para disfrutar de su sabor y sus beneficios para la salud.	<a href="https://www.iata.csic.es/personal/roberto-perez-torrado">https://www.iata.csic.es/personal/roberto-perez-torrado</a>
JAEINT24_EX_1441	Peris Blanes, Jordi	jperisb@dpi.upv.es	INSTITUTO DE GESTION DE LA INNOVACION Y DEL CONOCIMIENTO	Plataformas nacionales y misión europea de ciudades climáticamente neutras	El objetivo de esta ayuda es iniciar a una persona en trabajos de investigación con total inmersión en un equipo y proyecto de investigación que versa, en el contexto de los estudios de innovación y las transiciones urbanas a la sostenibilidad, sobre la gobernanza multinivel y el papel de las plataformas nacionales en el desarrollo de la Misión Europea "100 ciudades climáticamente neutras e inteligentes antes de 2030". En vinculación con el proyecto capaCITIES de Horizonte Europa, el objetivo de la propuesta se centra en el acompañamiento e investigación a <i>cityES2030</i> , la plataforma de colaboración entre ciudades que ofrece espacios para el encuentro, el entrenamiento y la implementación para acelerar la transición hacia la neutralidad climática de las ciudades españolas. Concretamente, ha dinamizado activamente la elaboración de los Acuerdos Climáticos de Ciudad en ciudades como Valencia, Vitoria, Zaragoza, Valladolid y Madrid, que ya han recibido el reconocimiento de ciudad misión por parte de la Comisión Europea y trabaja con un total de diecisiete ciudades. El proyecto de investigación desarrollará un proceso de investigación-acción-aprendizaje para sistematizar la experiencia de <i>cityES2030</i> . Para todo ello, se emplearán técnicas cualitativas de investigación (análisis documental, entrevistas semi-estructuradas, observación participante) y herramientas metodológicas participativas innovadoras (system innovation, stakeholder mapping, system thinking, design thinking, herramientas digitales: MIRO, NVIVO). Estas técnicas de investigación permiten el desarrollo de habilidades de análisis, así como entablar relaciones con instituciones, administraciones y otros agentes relacionados con las diferentes hélices de la innovación (Academia, Administración, Sector Privado, Sociedad Civil, Medios de Comunicación). Asimismo, se desarrollará investigación comparada con la experiencia de <i>Viable Cities</i> en Suecia. El proyecto se divide en tres fases: 1) mapeo de actores, instrumentos y procesos; 2) desarrollo de procesos y dinámicas participativas para la comprensión y co-creación de instrumentos orientados a desarrollar la capacidad urbana de transformación; 3) sistematización, análisis y difusión de resultados. La persona candidata conseguirá experiencia en investigación apoyando las tareas asociadas a las fases y técnicas cualitativas, acompañando la implementación de metodologías participativas punteras. Se iniciará en la redacción de trabajos de inv	<a href="https://www.ingenio.upv.es/es">https://www.ingenio.upv.es/es</a>
JAEINT24_EX_0418	PERIS CERDAN, DAVID	david.peris@ibb.csic.es	INSTITUTO BOTANICO DE BARCELONA	Descubre quienes fueron los primeros insectos polinizadores	El 90% de las plantas terrestres que conocemos hoy en día son angiospermas (plantas con flor). Sin embargo, el origen de este grupo de plantas tiene poco más de 100 millones de años. Las causas que motivaron la gran diversificación que vivieron las plantas con flor durante el Cretácico continúa siendo una incógnita hoy en día. Parte de esta radiación puede ser explicada con la evolución conjunta que vivieron junto a los insectos polinizadores. Los coleópteros (escarabajos) se encuentran entre los primeros polinizadores de las angiospermas hasta que aparecieron relaciones más específicas con abejas o mariposas. En este proyecto se pretende realizar una inmersión del candidato en el estudio de ejemplares de coleópteros fósiles en ámbar, de hace 100 millones de años, conservados junto con granos de polen de diferentes grupos de plantas. El objetivo es familiarizar al candidato con la metodología del estudio de fósiles en ámbar y la terminología utilizada en taxonomía de coleópteros, así como comprender la importancia del estudio de los fósiles para comprender el origen y evolución de la polinización de las flores. Se pretende enseñar al candidato a tener una actitud crítica y utilizar el método científico en la resolución de cuestiones evolutivas para llegar así a responder a problemas actuales de pérdida de biodiversidad en general y de polinizadores en particular. Se utilizarán métodos de estudios clásicos, como el microscopio, pero también tecnología puntera, como la reconstrucción 3D de los ejemplares fósiles.	<a href="https://www.ibb.csic.es/investigacion/entomologia-e-interacciones-insecto-planta/">https://www.ibb.csic.es/investigacion/entomologia-e-interacciones-insecto-planta/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0465	PERNAS OCHOA, MONICA	pernas.monica@inia.csic.es	CENTRO DE BIOTECNOLOGIA Y GENOMICA DE PLANTAS	ESTUDIO DEL DESARROLLO DEL SISTEMA RADICULAR Y SU ADAPTACIÓN A LAS CONDICIONES AMBIENTALES DERIVADAS DEL CAMBIO CLIMÁTICO.	El objetivo fundamental de la beca es que el/la estudiante inicie su carrera investigadora y amplíe sus conocimientos científicos y tecnológicos en el marco de las líneas de investigación de nuestro grupo relacionadas con el estudio de la adaptación de los cultivos al cambio climático. El proyecto científico que el estudiante desarrollará durante la beca se centrará en analizar los procesos del desarrollo que forman parte de la respuesta a estreses ambientales y nutricionales derivados del cambio climático en las raíces de las plantas. Se analizarán las bases celulares y moleculares que subyacen a la regulación de dicha respuesta tanto en la planta modelo <i>A.thaliana</i> como en distintos cultivos de Brassicas, <i>B.napus</i> y <i>B.rapa</i> . Para ello se llevarán a cabo distintos análisis fenotípicos de la respuesta a distintos estreses ambientales y nutricionales (caracteres fisiológicos y del desarrollo del sistema radicular) en mutantes de pérdida de función de genes clave en la regulación de la respuesta al aumento de temperatura y estreses nutricionales en las raíces de <i>A.thaliana</i> . Además, se generarán y caracterizarán plantas transgénicas de Brassica con función alterada en estos genes reguladores, identificados previamente en el laboratorio, mediante la tecnología de edición génica CRISPR-Cas. Para todo ello se emplearán tanto técnicas básicas como avanzadas de fisiología vegetal (cuantificación de nutrientes, T° canopia, actividad clorofílica y fotosintética); biología molecular (técnicas de DNA y RNA, clonajes, genotipado, PCR analítica, qPCR); estudios moleculares de interacción de proteínas; fenotipado mediante análisis de captación de imágenes; cultivo in vitro (generación de plantas transgénicas) y utilización de programas de análisis de datos, estadística y bioinformática. En este contexto, el/la estudiante desarrollará un proyecto propio de investigación participando activamente en el diseño de los experimentos, así como en la interpretación y presentación de los resultados. El progreso del estudiante se monitorizará de forma constante mediante la supervisión de miembros senior del laboratorio, así como en reuniones semanales con los responsables del proyecto y presentará sus resultados en las reuniones de grupo de forma periódica. El CBGP como centro de Excelencia Severo Ochoa, es uno de los centros líderes a nivel mundial en la formación de estudiantes en las áreas de biotecnología, genómica y bioinformática aplicada a los cultivos. En resumen, el/la estu	<a href="https://www.cbgp.upm.es/index.php/es/el-cbpg/monica-pernas-ochoa">https://www.cbgp.upm.es/index.php/es/el-cbpg/monica-pernas-ochoa</a>
JAEINT24_EX_0894	PERNAUTE LOMBA, BARBARA	barbara.pernaute@csic.es	CENTRO ANDALUZ DE BIOLOGIA DEL DESARROLLO	Regulación de la integridad genómica durante la activación del genoma y adquisición de totipotencia en el embrión de mamíferos	Las primeras etapas del desarrollo embrionario de mamíferos representan un periodo único en el que la fusión de dos células diferenciadas genera un embrión totipotente, es decir con la extraordinaria capacidad de dividirse y diferenciarse en todos los tipos celulares del nuevo organismo. Este proceso supone una reprogramación transcripómica y epigenética profunda, necesaria para borrar la herencia parental de los gametos y permitir tanto la reprogramación al estado de totipotencia como la activación del genoma del embrión. El control de la integridad genómica en estas etapas es crucial, sin embargo nuestros resultados indican que existe una disminución en la respuesta al daño en el ADN durante la activación del genoma de mamíferos (Wyatt, Pernaute et al 2022), lo que concuerda con la respuesta limitada al daño en el ADN observada en embriones humanos durante los primeros días del desarrollo. Hasta el momento se desconoce en qué medida este menor control de la integridad genómica podría beneficiar al embrión o si existe una relación con la reprogramación transcripómica y epigenética que tienen lugar en ese momento. Este proyecto abordará esta cuestión utilizando un novedoso modelo mediante el cual células madre pluripotentes de ratón se pueden reprogramar in vitro a un estado similar al momento de activación del genoma y totipotencia embrionaria. El proyecto implicará: i) la caracterización de la activación de la respuesta al daño en el ADN en células pluripotentes antes y después de su reprogramación a totipotencia; y ii) un análisis funcional mediante el cual se manipularán en células pluripotentes las vías de respuesta al daño en el ADN con inhibidores específicos y/o generando mutaciones por CRISPR, y se analizará el impacto que esto tiene en la capacidad de reprogramación a totipotencia. Los resultados contribuirán a la determinación de las diferencias en el control de la integridad genómica y su impacto dependiendo del grado de diferenciación celular (pluri vs totipotencia). El plan formativo incluye: 1) aprendizaje de técnicas de cultivo celular y manipulación genómica por CRISPR de células madre embrionarias; 2) aprendizaje de técnicas de biología molecular (qPCR, clonajes) y biología celular (inmunofluorescencia, microscopía confocal, citometría); 3) adquisición de conocimiento sobre: el desarrollo embrionario temprano de mamíferos, la biología de células madre embrionarias pluripotentes, y la regulación de la integridad genómica.	<a href="https://www.cabd.es/en/research_groups/cell-fate-determination-in-early-mammalian-development/summary-439.html">https://www.cabd.es/en/research_groups/cell-fate-determination-in-early-mammalian-development/summary-439.html</a>
JAEINT24_EX_1288	PETRI SERRANO, CESAR	cesar.petri@csic.es	INSTITUTO DE HORTOFRUTICULTURA SUBTROPICAL Y MEDITERRANEA LA MAYORA	Desarrollo de técnicas para la transformación genética y edición de ADN en pitaya ( <i>Hylocereus</i> spp.)	La pitaya es un cultivo subtropical proveniente de América. Su cultivo se ha extendido a otras zonas del planeta, entre ellas España. Es una especie con bajas necesidades hídricas. Esta característica lo hace un cultivo muy interesante para nuestro país donde, debido al cambio climático, dispondremos de menos recursos hídricos y habrá que optimizar su uso. En el futuro, la pitaya se podría convertir en una especie económicamente muy importante en el Sur de Europa. Hasta la fecha, muchas herramientas biotecnológicas que ya son cotidianas en otras especies cultivadas (marcadores moleculares, transformación genética, edición génica, etc.) no han sido todavía perfeccionadas en pitaya, ni se conoce mucho sobre su genética y genómica. El desarrollo de protocolos para la transformación genética abriría la posibilidad de realizar estudios de genómica funcional en esta interesante especie, altamente resistente a la sequía. Además, permitiría la aplicación de técnicas de edición de genomas que podrán ser utilizados para desarrollar variedades más adaptadas y productivas en España. Este plan de formación representa una gran oportunidad a un/a estudiante de Grado/Master para adquirir conocimientos sobre cultivo in vitro, biología molecular y transformación y edición génica de plantas en general, y del género <i>Hylocereus</i> en particular.	<a href="https://www.ihsm.uma-csic.es/">https://www.ihsm.uma-csic.es/</a>



REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0220	PEY BETRAN, JORGE	jorge.pey@ipe.csic.es	INSTITUTO PIRENAICO DE ECOLOGIA	Calima y paleocalima desde una perspectiva multidisciplinar	Esta beca formativa pretende dar a conocer diferentes aspectos científicos relacionados con los eventos de polvo sahariano (calima) que llegan a España. En el grupo de Paleoambientes Cuaternarios y Cambio Global abordamos este apasionante tema de trabajo desde una perspectiva multidisciplinar que cubre la monitorización actual en diferentes puntos de España, la modelización meteorológica, el estudio del registro sedimentario a partir de muestras procedentes de lagos, turberas y testigos de hielo, o la evaluación de impactos en el clima, especialmente relacionados con la fusión nival. Toda nuestra investigación combina trabajo de campo, análisis diversos en laboratorio, evaluación e interpretación de resultados, actividades de difusión para todos los públicos, etc, siempre en un entorno rico en colaboraciones con otros grupos científicos. La beca formativa tendrá como sede principal el Instituto Pirenaico de Ecología, y estará complementada con una estancia breve (hasta 4 semanas) en el Instituto de Diagnóstico Ambiental y Estudios del Agua.	<a href="http://www.ipe.csic.es/">http://www.ipe.csic.es/</a>
JAEINT24_EX_0276	PIAZZON DE HARO, MARIA CARLA	carla.piazzon@csic.es	INSTITUTO DE ACUICULTURA TORRE DE LA SAL	Estudio de leucocitos de peces mediante citometría de flujo y secuenciación de célula única	Los peces son los primeros organismos en presentar un sistema inmunológico completo con los dos componentes, el innato y el adaptativo. Aunque prácticamente todos los tipos celulares del sistema inmunológico de mamíferos, o equivalentes, se han encontrado en peces, su caracterización es mucho más limitada. Esto es en gran parte debido a la escasez de herramientas y protocolos para su estudio. En nuestro grupo, estamos desarrollando nuevos anticuerpos frente a linfocitos de dorada y planteamos el uso de la secuenciación de célula única para definir las diferentes subpoblaciones leucocitarias en distintos tejidos en peces sanos e infectados con parásitos de mucosas. Sin embargo, la secuenciación de célula única requiere células viables y es necesario desarrollar métodos para conservar las células hasta el momento de la secuenciación. Alternativamente, se puede hacer secuenciación de núcleos aislados, que son más fáciles de conservar en congelación. Las tareas asociadas a este trabajo serán: 1) Caracterizar las poblaciones leucocitarias en riñón anterior, bazo e intestino de doradas sanas e infectadas mediante citometría de flujo utilizando los nuevos anticuerpos disponibles; 2) Desarrollo de métodos de criopreservación de leucocitos de dorada; y 3) Optimización de protocolos de aislamiento de núcleos de leucocitos de dorada. Durante esta ayuda se desarrollarán competencias mayoritariamente relativas a la biología celular: aislamiento de leucocitos con gradientes de densidad, manejo de cultivos celulares primarios, inmunocitoquímica o citometría de flujo, entre otras. Los resultados de este trabajo ayudarán a tener un mayor conocimiento de las células del sistema inmunológico de los peces y establecerán protocolos clave para el estudio en profundidad de estas poblaciones.	<a href="https://iats.csic.es/patologia-de-peces/">https://iats.csic.es/patologia-de-peces/</a>
JAEINT24_EX_0821	PIMENTEL IGEA, JUAN FELIX	juan.pimentel@cchs.csic.es	INSTITUTO DE HISTORIA	Iniciación estudios historia cultural de la ciencia	Dada la escasa implantación de la historia de la ciencia en los planes de estudios, se trata de abrir el panorama de estos estudios al alumno, una suerte de introducción a una disciplina que tiene sus códigos, sus problemas, sus temas y su tradiciones académicas. Con esto sería suficiente. Pero además pensamos que sería bueno emplear al estudiante para realizar un trabajo concreto, un estado de la cuestión de algún aspecto del proyecto que hemos solicitado, relacionado con el medioambiente, la historia de la vida, la biodiversidad y la extinción.	<a href="https://cchs.csic.es/personal/juan-felix-pimentel-igea">https://cchs.csic.es/personal/juan-felix-pimentel-igea</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0045	PIMENTEL MUIÑOS, FELIPE XOSE	fxp@cbm.csic.es	CENTRO DE BIOLOGÍA MOLECULAR SEVERO OCHOA	Nuevas actividades no convencionales del regulador autofágico ATG16L1 y su relevancia en inmunidad innata y cáncer	La autofagia es un proceso degradativo que mantiene la homeostasis celular en respuesta a situaciones de estrés. Raones deficientes en proteínas de la maquinaria autofágica (ATGs) muestran fenotipos patológicos como la neurodegeneración, patologías inflamatorias o cáncer, demostrando que la autofagia previene diversas enfermedades. Sin embargo, recientemente se han descrito diferentes actividades en las que las ATGs funcionan de formas no convencionales en procesos alternativos a la autofagia canónica. La contribución de esas funciones atípicas a la prevención de las patologías que surgen en ausencia de ATGs (y por tanto su potencial valor terapéutico) es desconocida. ATG16L1 es un efector autofágico que promueve la formación de los autofagosomas facilitando la lipidación de ATG8/LC3. Un polimorfismo codificante de ATG16L1 (T300A; rs2241880) incrementa el riesgo de sufrir patologías inflamatorias y cáncer, y nuestro grupo ha mostrado que, en lugar de alterar la autofagia convencional, este alelo inhibe las actividades no canónicas ejercidas por el dominio C-terminal de ATG16L1 que contiene repeticiones WD40 (WDD). Estas actividades son distintas de la autofagia canónica, e incluyen el control de la endocitosis, de la estabilidad de otras proteínas, o del carácter inmunogénico de la muerte celular, algunas de las cuales se ven alteradas por el alelo T300A. Por tanto, al menos en el caso de ATG16L1, son precisamente las actividades atípicas del WDD las que se ven alteradas por el alelo patológico, indicando que la caracterización de estas funciones no canónicas es importante para entender cómo ATG16L1 previene la enfermedad. El proyecto propone caracterizar molecularmente nuevas actividades no canónicas de ATG16L1 identificadas en el laboratorio y explorar su papel en patología. Estas actividades están implicadas en la regulación de la muerte celular inmunogénica, que tiene un papel relevante en biología tumoral y respuesta a la quimioterapia, así como en el control de la respuesta anti-bacteriana mediada por TMEM59. Para ello, el/la candidata/a utilizará un amplio rango de técnicas de biología molecular y celular, biología de proteínas, cultivos celulares y manejo de ratones, incluyendo la manipulación genética por CRISPR/Cas9, microscopía confocal avanzada o modelos de tumorigénesis en ratón. Publicaciones: -Boada et al. EMBOJ, 2013 -Boada et al. Nat. Commun., 2016 -Slowicka et al. Nat. Commun., 2019 -Serramito et al. Nat. Commun., 2020	<a href="https://www.cbm.uam.es/fxpimentel">https://www.cbm.uam.es/fxpimentel</a>
JAEINT24_EX_1453	PINTADO VALVERDE, JOSE	pintado@iim.csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES MARINAS	Estudio de las comunidades microbianas en kombu de azúcar (Saccharina latissima) en un sistema de acuicultura multitrofica integrada con mejillón.	El kombu de azúcar (Saccharina latissima) es una especie prometedora en la acuicultura europea de algas, con gran potencial en su utilización en sistema de acuicultura multitrofica integrada (AMTI), asociada a cultivo de mejillón (Mytilus galloprovincialis), sirviendo para la captación de nutrientes y mitigando el impacto ambiental. Las comunidades bacterianas asociadas a macroalgas desempeñan un papel determinante en la fisiología del alga, considerándose esta y su microbiota asociada como una entidad funcional singular u holobionte. En este contexto, el conocimiento de las comunidades bacterianas puede ser crítico en la acuicultura de algas marinas para establecer condiciones que eviten fenómenos de disbiosis y asegurar la salud de las algas. La formación estaría relacionada con la línea de investigación en curso, dirigida al estudio de modelos piloto de sistemas de AMTI con enfoque ecosistémico, y se centrará en el estudio del microbioma de kombu de azúcar en un sistema AMTI en el mar, asociada a cultivos de mejillón en batea. Se estudiarán las comunidades microbianas en el germoplasma de S. latissima utilizado para la siembra de los sistemas de cultivo en long-line, así como su evolución en los cultivos a diferentes tiempos. Se llevará a cabo asimismo un estudio comparativo con ejemplares silvestres en la misma zona. El análisis de las comunidades bacterianas epifitas del alga se analizará a partir de la extracción del ADN bacteriano obtenido de la superficie de alga, y amplificación de la región V4 del gen ARNr 16S, analizado posteriormente mediante secuenciación Miseq (Illumina). Así, la estancia de formación permitirá al solicitante iniciarse en la actividad investigadora, familiarizándose con diferentes aspectos teóricos y técnicos de cultivo de macroalgas, de microbiología, de análisis molecular y bioinformática, relacionados con la línea de trabajo en curso, contribuyendo a la comprensión de las interacciones microbianas en la acuicultura de algas y sus implicaciones para los sistemas AMTI.	<a href="http://www.iim.csic.es">www.iim.csic.es</a>
JAEINT24_EX_0206	PIÑOL LACAMBRA, MILAGROS	mpinol@unizar.es	INSTITUTO DE NANOCIENCIA Y MATERIALES DE ARAGON	Copolimeros bloque anfifilos degradables y termosensibles para aplicaciones biomédicas	El desarrollo de sistemas 'inteligentes' activados de forma remota para la administración controlada y precisa de agentes terapéuticos está motivada por las limitaciones de las formulaciones convencionales. En este contexto, los polímeros anfifilos que en medio acuoso se auto-organizan formando partículas de dimensiones nanométricas capaces de acomodar moléculas discretas en su interior se están explorando como transportadores de fármacos. Si además se utilizan polímeros cuyas propiedades físico-químicas cambian en respuesta a un estímulo específico, se pueden diseñar nanotransportadores que liberen su carga en respuesta a una señal una vez han alcanzado el lugar de actuación. En la actualidad, en el grupo CLIP (Liquid Crystals and Polymers) hay abierta una línea de trabajo centrada en la producción de nanotransportadores con foto-termorrespuesta basado en polímeros degradables y su aplicación para la dosificación de antiinflamatorios. Estos sistemas demandan el diseño y la preparación de polímeros con un excelente control de su estructura química y una respuesta programada a estímulos externos utilizando técnicas de polimerización controlada y reacciones de la denominada química 'click' como herramientas sintéticas. El estudiante que opte a esta línea de investigación explorará la preparación de copolímeros bloque anfifilos utilizando polietilenglicol, o un polímero equivalente, para polimerizar un policarbonato alifático que permita introducir unidades con respuesta a la temperatura mediante estrategias de post-polimerización. Cubrirá las siguientes tareas: (i) preparación de monómeros (ii) preparación y caracterización estructural de los polímeros mediante reacciones por apertura de anillo organocatalizadas y post-funcionalización de los mismos con tioles (iii) estudio de los procesos de auto-ensamblado en agua y caracterización de las nanopartículas formadas en dicho proceso (iv) estudio de la respuesta a la temperatura de los auto-ensamblados formados (v) estudio de carga y liberación frente a la temperatura de moléculas modelo	<a href="https://liquidcrystals.unizar.es/">https://liquidcrystals.unizar.es/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0414	PIULACHS BAGA, M.DOLORES	md.piulachs@csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA EVOLUTIVA	piRNAs functions in insect oogenesis	<p>The piRNAs are a class of small non-coding RNAs (snRNAs) described as genome lifeguards since they were associated with repression of transposon expression. Nowadays, the piRNA functions beyond protecting the genome are spread, even going so far as to evidence their involvement in some human illnesses, like cancer. The project we propose is to study the expression and function of some piRNAs expressed in the ovary of the cockroach <i>Blattella germanica</i> at the end of the gonadotropic cycle during the chorion synthesis. We have identified the piRNAs expressed in <i>B. germanica</i> ovaries using libraries built at different stages of ovary development. These stage libraries allowed us to establish the expression patterns of all piRNAs and to know which piRNAs are being expressed at key moments, which ones are the most important (at least quantitatively) at each stage, and which targets they are repressing. These data are key in understanding the function and regulation of piRNA during insect oogenesis. We will modify the piRNA expression using antisense oligonucleotides or DIPA-CRISPR to deplete it. We will increase piRNA levels by injecting synthetic piRNAs. In addition, since the piRNAs can regulate the expression of mRNAs, we will predict mRNA target candidates for each piRNA, using the transcriptomes available in the laboratory. We will study the action of the piRNA on their target mRNAs. The student will receive training in basic molecular methodologies, including cloning and expression studies by real-time-quantitative PCR, RNAi methodologies (including synthesis of dsRNA and treatment of the animals), DIPA-CRISPR, and immunohistochemistry (fluorescence microscopy).</p>	<a href="https://www.biologiaevolutiva.org/mdpiulachs/">https://www.biologiaevolutiva.org/mdpiulachs/</a>
JAEINT24_EX_1459	PLANAS OBRADORS, ANA MARIA	anna.planas@iibb.csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES BIOMEDICAS DE BARCELONA	Regulación de la respuesta inmune innata en la patología cerebrovascular	<p>Brain vascular diseases represent a significant challenge in healthcare, contributing to high rates of mortality and permanent disability in our population. The interruption of blood flow to the brain leads to neuronal loss and brain injury, triggering an inflammatory response and innate immune reaction that are critical in both exacerbating the injury and facilitating its resolution. Our project focuses on unraveling the response of microglial cells, the resident macrophages in brain tissue, in the context of these diseases. We aim to investigate the intricate mechanisms governing their proliferation, as well as delve into associated transcriptomic and immunometabolic changes. Our hypothesis posits that modulating the phenotype and activity of these cells could hold the key to enhancing functional recovery while minimizing the risk of cognitive decline. To address these objectives, we will leverage state-of-the-art techniques and methodologies. Cellular separation tools will enable us to isolate and study microglial cells with precision, while advanced transcriptomics will provide insights into the genetic underpinnings of their response. Additionally, confocal microscopy will allow us to visualize cellular interactions and structural changes within brain tissue, while flow cytometry will enable detailed analysis of cellular populations. By employing these cutting-edge techniques, we not only aim to deepen our understanding of the pathophysiology underlying brain vascular diseases but also to equip participants in the JAE Intro program with valuable skills and expertise. Through hands-on experience with these advanced methodologies, participants will be empowered to pursue further research in the dynamic fields of neuroscience, cellular biology, and immunology.</p>	<a href="http://www.iibb.csic.es">www.iibb.csic.es</a>
JAEINT24_EX_0479	PLAZA MARTIN, NURIA PILAR	nuriap.plaza@csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES SOBRE DESERTIFICACION	Preparación de observaciones de viento para aplicaciones con Inteligencia Artificial: homogenización y análisis exploratorio	<p>El grupo Climatoc-Lab (<a href="https://climatoclab.csic.es/es/inicio/">https://climatoclab.csic.es/es/inicio/</a>) está centrado en el estudio de la variabilidad climática del viento en superficie con el objetivo principal de reducir la incertidumbre acerca de sus futuras tendencias y sus impactos asociados en distintos sectores de la sociedad, como por ejemplo el sector eólico, la calidad del aire, o la gestión de riesgos ante eventos extremos, entre otros. En este contexto, la/el candidata/to podrá iniciarse en esta línea de investigación altamente demandada tanto por la comunidad científica como por la industria. En concreto, la/el aplicante tendrá la oportunidad de aprender (i) las técnicas de limpieza de observaciones procedentes de estaciones meteorológicas, (ii) la homogenización de series climáticas a través del uso de herramientas como Climatol, (iii) el análisis de las series utilizando estadísticos y test de significancia y (iv) la elaboración conjunta de una publicación científica o participación en un congreso con los resultados obtenidos. Además, la/el candidata/to recibirá una introducción al uso de modelos neuronales de aprendizaje profundo (IA) para la interpolación espacial del viento a partir de las observaciones de estaciones meteorológicas. Por último, la/el solicitante podrá enriquecerse de las distintas perspectivas de la vida científica al interactuar con los estudiantes pre-doctorales, los investigadores post-doctorales y visitantes internacionales presentes en el Climatoc-Lab.</p>	<a href="https://climatoclab.csic.es/es/inicio/">https://climatoclab.csic.es/es/inicio/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0051	PLOU GASCA, FRANCISCO JOSE	fprou@icp.csic.es	INSTITUTO DE CATALISIS Y PETROLEOQUIMICA	Procesos biocatalíticos para la transformación de flavonoides bioactivos	En los próximos años, la Biocatálisis seguirá desempeñando un papel estelar en la producción de compuestos químicos, biocombustibles, fármacos, alimentos o sustancias cosméticas. La tecnología enzimática proporciona excelente regio-, quimio- y estereo-especificidad, con rendimientos de reacción notables, en condiciones suaves (temperaturas bajas, presión atmosférica y pHs próximos a 7). El Plan de Formación propuesto se resume en el empleo de enzimas para transformar flavonoides en productos de alto valor añadido, en particular glicósidos y acil-glicósidos, que pueden emplearse como ingredientes funcionales, en preparaciones farmacéuticas o en cosmética. Un objetivo primordial será el diseño de estrategias de reacción que permitan controlar la estructura de los productos. El trabajo se realizará en colaboración con los laboratorios del consorcio GLICOENZ ( <a href="http://www.glicoenz.org">http://www.glicoenz.org</a> ). Algunas de las técnicas que utilizará el estudiante son: HPLC (detectores PDA, ELSD), GC-MS, TLC, HPAEC-PAD, FTIR, cromatografía FLASH, extracción líquido-líquido, etc. Para estas reacciones químicas será clave la inmovilización de las enzimas implicadas, a fin de aumentar su resistencia mecánica y térmica, permitiendo su reutilización y el diseño de biorreactores. El Plan de Formación contempla la caracterización estructural de los compuestos obtenidos por RMN y espectrometría de masas. Para ello contamos con la colaboración del grupo del Dr. Jiménez-Barbero, del CIC bioGUNE. También se aplicarán técnicas de modelado molecular a las reacciones estudiadas, en colaboración con el grupo de la Dra Sanz-Aparicio del IQFR-CSIC. Otro aspecto a considerar es la evaluación de las propiedades de los productos sintetizados. Para ello se escalarán en el laboratorio las reacciones y se purificarán los compuestos. El Plan de Formación se beneficiará de la internacionalización del Grupo de Biocatálisis Aplicada. En los últimos años, hemos participado en redes tanto del ámbito latinoamericano (ENZNUJ, ENZAL) como europeo (COST-SysBioCat), así como en varios proyectos europeos (FISH4FISH, LIFE CYCLOPS —actualmente en vigor—) que nos han permitido establecer una red de contactos internacionales.	<a href="http://www.franciscoproulab.eu/">http://www.franciscoproulab.eu/</a>
JAEINT24_EX_0518	POKORNY MONTERO, CRISTINA ISABEL	pokorny@rjb.csic.es	REAL JARDIN BOTANICO	Hiperdominancia en puntos calientes de biodiversidad: El género Retama (Genistea, Leguminosae) como caso de estudio	En ocasiones, en ambientes hiperdiversos se observa que el paisaje está dominado por unas pocas especies, circunstancia conocida como hiperdominancia. Este proyecto busca esclarecer el papel que juegan los procesos eco-evolutivos en la formación y la resiliencia de puntos calientes de biodiversidad, con énfasis en las circunstancias que conducen a la hiperdominancia y sus consecuencias en las comunidades de plantas, en un contexto de cambio climático. El punto caliente de biodiversidad de la Cuenca Mediterránea y Macaronesia es un extraordinario laboratorio evolutivo para explorar la hiperdominancia en comunidades de plantas. Las leguminosas genisteas incluyen tanto especies que dominan formaciones vegetales (piornales, retamares, escobonales), como especies raras de distribución restringida. El género Retama, que se distribuye por la Cuenca Mediterránea y las Canarias y que comprende entre tres y cinco especies, será nuestro caso de estudio. Mientras que <i>R. monosperma</i> y <i>R. sphaerocarpa</i> ocupan el Mediterráneo occidental (Península Ibérica y NO África), <i>R. raetam</i> ocurre tanto en el Mediterráneo occidental (NO África) como en el oriental (Levante). Por último, <i>R. dasycarpa</i> es endémica de Marruecos y <i>R. rhodorhizoides</i> aparece exclusivamente en las Islas Canarias. La persona en formación inferirá la evolución de Retama y reconstruirá su historia biogeográfica, con énfasis en las Islas Canarias, a partir de datos de secuenciación tradicional y de nueva generación. Nuestro plan formativo abarca diversas áreas de conocimiento práctico y teórico de gran valor para el estudio de la biodiversidad. Estas incluyen tareas moleculares (como extracción de ADN, la preparación de genotecas indexadas, la hibridación de genotecas con kit de sondas y la secuenciación masiva de dianas genómicas) y tareas computacionales (como el procesamiento bioinformático de los datos resultantes, la implementación flujos de trabajo filogenéticos en clústeres, la inferencia bayesiana o el modelado de nicho, entre otras). Nuestro equipo tiene amplia experiencia desempeñando estas tareas y entrenando a futuras generaciones investigadoras. La persona candidata tendrá la oportunidad de integrarse en un dinámico equipo de investigación, se expondrá a otros proyectos que el equipo tiene en marcha, podrá participar en seminarios y grupos de lectura y, muy posiblemente, publique los resultados de su investigación en una revista académica especializada.	<a href="https://rjb.csic.es/ciencia/grupos-investigacion/biologia-evolutiva-de-plantas-patrones-procesos-y-mecanismos-pebg/">https://rjb.csic.es/ciencia/grupos-investigacion/biologia-evolutiva-de-plantas-patrones-procesos-y-mecanismos-pebg/</a>
JAEINT24_EX_1712	PORTABELLA ARNUS, MARCOS	portabella@cm.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS DEL MAR	Characterization of hurricane structure from satellite-derived wind fields	Extreme wind events occupy an increasing place in the mass media as they have direct societal and economic implications (human loss, material destructions, etc.), and are expected to become more destructive in the future as a consequence of global warming. Besides global warming, societies and economies are becoming increasingly vulnerable to extremes. Systematic collocations between medium (e.g. ASCAT) and low resolution (SMOS, SMAP, AMRS-2, CYGNSS) satellite observations with high-resolution Synthetic Aperture Radar (SAR) and in situ reference estimates from the Step Frequency Microwave radiometer (SFMR) and dropsondes acquired by the National Oceanographic and Atmospheric Administration (NOAA) P-3 hurricane "hunter" flights serve to compare and homogenize all these different measurements. This type of analyses can in turn provide quantifiable measures of the accuracy of the most severe storm dynamics from these products, and to derive extreme wind climate and trend analysis. In the context of the European Space Agency (ESA) MAXSS project, satellite-derived extreme winds from active (scatterometers) and passive (radiometers) systems are adjusted using collocated SFMR winds as reference. The latter are the golden reference for the extreme-wind scientific and operational communities, and as such, these adjusted satellite products are aimed for such users. Before delivering the products though, it's important to analyse the consistency between these satellite derived wind fields and those measured by in situ (e.g., SFMR). The selected candidate will develop suitable algorithms for the estimation of different hurricane structure parameters (e.g., wind radii, radius of maximum winds, etc.) as depicted by both satellites and hurricane hunters and thoroughly analyse their consistency.	<a href="https://www.icm.csic.es/es/grupo-investigacion/oceanografia-fisica-y-tecnologica">https://www.icm.csic.es/es/grupo-investigacion/oceanografia-fisica-y-tecnologica</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0565	POSE PADILLA, DAVID	dpose@ihsm.uma-csic.es	INSTITUTO DE HORTOFRUTICULTURA SUBTROPICAL Y MEDITERRANEA LA MAYORA	Estudio del papel de compuestos volátiles de fresa en la defensa frente a patógenos	La fresa es una de las frutas más populares entre los consumidores gracias a su sabor y aroma único, características en las cuales juega un papel fundamental el contenido en compuestos volátiles (VOCs). Como parte de un proyecto previo, nuestro grupo de investigación re-secuenció y obtuvo el patrón de VOCs de frutos de 199 variedades europeas de la especie de fresa silvestre <i>Fragaria vesca</i> . Con estos datos, y mediante un estudio de asociación de genoma completo (GWAS), hemos identificado genes candidatos para la síntesis de diferentes tipos de estos VOCs, incluyendo compuestos asociados al aroma de fresa y a la defensa frente a plagas y enfermedades. Entre los varios compuestos en los que nuestro grupo de investigación se ha centrado, está el compuesto volátil $\alpha$ -farneseno, un isoprenoide de 15 átomos de carbono (sesquiterpeno), para el cual se identificó, validó y caracterizó el gen responsable de su síntesis (FvAFS). Estudios previos han demostrado que la síntesis de $\alpha$ -farneseno se induce tras daño provocado por herbívoros, teniendo a su vez un efecto atrayente de lepidópteros. Sin embargo, se desconoce su papel en defensa frente a hongos patógenos. Uno de los principales en frutos de fresa es el hongo <i>Botrytis cinerea</i> , responsable del mohó o podredumbre gris. Experimentos preliminares de nuestro grupo han mostrado una correlación entre los niveles de $\alpha$ -farneseno en fruto y la susceptibilidad del mismo a la infección por <i>B. cinerea</i> . Por lo tanto, el trabajo a desarrollar con el contrato JAE-Intro consistiría en explorar en más detalle el papel de este VOC en la resistencia/susceptibilidad a este hongo con las siguientes tareas: -Ensayos de infección de frutos en campo usando accesiones de <i>F. vesca</i> con niveles de $\alpha$ -farneseno diferenciales, lo que permitirá corroborar la correlación nivel de $\alpha$ -farneseno/susceptibilidad previamente observada. -Ensayos de germinación y crecimiento in vitro de esporas de <i>B. cinerea</i> en presencia de diferentes concentraciones de $\alpha$ -farneseno. -Diseño y obtención de construcción CRISPR/Cas9 para la edición del gen FvAFS y transformación estable de plantas de <i>F. vesca</i> . Esto permitirá generar líneas mutantes que carezcan de $\alpha$ -farneseno para su posterior caracterización, con especial interés en su respuesta de defensa a diversos patógenos. Con estas tareas esperamos conocer en más detalle el papel biológico del $\alpha$ -farneseno en la defensa del fruto de fresa frente a patógenos.	<a href="https://www.ihsm.uma-csic.es/grupos/14">https://www.ihsm.uma-csic.es/grupos/14</a>
JAEINT24_EX_1130	POYATOS ADEVA, JUAN FERNANDO	jpoyatos@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Inteligencia artificial generativa y el lenguaje celular.	Si concebimos una célula como un sistema dinámico complejo, en el que muchos de sus genes interactúan hasta producir un patrón de actividad génica concreto, no es del todo claro cómo poder describir su funcionamiento o su respuesta a una perturbación determinada. Una posible vía para entender estas respuestas es la posibilidad de que estos patrones multidimensionales de actividad puedan reducirse a un número menor de dimensiones debido a las diferentes interacciones entre genes. Utilizando esta descripción simplificada, quizás podremos anticipar la respuesta de una célula a una perturbación; por ejemplo, una mutación de un gen, la acción de una droga (si la célula es una célula cancerosa, etc.). En este proyecto, haremos uso de técnicas de inteligencia artificial generativa para primero identificar las dimensiones que pueden comprimir la complejidad celular y posteriormente utilizar este marco computacional para generar nuevos comportamientos. La inteligencia artificial generativa simula cómo ciertos datos son generados en el mundo real. Para lograrlo, busca identificar factores desacoplados y estadísticamente independientes que explican la variación en los datos. Uno de los métodos más reconocidos para alcanzar este objetivo es conocido como autoencoder variacional. Estos sistemas incorporan un módulo de reconocimiento, o codificación, y otro de decodificación, o modelo generativo. En este proyecto, nos familiarizaremos con esta clase de modelos e intentaremos aplicarlo a la generación de respuestas celulares potenciales a cambios genéticos o ambientales. Se requiere de experiencia avanzada en programación en Python.	<a href="http://www.user.cnb.csic.es/~jpoyatos/">http://www.user.cnb.csic.es/~jpoyatos/</a>
JAEINT24_EX_0828	POZO BENITO, JUAN CARLOS DEL	pozo@inia.csic.es	CENTRO DE BIOTECNOLOGIA Y GENOMICA DE PLANTAS	Uso de los microorganismos para la mejora de la nutrición vegetal e incremento de la producción agrícola	El Plan de formación permitirá al candidato del contrato JAE desarrollar unas capacidades de trabajo en investigación básica y aplicada, tanto dentro del mundo académico como en empresas del sector. El aumento de la población, el precio de los fertilizantes y el efecto del cambio climático afectarán negativamente al crecimiento y la productividad de los cultivos. Para garantizar la seguridad alimentaria dentro de una agricultura más sostenible, respetuosa con el medio ambiente y rentable debemos desarrollar e implementar nuevas herramientas biotecnológicas. Actualmente se ha identificado el uso de microorganismos beneficiosos como una de las herramientas con mayor potencial dentro de la agricultura moderna. Durante la formación, el investigador JAE estará implicado en la generación de una colección de hongos y bacterias obtenidas de plantas crecidas en suelo pobres de fosfatos o nitrógeno (al que añadimos una pequeña parte de suelo agrícola activo). Así, las plantas tenderán a seleccionar aquellos microorganismos que favorezcan la absorción y uso de estos dos macronutrientes. Una vez aislados, llevará a cabo un análisis de secuenciación (ITS y 16S) para caracterizar la colección y, posteriormente, un rastreo de microorganismos beneficiosos que favorezcan al crecimiento y la producción en condiciones de fertilización reducida. En colaboración con la empresa Tradecorp, llevaremos ensayos de campo de aquellos más prometedores. En una segunda fase, para evitar el uso excesivo de microorganismos vivos en suelos agrícolas, se analizará el efecto sobre el crecimiento de las plantas tanto del extracto endógeno como del fluido externo de estos microorganismos. En este sentido, nuestro laboratorio tiene una colaboración con la empresa Tradecorp dentro de la "Unidad de Investigación Conjunta" CBGP-Tradecorp para el desarrollo de nuevos bio-estimulantes. El investigador tendrá la oportunidad de beneficiarse de un ambiente de investigación excelente dentro del CBGP, centro que ha sido dos veces galardonado con el sello de excelencia Severo Ochoa. Asistirá a los seminarios científicos que se celebran en el centro, donde investigadores nacionales e internacionales de alto prestigio presentan sus investigaciones. También participará en las reuniones del laboratorio donde los investigadores (PhD y Posdoct) presentan los avances y problemas en sus investigaciones. Por último, podrá asistir al curso de Innovación y Transferencia que oferta la UPM-CBGP.	<a href="https://www.cbgp.upm.es/index.php/es/?option=com_content&amp;view=article&amp;id=27">https://www.cbgp.upm.es/index.php/es/?option=com_content&amp;view=article&amp;id=27</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0442	PRADA DACASA, MANUEL	mprada@icm.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS DEL MAR	Geophysical characterization of the elastic structure of the Central Chilean subduction	The most powerful earthquakes occur along subduction zones, through the megathrust fault, causing extensive deformation and generating large tsunamis. Over the past two decades, tsunamigenic earthquakes have led to significant economic losses and casualties. The elastic rock properties above the megathrust, in the upper plate, play a crucial role in controlling megathrust fault dynamics (Sallarés & Ranero 2019). Variations in these properties, influenced by increasing confining pressure with depth, form a global depth-dependent pattern (Sallarés & Ranero 2019). However, significant variations are observed in the shallowest region of the megathrust, where the largest tsunamigenic slips occurs, underscoring the need for site-specific geophysical studies. This JAE-Intro proposes an innovative approach to study the region of the largest megathrust earthquakes on Earth—the Central Chilean Subduction zone. This area is an excellent natural laboratory with documented giant earthquakes: the 1960 Mw 9.5 Valdivia earthquake, the largest ever recorded, and the Mw 8.8 2010 Maule earthquake. Both produced extensive ruptures near the trench, and the rupture areas are mapped by unique controlled-source marine seismic datasets, including state-of-the-art 15 km-long streamer data—the longest offsets ever collected, and spatially coincident ocean bottom seismometer (OBS) data. These datasets, collected by US and German institutions, are made available to the host research group through international collaboration. Joint inversion of the long-offset streamer and OBS data using travel-time tomography (TTT) has never been applied to this dataset, promising superior results in tomographic resolution compared to previous studies on the Chilean margin. Thus, the main objective of the candidate is to apply joint streamer and OBS TTT to derive a P-wave velocity model and geometry of the plate interface, and process the spatially coincident streamer data. Results will be integrated to explore the influence of elastic and tectonic structure on the dynamics of the 1960 and 2010 megathrust earthquakes. The candidate will join Barcelona-CSI at ICM, CSIC, a group with extensive expertise in geophysical studies involving controlled-source seismic data acquisition and application of advanced seismic imaging techniques. Ref: Sallarés & Ranero (2019). Nature. <a href="https://doi.org/10.1038/s41586-019-1784-0">https://doi.org/10.1038/s41586-019-1784-0</a>	<a href="https://www.icm.csic.es/es/grupo-investigacion/barcelona-center-subsurface-imaging">https://www.icm.csic.es/es/grupo-investigacion/barcelona-center-subsurface-imaging</a>
JAEINT24_EX_0215	PRIETO ARANDA, MARIA PILAR	pilar.prieto@ias.csic.es	INSTITUTO DE AGRICULTURA SOSTENIBLE	MANIPULACIÓN CROMOSÓMICA EN TRIGO PARA MEJORAR SU RESILIENCIA EN UN ESCENARIO DE CALENTAMIENTO GLOBAL	MANIPULACIÓN CROMOSÓMICA EN TRIGO PARA MEJORAR SU RESILIENCIA EN UN ESCENARIO DE CALENTAMIENTO GLOBAL El trigo es uno de los cultivos más importantes a nivel mundial, por delante incluso del maíz y arroz. En Andalucía, el trigo duro es el primer cultivo herbáceo extensivo de secano y el que tradicionalmente ha tenido más importancia. Comprender la organización del genoma del trigo es clave en el marco de la mejora genética vegetal. En nuestro grupo estamos interesados en la mejora genética de cultivos de interés agronómico en Andalucía, especialmente cereales (trigo y cebada). El desarrollo de metodologías y el incremento del conocimiento sobre procesos clave que determinan la fertilidad de la planta como la meiosis (proceso celular que genera los gametos en organismos con reproducción sexual y que está afectada enormemente por la temperatura), pueden contribuir a la mejora de la resiliencia del trigo frente a los efectos del calentamiento global. La línea principal de trabajo en este proyecto consistirá en profundizar en el conocimiento de los procesos reconocimiento y asociación cromosómicos que ocurren al inicio de la meiosis. Nos centraremos en el estudio de los telómeros y subtelómeros que ocupan las regiones distales de los cromosomas y que están directamente involucrados en dichos procesos. Estudiaremos las secuencias de ADN así como las proteínas que interaccionan con dichas secuencias mediante técnicas moleculares, citogenéticas y herramientas biotecnológicas (CRISPR). La persona que disfrute de esta beca introductora a la investigación se iniciará por tanto en estas metodologías, así como en el cultivo de plantas en invernadero o cámara climática y desarrollo de cruzamientos genéticos. Además, realizará preparaciones cromosómicas para microscopía óptica, de fluorescencia y confocal. Estas aproximaciones permitirán la caracterización genética de líneas vegetales de interés, detección de introgresiones genéticas y secuencias génicas específicas, estudio de las interacciones cromosómicas para facilitar la recombinación inter-específica y desarrollar nuevas líneas de interés, así como analizar la organización tridimensional de los cromosomas y secuencias específicas de ADN en el núcleo celular.	<a href="https://www.ias.csic.es/mejora-genetica-vegetal/biotecnologia-vegetal/pilar-prieto-aranda/">https://www.ias.csic.es/mejora-genetica-vegetal/biotecnologia-vegetal/pilar-prieto-aranda/</a>
JAEINT24_EX_0273	PRIETO JIMENEZ, M.AUXILIADORA	auxi@cib.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS MARGARITA SALAS	Síntesis y diseño de biomateriales funcionales para aplicaciones biomédicas mediante estrategias biotecnológicas	Los biopolímeros bacterianos como los polihidroxicalcianoatos (PHAs), se producen a partir de fuentes renovables y son biodegradables en el medio ambiente abierto, por lo que se consideran materiales ideales desde el punto de vista de la Economía Circular. Además, su elevada biocompatibilidad y no toxicidad, junto con sus excelentes propiedades, los convierten en candidatos idóneos para aplicaciones biomédicas. Sin embargo, algunos cuellos de botella dificultan su integración rutinaria en entornos clínicos, como el bajo rendimiento de la producción y la ausencia de propiedades antimicrobianas. La aparición y generalización de la resistencia a los antibióticos, inducida con frecuencia por el mal uso de estos antimicrobianos convencionales, es otro desafío global urgente. Esta propuesta multidisciplinar se basa en la utilización de tecnologías que combinan la biotecnología microbiana y la ciencia de materiales, para producir PHAs en biocatalizadores celulares, y adaptar y optimizar su complejidad estructural y funcional para el diseño de biomateriales dirigidos al tratamiento y/o prevención de procesos infecciosos. El plan de formación que se propone se llevará a cabo en el grupo de Biotecnología de Polímeros (POLYBIO) del Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas y se enmarca directamente dentro de esta línea de trabajo, financiada actualmente por los proyectos europeos (AGRILOOP-101081776, PROMICON-101000733 y DEPHYCER 101081782). Durante el periodo formativo se generarán nuevos biomateriales con estructura química variable (moléculas antimicrobianas) utilizando herramientas de ingeniería metabólica y de biología sintética ya establecidas en el laboratorio. Posteriormente se va a evaluar la actividad antimicrobiana de estos biomateriales frente a bacterias modelo Gram positivas y Gram negativas. Se pretende entrenar al alumno o alumna en tecnologías de vanguardia y en una línea de investigación muy actual y de gran demanda en el ámbito académico e industrial. El alumno aprenderá a llevar a cabo de forma autónoma experimentos, desde el diseño de los mismos hasta su ejecución. Este plan de formación se complementará con la asistencia a los numerosos seminarios de reputados científicos nacionales y extranjeros que se imparten en el CIB.	<a href="http://cib.csic.es/research/microbial-plant-biotechnology/polymer-biotechnology">http://cib.csic.es/research/microbial-plant-biotechnology/polymer-biotechnology</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0079	PRIETO RUBIO, JORGE	jorge.prieto@eez.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES SOBRE DESERTIFICACION	Estudio del microbioma y funciones ecosistémicas del suelo mediados por redes de facilitación entre plantas	Las comunidades microbianas del suelo tienen un papel clave en la estructura y funcionamiento de los ecosistemas terrestres (e.j., mediar en interacciones planta-planta, facilitar el secuestro de carbono o mejorar la fertilidad en suelos). Evaluar su alcance ante el desafío climático actual es fundamental para entender la vulnerabilidad y resiliencia de estos sistemas, y especialmente en la Península Ibérica, donde se prevé una alta incidencia de fenómenos asociados al cambio climático, como el incremento de la aridez y la desertificación. Ante este panorama, el proyecto de investigación "Facilitación entre plantas, biodiversidad y funcionamiento ecosistémico" (CIPROM/2021/063) persigue caracterizar la estructura de las comunidades microbianas y sus potenciales funciones ecosistémicas en el suelo cuando están influenciadas por interacciones planta-planta, y evaluar dichas relaciones a lo largo de distintos escenarios climáticos. La persona beneficiaria de la ayuda JAE podrá desarrollar su aprendizaje en el grupo de investigación sobre Ecología y Cambio Global (CIDE, CSIC-UV-GV), donde interactuará con especialistas ligados a estudios de ecología vegetal y microbiana. Además, participará específicamente en las siguientes tareas: i) muestreos en campo para el estudio de las redes de facilitación entre plantas y las comunidades microbianas del suelo asociadas (los muestreos podrán realizarse en diversas comunidades vegetales representativas de la Península Ibérica, e.j., Parque Nacional de Doñana, Parque Nacional de Sierra Nevada, Parque Natural de las Hoces del Cabriel); ii) caracterizar las comunidades microbianas (bacterias y hongos) mediante análisis moleculares, bioquímicos y bioinformáticos en los suelos recolectados durante los muestreos; iii) determinar parámetros físicos y químicos de los suelos y relacionarlos con los cambios en la estructura y funcionalidad de las comunidades vegetales y microbianas asociadas. Entre las actividades a desarrollar también se percibe la participación en reuniones y seminarios especializados, así como poder asociar las tareas descritas con Trabajo Fin de Máster o Grado y prácticas curriculares.	<a href="https://www.uv.es/uvweb/centro-investigacion-desertificacion/es/investigacion/ecologia-cambio-global/presentacion-1286279763835.html">https://www.uv.es/uvweb/centro-investigacion-desertificacion/es/investigacion/ecologia-cambio-global/presentacion-1286279763835.html</a>
JAEINT24_EX_0782	PROFT, MARKUS	mproft@ibv.csic.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA DE VALENCIA	Aplicación de modelos de levadura para descifrar los mecanismos moleculares de la muerte mitocondrial	El candidato/la candidata se incorporará al grupo de "Homeostasis Celular y Adaptación a Estrés" en el Instituto de Biomedicina de Valencia y desarrollará líneas de investigación en el marco de nuestro proyecto del Plan Nacional (PID2022-136371OB-I00); "Nuevos mecanismos y herramientas biotecnológicas para entender y combatir la muerte celular mitocondrial (NOBITOMITO), PID2022-136371OB-I00", (09/2023-09/2026). Se investigarán las bases moleculares de la inestabilidad mitocondrial, fundamental en el envejecimiento y la neurodegeneración, y de la plasticidad de los organismos de adaptarse a través de la regulación de la expresión de sus genes. Se aplicarán modelos celulares de levadura en abordajes bioquímicos, genéticos, de monitorización en tiempo real de la expresión génica y de microscopía de fluorescencia. Los objetivos principales son: Dinámica mitocondrial – Descifrar los mecanismos que mantienen la homeostasis mitocondrial en situaciones de estrés, identificar nuevas rutas de señalización que regulan el control de calidad del orgánulo, comprender las bases moleculares de la inactivación mitocondrial por lípidos bioactivos. Activación génica: Comprender los mecanismos que llevan a perder la plasticidad transcripcional en células envejecidas y a crear nuevos comportamientos de respuesta a estrés durante la evolución. Publicaciones relacionadas de nuestro grupo en los últimos años: 1: Fita-Torró J; Garrido-Huarte JL; Michel AH; Kornmann B; Pascual-Ahuir A*; Proft M.* Inhibition of mitochondrial protein import and proteostasis by a pro-apoptotic lipid. eLife 2024 preprint DOI: 10.7554/eLife.93621.1 2: Garrido-Huarte JL, Fita-Torró J, Viana R, Pascual-Ahuir, A., Proft, M. SARS-CoV-2 accessory proteins ORF3a and ORF7a modulate autophagic flux and Ca2+ homeostasis in yeast. Front. Microbiology 2023; doi.org/10.3389/fmicb.2023.1152249 3: Fita-Torró J, Swamy KBS, Pascual-Ahuir, A*, Proft, M.* Divergence of alternative sugar preferences through modulation of the expression and activity of the Gal3 sensor in yeast. Molecular Ecology 2023 DOI: 10.1111/mec.16954. 4: Timón-Gómez A, Sanfeliu-Redondo D, Pascual-Ahuir A, Proft M. Regulation of the Stress-Activated Degradation of Mitochondrial Respiratory Complexes in Yeast. Front. Microbiol. 2018; 9:106.	<a href="https://www.ibv.csic.es/project/homeostasis-celular-y-adaptacion-a-estres/">https://www.ibv.csic.es/project/homeostasis-celular-y-adaptacion-a-estres/</a>
JAEINT24_EX_1435	PUERTA GARCIA-BARROSO, ANGEL DE LA	angeldelapuerta@iqog.csic.es	INSTITUTO DE QUIMICA ORGANICA GENERAL	Análisis de glicanos de glicoproteínas de interés en salud mediante electroforesis capilar(CE) con detección por fluorescencia inducida por láser(LIF)	Análisis de glicanos de glicoproteínas de interés en salud mediante electroforesis capilar (CE) con detección por fluorescencia inducida por láser (LIF): Se estima que entre un 50 % y un 70 % de las proteínas en mamíferos, y por tanto en el ser humano, están glicosiladas. Funciones biológicas tales como señalización celular, adhesión celular, regulación de la respuesta inmune, estabilidad de las proteínas, o localización de las proteínas, están asociadas a la glicosilación de las proteínas, de ahí su gran importancia. Las líneas de trabajo del laboratorio están orientadas al desarrollo de métodos de análisis de glicoproteínas de interés en salud como anticuerpos monoclonales empleados como biofármacos, inmunoglobulinas presentes en la leche materna, glicoproteínas biomarcadoras de cáncer como el antígeno específico de próstata (PSA), y compuestos bioactivos proteicos presentes alimentos y complementos alimenticios. El estudio de los cambios de glicosilación en estas glicoproteínas es fundamental, pues dichos cambios pueden modificar su actividad o su estabilidad, o ser utilizados como biomarcador. La CE es una técnica de análisis de alta resolución que permite separar y analizar moléculas complejas como las distintas glicofórmulas (variantes debidas a cambios en la glicosilación) de una misma glicoproteína o los distintos glicanos liberados de una glicoproteína. En el laboratorio tenemos amplia experiencia en el desarrollo de métodos de análisis de glicofórmulas de glicoproteínas intactas mediante CE con detección por espectroscopía UV-Vis y con detección por LIF. El trabajo de la persona que se incorpore al laboratorio estará enfocado al desarrollo y aplicación de métodos de CE-LIF para analizar glicanos liberados de glicoproteínas de interés en las líneas de investigación del laboratorio. El desarrollo del método de análisis abarca tanto la preparación de la muestra (liberación, aislamiento y marcaje fluorescente de los glicanos) como la separación electroforética y detección de los glicanos o la identificación estos utilizando bases de datos de glicanos de acceso libre. Además, el laboratorio está certificado por AENOR (ISO 9001:2015) para la "Identificación de enantiómeros en fármacos por electroforesis capilar". Por tanto, la persona que se incorpore al laboratorio también recibirá formación sobre el trabajo en un entorno regulado por un Sistema de Gestión de la Calidad.	<a href="http://www.iqog.csic.es/es/researchline/grupo-de-analisis-instrumental-en-medio-ambiente-alimentos-y-salud">http://www.iqog.csic.es/es/researchline/grupo-de-analisis-instrumental-en-medio-ambiente-alimentos-y-salud</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0792	PUERTA ORDOÑEZ, PATRICIA	patricia.puerta@ieo.csic.es	CENTRO OCEANOGRÁFICO DE ILLES BALEARS	Cambios en la biodiversidad y reorganización de las comunidades marinas ligados al cambio global	El número y magnitud de las presiones e impactos sobre el medio marino no es sólo cada vez mayor, sino que éstas se solapan y acumulan en el espacio y en el tiempo, afectando a la estructura, dinámica y funcionamiento de comunidades y ecosistemas en su conjunto. Comprender y predecir estos cambios de la biodiversidad a nivel de comunidad, y no especie por especie de manera independiente, es esencial para alcanzar una gestión ecosistémica eficiente, así como los objetivos internacionales 2030 para la conservación de la biodiversidad con un 30% de la superficie marina protegida. Para ello es necesario estudiar la dinámica espacio-temporal de la biodiversidad (taxonómica, funcional y de resiliencia) expuesta a diferentes impactos como los efectos del cambio climático y la presión pesquera, entre otros, y cómo puede desencadenar la reorganización de las comunidades, cambiando por completo su composición, distribución y sus características y dinámicas funcionales. El objetivo de esta formación es aplicar una nueva serie de técnicas estadísticas para: - Identificar patrones espacio-temporales en indicadores de biodiversidad, así como en la composición y características de las comunidades marinas. - Evaluar los cambios en la biodiversidad y las comunidades marinas en diferentes escenarios socio-ecológicos. Los resultados obtenidos contribuirán a desarrollar herramientas y productos para facilitar la gestión y la toma de decisiones para priorizar los esfuerzos de conservación de la biodiversidad. El plan de formación incluirá tutorías periódicas, realizándose el trabajo de forma coordinada con la investigadora responsable en el Centro Oceanográfico de Baleares (IEO-CSIC) de forma presencial y remota. Durante la formación se facilitará el aprendizaje de manejo de bases de datos, y una variedad de métodos de análisis y modelado estadístico utilizando los softwares R y QGIS. También se adquirirá competencias en identificación y formulación de hipótesis científicas, gestión del tiempo, conocimientos de ecología marina y pesquera, así como la redacción de informes y publicaciones. El candidato se integrará en un equipo interdisciplinar con un ambiente colaborativo, además de poder participar en diferentes actividades dentro de los proyectos de investigación activos (cursos de formación, divulgación, presentaciones en reuniones y congresos, etc.).	<a href="https://grecoereach.wordpress.com/">https://grecoereach.wordpress.com/</a>
JAEINT24_EX_0972	PUEYO DABAD, JOSE JAVIER	jj.pueyo@csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS AGRARIAS	Utilización de leguminosas de importancia agronómica y medioambiental en la fitorremediación de suelos contaminados	El altramuз blanco tiene gran importancia agronómica por su alto contenido proteico similar al de la soja. Como leguminosa, establece simbiosis con bacterias del suelo capaces de fijar nitrógeno atmosférico. También desarrolla estructuras radiculares que aumentan la superficie de la raíz en contacto con la rizosfera y que exudan ácidos orgánicos y compuestos fenólicos capaces de solubilizar el P orgánico del suelo, movilizar Fe y otros nutrientes e inmovilizar metales pesados tóxicos, permitiendo así el crecimiento de la planta en suelos contaminados y pobres en nutrientes. Es además altamente tolerante a diferentes estreses ambientales. La contaminación de los suelos agrícolas por metales pesados se ha convertido en una de las principales preocupaciones de la agricultura actual, puesto que conlleva graves riesgos ambientales y de seguridad alimentaria, suponiendo una amenaza para la salud humana y animal, ya que las plantas constituyen la principal fuente de entrada de metales pesados en la cadena trófica. Se llevará a cabo la identificación de cultivos de altramuз tolerantes a metales pesados mediante el fenotipado de germoplasma y se aislarán de suelos contaminados rizobios simbióticos y bacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPR) tolerantes a metales pesados para diseñar un sistema de biorremediación, una biotecnología limpia utilizable en la restauración de agroecosistemas y en la recuperación de suelos contaminados. Se analizarán los mecanismos, genes, proteínas y metabolitos involucrados en la tolerancia, absorción, acumulación, detoxificación e inmovilización de metales pesados. Los experimentos necesarios para alcanzar estos objetivos que llevará a cabo estudiante que se incorpore le permitirán adquirir experiencia en el cultivo de plantas en ambientes controlados, aislamiento, crecimiento y caracterización de bacterias simbióticas y PGPR, preparación de inóculos bacterianos, determinación de parámetros de crecimiento, cuantificación de actividades enzimáticas, determinación de clorofilas, monitorización del desarrollo radicular, aislamiento de DNA y RNA, electroforesis, bioinformática básica (uso de bases de datos, análisis de secuencias, diseño de primers) expresión génica por PCR cuantitativa y análisis de los resultados con programas de imagen y análisis estadísticos. Se llevará a cabo la identificación de cultivos de altramuз tolerantes a metales pesados mediante el fenotipado de germoplasma y se aislarán de suelos contaminados	<a href="http://www.ica.csic.es/index.php/departamentos/departamento-de-suelo-planta-y-calidad-ambiental/interacciones-beneficiosas-planta-microorganismo">www.ica.csic.es/index.php/departamentos/departamento-de-suelo-planta-y-calidad-ambiental/interacciones-beneficiosas-planta-microorganismo</a>
JAEINT24_EX_1390	PUIG TODOLI, SERGI	spuig@iata.csic.es	INSTITUTO DE AGROQUÍMICA Y TECNOLOGÍA DE ALIMENTOS	Estudio de la muerte celular regulada por cobre en levaduras	Un estudio reciente publicado en la revista Science (Tsvetkov et al., 2022) ha demostrado que el exceso de cobre desencadena en humanos una vía específica de muerte celular programada denominada cuproptosis. Desde entonces, la cuproptosis está emergiendo como una diana prometedora para enfoques terapéuticos en diversas enfermedades humanas (Wang et al., 2024). En la cuproptosis, el cobre se une directamente a los componentes lipoilados del ciclo de Krebs, provocando la agregación de proteínas lipoiladas, la pérdida de proteínas Fe-S, el estrés proteotóxico y, en última instancia, la muerte celular. Aquí, utilizaremos la levadura <i>S. cerevisiae</i> como organismo modelo para investigar si la cuproptosis está conservada en organismos eucariotas unicelulares y elucidar las bases moleculares de la misma. El análisis de las características conservadas y no conservadas de la cuproptosis podría ayudar a desarrollar nuevas estrategias aplicables a biotecnología de alimentos y al tratamiento de infecciones fúngicas. Las tareas a realizar serán las siguientes: 1) Se determinará la sensibilidad a cobre de cepas de <i>S. cerevisiae</i> con defectos en la síntesis de ácido lipóico. Para incrementar la adquisición de cobre se utilizarán varias estrategias: medios de cultivo con elevadas concentraciones de cobre, expresión de transportadores constitutivos de cobre, cepas sensibles a cobre, y ionóforos de cobre. Los ensayos de crecimiento se realizarán en medio líquido (placas de 96 pocillos) y en medio sólido (placas Petri). 2) Se determinará la agregación de proteínas lipoiladas por exceso de cobre. La agregación de proteínas lipoiladas se puede estudiar mediante el retardo por desplazamiento de movilidad del componente lipoilado o por la formación de foci mitocondriales visibles por microscopía. El componente lipoilado de la piruvato deshidrogenasa de esta levadura (Lat1) se etiquetará con GFP en su extremo carboxilo-terminal y se realizarán estudios de Western blot y microscopía. Para detectar el estado de agregación de Lat1 total y lipoilada, se empleará PAGE no desnaturante y Western blot con anticuerpos comerciales anti-GFP y anti-ácido lipóico. También se utilizará microscopía de fluorescencia para determinar si el cobre promueve un aumento en el número de foci con Lat1-GFP por célula. Se emplearán células silvestres y mutantes de lipoilación.	<a href="https://www.iata.csic.es/es/investigacion/biologia-de-sistemas-en-levaduras-de-interes-biotecnologico">https://www.iata.csic.es/es/investigacion/biologia-de-sistemas-en-levaduras-de-interes-biotecnologico</a>



REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1291	PUIG VELASCO, MARIA VICTORIA	victoria.puig@itbb.csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES BIOMEDICAS DE BARCELONA	Papel de los receptores de serotonina 5-HT4 en circuitos cerebrales implicados en esquizofrenia	Este trabajo continuará una línea de investigación del plan nacional 2019-2023 en el que estamos investigando el papel de los receptores de serotonina 5-HT4 en esquizofrenia. El objetivo del proyecto es comprender cómo estos receptores afectan a la actividad neural de un circuito relevante para la esquizofrenia en ratones modelo de esta enfermedad. El estudiante aprenderá a programar en Python para analizar datos y realizará estudios de inmunohistoquímica para cuantificar el nivel de expresión de estos receptores en varias poblaciones neuronales del circuito de interés. Asimismo, el grupo tiene mucha actividad tecnológica en colaboración con el ICN2 y el IBEC (BIST, Generalitat de Catalunya). En este contexto, el estudiante entrará en contacto con investigaciones punteras en nuevas tecnologías en biomedicina, que incluyen el desarrollo de dispositivos basados en grafeno para el registro y estimulación de tejido cerebral y el desarrollo de fármacos sensibles a la luz (fotofarmacología). Nuestro grupo es altamente multidisciplinar, combinando metodologías punteras en neurofisiología, farmacología, quimiogenética y comportamiento animal.	<a href="http://www.puiglab.org">www.puiglab.org</a>
JAEINT24_EX_0285	PUIGCORBE I LACUEVA, VIENA	vienap@cm.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS DEL MAR	Estimación de la exportación de carbono orgánico particulado en el Mediterráneo Noroccidental mediante el uso de trazadores radioactivos	Los ecosistemas marinos son fundamentales para el ciclo global del carbono y ayudan a mitigar el cambio climático. La bomba biológica de carbono es un mecanismo clave mediante el cual se transporta dióxido de carbono, biológicamente fijado por la comunidad fitoplanctónica, desde las aguas superficiales hasta las profundidades gracias al hundimiento gravitacional de partículas marinas. Estos aportes de partículas orgánicas sustentan las redes tróficas bálticas y controlan la distribución de los nutrientes. Por lo tanto, la bomba biológica es crucial para el funcionamiento de los océanos y del sistema climático. A pesar de su importancia, existen grandes incertidumbres sobre su magnitud, lo cual limita nuestra capacidad para predecir cambios ambientales y ecológicos globales. La zona de la cuenca Noroccidental es una zona clave del Mediterráneo, donde se estima que la producción primaria de la zona representa alrededor de un 15% de la de todo el Mediterráneo, principalmente a través de floraciones fitoplanctónicas en primavera. Además, en esta zona se forma el Agua Mediterránea en invierno debido a una intensa evaporación y un enfriamiento que incrementan la densidad del agua, generando una subducción donde se da una mezcla vertical de la columna de agua hasta el fondo. Esta masa de agua se extiende por todo el fondo del Mediterráneo, llegando al Estrecho de Gibraltar por donde sale hacia el océano Atlántico. Así pues, estudiar la exportación de carbono orgánico en esta zona del Mediterráneo es claramente relevante. Los trazadores radioactivos han sido ampliamente utilizados para obtener información de distintos procesos oceánicos, incluyendo la sedimentación de partículas en la columna de agua. En este estudio utilizaremos esta metodología, junto con datos obtenidos de trampas de sedimento, y datos tanto biológicos (ej. producción primaria) como físico-químicos (ej. temperatura, densidad, nutrientes, etc.) para evaluar la exportación de carbono orgánico en relación a tres estadios de la floración fitoplanctónica: i) pre-floración, ii) floración y iii) post-floración. El objetivo científico final es estimar hasta qué punto el Mediterráneo Noroccidental actúa como sumidero de carbono y su temporalidad. La persona interesada recibirá una formación multidisciplinar en el ámbito de la oceanografía, incluyendo aspectos clave de oceanografía física, biológica y biogeoquímica.	<a href="https://emm.icm.csic.es">https://emm.icm.csic.es</a>
JAEINT24_EX_0286	QUERALT BADIA, ETHELVINA	equeralt@ibv.csic.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA DE VALENCIA	Estudio de las bases moleculares del Síndrome de Cornelia de Lange a través del estudio de mutantes miméticos en <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	El síndrome de Cornelia de Lange (SCdL) es una enfermedad rara caracterizada por un retraso en el crecimiento que aparece a nivel prenatal asociada a discapacidad intelectual, anomalías craneofaciales, anomalías esqueléticas y microcefalia. Mutaciones en cinco genes que corresponden a subunidades del complejo de cohesina o proteínas reguladoras de la cohesina se han descrito en el 75-80% de pacientes con SCdL: NIPBL, SMC1A, SMC3, RAD21 y HDAC8. El complejo de cohesina tiene una función principal en la segregación cromosómica; sin embargo, nuestra hipótesis es que en SCdL hay un defecto en la regulación de la expresión génica derivado de la nueva función de la cohesina en la organización espacial de la cromatina. Actualmente, no entendemos cómo las diferentes variantes patogénicas de SCdL causan los fenotipos de la enfermedad. Por ello, queremos estudiar las bases moleculares del SCdL, utilizando mutaciones miméticas de pacientes en <i>S. cerevisiae</i> . Para ello, introduciremos en <i>S. cerevisiae</i> variantes patogénicas miméticas de pacientes con SCdL- mutaciones sin sentido y mutaciones que dan lugar a proteína truncada de Nipbl/Scd2 - y estudiaremos la alteración de las diferentes funciones de cohesina/NIPBL que nos permitirá avanzar en el estudio del mecanismo molecular que regula el SCdL. Dado que la maquinaria que regula los procesos celulares esenciales se conserva evolutivamente, los conocimientos que adquiramos sobre cómo se regula el ciclo celular y la organización de la cromatina utilizando modelos eucariotas simples, como la levadura, nos ayudarán a comprender mejor la biología de la cohesina y sus implicaciones en las enfermedades humanas.	<a href="https://www.ibv.csic.es/project/division-celular-y-cohesinopatias/">https://www.ibv.csic.es/project/division-celular-y-cohesinopatias/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0413	QUERO LOPEZ, CARMEN	carmen.quero@csic.es	INSTITUTO DE QUIMICA AVANZADA DE CATALUÑA	Deep learning como herramienta novedosa para la identificación de compuestos odorantes activos para el control de plagas: la langosta marroquí	a persona solicitante de la presente JAE-ICU se incorporará a la Unidad de Investigación en Biomoléculas Activas (RUBAM), y concretamente será integrada en la línea de investigación enfocada al estudio de la ecología química de insectos plaga de interés agroforestal. En la actualidad, el grupo centra su atención sobre del empleo de compuestos químicos como la identificación de nuevos atrayentes para la langosta marroquí <i>Dociostaurus maroccanus</i> y la culebrilla del corcho <i>Coraebeus undatus</i> . Por lo tanto, la persona seleccionada contribuirá en toda fase experimental considerada para estas especies a lo largo del periodo de disfrute de la beca. Dentro del conjunto de tareas a desarrollar, se engloban i) el mantenimiento rutinario de las colonias permanentes de insectos, ii) la realización de ensayos de electrofisiología para determinar la respuesta olfativa de los insectos frente a distintos tipos de semioquímicos, y iii) la puesta a punto y ejecución de bioensayos de comportamiento bajo condiciones de laboratorio. Asimismo, se fomentará su participación en seminarios internos de grupo e institucionales.	<a href="https://www.rubam.net/">https://www.rubam.net/</a>
JAEINT24_EX_0014	QUIROS GARCIA, MARIANO	mariano.quiros@cchs.csic.es	INSTITUTO DE LENGUA, LITERATURA Y ANTHROPOLOGIA	Filología y lexicografía: la edición de textos y el estudio histórico del léxico	Se pretende un acercamiento del candidato a las técnicas filológicas de la edición y de la crítica textual, aplicadas fundamentalmente a testimonios, tanto manuscritos como impresos, de los siglos XVI y XVII. Se abordarán cinco puntos fundamentales: tipología editorial, criterios de presentación gráfica, metodología de la edición de textos, selección y transcripción de diferentes fragmentos. Así mismo, se afrontará la implicación del trabajo editorial en la historia de la lengua y, muy particularmente, en la historia del léxico. Se adiestrará al candidato en la selección y comentario del vocabulario de los fragmentos transcritos, tanto de obras literarias como de documentación notarial o de tratados tecnocientíficos. Se le propondrán, de igual forma, la metodología y herramientas informáticas más adecuadas para afrontar dicho estudio. No menor importancia se concederá a proporcionar un acceso razonado a la bibliografía y a los materiales de trabajo fundamentales. En definitiva, se persigue la adquisición de unos conocimientos y destrezas básicas que permitan una visión de conjunto de la investigación filológica.	<a href="https://gilee.cchs.csic.es/">https://gilee.cchs.csic.es/</a>
JAEINT24_EX_0367	RAMIREZ BENITEZ, FRANCISCO JOSE	ramirez@icm.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS DEL MAR	Mapping Habitats for Southern Hemisphere Penguins: a Penguin Conservation Initiative.	As charismatic and iconic species, penguins can act as ambassadors or flagship species to promote conservation of the valuable marine habitats they inhabit in the Southern Hemisphere. Unfortunately, there is a lack of reliable, comprehensive and systematic efforts aimed at compiling spatial-temporal information on the year-round distribution of penguins; a prerequisite for identifying important marine areas that deserve conservation priority. Within the context of two National Projects, we are filling this gap of knowledge by assembling the most comprehensive tracking dataset for penguins. Tracking information based on bio-logging devices offers unique opportunities for evaluating species distributions and identifying key marine regions if combined with cutting-edge modelling tools. And this is what we aim to do through this project proposal. We are seeking for a highly motivated and qualified student to join our initiative. As her/his main tasks, the student will contribute to compilation and curation of available tracking data (so far, we have compiled more than two million occurrence data for a number of penguin species). By combining this information with environmental assessment within state-of-the-art Species Distribution Modelling (SDM) tools, the student will contribute to identify key marine areas for individual penguin species and assemblages throughout the Southern Hemisphere. Through this project, the student will acquire a deep knowledge on penguin biology and spatial ecology. From a methodological point of view, the student will also acquire knowledge and skills in the acquisition, management and analysis of tracking and environmental data; along with their implementation within SDMs. The student will interact with other researchers and students involved in the research project, thus developing transversal skills on interpersonal relationships, teamwork and communication skills.	<a href="https://fjramirez1980.wixsite.com/webseite">https://fjramirez1980.wixsite.com/webseite</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_080I	RAMON MAIQUES, SANTIAGO	sramon@ibv.csic.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA DE VALENCIA	Estructura y función de proteínas y complejos en el metabolismo de nucleótidos	El metabolismo es una jungla de reacciones químicas y materias primas, intermediarios de reacción, productos y desechos que se crean, usan, transportan y excretan constantemente. En la mayoría de las enfermedades metabólicas hereditarias, una enzima u otra proteína responsable de alguna de estas reacciones no se produce o se produce en una forma alterada que interfiere con su función. El funcionamiento de una proteína depende de su forma y de las interacciones con otras proteínas o moléculas. Los cambios en la secuencia de la proteína (mutaciones) pueden causar alteraciones estructurales, aumentando la susceptibilidad o la predisposición a una enfermedad. A menudo desconocemos cuál es la estructura de una proteína y cómo funciona, por lo que no es fácil diagnosticar el posible efecto dañino de una mutación. La biología estructural ha sido fundamental para describir las funciones y mecanismos moleculares de cientos de proteínas metabólicas, pero todavía nos queda mucho por descubrir. La línea de trabajo que propongo está motivada por nuestro desconocimiento sobre un número de proteínas clave en el metabolismo de los nucleótidos de pirimidinas. Proponemos que un conocimiento estructural y funcional más detallado de las proteínas nos ayudará en la comprensión de las rutas en las que están involucradas, de las enfermedades asociadas con su mal funcionamiento, y también en el desarrollo de nuevas herramientas diagnósticas y terapéuticas. Nos centraremos en estudiar la función desconocida de las proteínas UPRT y UCKL1 humanas en las vías de recuperación de nucleótidos de pirimidina, y del complejo que forma con la enzima UCK2. Para ello combinaremos técnicas bioinformáticas, de ingeniería de proteínas, expresión y purificación de proteínas, cristalografía de rayos X y microscopía electrónica, con estudios bioquímicos y funcionales en células. El proyecto permitirá adquirir una formación amplia en técnicas computacionales y experimentales. Nuestro grupo está en la nueva sede del IBV en el Centro de Investigaciones Príncipe Felipe y proporciona un ambiente de trabajo dinámico y con mucha interacción con otros grupos.	<a href="https://www.ibv.csic.es/en/project/structure-of-macromolecular-targets/">https://www.ibv.csic.es/en/project/structure-of-macromolecular-targets/</a>
JAEINT24_EX_I564	RAMONEDA I MASSAGUE, JOSEP	josep.ramoneda@ceab.csic.es	CENTRO DE ESTUDIOS AVANZADOS DE BLANES	Genómica e inteligencia artificial para comprender la adaptación microbiana a la sequía	La sequía representa uno de los mayores impactos mediambientales actuales y futuros. En nuestro imaginario, la sequía siempre se relaciona con su influencia sobre plantas, animales, y recursos hídricos, pero ¿qué hay de la enorme diversidad de microorganismos que sostienen los ecosistemas? Este proyecto parte de la base que para comprender cómo los ecosistemas responden a la sequía necesitamos un mejor conocimiento de las adaptaciones microbianas al estrés hídrico. Para ello, analizando datos de comunidades bacterianas ocupando gradientes de aridez en el campo, en esta estancia de formación te enseñaremos a desvelar qué especies están mejor adaptadas a la sequía y, en particular, a investigar qué genes les permiten tal adaptación. Con esta información aprenderás a desarrollar modelos de machine learning que permitirán predecir qué especies están mejor preparadas para resistir la sequía, abriendo oportunidades para la mejora de las aplicaciones microbianas en agricultura, seguridad alimentaria y bioremediación. Se ofrece la posibilidad de desarrollar esta temática como proyecto de tesis doctoral en el Centro de Estudios Avanzados de Blanes.	<a href="https://ramonedamassague.wixsite.com/my-site-6">https://ramonedamassague.wixsite.com/my-site-6</a>
JAEINT24_EX_099I	RAMOS IBEAS, PRISCILA	ramos.priscila@inia.csic.es	INSTO. NAC. DE INVESTIG Y TECNOLOGIA AGRARIA Y ALIMENTARIA	Mecanismos moleculares que regulan el desarrollo embrionario post-blastocisto in vitro en ovino	Las pérdidas tempranas de gestación debidas a alteraciones en el desarrollo embrionario entre el estadio de blastocisto y la implantación tienen un importante impacto económico en ungulados de granja (bovino, ovino, caprino y porcino). Para mejorar la eficiencia reproductiva en estas especies, es fundamental explorar los complejos procesos del desarrollo que tienen lugar durante este periodo, que incluyen la diferenciación de los primeros linajes celulares (trofoectodermo, epiblasto e hipoblasto) y la gastrulación. Sin embargo, los estudios llevados a cabo hasta ahora en ungulados de granja se han visto limitados por la falta de herramientas eficientes de edición genética y porque sólo podían llevarse a cabo in vivo, conllevando un alto esfuerzo y coste económico. Nuestro grupo de investigación ha desarrollado recientemente un novedoso sistema de cultivo que mantiene el desarrollo embrionario in vitro desde el estadio de blastocisto hasta la gastrulación en la oveja (Ramos-Ibeas et al., 2022; Development). El objetivo de este proyecto formativo es explorar los mecanismos moleculares clave que regulan el desarrollo post-blastocisto y la diferenciación de los primeros linajes celulares en el embrión de oveja. Para ello se llevará a cabo un análisis de pérdida de función de genes clave, mediante la generación de embriones knock-out con la tecnología CRISPR-Cas9. El fenotipo de estos embriones será analizado in vitro gracias al sistema de cultivo post-blastocisto desarrollado por nuestro grupo. Las técnicas que se llevarán a cabo durante el proyecto formativo comprenden la producción de embriones in vitro, incluyendo la preparación de medios de cultivo, obtención y maduración de ovocitos de oveja a partir de ovarios obtenidos en el matadero, fecundación in vitro y cultivo de embriones. Para la generación de embriones knock-out, se llevará a cabo la microinyección de ovocitos con los reactivos del sistema CRISPR-Cas9. Los embriones generados serán analizados mediante inmunofluorescencia y microscopía confocal para determinar el grado de desarrollo de los diferentes linajes celulares, y posteriormente genotipados mediante secuenciación masiva para detectar la presencia de inserciones y / o deleciones en el genoma.	<a href="https://www.inia.es/investigacion/animal/Reproduccion/Ingenier%C3%ADa%20gen%C3%B3mica%20animal/Pages/Home.aspx">https://www.inia.es/investigacion/animal/Reproduccion/Ingenier%C3%ADa%20gen%C3%B3mica%20animal/Pages/Home.aspx</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0635	RAMOS RIVERO, SONIA	s.ramos@ictan.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIA Y TECNOLOGIA DE ALIMENTOS Y NUTRICION	Estudio del efecto de los flavanoles en la protección frente a la diabetes	Las actividades a desarrollar por la persona seleccionada se enmarcarán dentro del estudio del posible efecto favorable de los flavanoles del cacao y la algarroba, solos o en combinación con fármacos antidiabéticos (metformina), sobre el desarrollo y progreso de diabetes, situación que relaciona las alteraciones metabólicas de la diabetes tipo 2 y la obesidad. Además, se evaluarán los mecanismos de acción que emplean estos compuestos naturales para ejercer sus potenciales efectos protectores. El trabajo conllevará la formación y capacitación en aspectos relacionados con investigación en Nutrición y Biomedicina, y todas las labores a realizar por el candidato se encuadrarán dentro de las líneas de investigación del grupo. De forma más concreta, la persona seleccionada se familiarizará con el trabajo en cultivos celulares, técnicas de bioquímica y biología molecular para la preparación y análisis de muestras biológicas, así como con el procesamiento de datos y análisis estadístico. La formación se complementará, además, con otros aspectos generales de un laboratorio de investigación en nutrición, tales como preparación de protocolos, gestión de muestras y reactivos, verificación y calibración de equipos, etc., que le serán de utilidad en cualquier actividad posterior en laboratorios de distinto tipo. Además, asistirá a cursos de especialización y seminarios de investigación, que se realizan de manera regular en el ICTAN y, en su caso, en otros centros de investigación, aumentando sus conocimientos sobre distintas investigaciones en curso. Igualmente, la persona seleccionada podrá colaborar en tareas de divulgación en las que el grupo participa de manera muy activa.	<a href="https://www.ictan.csic.es/grupos-de-investigacion/fitoquimicos-mecanismos-moleculares-y-salud-phytobiomol/">https://www.ictan.csic.es/grupos-de-investigacion/fitoquimicos-mecanismos-moleculares-y-salud-phytobiomol/</a>
JAEINT24_EX_0852	RANDAZZO, WALTER	wrandazzo@iata.csic.es	INSTITUTO DE AGROQUIMICA Y TECNOLOGIA DE ALIMENTOS	Tecnologías innovadoras y sostenibles para el control de virus transmitidos por alimentos	La creciente demanda mundial de tecnologías innovadoras en el sector alimentario, impulsada por normativas centradas en la sostenibilidad, en la reducción del impacto medioambiental y en la seguridad alimentaria, ha llevado a los operadores del sector agroalimentario a buscar nuevas estrategias y tecnologías. En este contexto, la ciencia y tecnología del plasma ha emergido como una solución prometedora para abordar los desafíos de la agricultura y la industria alimentaria. En las últimas décadas, los tratamientos de plasma atmosférico no térmico han ganado atención por sus características únicas: baja temperatura, uso de aire como gas de trabajo, ausencia de residuos químicos, baja demanda energética, tiempos cortos de tratamiento y una eficacia antimicrobiana notable. Estas peculiaridades hacen que la aplicación de esta tecnología en la industria alimentaria sea especialmente promisorio. El plasma genera un entorno altamente oxidante con especies reactivas de oxígeno y nitrógeno (RONS), demostradas como responsables de la inactivación microbiana. Aunque estudios recientes han evaluado con éxito los efectos del plasma como higienizante en superficies de alimentos y equipos de procesamiento contaminados por bacterias, aún queda pendiente investigar su eficacia en el control de la contaminación por virus transmitidos por alimentos, como los norovirus humanos. Estos últimos son la principal causa de gastroenteritis viral aguda en niños y adultos y se transmiten principalmente por la ruta fecal-oral. Actualmente, las técnicas moleculares como la RT-qPCR son comúnmente utilizadas para detectar este patógeno en alimentos, aunque existe cierta incertidumbre sobre el significado de la presencia de genomas víricos en términos de seguridad alimentaria. En este contexto, el norovirus murino y el virus Tulane han sido propuestos como modelos cultivables de norovirus humano ya que permiten evaluar la inactivación vírica mediante técnicas de cultivo celulares. Además, recientemente ha sido posible cultivar el norovirus humano empleando un sistema de cultivo avanzado con enteroides intestinales humanos. Por lo tanto, el trabajo se centrará en evaluar la eficacia de diferentes tratamientos de plasma frío para inactivar norovirus humanos en alimentos y superficies de contacto alimentario, empleando tanto técnicas de cultivo celular como técnicas de biología molecular. El interés científico de este trabajo se enfoca en mejorar el control microbiológico de los aliment	<a href="https://www.iata.csic.es/es/personal/walter-randazzo">https://www.iata.csic.es/es/personal/walter-randazzo</a>
JAEINT24_EX_0067	RECIO SANCHEZ, M.ISIDRA	i.recio@csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACION EN CIENCIAS DE LA ALIMENTACION	Señalización intestinal de los productos de digestión de las proteínas alimentarias en la inducción de la saciedad	Los productos de digestión de las proteínas alimentarias interactúan con diferentes receptores en el tracto gastrointestinal, y en concreto, con receptores localizados en la superficie apical de las células enteroendocrinas. Estos receptores, tras su activación, secretan una variedad de hormonas que controlan el proceso digestivo y la ingesta alimentaria. El objetivo del proyecto a desarrollar es la identificación de secuencias peptídicas capaces de inducir la secreción de colecistoquinina (CCK) y péptido similar al glucagón (GLP-1) y elucidar los receptores celulares implicados en la activación celular. Para ello, se emplearán modelos celulares de células enteroendocrinas (STC-1), y organoides intestinales para evaluar el efecto de distintos péptidos o digeridos gastrointestinales que se generan a partir de las proteínas alimentarias. Se evaluará la secreción hormonal en presencia y ausencia de distintos inhibidores de receptores unidos a proteína G. La cuantificación hormonal se llevará a cabo mediante técnicas inmunoenzimáticas (ELISA). También se realizará la cuantificación de la expresión génica de CCK y GLP-1 mediante PCR cuantitativa por transcripción inversa (RT-qPCR). Por tanto, la persona beneficiaria de la beca, recibirá formación en el manejo de cultivos celulares y organoides, técnicas de caracterización peptídica, técnicas de inmuno-reconocimiento con anticuerpos y técnicas de PCR. Estos estudios son de gran importancia para el diseño de alimentos con una respuesta fisiológica adecuada y abren la puerta al desarrollo de nuevos ingredientes para el control de la diabetes y de la ingesta alimentaria.	<a href="https://foodproteins.csic.es/">https://foodproteins.csic.es/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0360	REDONDO MUÑOZ, JAVIER	javier.redondo@cib.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS MARGARITA SALAS	Estudio de proteínas relacionadas con senescencia durante el estrés mecánico de células de leucemia aguda.	La leucemia linfoblástica aguda (LLA) es el cáncer infantil más común. La diseminación metastásica de las células tumorales conlleva una señales químicas y un estrés biomecánico que influye en la biología y progresión tumoral. Por ello, es vital entender cómo estos procesos controlan marcadores de senescencia que puedan favorecer posteriores recaídas o fallos en la terapia de pacientes. En nuestro grupo estudiamos dichos procesos nucleares derivados de la migración tumoral, y pretendemos entender cómo la identificación de mecanismos moleculares asociados a senescencia (Vnt pathway, hippo pathway, beta catenina, etc.) pueden estar directamente relacionados con la migración celular y favorecer la heterogeneidad tumoral y la inestabilidad genómica de células de LLA. La persona becada adquirirá una sólida formación en biología celular y molecular, análisis de datos, gestión de bases de datos, bioestadística, análisis de datos transcriptómicos, etc. Los resultados generados servirán como material para que la persona becada elabore su Trabajo de Fin de Máster. TAREAS A REALIZAR La persona becada se centrará en estudiar como el estrés mecánico induce cambios en estos mecanismos moleculares. Además, tendremos como objetivo fundamental caracterizar cambios en el comportamiento celular asociado a estos mecanismos, así como determinar el interactoma de estas proteínas en el núcleo y citoplasma de células LLA. La consecución de estos objetivos permitirá definir nuevas rutas de señalización con potencial dianas clave frente al progreso y la invasión de la leucemia.	<a href="https://www.cib.csic.es/research/molecular-biomedicine/biomechanics-nucleus-and-epigenetics-during-cell-migration">https://www.cib.csic.es/research/molecular-biomedicine/biomechanics-nucleus-and-epigenetics-during-cell-migration</a>
JAEINT24_EX_1623	REDRUELLO TRELLES, MARIA BEGOÑA	bredruel@ipla.csic.es	INSTITUTO DE PRODUCTOS LÁCTEOS DE ASTURIAS	Optimización metabólica de bacterias del ácido láctico con potencial psicobiótico	La salud mental se asocia con la alimentación a través de la influencia que ésta tiene en el eje microbiota-intestino-cerebro. Existen compuestos neuro activos (CNA) como el GABA, la triptamina o la feniletilamina que, al ser ingeridos, pueden influir positivamente en la salud mental. Dichos CNA se puede acumular en alimentos como resultado del metabolismo bacteriano mediante la descarboxilación de sus correspondientes aminoácidos precursores. Además, determinadas especies bacterianas del tracto gastrointestinal humano tienen capacidad de sintetizarlos y secretarlos en el mismo. Todo ello abre la posibilidad de explorar la utilización de dichas bacterias como agentes psicobióticos. Los modelos metabólicos a escala del genoma (GEM) son representaciones matemáticas que permiten correlacionar la información estática contenida en el genoma de un organismo y su dinámica metabólica bajo determinadas condiciones fisiológicas. El análisis y la validación de un GEM permite su aplicación en la optimización de rutas metabólicas responsables de un fenotipo determinado. En el grupo de Microbiología Molecular del Instituto de Productos Lácteos de Asturias (IPLA-CSIC) disponemos de cepas de bacterias del ácido láctico con la capacidad de sintetizar uno o varios de estos CNA. La secuenciación y anotación de sus genomas nos ha permitido identificar los genes responsables de dicha biosíntesis. Actualmente no existen GEM que permitan reconstruir dichas rutas metabólicas en ningún sistema bacteriano. El objetivo de este proyecto es construir GEM a partir de los genomas de las bacterias del ácido láctico productoras de CNA. Esto nos permitirá posteriormente simular la síntesis de los mismos bajo diferentes condiciones metabólicas y elaborar un mapa predictivo del comportamiento de los microorganismos con respecto a dicho fenotipo. Los resultados obtenidos in silico serán validados mediante la expresión in vitro de los enzimas responsables de la síntesis de los CNA, así como la cuantificación de los CNA producidos mediante diversos métodos analíticos que nuestro grupo ha desarrollado y validado. El/la estudiante adquirirá conocimientos y destrezas que le harán competente para formar parte de una línea de investigación con elevada proyección futura. Su formación científica se complementará con actividades de divulgación científica y lúdicas que se desarrollan en el IPLA-CSIC, un entorno acogedor de carácter internacional.	<a href="https://www.ipla.csic.es/microbiologia-molecular/">https://www.ipla.csic.es/microbiologia-molecular/</a>
JAEINT24_EX_1419	REIG GARCIA, RAMON	ramon.reig@umh.es	INSTITUTO DE NEUROCIENCIAS	Impacto del área prefrontal anterior motora (ALM) en la actividad de las neuronas del estriado del ratón.	Los ganglios basales son un conjunto de circuitos cerebrales interconectados que están relacionados con una gran cantidad de funciones cerebrales. Es por ello que su mal funcionamiento produce problemas neurológicos dispares, siendo los motores los más característicos. Dentro de estos destaca la enfermedad de Parkinson, debido a su prevalencia e impacto social. El estriado es la entrada sináptica a los ganglios basales y recibe axones glutamatergicos de la mayoría de áreas de la corteza cerebral y del tálamo, así como axones gabaérgicos desde corteza motora, auditiva y potencialmente de otras áreas corticales, todavía no están bien definidas. La región dorsal del estriado de los roedores se ha dividido en el estriado dorsolateral (DLS) y dorsomedial (DMS). El DLS participa en el control motor, el hábito y el movimiento aprendido. A nivel cortical está mayormente innervado por áreas motoras y somatosensoriales, además de por el área prefrontal anterior motora (ALM). Esta última se ha relacionado con funciones premotoras y también cognitivas. Varios estudios han investigado la transmisión sináptica corticoestriatal entre M1 o S1 con el DLS. Sin embargo, se desconoce el efecto sináptico y funcional que la activación de ALM sobre las neuronas del estriado. El estriado está formado en su mayoría por neuronas de proyección gabaérgicas conocidas como MSNs. En las MSNs del DLS convergen axones glutamatergicos de M1, S1 y nuestros resultados recientes muestran que, además, estas neuronas reciben una gran activación de ALM. Utilizando la técnica de patch-clamp in vivo hemos explorado como MSNs individuales integran la información desde M1, S1 y ALM. Nuestros resultados preliminares muestran que ALM tiene un gran impacto la actividad de las MSNs del DLS. Además, en el modelo del ratón parkinsoniano, estudios previos han demostrado que tanto las respuestas sensoriales táctiles como motoras están alteradas en las MSNs, bajo depleción de dopamina. Sin embargo, se desconoce si existe alteración en la conexión entre ALM y las MSNs. Objetivos de esta investigación: • Averiguar cómo ALM modula la actividad de las MSNs del estriado, tanto en el ratón wildtype, como en el ratón modelo de la enfermedad de Parkinson. • Investigar el efecto de la activación de ALM en el control de la locomoción del ratón sano y en el parkinsoniano. Utilizaremos técnicas de anatomía e inmunología, electrofisiología, optogenética y test conductuales para evaluar la locomoción.	<a href="https://in.umh-csic.es/es/grupos/procesamiento-sensorio-motor-en-areas-subcorticales/">https://in.umh-csic.es/es/grupos/procesamiento-sensorio-motor-en-areas-subcorticales/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_078I	REVILLA TEMIÑO, PEDRO	previlla@mbg.csic.es	MISION BIOLOGICA DE GALICIA	Respuesta de la planta al estrés por sequía, calor o frío	El cambio climático está agravando los estreses que comprometen la producción agrícola, por lo que es necesario mejorar la tolerancia a los estreses asociados al cambio climático en los cultivos para promover la producción sostenible de alimentos. En el grupo de investigación Genética y Mejora de Maíz, estudiamos los mecanismos de respuesta al estrés por sequía, calor o frío, y la regulación genética de la respuesta de la planta al estrés y los aplicamos en programas de mejora de maíz para aumentar la tolerancia a los diversos estreses. El estudiante se integrará en un equipo de investigación en el que podrá aprender formulación de hipótesis, diseño de experimentos, recogida de datos fisiológicos, bioquímicos, morfológicos y agronómicos, análisis de datos e interpretación de resultados. Dependiendo de la época del año en que se incorpore el estudiante, participará en diferentes experimentos en cámara, invernadero o campo. El objetivo de esta propuesta consiste en investigar parámetros fisiológicos, bioquímicos y morfológicos relacionados con la respuesta de los cultivos al estrés por sequía, calor o frío, para su uso en mejora genética. Se dispone de genotipos de maíz que se evalúan en condiciones controladas en cámara de cultivo, invernadero y en campo, empleando diversos diseños experimentales, según el caso, y tomando datos morfológicos, bioquímicos y fisiológicos. Este trabajo se encuadra en el proyecto "Mejora de maíz para calidad y tolerancia a estreses asociados al cambio climático" financiado por la Agencia Estatal de Investigación. El grupo de investigación dispone de personal especializado en técnicas fisiológicas, bioquímicas y agronómicas, así como de finca experimental y laboratorios y equipamiento específico para determinar parámetros fotosintéticos, bioquímicos y agronómicos.	<a href="https://mbg.csic.es/">https://mbg.csic.es/</a>
JAEINT24_EX_109I	REY ROCHA, JUAN JESUS	j.rey@csic.es	INSTITUTO DE FILOSOFIA	Análisis científico, social y filosófico de los retos, impactos e implicaciones de la investigación sobre la vida	Jesús Rey, responsable de la presente propuesta, en los últimos cuatro años viene trabajando conjuntamente con Emilio Muñoz Ruiz (Doctor Vinculado Ad Honorem en el Departamento de CT5 del IFS), con quien ha puesto en marcha un equipo multidisciplinar cuyas líneas de trabajo se centran en el análisis científico, social y filosófico de los retos, impactos e implicaciones de la investigación sobre la vida. A este respecto, véase: - <a href="http://ifs.csic.es/es/article/nueva-red-cientificos-afrontar-retos-biologia-futuro">http://ifs.csic.es/es/article/nueva-red-cientificos-afrontar-retos-biologia-futuro</a> . - <a href="https://lifehub.csic.es/evento/encuentro-retos-impactos-e-implicaciones-sociales-de-la-investigacion-sobre-la-vida-pensemos-y-reflexionemos-juntos-para-actuar/">https://lifehub.csic.es/evento/encuentro-retos-impactos-e-implicaciones-sociales-de-la-investigacion-sobre-la-vida-pensemos-y-reflexionemos-juntos-para-actuar/</a> La creación de dicho grupo se enmarca en la red Conexión Vida (LifeHUB CSIC), y en él participan investigadores del CSIC, CIEMAT, Universidad de Oviedo y Universidad de Castilla-La Mancha. La persona candidata desarrollará su trabajo en alguna de las líneas de investigación del grupo, a saber: Aspectos científicos, sociales y filosóficos de la Genética y Medioambientales y sanitarias; Crisis ambiental y ecológica; Retos, impactos e implicaciones sociales y filosóficas de la investigación sobre la vida; Relación del ser humano con el resto de formas de vida; Ciencia y democracia; Percepción de la ciencia; Comunicación de la ciencia; Transferencia de conocimiento; Impacto social de la ciencia El abordaje científico de los retos que plantean los temas relevantes relacionados con estas líneas de investigación, se abordan en nuestro grupo desde una aproximación multidisciplinar, integrativa y colaborativa, que interpele a la experiencia de un amplio rango de disciplinas —desde las Ciencias de la Vida, Físicas y Químicas, pasando por la Ingeniería, hasta las Ciencias Sociales y las Humanidades—, impulsando el diálogo entre ciencias y entre la ciencia y la sociedad. La actividad de la persona incorporada como JAE-Intro se desarrollaría, teniendo en cuenta sus intereses científicos, en un ámbito concreto de investigación conectado con e incorporado en alguna/s de las líneas del grupo, formándose en ella/s y contribuyendo a su desarrollo. Se plantea la formación durante este período con la vista puesta en la orientación de la persona contratada hacia la futura realización de una tesis doctoral. El trabajo a desarrollar incluirá la formación en las tareas propias y centrales de la investigación: Solicitud de financiación (proyectos, tesis, divulgación...); ejecución (ci	<a href="https://ifs.csic.es/es/org-structure/grupo-investigacion-ciencia-vida-sociedad">https://ifs.csic.es/es/org-structure/grupo-investigacion-ciencia-vida-sociedad</a>
JAEINT24_EX_1548	REYBURN , HUGH THOMSON	htreyburn@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Análisis de mecanismos moleculares importantes para la persistencia de NK mediante el estudio de deficiencias selectivas de células NK	La transferencia de células NK como terapia contra el cáncer es un área de investigación muy activa. Ensayos clínicos han demostrado que la terapia con células NK es segura, ya que evita muchos de los problemas asociados con la terapia CAR-T y puede inducir remisión en un número significativo de pacientes. Sin embargo, un obstáculo importante que ha de superarse para mejorar los resultados clínicos de esa terapia es aumentar la persistencia de las NK in vivo. Hemos identificado pacientes con Errores Innatos de la Inmunidad que tienen linfopenia y disfunción selectiva de las células NK, pero que conservan la función de las células T. Nuestra hipótesis es conocer las bases moleculares de la deficiencia de NK en estos pacientes dará pistas nuevas de los genes y vías de señalización claves para el desarrollo y la proliferación de estos linfocitos citotóxicos. Nuestra expectativa es que esta información sea de gran ayuda en el diseño de estrategias para potenciar la persistencia de las NK transferidas y así mejorar la durabilidad de los efectos de la terapia celular con NK.	<a href="https://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/inmunologia-y-oncologia/interacciones-receptor-ligando-en-">https://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/inmunologia-y-oncologia/interacciones-receptor-ligando-en-</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1098	REYES RAMÍREZ, FRANCISCA	freyram@upo.es	CENTRO ANDALUZ DE BIOLOGIA DEL DESARROLLO	Descifrando los mecanismos reguladores de los pequeños ARN en la adaptación bacteriana al estrés.	Lejos de las condiciones controladas en el laboratorio, la supervivencia microbiana en sus propios hábitats, suelos, lagos, superficies oceánicas, profundidades marinas, interior de organismos etc. está siempre amenazada por las constantes fluctuaciones de las condiciones. Las bacterias han aprendido a adaptarse y a protegerse de estas situaciones de estrés ajustando su perfil transcripcional y optimizando la expresión de sus genes mediante extraordinarios sistemas de regulación. Esta respuesta les permite protegerse frente a estrés oxidativo, osmótico, UV, desecación, escapar del sistema inmune, y les confiere resistencia a fármacos y a distintos compuestos antimicrobianos etc. En <i>Sphingopyxis granulii</i> TFA, una bacteria degradadora de contaminantes, hemos caracterizado la cascada reguladora que controla la Respuesta a Estrés General (GSR) y los genes implicados. Se trata de una respuesta global adaptativa que permite a las bacterias defenderse de una amplia gama de estreses y generar protección cruzada frente a ellos. El núcleo de la GSR está compuesto por tres proteínas reguladoras: un factor de función extracitoplasmática (ECF) denominado EcfG, un factor anti-sigma NepR y un regulador de respuesta (factor anti-anti-sigma) PhyR. Además de la regulación transcripcional, en los tres Dominios de la vida, la regulación post-transcripcional por pequeños ARN (sRNAs) representa un mecanismo muy importante de ajuste del flujo de información genética. Los sRNAs son reguladores críticos en las respuestas bacterianas que logran una regulación génica precisa mediante el emparejamiento de sus bases con los ARN mensajeros dianas, modulando su estabilidad y/o traducción. En la mayoría de las bacterias Gram-negativas estos sRNAs regulan post-transcripcionalmente más de la mitad de todos los ARNm y muchas de estas interacciones se ven facilitadas por la actividad de una chaperona de unión a ARN, llamada Hfq. Este trabajo se integra dentro de una Línea de Investigación que busca descifrar el papel de los sRNAs y otras proteínas reguladoras en la respuesta a estrés en <i>Sphingopyxis granulii</i> . Se adquirirá experiencia en genética molecular, mutagénesis, transcriptómica, enfoques informáticos y ensayos enzimáticos.	<a href="https://www.cabd.es/es/research_groups/mecanismos-reguladores-de-la-expresion-genica-en-bacterias-degradadoras-de-contaminantes-biorremediacion">https://www.cabd.es/es/research_groups/mecanismos-reguladores-de-la-expresion-genica-en-bacterias-degradadoras-de-contaminantes-biorremediacion</a>
JAEINT24_EX_0236	REYES ROSA, JOSE CARLOS	jose.reyes@cabimer.es	CENTRO ANDALUZ DE BIOLOGIA MOLECULAR Y MEDICINA REGENERATIVA	Estudio de la distribución genómica de las proteínas HMG20A y PHF14	Durante el desarrollo embrionario son comunes procesos en los que determinadas células epiteliales adquieren transitoriamente un estado mesenquimal y migran a otras partes del embrión, donde se establecen volviendo a formar un epitelio. Al proceso de adquisición de fenotipo mesenquimal a partir de células epiteliales se le denomina transición de epitelio a mesénquima (EMT). Procesos similares al EMT están relacionados con la migración de células tumorales y la formación de metástasis tumorales. El proceso de EMT conlleva un enorme cambio en la expresión génica y la reorganización de marcas epigenéticas. Recientemente hemos demostrado que las proteínas HMG20A y PHF14 están implicadas en el control de la expresión génica durante el proceso de EMT. En este proyecto pretendemos hacer un meta-análisis de datos de transcriptómica (RNA-seq) para determinar las dianas regulatorias de estas proteínas y estudiar su distribución genómica mediante el procesamiento computacional de datos de inmunoprecipitaciones de cromatina seguido de secuenciación masiva (ChIP-Seq). Plan de formación Las técnicas de análisis de datos masivos de genómica y epigenómica son de enorme relevancia para la investigación en la actualidad. Se propone un proyecto de análisis computacional. Es por lo tanto esencial que los aspirantes tengan conocimientos de R u otro lenguaje de programación o estén en vías de cursar un master de procesamiento de datos y/o estadística. Etapas del proyecto: 1.- Transcriptómica (RNA-seq). Procesamiento y análisis básico de experimentos de transcriptómica: Alineamiento, normalización, expresión diferencial (DESeq2). Meta-análisis de diferentes datasets disponibles en el grupo o de la bibliografía. Análisis funcional (Gene ontology, GSEA). Tiempo estimado 2 meses 2.- Análisis de datos de ChIP-seq de HMG20A y PHF14 ya disponibles en el grupo. Alineamiento. Peak calling. Asignación de picos a genes. Anotación. Cuantificación. Visualización. Comparación con datasets de marcas epigenéticas. Tiempo estimado 3 meses. 3.- Integración de los datos de las dos aproximaciones anteriores. Tiempo estimado 2 meses. El graduado será supervisado directamente por el investigador principal del grupo: Jose c. Reyes con quien discutirá resultados al menos una vez a la semana. El grupo hace reuniones (lab meetings) cada semana para discutir resultados de la investigación. Además, el CABIMER organiza seminarios semanales que serán un complemento perfecto para la formación.	<a href="https://www.cabimer.es/en/research-groups/epigenetics-and-gene-expression/">https://www.cabimer.es/en/research-groups/epigenetics-and-gene-expression/</a>
JAEINT24_EX_0632	RICHARD RODRIGUEZ, EVA MARIA	erichard@cblm.csic.es	CENTRO DE BIOLOGIA MOLECULAR SEVERO OCHOA	Generación de nuevos modelos celulares neurológicos de enfermedad basados en iPSCs en acidemia propiónica	La acidemia propiónica (AP) es una de las acidemias orgánicas más frecuentes, potencialmente letal, causada por mutaciones en los genes PCCA o PCCB, que codifican para ambas subunidades de la enzima mitocondrial propionil-CoA carboxilasa. Los pacientes desarrollan complicaciones neurológicas y cardiomiopatías, y el tratamiento actual, basado en la restricción dietética, es ineficaz en la prevención de dichas alteraciones. La hipótesis de trabajo se basa en el uso de nuevos modelos específicos de enfermedad como herramientas que proporcionarán una oportunidad única para investigar en tratamientos individualizados enfocados a prevenir o paliar los síntomas clínicos. El grupo ha estudiado en profundidad la fisiopatología de diferentes órganos en un modelo murino hipomorfo de la enfermedad; sin embargo, teniendo en cuenta las limitaciones para modelar la complejidad del cerebro humano usando ratones y, en línea con la deseada limitación en el uso de animales de experimentación, el trabajo se centra en la generación de modelos alternativos. Así, el objetivo principal es la generación de organoides cerebrales a partir de las líneas de iPSCs, la caracterización de su fenotipo bioquímico y molecular mediante la aplicación de estrategias multi-ómicas y el testaje de compuestos potencialmente terapéuticos. En concreto, el trabajo se centrará en el uso de la tecnología de edición génica CRISPR/Cas en una línea de iPSC control que irá dirigida a la obtención de modelos celulares Knock-in para introducir mutaciones relevantes clínicamente en los pacientes AP. Estas líneas de iPSCs se usarán posteriormente para la generación de los nuevos modelos de organoides cerebrales en AP. El grupo receptor forma parte del CIBERER, IdiPAZ y CEDEM, con una amplia y destacada experiencia en la investigación en varias enfermedades metabólicas hereditarias. El CBMSO cuenta con un Plan de Formación, en el que se incluyen distintas actividades: 1) seminarios de grupo, de programa, así como ciclos de conferencias impartidas por investigadores nacionales e internacionales; 2) cursos de formación en técnicas experimentales y jornadas técnicas por los servicios científicos; 3) jornadas científicas de estudiantes y postdocs; y 4) actividades de comunicación, cultura y divulgación científica. La formación que recibirá será sólida y multidisciplinar, proveyendo conocimientos y habilidades que cubran la totalidad de requerimientos necesarios para el buen desarrollo del proyecto	<a href="http://www.cblm.uam.es/lab220">http://www.cblm.uam.es/lab220</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1365	RICO RODRIGUEZ, DANIEL	daniel.rico@cabimer.es	CENTRO ANDALUZ DE BIOLOGIA MOLECULAR Y MEDICINA REGENERATIVA	Identifying the chromatin signatures characteristic of proto-oncogenes and tumour suppressor genes that regulate the cell cycle	Descripción: All cells in an organism have the same genome, but we have as many different epigenomes as different cell types. There are hundreds of different histone post-translational modifications (also called histone marks) and their combinatorial patterns constitute a "histone code" that reflects the function and activity of genomic elements, such as repressed or active promoters, enhancers, transcribed genes or silent heterochromatin. Specific combinations of active and silent genes determine a cell type and regulate when a cell can progress through the cell cycle and divide. This highly controlled system is disrupted in tumour cells resulting in uncontrolled cell proliferation - the main feature of any cancer. In this study, we want to understand how the histone code is modified in tumour-associated genes which are involved in deregulation of the cell cycle and which are known to be affected in many cancer types (e.g. MYC, CCND1, TP53, RB1). We will apply diverse bioinformatics approaches, including alignments, hidden markov models and machine learning, to extract the chromatin signatures characteristic for cell cycle "accelerators" (proto-oncogenes) and "breaks" (tumour-suppressor genes). Objectives of this project will be: - Determine a set of tumour-associated genes important for cell cycle regulation. - Mine ChIP-seq datasets of histone modifications from The International Human Epigenome Consortium (IHEC) - Extract epigenomic signatures of selected tumour-associated genes by comparing healthy and tumour samples. Datos y software: The student will learn how to work and process genomic and epigenomic databases, build pipelines, use genome browsers, handle big data and interpret and present bioscientific results. Also, as the members of the supervisory team are active part of IHEC Integrative Analysis, the student will be given the unique opportunity to attend regular IHEC meetings online and experience international collaboration. Referencias: The International Human Epigenome Consortium: A Blueprint for Scientific Collaboration and Discovery <a href="https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/27863232/">https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/27863232/</a> Automatic identification of informative regions with epigenomic changes associated to hematopoiesis <a href="https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/28934481/">https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/28934481/</a> Epigenomic translocation of H3K4me3 broad domains over oncogenes following hijacking of super-enhancers <a href="https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34933939/">https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34933939/</a>	<a href="https://www.cabimer.es/en/research-groups/computational-epigenomics-and-cell-identity/">https://www.cabimer.es/en/research-groups/computational-epigenomics-and-cell-identity/</a>
JAEINT24_EX_0985	RICOTE PACHECO, MARIA MERCEDES	mm.ricote@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Regulación transcripcional y epigenética del desarrollo, identidad y función de los macrófagos por los receptores nucleares	Los macrófagos están presentes en todos los órganos del cuerpo y desempeñan importantes funciones en el desarrollo, la homeostasis y la inmunidad. Nuestro laboratorio y otros han demostrado que los receptores nucleares desempeñan un importante papel regulador en la homeostasis, el metabolismo, la inflamación y la inmunidad (Nature 2024, J Clin Invest, 2015, 2007; Nat Commun 2014; PNAS 2010). Estudios recientes del laboratorio han contribuido al descubrimiento de programas transcripcionales y epigenéticos que regulan la diferenciación y la identidad de los macrófagos residentes en tejidos (Cell Report 2018, Nat Comm 2020, Blood 2024). Nuestros estudios demuestran que el receptor nuclear RXR (Receptor X de retinoides) es clave en el mantenimiento y diferenciación de las células madre hematopoyéticas al linaje mieloides (Blood 2024). Además, hemos descubierto que RXR es necesario para el mantenimiento de los macrófagos residentes peritoneales (Nat Comm 2015). En conjunto, nuestros hallazgos sugieren que RXR es un factor de transcripción clave en el desarrollo y la identidad de los macrófagos. Una de las líneas de investigación del grupo, en la cual estaría integrado el estudiante en formación, es el estudio de la regulación transcripcional y epigenética que determinan la identidad de los macrófagos, y la identificación de los factores de transcripción que determinan dicha identidad. Se ofrecerá al estudiante un amplio Plan de actividades y formación: a) adquisición de conocimientos científicos para comprender el problema biológico de interés; b) aprendizaje de las bases y aplicación del método científico experimental (hipótesis, diseño experimental, analizar datos y extracción de conclusiones); c) formación en enfoques experimentales y habilidades técnicas: modelos de ratón, modelos quirúrgicos experimentales, cultivo celular, biología celular y molecular, microscopía, citometría, tecnologías de genoma completo (RNA-, ATAC-, ChIP-seq) y análisis bioinformático. El programa también incluye formación en habilidades complementarias y transferibles: a) habilidades de comunicación: presentación y discusión de resultados en reuniones de laboratorio, y seminarios del departamento; b) habilidades de equipo: estimulación del trabajo en un equipo multidisciplinar y colaborativo.	<a href="https://www.cnb.csic.es/index.php/es/component/k2/item/2156-nuclear-receptor-signaling">https://www.cnb.csic.es/index.php/es/component/k2/item/2156-nuclear-receptor-signaling</a>
JAEINT24_EX_1324	RINCON LLORENTE, BARBARA MARIA	brincon@ig.csic.es	INSTITUTO DE LA GRASA	PERSIGUIENDO LA INNOVACIÓN SOSTENIBLE EN LA INDUSTRIA AGROALIMENTARIA: OBJETIVO LA ALMAZARA.	El grupo de investigación "Innovación sostenible en la industria alimentaria" trabaja en el aprovechamiento de los subproductos de la industria alimentaria persiguiendo la consecución e implantación de procesos sostenibles y circulares en el sector. Los procesos circulares de producción promueven la reutilización y recuperación de los subproductos. En este sentido, dada la naturaleza de los subproductos alimentarios, rica en compuestos naturales que podrían ser recuperados, existe un amplio abanico de posibilidades que investigar. Nuestro objetivo es transformar estos subproductos en nuevos recursos a través del uso de pretratamientos de distinta índole y bioprocesos, que nos permitan la obtención de nuevos compuestos de valor añadido, como pueden ser ácidos grasos volátiles o fenoles, y bioenergía en forma de biometano o biohidrógeno, además de efluentes ricos en nutrientes de características fertilizantes, etc. El investigador JAE se incorporará a trabajar en las líneas de investigación del grupo, las cuales implican tareas multidisciplinares que van, entre otras, desde la biotecnología, a la química pasando por la ingeniería. Se enfocará principalmente en la búsqueda de soluciones para la gestión de los subproductos de almazara: alpeorrujo, aguas de lavado y hojas, ya que al ser España el principal país productor de aceite de oliva a nivel mundial (760.000 toneladas de aceite en la campaña 2023/2024), anualmente se generan gran cantidad de subproductos cuya gestión presenta una gran problemática que se repite año tras año y no está resuelta. El investigador JAE aprenderá técnicas de caracterización físico-químicas, el montaje de reactores biológicos anaerobios a escala de laboratorio, su puesta en marcha, monitorización y las técnicas necesarias para el control de la estabilidad de los mismos. Aprenderá también a hacer búsquedas bibliográficas y a utilizar bases de datos así como a analizar e interpretar los datos experimentales obtenidos para poder plasmarlos en informes y trabajos. Por otra parte, se valorará su asistencia a conferencias y seminarios y su participación en actividades de difusión de los resultados, entre otros, los Café con ciencia y la Feria de la ciencia. Las actividades propuestas acercarán la investigación a estudiantes de grado y máster que tengan interés en iniciar una carrera científica para que puedan conocer el día a día en la vida de un investigador y la forma de trabajar en un centro de investigación del CSIC.	<a href="https://www.ig.csic.es/biotecnologia-de-alimentos/">https://www.ig.csic.es/biotecnologia-de-alimentos/</a>



REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1254	RINCON PADILLA, SERGIO	sarpadilla@usal.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA FUNCIONAL Y GENOMICA	Investigando la Formación de Husos Autoorganizados en Levaduras	<p>El objetivo de este proyecto es investigar la formación y características de los husos acentrosomales o autoorganizados en levaduras, centrándose en comprender los mecanismos moleculares detrás de la meiosis acentrosomal y su relevancia en la gametogénesis. Metodología: 1. Cultivo de Levaduras: Se cultivarán levaduras fisión, especialmente mutantes que presenten bloqueo específico del cuerpo del polo del huso (SPB) durante la meiosis. 2. Microscopía de Fluorescencia: Se utilizará microscopía de fluorescencia para observar la formación de microtúbulos y la segregación cromosómica durante la meiosis en las levaduras mutantes. 3. Análisis Comparativo: Se compararán las características de los husos acentrosomales autoensamblados con los husos dependientes del SPB mediante técnicas de microscopía y análisis molecular para identificar similitudes y diferencias. 4. Manipulación Genética: Se llevarán a cabo manipulaciones genéticas, como la eliminación de miembros de la familia de kinesinas-8, para investigar su efecto en la formación y estabilidad de los husos acentrosomales. 5. Evaluación de la Robustez: Se evaluará la robustez de los husos acentrosomales reforzados en comparación con los husos SPB-dependientes mediante análisis de la segregación cromosómica y la viabilidad celular en diferentes condiciones. 6. Análisis Molecular: Se realizarán ensayos bioquímicos y moleculares para estudiar la composición de los husos acentrosomales y los mecanismos moleculares involucrados en su formación y función. Aplicaciones Potenciales: El proyecto proporcionará información crucial sobre los mecanismos moleculares detrás de la formación de husos acentrosomales en levaduras, lo que puede tener implicaciones en nuestra comprensión de la gametogénesis y la evolución de la meiosis en organismos eucariotas. Además, los hallazgos podrían tener aplicaciones en biotecnología y medicina, especialmente en el desarrollo de terapias para tratar trastornos relacionados con la reproducción y la división celular.</p>	<a href="https://ibfg.usal-csic.es/sergio-rincon.html">https://ibfg.usal-csic.es/sergio-rincon.html</a>
JAEINT24_EX_1099	RIO GAZTELURRUTIA, MIREN GOTZONE DEL	delrio@inia.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS FORESTALES	Gestión de bosques mixtos para la adaptación al cambio climático	<p>Los sistemas forestales son sistemas complejos cuya gestión presenta múltiples dimensiones ecológicas, económicas y sociales. El cambio global, incluyendo no solo el cambio climático, sino también los cambios económicos y sociales que repercuten en la viabilidad de los sistemas forestales, aumenta la vulnerabilidad de estos sistemas frente a diferentes perturbaciones bióticas y abióticas, por lo que es necesario adaptar la gestión forestal a este escenario. Este plan de formación se encuadra dentro de las líneas de investigación sobre "Adaptación de los sistemas forestales y mitigación del cambio climático mediante la gestión forestal" y "Dinámica y gestión de bosques mixtos". El plan tiene como principal objetivo introducir a la persona beneficiaria de la ayuda en los métodos científico-técnicos utilizados en el estudio de la dinámica de bosques mixtos y, en particular, su respuesta a la gestión (claras) bajo condiciones de cambio climático. Entre las actividades objeto de formación se recogen las siguientes: i) actividades de campo; ii) preparación de muestras en laboratorio; iii) depuración y preparación de bases de datos forestales; iv) análisis de datos en entorno R; v) interpretación de resultados. Estas actividades se enfocan al aprendizaje sobre el estudio de la interacción entre especies y la respuesta a las condiciones climáticas en términos de crecimiento del árbol. Se considera la posibilidad de realización de un estudio/trabajo de fin de grado/máster, así como una posible orientación a la realización de una tesis doctoral. La persona beneficiaria de la ayuda se incorporará en un grupo de investigación experto en las temáticas de dinámica, modelización y gestión forestal, y podrá colaborar con otros grupos en el ámbito de las ciencias forestales. La investigadora tutora del plan de formación cuenta con una extensa red nacional e internacional de colaboradores en la temática de bosques mixtos, ofreciendo por tanto una visión global de la línea de investigación así como de los grupos de investigación más relevantes a nivel internacional. Todo ello supondrá al beneficiario una oportunidad excelente para adquirir experiencia investigadora en dinámica y gestión de sistemas forestales y conocer las características profesionales de la carrera investigadora en esta área.</p>	<a href="https://www.inia.es/investigacion/forestal/Gesti%C3%B3n%20forestal/Din%C3%A1mica%20modelizaci%C3%B3n%20y%20gesti%C3%B3n%20forestal/Pages/Hom">https://www.inia.es/investigacion/forestal/Gesti%C3%B3n%20forestal/Din%C3%A1mica%20modelizaci%C3%B3n%20y%20gesti%C3%B3n%20forestal/Pages/Hom</a>
JAEINT24_EX_0721	RIO LAGAR, BEATRIZ DEL	beadelrio@ipla.csic.es	INSTITUTO DE PRODUCTOS LACTEOS DE ASTURIAS	Construcción de un modelo metabólico a escala genómica de Lactococcus lactis para mejorar la producción de ácido gamma-aminobutírico (GABA)	<p>Lactococcus lactis es una de las bacterias lácticas de mayor relevancia tecnológica en la industria quesera. Esta especie, considerada segura para su consumo por la Autoridad de Seguridad Alimentaria Europea (EFSA), es el principal cultivo iniciador utilizado en la elaboración del queso. Tiene un papel fundamental durante las primeras etapas de producción, en las que acidifica rápidamente la leche al generar ácido láctico a partir de la lactosa. El azúcar más abundante de la leche. Además, la intensa actividad proteolítica que este microorganismo despliega durante el período de maduración, es responsable en gran medida de las características sensoriales que caracterizan al queso. L. lactis contribuye de forma notable a la conservación del queso y a su seguridad alimentaria, ya que produce ácido láctico y otros compuestos con actividad antimicrobiana que inhiben el crecimiento de microorganismos patógenos y alterantes. En nuestro grupo hemos aislado una cepa de L. lactis que sintetiza ácido gamma-amino butírico (GABA), un compuesto neuroactivo que posee muchas propiedades farmacológicas beneficiosas para la salud humana: reduce el estrés, la ansiedad, la presión arterial, etc. El GABA ha sido aprobado como ingrediente alimentario en los EEUU y la UE. Esto ha potenciado el interés de las industrias farmacéutica y alimentaria por desarrollar suplementos funcionales basados en GABA y alimentos enriquecidos con GABA. Hemos comprobado que esta cepa tiene un gran potencial tecnológico como cultivo iniciador para elaborar alimentos fermentados enriquecidos con concentraciones moderadas de GABA, concretamente quesos tipo Cabrales. A pesar de las buenas aptitudes tecnológicas que tiene esta cepa, también puede sintetizar la amina biógena putrescina, un compuesto potencialmente tóxico que afecta negativamente la seguridad y calidad del queso, cuya acumulación debería evitarse. En este trabajo proponemos desarrollar un modelo metabólico a escala genómica de la cepa de L. lactis productora de GABA, para posteriormente desarrollar una estrategia basada en el ajuste de distintos factores físico-químicos y tecnológicos que permita optimizar la producción de GABA y, simultáneamente, eliminar la producción de putrescina tóxica. Esta estrategia se implementaría para elaborar suplementos y alimentos funcionales enriquecidos con concentraciones óptimas de GABA y sin putrescina, que fueran beneficiosos para la salud de los consumidores.</p>	<a href="https://www.ipla.csic.es/microbiologia-molecular/">https://www.ipla.csic.es/microbiologia-molecular/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1424	RIVAS UBACH, ALBERT	albert.rivas@inia.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS FORESTALES	Ecofisiología forestal del cambio climático: aproximación ecometabólica.	El cambio climático está produciendo decaimiento y mortalidad en bosques a nivel global. Es crucial determinar la plasticidad fenotípica de las especies forestales para predecir el futuro de la estructura y función de los ecosistemas. El metaboloma, el conjunto de metabolitos de un organismo (e.g. carbohidratos, amino ácidos, ...), se considera el fenotipo químico de éste y es frecuentemente el primer componente en reaccionar frente cambios ambientales. La aclimatación y adaptación de una especie en escenarios desfavorecidos finalmente dependerá en gran parte de la plasticidad metabólica de los organismos. Los estudios eco-metabólicos ayudan a descifrar de manera más mecanicista las respuestas funcionales asociadas a fenómenos de decaimiento y mortalidad. El estudiante, desarrollará sus tareas en los campos de la ecología y la ecofisiología en el grupo de Ecología Funcional de Especies Forestales dentro del marco del "Vulnerabilidad al cambio climático de pino silvestre en Parques Nacionales: enfoque metabólico y funcional del decaimiento forestal". Las labores para desarrollar tendrán un carácter interdisciplinario, combinando conocimientos de ecología, ecofisiología y metabólica, y se centrarán en avanzar con el conocimiento de las respuestas metabólicas de especies forestales en respuesta al estrés climático. El estudiante apoyará las tareas de campo (e.g. recolección de muestras vegetales) y ayudará en el proceso de muestras para el análisis metabólico en el laboratorio. El estudiante tendrá la oportunidad de aprender de primera mano técnicas de vanguardia en laboratorio y de bioinformática, como el filtraje y análisis de datos, actividades que le brindarán una experiencia de gran valor dentro de la investigación. Para ello, el estudiante recibirá una formación integral que le preparará para abordar las cuestiones planteadas de manera efectiva. De esta manera, nuestro objetivo principal es acercar al estudiante a la investigación forestal de primera línea, donde no solamente aprenderá técnicas novedosas, sino que contribuirá activamente al desarrollo de los proyectos. Específicamente, el estudiante trabajará en incrementar el conocimiento sobre la plasticidad metabólica de especies forestales, como el pino silvestre, en situación de decaimiento, principalmente causada por eventos continuados de estrés hídrico.	<a href="https://www.inia.es/investigacion/forestal/Ecolog%C3%ADa%20y%20Gen%C3%A9tica/Ecolog%C3%ADa%20funcional%20de%20especies%20forestales/Pages/Ho">https://www.inia.es/investigacion/forestal/Ecolog%C3%ADa%20y%20Gen%C3%A9tica/Ecolog%C3%ADa%20funcional%20de%20especies%20forestales/Pages/Ho</a>
JAEINT24_EX_0685	RIVERO VARGAS, ROSA MARIA	rrivero@cebas.csic.es	CENTRO DE EDAFOLOGIA Y BIOLOGIA APLICADA DEL SEGURA	Interacción melatonina-NO-ROS en la señalización de los mecanismos de tolerancia de plantas de tomate a los efectos del cambio climático	El tomate es uno de los cultivos más importantes del mundo debido a su contribución a una dieta saludable y equilibrada. Son ricos en vitaminas, aminoácidos, ácidos orgánicos, polifenoles, azúcares y fibras, vitaminas B y C, hierro, potasio y fósforo. Numerosas regiones del mundo han sufrido en las últimas décadas olas de calor severas, con anomalías de hasta +4 °C en Italia, Grecia y España durante 2023. Esto, junto con la escasez de agua y la salinidad, representan los mayores desafíos a los que la agricultura debe enfrentarse a nivel mundial. Las plantas combaten el estrés abiótico a través de la acción de varios mensajeros químicos, como hormonas, ROS, iones y gasotransmisores (como el NO y H <sub>2</sub> S), que a su vez regulan la expresión génica, los mecanismos de señalización celular y la actividad de importantes enzimas, gobernando los mecanismos de tolerancia a estrés en las plantas. Además, estas moléculas también desempeñan roles cruciales en la regulación de la maduración de frutos y la calidad de los mismos. Se sabe que algunos de estos mensajeros químicos interactúan para inducir una respuesta específica al estrés abiótico. La mayoría de estas interacciones han sido bien caracterizadas en Arabidopsis bajo una condición de estrés simple, pero se sabe poco o nada sobre la interconexión entre estas moléculas en la señalización de la respuesta a estreses abióticos combinados y cómo éstas pueden regir la maduración de frutos y la calidad de los mismos. Así, el trabajo de investigación propuesto tiene como objetivo principal el comprender cómo el NO, MET están implicados en el rendimiento, la maduración y la calidad del tomate, con especial énfasis en su interacción y sincronización con el estado redox celular. Para ello, nuestro grupo de investigación dispone de un material vegetal único consistente en líneas de tomate ( <i>Solanum lycopersicum</i> cv. Microtom) con silenciamiento y sobreexpresión de la proteína GSNOR (la principal enzima que controla los niveles de NO celulares) y de la proteína SNAT (última enzima en la síntesis de melatonina). Nos centraremos primeramente en la caracterización de los principales cambios bioquímicos y moleculares observados en los mutantes de tomate GSNOR y SNAT. Posteriormente, estudiaremos cómo la interacción entre el NO, melatonina, y ROS podrían verse afectadas por la combinación de altas temperaturas y salinidad, con especial énfasis en el metabolismo y maduración de frutos. Finalmente, se abordará cómo estas molécula	<a href="https://sites.google.com/view/rosariverolab/inicio">https://sites.google.com/view/rosariverolab/inicio</a>
JAEINT24_EX_1626	RIVILLA RODRIGUEZ, VICTOR MANUEL	victor.rivilla@cab.inta-csic.es	CENTRO DE ASTROBIOLOGIA	MOLECULAR PRECURSORS OF THE RNA-WORLD IN THE INTERSTELLAR MEDIUM	The question of the origin of Life has intrigued human beings for centuries. We still do not understand how simple molecules combine together to form large molecules essential for living organisms. Recent prebiotic experiments in the laboratory, based on the RNA-world hypothesis for the origin of Life, have suggested that the three basic macromolecular systems (nucleic acids, proteins and lipids) could have formed from relatively simple precursors. The detection of some of these molecules in space, thanks to the unprecedented capabilities of current astronomical facilities, has opened a new window for astrobiology from the astronomical point of view. Therefore, a deep understanding of the chemical reservoir of the interstellar medium, the natal material that forms new stars and planets, is crucial to understand how life could have appeared starting from simple molecular precursors. The proposed project is focused on the search in space of key molecular precursors of the RNA-world. The candidate will analyze new data from an ultradeep spectra survey of the G+0.693-0.027 molecular cloud, one of the most chemically rich sources in our Galaxy, observed with several radiotelescopes. The analysis of the data will be performed with the astronomical software package MADCUBA ( <a href="https://cab.inta-csic.es/madcuba/">https://cab.inta-csic.es/madcuba/</a> ), developed in the hosting group at the Center of Astrobiology. The candidate will learn how to use the software in order to search for molecular species in rich astronomical spectra, and how to retrieve physical properties of the emitting gas (e.g. molecular column densities, temperatures, or velocities). The applicant will also contribute to develop new functionalities of the software. The candidate will work in the interstellar medium / astrochemistry / star formation group ( <a href="https://cab.inta-csic.es/astrochem/">https://cab.inta-csic.es/astrochem/</a> ) at the Astrobiology Centre in Madrid. The group includes observational astrophysicists, chemical modelers, theoretical chemists, engineers and software developers. The successful applicant will work under the supervision of Dr. Victor M. Rivilla. The Astrobiology Centre provides a lively and stimulating research environment, which includes over 100 staff members, postdocs, and PhD, Master and degree students, and which covers research topics as diverse as astrophysics, prebiotic chemistry, biochemistry, planetology, and the discovery of biosignatures in planets in our Solar System.	<a href="https://cab.inta-csic.es/astrochem/index.html">https://cab.inta-csic.es/astrochem/index.html</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0799	RIZOS BABALOUKA, DIMITRIOS	drizos@inia.csic.es	INSTO. NAC. DE INVESTIG Y TECNOLOGIA AGRARIA Y ALIMENTARIA	Desarrollo y optimización de un modelo in vitro tridimensional (3D) de organoides oviductales bovinos y su congelación, para estudiar las interacciones	En la actualidad cada vez se tiende más a utilizar modelos in vitro para estudiar las interacciones materno-embriónicas, y de esta manera minimizar el uso de animales en investigación aplicando los principios de las 3Rs (Reemplazo, Reducción y Refinamiento). Hasta ahora para el estudio de esta interacción entre la madre y el embrión se han utilizado modelos in vitro como el estudio de las vesículas extracelulares presentes en el fluido oviductal, o el uso de cultivos celulares 2D. El problema de estos cultivos celulares 2D es que las células no se pueden mantener durante largos periodos de tiempo y que estas, al adherirse a la placa, pierden algunas de sus características. Es por esto que nuestro grupo está desarrollando una técnica para generar un modelo 3D que nos permite solventar algunos de los problemas que presentan los cultivos utilizados hasta ahora. Este nuevo método de cultivo en 3D genera organoides procedentes de células de oviductos de terneras que se recogen de matadero. Además, es imprescindible desarrollar un protocolo de congelación de organoides para mantenerlos de forma eficiente durante más tiempo. Por ello, el candidato tendrá la oportunidad de aprender técnicas novedosas de cultivos celulares, caracterización de estos (mediante inmunofluorescencia) y congelación. La actividad se desarrollará en el departamento de reproducción animal del INIA y la recogida de muestras se hará en los distintos mataderos de la comunidad de Madrid con los que colaboramos.	<a href="https://www.inia.es/investigacion/animal/Reproduccion/Reproduccion%20asistida%20y%20embriologia%20preimplantaciona%20bovina/Pages/Home.aspx">https://www.inia.es/investigacion/animal/Reproduccion/Reproduccion%20asistida%20y%20embriologia%20preimplantaciona%20bovina/Pages/Home.aspx</a>
JAEINT24_EX_1368	ROBINSON, NATHAN JACK	nathan@icm.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS DEL MAR	Sea Turtle Vocalizations and their role in Synchronizing Hatching and Emergence	Communication in reptiles has been a frequently overlooked field. Only recently was it discovered that sea turtle sea turtle embryos and hatchlings will vocalize both while in the eggs and shortly after hatching (McKenna et al. 2017). It has been proposed that these vocalizations could play a role in synchronizing the hatching process between the hundreds of eggs that might be found in a single nest; however, this hypothesis still needs to be confirmed. To collect data that will allow us to test this hypothesis, we placed two microphones on opposite sides of olive ridley (Lepidochelys olivacea) nests in Costa Rica. Having two microphones will allow us to whether vocalizations start at the same time throughout the nest. Moreover, we also placed a contact microphone in each nest to measure vibration sounds that are often indicative of movement. We can also therefore assess whether vocalizations provide the cue to start sea turtle movements in the nest. In the JAE Intro project, I hope to find a student with the skills and interest to analyze the sound recordings from the previously described project. Specifically, the student will be responsible for: • Using audio spectrogram software (such as Raven or Audacity) to identify and characterize vocalizations. • Develop a machine-learning tool to automate data labelling. • Compare the frequency and form of vocalization with the interesting of movement inside each nest. • Write up the information into a scientific article. The student will be supervised by Dr. N.J. Robinson, who will provide a background into sea turtle ecology. External guidance on machine-learning tools will be provided by Dr. Sebastian Hoefer from James Cook University in Australia. REFERENCES McKenna, L.N., Paladino, F.V., Tomillo, P.S. and Robinson, N.J., 2019. Do sea turtles vocalize to synchronize hatching or nest emergence?. Copeia, 107(1), pp.120-123.	<a href="https://www.icm.csic.es/es/grupo-investigacion/funcionamiento-y-vulnerabilidad-de-ecosistemas-marinos">https://www.icm.csic.es/es/grupo-investigacion/funcionamiento-y-vulnerabilidad-de-ecosistemas-marinos</a>
JAEINT24_EX_1039	RODRIGO TARREGA, GUILLERMO JOSE	guillermo.rodrido@csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA INTEGRATIVA DE SISTEMAS	Non-equilibrium thermodynamic models applied to virus evolution	Following a perspective of non-equilibrium thermodynamics, we will study how viruses evolve, i.e., how they acquire mutations with time. We will use time-dependent probabilistic mathematical models to describe complex dynamic patterns. Massive sequencing data will be analyzed. A basic knowledge on physics and computer science is required for this project.	<a href="https://biosysdesign.csic.es">https://biosysdesign.csic.es</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1210	RODRIGUEZ ARAMAYO, ROBERTO	roberto.aramayo@csic.es	INSTITUTO DE FILOSOFIA	ACTIVISMO SOCIAL DESDE LA HISTORIA DE LAS IDEAS POLÍTICO-MORALES, LA LITERATURA Y/O EL CINE	<p>La lectura de la Ilustración hecha por Cassirer y su reivindicación del programa ilustrado como un proyecto inacabado, donde la interacción de las ideas y sus aplicaciones políticas en la sociedad indisolubles, al deber darse una simbiosis entre teoría y práctica, como la reivindicada por la divisa leibniziana que da nombre a nuestro Grupo de Investigación (Theoria cum praxi: GI TcP), el intervencionismo social del Diderot de la Enciclopedia y la Historia de las dos Indias, o el conjunto del pensamiento práctico kantiano, constituyen algunos ejemplos de lo que podrían ser algunos marcos de referencia filosóficos para el trabajo a desarrollar. Cassirer fue incrementando su compromiso político por sus avatares biográficos y decidió refutar la ideología del nazismo desde la historia de las ideas, invocando constantemente a Goethe y al pensamiento kantiano, como demuestra El mito del Estado y otros escritos que yo mismo he traducido al castellano. Pero hoy en día un pensador como Diderot utilizaría otros medios de difusión para analizar sus ideas, además de seguir sirviéndose de la literatura como hizo con sus novelas y cuentos morales. Por citar una sola muestra, películas como "Architecton", estrenada en la 74. Berlnale, demuestran que cabe plantear problemas de calado con un potente lenguaje cinematográfico centrado en las imágenes y la banda sonora que les acompaña. El urbanismo condiciona o incluso determina nuestro modo de vida y la elección del hormigón para construir denota una cultura que apuesta por la obsolescencia programada en aras del rédito económico. Las amenazas que podría conllevar un mal uso de la Inteligencia Artificial ilustradas por la literatura y el cine, o en diálogo con la filosofía moral, podría ser un buen hilo conductor para el trabajo a desarrollar, pero el protagonismo del contrato es de quien lo solicita y el proyecto específico del quehacer a desarrollar tienen es cosa de quienes tendrían que realizarlo, razón por la cual el tema sería consensuado entre ambas partes, teniendo en cuenta lo que se ha indicado aquí.</p>	<a href="https://ifs.csic.es/es/org-structure/theoria-cum-praxi-tcp-etica-epistemologia-sociedad">https://ifs.csic.es/es/org-structure/theoria-cum-praxi-tcp-etica-epistemologia-sociedad</a>
JAEINT24_EX_0791	RODRIGUEZ BLANCO, ALEJANDRO	alrodiri@ebd.csic.es	ESTACION BIOLÓGICA DE DOÑANA	Dinámica de las colonias de topillo mediterráneo en olivares	<p>Las especies tolerantes a la intensificación de la agricultura son importantes para cualquier intento de reversión de los agrosistemas hacia comunidades ecológicas más diversas. El topillo mediterráneo (<i>Microtus duodecimcostatus</i>) es un mamífero de hábitos hipogeos y posiblemente también una especie ingeniera. Su actividad subterránea puede proveer importantes servicios ecosistémicos dotando al suelo de estructura, favoreciendo los procesos aeróbicos y redistribuyendo nutrientes y materia orgánica. También es una especie consumida por vertebrados de mediano tamaño, de modo que su persistencia contribuye a mantener cierta diversidad en las redes tróficas. El topillo mediterráneo aún es común en algunos agrosistemas de la península Ibérica, lo que lo convierte en un modelo adecuado para estudiar los efectos ecológicos de la intensificación agrícola. La respuesta del topillo mediterráneo a distintos modelos de gestión agraria y a escala de paisaje suele estudiarse mediante métodos indirectos. Uno de los más comunes es la búsqueda de patrones en la distribución y abundancia de los signos externos de sus madrigueras. Sin embargo, el significado biológico de la presencia, tamaño y otras características de las toperas no se comprende aún con suficiente detalle, y esto afecta a las conclusiones que pueden extraerse de esta fuente de información. En particular, cabe esperar que los atributos externos de las toperas dependan de variaciones temporales no solo en la ocupación de las madrigueras sino también en la actividad excavadora de los topillos y en factores que contribuyen a su deterioro. El objetivo de este proyecto es contribuir a 1) registrar la dinámica de los signos externos de una muestra de toperas durante un ciclo de crecimiento y reproducción de plantas herbáceas en olivares, 2) determinar patrones de estabilidad, crecimiento, o decadencia de las toperas, y 3) evaluar el papel de factores externos sobre dichos patrones.</p>	<a href="http://www.ebd.csic.es/web/rodriguez/home">http://www.ebd.csic.es/web/rodriguez/home</a>
JAEINT24_EX_0343	RODRIGUEZ CARRASCO, YOLANDA	ycarrasco@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Nuevas implicaciones de la tirosina quinasa de Bruton en linfomagénesis: la mecano-regulación como diana terapéutica	<p>La proteína tirosina quinasa de Bruton (Btk) es esencial en la cascada de señalización del receptor de antígeno (BCR) de los linfocitos B, desencadenando la expresión de genes de supervivencia y proliferación celular. Mutaciones en el gen de Btk dan lugar a inmunodeficiencias en humanos y en el ratón. También se la relaciona con procesos de linfomagénesis mediante ganancia-de-función no-asociada con mutaciones en el gen. En base a estas características, Btk es actualmente una diana terapéutica en la clínica, utilizándose inhibidores de su actividad quinasa para el tratamiento de pacientes con cierto tipo de linfomas B y otras patologías. Sin embargo, Btk tiene otras importantes funciones además de las mencionadas. Está implicada en mecanismos moleculares que regulan comportamiento celular y mecano-transducción. La mecano-inmunología es un término muy actual que hace referencia a cómo los cambios en las propiedades bio-mecánicas de las células inmunitarias y de su entorno o nicho regulan la respuesta inmunológica. En respuesta a señales mecánicas, las células cambian su capacidad de migración y adhesión (por ejemplo, mediante la función de las integrinas), su morfología y volumen (con la implicación de canales de iones), y también la expresión génica. En nuestro grupo investigamos las funciones mecano-reguladoras de Btk y su implicación en procesos de linfomagénesis. También investigamos las consecuencias del tratamiento con inhibidores de Btk en estas funciones y que podrían generar efectos secundarios no deseados o resistencias al tratamiento en la clínica. La persona beneficiaria de la ayuda JAE-INTRO se incorporará a este proyecto de investigación. Las tareas experimentales a realizar incluyen el manejo de técnicas de cultivo celular con líneas celulares y linfocitos B primarios, técnicas de citometría de flujo, de bioquímica y biología molecular (RT-qPCR) para analizar los mecanismos moleculares implicados en los cambios en comportamiento y mecano-transducción, y ensayos de migración en transwell, de migración bajo confinamiento en agar, y ensayos de confinamiento celular para medir propiedades viscoelásticas de las células. Estas actividades forman parte de los objetivos del proyecto PID2021-125831OB-I00, concedido a la Investigadora Principal del grupo.</p>	<a href="http://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/inmunologia-y-oncologia/dinamica-de-las-celulas-b">http://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/inmunologia-y-oncologia/dinamica-de-las-celulas-b</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0092	RODRIGUEZ CRUZ, MARIA SONIA	msonia.rodriguez@irnasa.csic.es	INSTITUTO DE RECURSOS NATURALES Y AGROBIOLOGIA DE SALAMANCA	Dinámica de pesticidas en suelos bajo distintas prácticas de manejo agrícola	El candidato/a se incorporará para desarrollar su trabajo de investigación en el Departamento de Procesos de Degradación del Medio Ambiente y su Recuperación del IRNASA-CSIC, dentro del grupo de Contaminación de Suelos y Aguas por pesticidas. Las actividades de formación estarán relacionadas con la línea de investigación "Dinámica de pesticidas en suelos bajo distintas prácticas de manejo agrícola" que lleva a cabo la investigadora responsable en el marco de diferentes proyectos de investigación nacionales y europeos. El candidato/a adquirirá una formación sobre los estudios de evaluación de disipación de herbicidas y sus productos de degradación en ensayos de laboratorio y campo, incluyendo los procesos de adsorción, transporte y degradación en suelos agrícolas con diferentes prácticas de manejo. El candidato/a podrá adquirir una formación en el uso de distintas técnicas aplicadas al estudio del comportamiento de pesticidas en suelos (ensayos de adsorción-desorción por el método "batch" en equilibrio, ensayos de transporte en columnas empaquetadas y degradación en microcosmos en condiciones controladas de herbicidas y sus productos de degradación), así como en el uso de distintas técnicas analíticas de cromatografía líquida para la determinación de los pesticidas y sus productos de degradación en soluciones acuosas u orgánicas. Además, el candidato/a podrá adquirir formación en la determinación de algunos parámetros bioquímicos del suelo tales como actividades enzimáticas, respiración, biomasa y estructura de las comunidades microbianas del suelo mediante la determinación del perfil de los ácidos grasos de fosfolípidos. También el candidato/a se formará en la obtención e interpretación de los distintos parámetros de adsorción-desorción, transporte y degradación que caracterizan la disipación de pesticidas en suelo y se relacionará la degradación de los herbicidas con los otros procesos de adsorción y transporte. Se determinará la influencia de los factores estudiados (características de los compuestos y de los suelos) sobre el proceso de disipación, así como en el análisis estadístico de los resultados. Por último, se extraerán conclusiones que podrán establecer la influencia de las prácticas agrícolas sobre la posible contaminación de las aguas subterráneas en zonas de cultivo donde se aplican estos compuestos.	<a href="https://www.irnasa.csic.es/grupo-de-contaminacion-de-suelos-y-aguas/">https://www.irnasa.csic.es/grupo-de-contaminacion-de-suelos-y-aguas/</a>
JAEINT24_EX_1628	RODRIGUEZ FERNANDEZ, JOSE LUIS	rodrifer@cib.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS MARGARITA SALAS	Mecanismos moleculares usados por el receptor de quimiocinas CCR7 para regular el metabolismo de las células dendríticas	Las células dendríticas (CDs) captan antígenos procedentes de patógenos en las zonas donde ha ocurrido una infección y migran rápidamente hacia los ganglios linfáticos (GLs), donde presentan fragmentos de estos antígenos y activan a los linfocitos T (LT). Este proceso, que forma parte de la respuesta inmune adaptativa, genera LT efectores, que contribuyen a la eliminación de amenazas presentes en el organismo, y más tarde, LT de memoria, que presentarán una respuesta mucho más rápida cuando ocurra una nueva exposición a un determinado patógeno. El receptor quimiotáctico CCR7 (ligandos CCL19 y CCL21) es clave para dirigir las CDs a los GLs, adonde son atraídas por sus dos ligandos que se ubican en los vasos que conducen a los GLs y dentro de los ganglios. CCR7, aparte de la quimiotaxis, regula otras funciones de las CDs, como su velocidad migratoria y su supervivencia. En este sentido, CCR7 también induce activación de la glicólisis (GLYC) y la fosforilación oxidativa (OXPHOS) en las CDs. Estos resultados son interesantes porque se ha postulado que se requieren estados metabólicos concretos para la correcta funcionalidad de los leucocitos, incluyendo las CDs, en el sistema inmune. Por tanto, CCR7, mediante el control del metabolismo glicolítico y respiratorio, puede contribuir al mantenimiento de las funciones de las CDs durante la inmunidad adaptativa. Sin embargo, la información disponible sobre los mecanismos mediante los cuales CCR7 regula la GLYC y la OXPHOS en las CDs es escasa. Estudios previos han permitido identificar un conjunto de moléculas señalizadoras específicas que permiten a CCR7 regular las funciones de las CDs. Objetivo del proyecto: Identificar moléculas señalizadoras que usa el receptor CCR7 para inducir la activación de la GLYC y la OXPHOS en las CDs. El estudiante analizará, usando el analizador de flujo extracelular Seahorse XFP, la GLYC y la OXPHOS en CDs donde se ha estimulado CCR7. Mediante inhibidores selectivos (siRNAs o inhibidores farmacológicos), analizará las moléculas reguladas por CCR7 en las CDs que pudieran controlar la GLYC y/o la OXPHOS. Esta información permitirá un mejor conocimiento de la respuesta inmune adaptativa, aportando datos de interés para el diseño futuro de herramientas farmacológicas para modificar dicha respuesta en las situaciones en las que se encuentre alterada. En el proyecto el estudiante aprenderá a preparar CDs y se familiarizará con métodos y conceptos de biología celular y molecular.	<a href="https://www.cib.csic.es/es/departamentos/biologia-celular-y-molecular/funciones-de-los-receptores-quimiotacticos-y-la-sinapsis">https://www.cib.csic.es/es/departamentos/biologia-celular-y-molecular/funciones-de-los-receptores-quimiotacticos-y-la-sinapsis</a>
JAEINT24_EX_1456	RODRIGUEZ FRANCO, M.ISABEL	isabel.rodriguez.franco@csic.es	INSTITUTO DE QUIMICA MEDICA	Agentes multidiana (NRF2, GSK-3β, OGA) para el tratamiento del Alzheimer y otras taupatías	Existe una clara necesidad de encontrar fármacos eficaces para el tratamiento de taupatías, siendo la enfermedad de Alzheimer la más prevalente. La hiperfosforilación patógena de la proteína tau provoca que las neuronas colapsen y se formen ovillos neurofibrilares en el cerebro, una de las lesiones características del Alzheimer. La investigación farmacéutica se ha centrado principalmente en impedir la hiperfosforilación de tau mediante inhibidores de la glucógeno sintasa quinasa 3 beta (GSK-3β) o de la hidrolasa O-GlcNAcase (OGA). Desde hace unos años, el Grupo de Neurofármacos (IQM-CSIC) trabaja en el factor de transcripción NRF2, diana en la que converge el control de varios de los mecanismos patológicos comunes a diferentes enfermedades, entre las que se encuentran las taupatías. NRF2 es el regulador maestro de la expresión de una batería de genes protectores con acción antioxidante y antiinflamatoria, entre otras. Por tanto, la intervención farmacológica simultánea sobre NRF2, GSK-3β y OGA es una estrategia innovadora para la búsqueda de nuevos fármacos, con potenciales efectos sinérgicos en el tratamiento del Alzheimer y otras taupatías. Dentro de las líneas de investigación del Grupo de Neurofármacos del IQM ( <a href="http://www.iqm.csic.es/neuro-farmacos/">http://www.iqm.csic.es/neuro-farmacos/</a> ) y basándonos en nuestra experiencia (Med. Res. Rev. 2023, 43, 237-287; J. Med. Chem. 2022, 65, 4727; J. Med. Chem. 2021, 64, 5429; Eur. J. Med. Chem. 2020, 190, 112090; etc.) con este trabajo se avanzará en el desarrollo nuevas moléculas multidiana activas en NRF2, GSK-3β y OGA. Para su obtención se emplearán técnicas habituales en nuestro grupo: síntesis en disolución o en fase sólida, microondas, etc. La purificación se realizará con equipos automáticos de cromatografía (Biotope-Isolera) y la elucidación estructural mediante técnicas analíticas (HPLC-MS, HRMS) y espectroscópicas (1H- y 13C-RMN). Las propiedades biológicas se determinarán en nuestros propios laboratorios y en colaboración con otros equipos de investigación ( <a href="http://neurodiscovery-ndd.com/">http://neurodiscovery-ndd.com/</a> ). El alumno recibirá formación en los aspectos más importantes de la Investigación en Química Médica y además, podrá realizar su TFG o TFM, e incluso iniciar su Tesis Doctoral, en el Grupo de Neurofármacos, donde disponemos de los medios humanos y materiales adecuados, con financiación asegurada para los próximos años. e-mail: <a href="mailto:isabelrguez@iqm.csic.es">isabelrguez@iqm.csic.es</a> ORCID: 0000-0002-6500-792X <a href="https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/?term=Rodriguez-Fra">https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/?term=Rodriguez-Fra</a>	<a href="http://www.iqm.csic.es/neuro-farmacos/">http://www.iqm.csic.es/neuro-farmacos/</a> ; <a href="http://neurodiscovery-ndd.com/">http://neurodiscovery-ndd.com/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0519	RODRIGUEZ GARCIA, MIRIAM	miriamr@iim.csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES MARINAS	Impacto de la incertidumbre experimental en las predicciones en microbiología predictiva	<p>"Microbiología Predictiva" es una disciplina centrada en el modelado matemático de dinámicas de microorganismos de relevancia para la calidad y seguridad alimentaria. Mientras las estructuras matemáticas son conocidas (ver por ejemplo el modelo de Baranyi), la calibración de estos modelos con datos experimentales presenta una serie de dificultades que deben abordarse usando conceptos de estimación e identificación de parámetros para sistemas no lineales que venimos estudiando en nuestro grupo desde hace años. En estos meses de formación se estudiará como la alta incertidumbre/variabilidad en los datos experimentales de crecimiento e inactivación bacteriana impacta en la incertidumbre de las predicciones de los modelos matemáticos. Este análisis permitirá responder a las siguientes preguntas de alta relevancia para el desarrollo de la microbiología predictiva: - ¿Podemos predecir el crecimiento bacteriano en alimentos a partir de modelos matemáticos calibrados usando datos experimentales estándar de curvas de crecimiento e inactivación sujetos a una alta incertidumbre/variabilidad? - ¿Podemos definir cotas a la incertidumbre en los experimentos para asegurar predicciones útiles? - ¿Cuáles son los mejores métodos para calibrar modelos de dinámicas bacterianas con datos sujetos a alta variabilidad?</p>	<a href="https://bio2eng.csic.es">https://bio2eng.csic.es</a>
JAEINT24_EX_1343	RODRIGUEZ GONZALEZ DE ANTONA, CRISTINA	crodriguez@iib.uam.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES BIOMEDICAS SOLS-MORREALE	Clasificación molecular del carcinoma renal papilar para la estratificación de los pacientes para estrategias de tratamiento personalizadas	<p>El carcinoma papilar de células renales (pRCC) es un tumor muy heterogéneo, con distintos "drivers" moleculares y agresividad variable. El tratamiento actual de los pacientes con pRCC metastásico no es específico ni sigue un racional biológico, ya que ignora su heterogeneidad y se basa en ensayos clínicos realizados en pacientes con un tipo de cáncer renal distinto. Recientemente se han llevado a cabo algunos ensayos clínicos en pacientes con pRCC metastásico; sin embargo, estos estudios dan datos de respuesta globales para pacientes no estratificados, lo cual limita su potencial traslacional. En este proyecto, proponemos que la estratificación molecular del pRCC metastásico representa una oportunidad excepcional para dirigir la terapia farmacológica. En línea con esta hipótesis, el objetivo de este proyecto es mejorar el tratamiento del pRCC diseccionando molecularmente la enfermedad y proporcionando una selección de fármacos dirigida por características biológicas y basada en biomarcadores. Para llevar a cabo el proyecto, disponemos de una extensa serie de pRCC metastásicos recopilados a lo largo de años de esfuerzos. Se utilizarán tecnologías genómicas y metabolómicas para estratificar los tumores en función de los genes "driver", y se utilizará la deconvolución de datos masivos de RNAseq para validar la relevancia de las dianas farmacológicas propuestas. Además, utilizaremos xenoinjertos derivados de pacientes con pRCC para apoyar el desarrollo de biomarcadores moleculares. La viabilidad del proyecto está respaldada por la experiencia y los recursos del grupo. Por tanto, este proyecto supone un esfuerzo pionero para mejorar el tratamiento del pRCC utilizando conocimientos biológicos y biomarcadores.</p>	<a href="http://bit.ly/PGx_IIBM">http://bit.ly/PGx_IIBM</a>
JAEINT24_EX_1095	RODRIGUEZ GONZALEZ, DAVID	david.r.g@csic.es	INSTITUTO DE FISICA DE CANTABRIA	Estudio de las aplicaciones del aprendizaje profundo para el diagnóstico de ictus en imágenes de TC	<p>El estudiante se integrará en la línea de investigación en datos biomédicos dentro del grupo de Computación Avanzada y e-Ciencia del IFCA, y participará en la colaboración existente con el Hospital Universitario Marqués de Valdecilla para el desarrollo de técnicas de Inteligencia Artificial en imagen radiológica. El tiempo es de vital importancia en el caso de un ictus cerebral agudo. Cualquier técnica que permita acortar el tiempo de análisis puede ayudar a salvar tejidos y a mejorar la prognosis. Para seleccionar la mejor opción de tratamiento, como la trombectomía o la administración de un antirombótico, se utilizan técnicas de imagen cerebral, y en particular la tomografía computarizada (TC) multimodal, incluyendo la TC sin contraste, la angiografía multifásica y las imágenes de perfusión de TC. Esta última se utiliza para seleccionar pacientes con accidente cerebrovascular con más de seis horas de evolución, y consiste en el análisis del paso de contraste yodado a través del parénquima cerebral. Dicho paso produce curvas de intensidad-tiempo para cada píxel de las imágenes que tradicionalmente se han analizado usando técnicas de deconvolución para generar mapas hemodinámicos. La deconvolución es un problema mal condicionado, y aunque se trata de paliar los efectos que producen incluso niveles bajos de ruido, el espectro de resultados es muy variable y difícilmente generalizable. Por lo tanto, se necesita un nuevo enfoque más preciso y reproducible para mejorar la selección del mejor tratamiento y acortar el tiempo de diagnóstico. En el presente proyecto se abordarán distintas posibilidades de aplicación del aprendizaje profundo al problema: predicción de los mapas hemodinámicos por un lado, y la predicción (segmentación) directa de las lesiones por el otro. Para el desarrollo y entrenamiento de redes neuronales profundas se usará el dataset abierto de la Universidad Turín UniTOBrain (10.21227/x8ea-wh16). La posibilidad de colaborar en este proyecto de investigación brindará al estudiante seleccionado la oportunidad de formarse en la aplicación de técnicas de aprendizaje automático con datos reales, así como otros aspectos de la investigación incluidos: -Imagen médica cerebral, en particular TC. -Protección de datos. -El formato DICOM usado en imagen médica en general. -Técnicas de deconvolución, sus ventajas y limitaciones. -Aprendizaje automático y aprendizaje profundo.</p>	<a href="https://ifca.unican.es/es/investigacion/computacion-avanzada-y-e-ciencia">https://ifca.unican.es/es/investigacion/computacion-avanzada-y-e-ciencia</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1240	RODRIGUEZ LORENZO, LUIS MARIA	luis.rodriguez-lorenzo@ictp.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIA Y TECNOLOGIA DE POLIMEROS	Bioimpresión en 3D para medicina regenerativa	El trabajo constará de dos partes, en la primera se aprenderán las características adecuadas para que una tinta sea a la vez, imprimible y apta para el cultivo celular en 3 dimensiones, se aprenderán que polímeros son útiles y como reforzarlos, y se estudiará la adición de sustancias que favorezcan simultáneamente la respuesta biológica y alcanzar unas propiedades mecánicas adecuadas. En la segunda parte se utilizará software de diseño 3d y de segmentación por capas para el desarrollo de modelos 3d imprimibles, se incorporará el material biológico a las tintas y se bioimprimirán modelos 3d. Se aprenderá a evaluar la viabilidad y proliferación celular en 3D. Primera etapa, desarrollo de Biotintas 1. Preparación de tintas, preparación de hidrogeles basados en polisacáridos naturales bioactivos 2. Pruebas de imprimibilidad mediante reología 3. Cultivos celulares de fibroblastos y/o preosteoblastos 4. Pruebas de citocompatibilidad de las tintas Segunda etapa, bioimpresión de constructos 3D 5. Diseño de estructuras a imprimir, manejo de software 3D, generación de modelos imprimibles 6. Estudios de fidelidad geométrica de los modelos impresos 7. Preparación de biotintas, incorporación del componente biológico (células) al material 8. Bioimpresión 3D de los modelos diseñados con las biotintas desarrolladas 9. Viabilidad y proliferación celular en los modelos impresos	<a href="https://biomateriales2.wixsite.com/biomateriales2">https://biomateriales2.wixsite.com/biomateriales2</a>
JAEINT24_EX_0150	RODRIGUEZ MARTIN, AIRAM	airam.rodriguez@mncn.csic.es	MUSEO NACIONAL DE CIENCIAS NATURALES	Contaminación lumínica y por plásticos: dos amenazas para las aves marinas	Uno de los vectores más importantes del cambio global, con un origen puramente antropogénico, es la contaminación de los ecosistemas, afectando negativamente a los integrantes de los mismos, incluido el hombre. Los ecosistemas marinos se encuentran entre los más afectados por los procesos de cambio global en general y por los procesos de contaminación antropogénica en particular. A pesar de su relevancia, algunas fuentes de contaminación han sido escasamente estudiadas hasta el momento en esos ecosistemas, este es el caso de la contaminación lumínica y la contaminación por plásticos. Algunos trabajos han mostrado ya la incidencia de estos factores particularmente sobre predadores apicales de estos ecosistemas, pero existe todavía un gran desconocimiento sobre las consecuencias que estas fuentes de contaminación tienen sobre estos individuos y sobre todo no existe información científica suficiente y rigurosa que permita definir planes de actuación mitigadores de los mismos. Pretendemos evaluar el impacto de estas dos fuentes de contaminación en una especie modelo, la pardela cenicienta en la corriente de Canarias, una región marina de importancia estratégica, ecológica y de fuerte actividad humana (pesquerías). Esta especie presenta dieta estrictamente marina y actividad nocturna, de forma que visita las colonias durante la noche, sufriendo los efectos de la contaminación lumínica de zonas costeras y turísticas. Se alimenta en la corriente fría de Canarias, con una alta productividad marina, y donde la ingestión de plásticos es elevada. Entre los objetivos formativos se proponen los siguientes: 1) testar los niveles de contaminación lumínica sobre los patrones de visitas de los adultos a las colonias y su efecto secundario sobre los parámetros reproductores; 2) estimar y predecir el impacto sobre los jóvenes mapeando las dinámicas espacio-temporales de la mortalidad inducida por la contaminación lumínica; 3) evaluar el impacto negativo de la ingesta de plásticos a través del análisis de la transferencia de contaminantes orgánicos desde los plásticos a los tejidos de las aves; 4) estudiar la relación sobre la ingesta de plásticos y los patrones de alimentación (zonas de alimentación y dieta) a través del análisis de contenidos estomacales e isótopos estables.	<a href="https://www.mncn.csic.es/es/investigacion/ecologia-evolutiva">https://www.mncn.csic.es/es/investigacion/ecologia-evolutiva</a>
JAEINT24_EX_0431	RODRIGUEZ MORENO, LUIS GABRIEL	lrodriguez@ihsm.uma-csic.es	INSTITUTO DE HORTOFRUTICULTURA SUBTROPICAL Y MEDITERRANEA LA MAYORA	Mecanismos moleculares de la interacción planta bacteria.	El candidato o candidata solicitante se formará en las técnicas básicas de microbiología, así como en la comprensión y uso de las herramientas básicas en biología molecular relacionadas con el estudio de las interacciones planta bacteria. El candidato@seleccionad@llevará a cabo el diseño y construcción de vectores plasmídicos con los que construir cepas mutantes delecionadas en algunos de los genes bacterianos previamente identificados en análisis proteómicos previos desarrollados por nuestro grupo de investigación. Una vez construidas las cepas mutantes, el candidato@analizará el fenotipo de las cepas mutantes mediante ensayos de virulencia en dos tipos de sistemas modelo diferentes, planta in vitro y planta ex vitro. Transcurrido el tiempo necesario para evaluar los síntomas característicos de la enfermedad, el candidato@llevará a cabo la extracción y recuento de las densidades celulares alcanzadas en los tejidos vegetales por la población mutante mediante comparación con los síntomas y densidades celulares generados y alcanzados por la cepa silvestre. Adicionalmente, el candidato@llevará a cabo el marcaje de la/las cepas mutantes con la proteína verde fluorescente (GFP) que permitirá realizar un análisis mediante microscopía confocal y epifluorescencia del desarrollo de los síntomas durante el proceso de infección en la planta huésped.	<a href="https://www.ihsm.uma-csic.es/grupos/19">https://www.ihsm.uma-csic.es/grupos/19</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1407	RODRIGUEZ NAVARRO, SUSANA	srodriguez@ibv.csic.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA DE VALENCIA	Systematic analysis of ENY2 overexpression and its role in tumor development	ENY2 is a nuclear receptor that takes part of the Spt-Ada-Gcn5 acetyltransferase (SAGA) complex. Its yeast homolog, Sus1, has been widely characterized in our lab. In previous studies, we studied its role in nuclear mRNA export and de-ubiquitination and, more recently, a relationship with telomere length maintenance. Its expression is upregulated in several cancer types, including ovarian, head and neck squamous carcinoma (HNSC) or liver hepatocellular carcinoma (HCC). These tumor types have a wide range of genomic alterations and lack a primary oncogene. Instead, they are present recurrent mutations in DNA damage checkpoints such as TP53. Although ENY2 overexpression has been linked with tumor proliferation, migration and prognosis (Chen et al, 2023), the molecular basis of its upregulation, and its mechanistic role in tumor development, are not yet understood. We hypothesize that TP53 mutations drive genomic instability that result in 8q23.1 locus amplification and ENY2 overexpression. To test this, we will search the TCGA database to assess the co-occurrence of TP53 mutation and ENY2 amplification in different cancer subtypes. Furthermore, we will search for alternative mechanisms of overexpression of ENY2, including enhancer hijacking. Finally, to analyze the molecular mechanisms by which ENY2 overexpression confers a competitive advantage, we propose to mine single cell datasets of ovarian cancer, HCC and HNSC, which are the tumors with highest prevalence of ENY2 overexpression in TCGA. The goal with this analysis is to identify patients with ENY2 overexpression and compare their transcriptional profiles with those expressing normal levels of ENY2 transcripts. This study could help us uncover the basis by which ENY2 overexpression modifies the transcriptional response in cancer cells. The student will be working in a nice human environment, bases on team collaboration and learning molecular biology, biochemistry and genetics. She/He will participate in weekly seminars and all activities promoted by the team and the IBV to complete this scientific experience. This proposal will be co-supervised on-line by Dr Casani Research Fellow at Broad Institute of MIT and Harvard and expert in Cancer Epigenetics	<a href="https://www.ibv.csic.es/project/expresion-genica-y-metabolismo-de-ml/">https://www.ibv.csic.es/project/expresion-genica-y-metabolismo-de-ml/</a>
JAEINT24_EX_0591	RODRIGUEZ PASCUAL, FERNANDO	fernando.rodriguez.pascual@csic.es	CENTRO DE BIOLOGIA MOLECULAR SEVERO OCHOA	Mecanismos de regulación del remodelado de la matriz extracelular y su contribución al desarrollo de enfermedades	Mecanismos de regulación del remodelado de la matriz extracelular y su contribución al desarrollo de enfermedades Esta solicitud manifiesta el interés en la incorporación de un estudiante universitario a través del programa JAE Intro en el grupo de investigación sobre el Papel del Remodelado de la Matriz Extracelular en el Sistema Cardiovascular del cual es responsable el Dr. Fernando Rodríguez Pascual, investigador que cumpliría la función de director de la formación del candidato. En los últimos años, nuestro laboratorio ha desarrollado una investigación activa en el estudio de la contribución de la matriz extracelular y los componentes reguladores de la misma al desarrollo de patologías humanas, principalmente en el área cardiovascular y en la fibrosis (ver una lista de publicaciones señaladas en el CVA). En concreto, el candidato se incorporaría al estudio sobre la regulación de la expresión y la actividad de enzimas remodeladoras de colágeno como proil-hidroxilasas, lisil-hidroxilasas y lisil-oxidasas al desarrollo de fibrosis y la modulación por la hipoxia, el metabolismo celular y la rigidez de la matriz extracelular. Para este trabajo el grupo ha recibido recientemente financiación por parte del Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades. El carácter multidisciplinar de la investigación que desarrolla nuestro grupo permitirá que el estudiante adquiera formación en una amplia variedad de técnicas experimentales, desde metodologías básicas en Biología Molecular a técnicas inmunocitoquímicas y de cultivos celulares, así como en el desarrollo de experimentos en modelos animales de enfermedades humanas, en los cuales participará de forma activa desde su incorporación. Para nuestro grupo es de gran importancia poder incorporar a un estudiante en su etapa temprana de contacto con la investigación ya que a medida que el candidato adquiera progresivamente experiencia y autonomía en estas tareas, pensamos que es una forma idónea de captar vocaciones y atraer talentos para que, si hay disponibilidad por ambas partes y la situación presupuestaria lo permite, este periodo de formación sea el paso previo al inicio de su formación predoctoral en nuestro laboratorio. En este contexto, nuestro grupo ha sido cantera de investigadores que han desarrollado su tesis doctoral en los últimos años, así como de estudiantes que han realizado sus proyectos Fin de Carrera o Master.	<a href="http://www.cbm.uam.es/frodriguez">http://www.cbm.uam.es/frodriguez</a>
JAEINT24_EX_0224	RODRIGUEZ ROMERO, ARACELI	araceli.rodriguez@csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS MARINAS DE ANDALUCIA	Resiliencia de los Organismos Marinos ante un Océano en Transformación: Evaluación del Riesgo Ecológico de Contaminantes Emergentes en un contexto de	La entrada de decenas de miles de productos químicos y desechos antropogénicos en el medio marino cada año es el resultado de las crecientes actividades humanas y el aumento demográfico concentrado mayormente en áreas costeras. La ecotoxicología marina ha tenido un papel crucial en ayudar a comprender el destino de los productos químicos en el medio ambiente y mejorar nuestra comprensión de cómo pueden afectar a los ecosistemas naturales. Sin embargo, la contaminación no se produce de manera aislada, sino en un contexto de un entorno en constante cambio. La mayoría de los estudios ambientales no han considerado la interacción entre contaminantes y futuros estresores del Cambio Global, ni el papel de las respuestas plásticas y adaptativas de los organismos en este contexto, lo que impide apreciar el grado y magnitud de los futuros impactos de la contaminación en los ecosistemas marinos. Este proyecto, a través de una perspectiva evolutiva y usando un enfoque multigeneracional, tiene como objetivo responder a las siguientes preguntas: ¿Serán capaces de adaptarse los organismos marinos rápidamente a la a la exposición de contaminantes en escenarios de Cambio Global, al tiempo que se consideran los efectos acumulativos en múltiples generaciones? y ¿Cuáles son las consecuencias para la eficacia biológica la exposición combinada a contaminantes y estresores del Cambio Global durante las sucesivas etapas de la vida y generaciones de los organismos marinos? El plan de formación de este proyecto incluye: el diseño y ejecución de ensayos para la evaluación de contaminantes emergentes (especialmente productos de cuidado personal) bajo escenarios de cambio global (calentamiento oceánico y aumento de la radiación UV) en el medio marino, medidas de respuestas fisiológicas y biológicas a lo largo del ciclo de vida de las especies seleccionadas, tratamiento estadístico de los resultados obtenidos, así como la divulgación y difusión de los mismos. Se emplearán ensayos multigeneracionales de exposición multifactorial en organismos claves en los ecosistemas marinos y se estudiarán los ciclos de vida de los mismos. Además, se formará al estudiante en análisis estadístico de datos así como en las habilidades científicas necesarias para la difusión y divulgación de resultados.	<a href="http://www.icman.csic.es/es/departamentos/ecologia-y-gestion-costera/">http://www.icman.csic.es/es/departamentos/ecologia-y-gestion-costera/</a>



REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0847	RODRIGUEZ RUIZ DE ALMODOVAR, CARMEN CRISTINA	carmen.ralmodovar@csic.es	INSTITUTO ANDALUZ DE CIENCIAS DE LA TIERRA	GÉneración de residuos densos y líquidos diferenciados en Magmas de Arco (GEMA)	Uno de los mecanismos más peculiares de las dinámicas de nuestro planeta es la generación de corteza continental mediante adición o la transferencia de material procedente del manto a la corteza. Los sistemas de arco generados en relación a las zonas de subducción son portadores de gran cantidad de magma desde el manto superior a la corteza y contribuyentes a la formación de los continentes. El objetivo central del proyecto GEMA es identificar las fuentes profundas de los magmas de arco. Dos de los ejemplos más descritos y estudiados de la literatura, y claros referentes a nivel mundial de arco magmático son el paleoarco-ista de Kohistan (Pakistan) y el de Talkeetna (Alaska). Estas secciones son de las mejores expuestas mostrando afloramientos continuos desde el manto superior hasta la corteza somera. El refinamiento de los modelos de generación de magmas y delaminación de los residuos densos en los contextos de arco se abordarán utilizando experimentos de alta presión. Se llevarán a cabo experimentos directos (forward) sobre la transformación de gabronorita a granulitas con granate observadas en la base de estas secciones de arco, usando las granulitas máficas así como los protolitos (gabros con Hornblenda) de estos dos ejemplos, como materiales de partida. Estos experimentos se llevarán a cabo en condiciones de fusión incipiente. La composición del líquido intersticial en equilibrio con ese residuo sólido nos dará información sobre los fundidos que escapan hacia zonas de menor presión dentro de la corteza. Por ello, esta composición será usada como material de partida para los experimentos inversos. Los experimentos inversos (revese) se desarrollarán para determinar las condiciones de generación de magmas cercanas al liquidus. Los nuevos datos experimentales sobre sistemas mantélicos y corticales servirán para profundizar tanto en el conocimiento de la delaminación de la corteza como en la extracción de fundidos diferenciados hacia la corteza superior. La modelización experimental de coeficientes de reparto sólido/fundido y fundido/fluido así como la determinación del contenido en agua y de la fugacidad de oxígeno en fundidos procedentes de sistemas de arco será una aportación de gran relevancia.	<a href="https://www.iact.ugr-csic.es/en/research/units/petrology-and-geochemistry/group/petrology-geochemistry-and-geochronology/">https://www.iact.ugr-csic.es/en/research/units/petrology-and-geochemistry/group/petrology-geochemistry-and-geochronology/</a>
JAEINT24_EX_0481	RODRIGUEZ SUAREZ, CRISTINA	crodriguez@ias.csic.es	INSTITUTO DE AGRICULTURA SOSTENIBLE	Herramientas genéticas y moleculares para la mejora del contenido de carotenoides en grano de trigo	La coloración amarilla del grano de trigo se debe mayoritariamente a la acumulación de carotenoides en el endospermo. Este carácter es doblemente importante puesto que el color amarillo está asociado a la calidad de la pasta y la semolina en el caso del trigo duro y porque además los carotenoides son nutrientes esenciales y su consumo está relacionado con menores incidencias de ciertas enfermedades. Por tanto, incrementar el contenido en carotenoides ha sido un objetivo principal de los programas de mejora en trigo duro. Sin embargo, los carotenoides son compuestos sensibles a la oxidación y se degradan en determinadas condiciones, por lo que es interesante poner el foco en remediar esta pérdida. La esterificación se revela como una posible solución puesto que, mediante este proceso de unión a ácidos grasos, los carotenoides se vuelven más estables y menos susceptibles a la oxidación, además de favorecer su acumulación. Este proceso ocurre de forma natural en el grano y se está mediado por los genes XAT-7D en trigo harinero y XAT-7Hch en Hordeum chilense. En trigo duro no se tenían evidencias de que la especie pudiera formar ésteres de carotenoides hasta que identificamos cuatro variedades locales con capacidad de producir monoésteres y diésteres en una concentración significativa ( <a href="https://doi.org/10.3390/foods10040757">https://doi.org/10.3390/foods10040757</a> ). A continuación, identificamos el gen XAT-7A1 como el responsable de esta esterificación en trigo duro ( <a href="https://doi.org/10.1186/s12870-023-04431-4">https://doi.org/10.1186/s12870-023-04431-4</a> ), un gen organizado como copias en tándem o próximas en el genoma. Mediante ensayos de copy number variation (CNV) determinamos que el número de copias era variable entre genotipos. También identificamos distintos haplotipos asociados a niveles altos de esterificación, bajos y no funcionales (no producen ésteres). El trabajo del candidato consistirá en estudiar la asociación entre el número de copias de XAT-7A1, los haplotipos y el fenotipo de esterificación para su aplicación en la mejora de trigo duro. Se trata de un trabajo bien definido, con evidentes aplicaciones prácticas y en el que tenemos amplia experiencia. Las tareas concretas incluyen: aislamiento de ADN, diseño de primers para amplificación de targets específicos, manejo de repositorios de genomas de trigo y técnicas de PCR convencional, cuantitativa y digital. Paralelamente, participará en otras tareas que se realicen en el grupo durante su estancia.	<a href="https://www.ias.csic.es/investigacion/departamentos/mejora-genetica-vegetal/biotecnologia-vegetal/">https://www.ias.csic.es/investigacion/departamentos/mejora-genetica-vegetal/biotecnologia-vegetal/</a>
JAEINT24_EX_1698	ROIG AMOROS, JOAN	joan.roig@ibmb.csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA MOLECULAR DE BARCELONA	Engineering cell lines through CRISPR-Cas9 technology to study the centrosome and the cilia.	Our group is interested in understanding how different cellular processes related to the centrosome and the microtubule cytoskeleton are regulated. We currently focus our research on the roles of the signaling axis formed by the protein kinase PLK1 and its downstream partners NEK9, NEK6 and NEK7, three related NIMA-family kinases that we have shown to be central for the control of the centrosome cycle and the organization of the mitotic spindle alongside PLK1 (Bertran et al. (2011) EMBO J. 30: 2634-2647; Sdelci et al. (2012) Curr. Biol. 22: 1516-1523; Eibes et al. (2018) Curr. Biol. 28: 121-129.e4; Gallisá-Sufé, N. et al. (2023). Nat. Commun. 14:1-20). We are also starting a project aiming to understand the functions of the related kinase NEK8 at the primary cilia. Working with transformed and non-transformed immortalized cells, the student will join one of the group's projects and learn how to engineer cell lines that either express modified or tagged versions of specific proteins (knock in) or don't express them (knock out), by modifying their genome using CRISPR-Cas9 technology. General cell culture techniques, transfection (to express recombinant proteins or downregulate endogenous ones through RNAi), and detection of proteins through different immunological techniques (western blot, immunofluorescence, including super-resolution microscopy when necessary) will also be learned. Our results will help to understand how centrosomal abnormalities arise. These often result in abnormal mitosis, aberrant chromosome segregation and aneuploidy, a major cause of developmental defects and abortions and one of the hallmarks of cancer cells. Ciliogenesis may also be affected, resulting in a range of pathologies called ciliopathies. We will relate our observations with clinical data with the aim of assessing the possible involvement of the studied kinases and substrates in the apparition of cancer or the onset of different developmental abnormalities, including NEK8-related ciliopathies.	<a href="https://www.ibmb.csic.es/en/department-of-cells-and-tissues/cell-cycle-and-signaling/">https://www.ibmb.csic.es/en/department-of-cells-and-tissues/cell-cycle-and-signaling/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1580	Rojas , Anabel	anabel.rojas@cabimer.es	CENTRO ANDALUZ DE BIOLOGIA MOLECULAR Y MEDICINA REGENERATIVA	Modificación del microambiente tumoral en cáncer hepático	Varios estudios apuntan a que el microambiente tumoral juega un papel fundamental en la progresión y agresividad del cáncer hepático. En este microambiente se encuentran las células estrelladas hepáticas activas que envían señales a las células del hepatocarcinoma para inducir la progresión del tumor. La inactivación de estas células estrelladas pudiera ser una estrategia para bloquear el crecimiento del tumor. En nuestro laboratorio hemos identificado el factor GATA4 como un regulador del fenotipo de las células estrelladas inactivándolas. El objetivo del proyecto al que el estudiante se incorporará estará enfocado en estudiar si la inactivación mediante GATA4 de las células estrelladas inhiben el fenotipo tumoral de células de hepatocarcinoma. Para ello el estudiante manejará técnicas relacionadas con cultivos celulares, técnicas de inmunofluorescencia, histología y técnicas de biología molecular y tejido hepático de modelos animales de ratón.	<a href="https://www.cabimer.es/en/research-groups/pancreas-and-liver-development-and-disease/">https://www.cabimer.es/en/research-groups/pancreas-and-liver-development-and-disease/</a>
JAEINT24_EX_0993	ROJAS MENDOZA, ANA MARIA	a.rojas.m@csic.es	CENTRO ANDALUZ DE BIOLOGIA DEL DESARROLLO	Predicción de proteínas multifuncionales con foco en actividad moonlighting	Una proteína "moonlighting" se define como una proteína multifuncional que realiza dos o más funciones bioquímicas o biofísicas no relacionadas dentro de un mismo organismo, utilizando para ello una única cadena polipeptídica. Estas proteínas se distinguen tanto por su capacidad para realizar múltiples funciones sin necesidad de separarlas en diferentes dominios, como por su independencia funcional, lo que implica que la inactivación de una de sus funciones no afecta al resto de sus actividades. El candidato/a utilizará técnicas de aprendizaje automático de última generación para la predicción de estas actividades funcionales. En el grupo se están desarrollando sistemas de anotación relevantes basados en modelos de lenguaje de proteínas donde hemos aplicado técnicas para la anotación masiva de secuencias. Se creará un plan del desarrollo y formación conjunto y específico para el candidato/a.	<a href="https://apps3.csic.es/grupos/pages/grupo/edicionGrupo.html?idGrupo=901798">https://apps3.csic.es/grupos/pages/grupo/edicionGrupo.html?idGrupo=901798</a> <a href="https://www.cabd.es/en/research_groups/bioinformatics-and-computati">https://www.cabd.es/en/research_groups/bioinformatics-and-computati</a>
JAEINT24_EX_1553	ROJO DE LA VIESCA, ENRIQUE	erojo@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Estudio evolutivo de la señalización sistémica en plantas	La evolución del sistema vascular en las plantas terrestres permitió distribuir mas eficientemente agua y minerales extraídos del suelo y fotoasimilados sintetizados en los tejidos aéreos. Además, la vasculatura proporcionó una red para la transmisión rápida de señales, químicas, eléctricas o de otro tipo, que permitió la coordinación de acciones en toda la planta en respuesta a cualquier estímulo ambiental local. Estos logros probablemente jugaron un papel esencial en el establecimiento y expansión de plantas en el hábitat terrestre, en el que las fluctuaciones en las condiciones ambientales (luz, temperatura, humedad) y la posterior aparición de nuevas plagas y patógenos habrían planteado enormes presiones para la supervivencia de las plantas. Investigaciones realizadas en Arabidopsis thaliana y otras especies vasculares, han demostrado que el daño mecánico desencadena una respuesta compleja que incluye la reprogramación rápida y global de la expresión génica y la activación de mecanismos de defensa. Es importante destacar que esta fuerte activación y represión de cientos de genes que responden a las heridas no se limita al tejido dañado, sino que también ocurre sistémicamente en las partes distales no dañadas de la planta. Esta respuesta sistémica a la herida depende de una combinación de señales, tanto químicas como eléctricas, que viajan a través de la vasculatura. En Arabidopsis thaliana se ha demostrado que receptores de glutamato GLR expresados específicamente en haces vasculares están implicados en la generación en respuesta a herida de señales eléctricas y ondas de calcio que se transmiten a las zonas distales no dañadas donde activan la reprogramación de la expresión génica. En el laboratorio hemos comenzado un estudio evolutivo de los genes GLR y de la respuesta sistémica a herida en plantas. En particular, estamos interesados en comparar lo que ocurre en plantas vasculares y no vasculares, para determinar cuál es la distribución de mecanismos de señalización sistémica de herida en el árbol evolutivo de las plantas terrestres y comprobar si esta señalización sistémica requiere de la presencia de haces vasculares. El estudiante al que se le asignase la beca estudiaría la respuesta a herida en dos especies de plantas no vasculares (Marchantia polymorpha y Anthoceros agrestis), en una especie con una vasculatura simple (Selaginella kraussiana) y en una especie con vasculatura compleja (Arabidopsis thaliana). El trabajo incluirá el análisis t	<a href="http://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/genetica-molecular-de-plantas/redes-de-senalizacion-en-el-d">http://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/genetica-molecular-de-plantas/redes-de-senalizacion-en-el-d</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0226	ROMERO DE LA FUENTE, IRENE	irene.romero@ictan.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIA Y TECNOLOGIA DE ALIMENTOS Y NUTRICION	Silenciamiento/sobreexpresión de genes relacionados con enzimas degradadoras de la pared celular y antocianinas en frutos rojos mediante silenciamient	El interés de los consumidores por los frutos rojos ha ido en aumento en todo el mundo en los últimos años, debido principalmente a las propiedades beneficiosas para la salud de muchos de los compuestos fitoquímicos presentes en estos frutos. Sin embargo, la calidad de los frutos rojos se ve comprometida durante la postcosecha debido al ataque por hongos y a la pérdida de firmeza que experimentan. En el grupo POSTBIOTEC tenemos amplia experiencia en la aplicación de tratamientos con altas concentraciones de CO <sub>2</sub> a bajas temperaturas para mantener la calidad de diversos frutos, entre ellos frutos rojos. El estudio de las bases moleculares de la mejora de la calidad observada en los frutos tratados nos ha llevado a identificar distintos genes que podrían estar relacionados con el mantenimiento de la firmeza y con la síntesis de antocianinas. El siguiente paso que nos planteamos es estudiar la funcionalidad in vivo de estos genes mediante silenciamiento transitorio (VIGS) y sobreexpresión (OE) mediada por <i>Agrobacterium</i> . Con el fin de poner a punto técnicas de clonaje y de transformación transitoria de frutos rojos, el candidato JAE-INTRO se dedicaría a realizar construcciones de plásmidos con los genes de interés y a buscar las condiciones óptimas de transformación mediada por <i>Agrobacterium</i> para poder llevar a cabo los experimentos de silenciamiento y sobreexpresión de los genes de interés previamente seleccionados.	<a href="https://www.ictan.csic.es/grupos-de-investigacion/biotecnologia-y-calidad-posrecoleccion-postbiotec/">https://www.ictan.csic.es/grupos-de-investigacion/biotecnologia-y-calidad-posrecoleccion-postbiotec/</a>
JAEINT24_EX_0255	ROMERO GASCON, FRANCISCO	promero@iata.csic.es	INSTITUTO DE AGROQUIMICA Y TECNOLOGIA DE ALIMENTOS	Generación de nuevas variedades de tomate con frutos de mejor calidad organoléptica y valor nutricional	La calidad postcosecha de los frutos depende en gran medida de las condiciones ambientales de almacenamiento tras la recolección, pero también de las condiciones de cultivo bajo las que se han desarrollado y madurado los frutos. La deficiencia de cobre (Cu) es un problema agronómico habitual en las tierras de cultivo, que supone un estrés abiótico para la planta con grandes perjuicios sobre su crecimiento y desarrollo. Hemos comprobado recientemente que, además, este estrés disminuye el valor nutricional de los frutos, así como su calidad organoléptica durante la postcosecha. Estudios transcriptómicos y bioinformáticos realizados en nuestro laboratorio apuntan a los transportadores de Cu de alta afinidad (COPTs) como potenciales dianas para la mejora biotecnológica de este cultivo con el objetivo de aumentar su resiliencia a situaciones de estrés por deficiencia o exceso de Cu. Nos planteamos, por tanto, el desarrollo de nuevas líneas genéticas de tomate con mutaciones dirigidas sobre los diferentes miembros de la familia COPT en tomate ( <i>Solanum lycopersicum</i> ). Por un lado, mediante la edición génica por el sistema CRISPR/Cas9, se desarrollarán mutantes knock-out de distintos miembros de la familia COPT. Por otro lado, mediante la técnica de GoldenBraid, se obtendrán mutantes sobreexpresores de los COPTs seleccionados. Llevar a cabo estos mutantes requiere el manejo y aprendizaje de diversos programas informáticos para el diseño de vectores de clonaje y RNAs guía; así como de un número de técnicas de biología molecular incluyendo PCRs, tanto semicuantitativas como a tiempo real, minipreps y purificaciones de ácidos nucleicos. También será necesario llevar a cabo la transformación de tomate mediante <i>Agrobacterium tumefaciens</i> y el posterior estudio del crecimiento in vitro de los distintos mutantes obtenidos. Investigador responsable: Paco Romero E-mail: promero@iata.csic.es	<a href="https://orcid.org/my-orcid?orcid=0000-0002-7811-0897">https://orcid.org/my-orcid?orcid=0000-0002-7811-0897</a>
JAEINT24_EX_1266	ROMERO GIL, VERONICA	vromero@ig.csic.es	INSTITUTO DE LA GRASA	Aislamiento e identificación de nuevas especies de microorganismos en las industrias de aceitunas de mesa.	Durante la fermentación de la aceituna de mesa se desarrollan una gran variedad de especies de microorganismos que influyen directamente en la calidad y seguridad del producto final. Las técnicas de identificación de microorganismos independientes de cultivo, como la metataxonomía, están siendo cada vez más utilizadas en materia de calidad y seguridad alimentaria. Concretamente, en el proceso de transformación de la aceituna de mesa y gracias a la utilización de estas técnicas, se están detectando una gran cantidad de nuevas especies de microorganismos sin que se conozca la influencia que tienen en el proceso de elaboración ni el efecto en el producto envasado. La aplicación de las técnicas independientes de cultivo proporcionará la información de las especies microbianas que están o han estado presentes en las distintas zonas de las industrias o en las diferentes etapas durante la transformación y posteriormente podrían ser aisladas mediante técnicas dependientes de cultivo en medios selectivos. Durante el desarrollo de su estancia en el Instituto de la Grasa el alumno/a se familiarizará con el uso de medios de cultivos sintéticos para aislar microorganismos viables que hasta ahora mismo no han sido aislados mediante los medios de cultivos tradicionales. Con la caracterización de estos microorganismos podremos determinar su influencia en el proceso de transformación de la aceituna de mesa.	<a href="https://www.ig.csic.es/interacciones-bacterias-lacticas-levaduras-en-alimentos/">https://www.ig.csic.es/interacciones-bacterias-lacticas-levaduras-en-alimentos/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0639	ROMERO PUERTAS, MARIA CARMEN	maria.romero@eez.csic.es	ESTACION EXPERIMENTAL DEL ZAIDIN	Filogenia y evolución de genes PEX11a, funciones nuevas y conservadas	Los peroxisomas son orgánulos celulares que se encuentran en la mayoría de las células eucariotas. Están rodeados por una membrana simple, e inicialmente se consideraban meros sumideros del H <sub>2</sub> O <sub>2</sub> producido en la célula. Actualmente, se ha demostrado que tienen un papel fundamental en el control de los niveles de especies de oxígeno y nitrógeno reactivos (ROS/RNS), ya que poseen una amplia batería de sistemas antioxidantes. Por otro lado, son uno de los principales orgánulos donde se producen estos ROS/RNS. Además, los peroxisomas contribuyen a la síntesis de otras moléculas señal fundamentales en la planta, como son las hormonas ácido jasmónico, auxinas y ácido salicílico. Los últimos estudios transcriptómicos, bioquímicos y proteómicos han demostrado que estos orgánulos desempeñan un papel importante en la toma de decisiones de la célula lo que hace de los peroxisomas un orgánulo vital en muchos aspectos de la vida de la planta y en especial en condiciones de estrés. Sabemos que existe especificidad en la señalización por ROS/RNS. Sin embargo, los mecanismos implicados en este proceso son prácticamente desconocidos. Hemos demostrado que la peroxina PEX11a de Arabidopsis es esencial en la formación de extensiones de la membrana del peroxisoma en respuesta a estrés, denominadas peroxuloxos. Hasta ahora estas extensiones no se han descrito en animales. En este trabajo realizaremos algunos análisis filogenómicos y de evolución para profundizar en la conservación de la funcionalidad de PEX11a. Se explorarán además, nuevas funciones posibles para PEX11a mediante el análisis de ARN largos no codificantes dependientes de PEX11a. Este trabajo nos permitirá profundizar en el conocimiento de cómo los peroxisomas actúan como sensores de estrés y reguladores de la respuesta celular a condiciones adversas dando lugar a la aclimatación y resistencia. Durante el desarrollo de esta ayuda la persona en formación se iniciará en técnicas de bioquímica, biología celular y molecular de plantas, así como bioinformática. Se realizará un seguimiento de su formación semanal y realizará seminarios de grupo para la presentación de sus resultados y progreso. Por otro lado, la persona en formación asistirá a los seminarios de grupo y de centro que complementarán su formación.	<a href="https://www.eez.csic.es/senalizacion-dependiente-de-ros-y-oxido-nitrico-y-dinamica-peroxisomal-en-plantas">https://www.eez.csic.es/senalizacion-dependiente-de-ros-y-oxido-nitrico-y-dinamica-peroxisomal-en-plantas</a>
JAEINT24_EX_1518	ROS GARCIA, ANA	arosgar@ific.uv.es	INSTITUTO DE FISICA CORPUSCULAR	Mejoras de imagen médica con PET (tomografía de emisión por positrones)	La persona seleccionada formará parte de las labores de investigación llevadas a cabo por la IP, cuya línea principal es la tomografía por emisión de positrones (PET). La persona seleccionada aprenderá a llevar a cabo simulaciones Monte Carlo basadas en Geant4 (herramienta para la simulación de detectores e interacciones de las partículas elementales con la materia). Utilizará la mencionada herramienta para estudiar la mejora en la precisión de la determinación de la fuente emisora de radiación en diferentes casos: fuentes emisoras de tres rayos-gammas, fuentes usadas en teranóstica y escáneres con resolución temporal en el límite tecnológico. Asimismo, la persona candidata aprenderá como llevar a cabo el montaje y la calibración de detectores empleados para la investigación en el campo de la imagen médica. De esta manera, las habilidades que la persona seleccionada adquirirá durante la estancia en el grupo se pueden resumir en las siguientes líneas. La persona seleccionada estudiará en detalle la física tras la técnica PET, las características deseadas en este tipo de escáneres, las limitaciones actuales y las principales líneas de investigación en desarrollo para la mejora de las imágenes médicas con PET. Aprenderá el funcionamiento y montaje de los detectores empleados en PET, como calibrarlos y llevar a cabo medidas con las que estudiar la optimización de dichos detectores. Asimismo, estudiará los fundamentos de la técnicas de simulación Monte Carlo y llevará a cabo estudios de optimización de los mencionados escáneres. Al finalizar la beca, la persona seleccionada habrá utilizado las herramientas básicas en el estudio de las aplicaciones de la física a la medicina habiéndose familiarizado tanto con el proceso de medida como con las simulaciones.	<a href="http://ific.uv.es/iris/en/main/index.html">http://ific.uv.es/iris/en/main/index.html</a>
JAEINT24_EX_1117	ROS LASIERRA, MARIA ANGELES	rosm@unican.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA Y BIOTECNOLOGIA DE CANTABRIA	Dorsal Ventral Limb Polarity; Implications in the fin to limb transition	Dorsal Ventral Limb Polarity: Generation of novel forms The limb anatomy displays well-defined dorsal and ventral compartments, housing extensor, and flexor muscles, which play a crucial role in facilitating limb locomotion and manipulation. Despite its importance, the study of limb dorsoventral (DV) patterning has been relatively neglected compared to the other two axes leaving many crucial questions about the genes and developmental processes implicated unanswered. Recently, we characterized the limb-specific enhancers of Lmx1b, the transcription factor responsible for the dorsalization of the limb (Haro et al., 2021; PMID: 34545091). These enhancers, termed LARM1 and LARM2, control Lmx1b transcription in a complex, modular and autoregulatory mode. The CRISPR-Cas removal of LARM1 and LARM2 (LARM1/2 mutants) recapitulates the Lmx1b-null phenotype exclusively in the limb indicating they are limb specific enhancers. Lmx1b functions as a selector gene defining a mesenchymal lineage based dorsal compartment. Here, we will focus on the earliest steps of Lmx1b activation and how it drives loss of DV limb symmetry. We propose a multidisciplinary effort to understand this process and how novel dorsal shapes arise through changes in compartment/boundary formation. We will investigate: 1) the tempo of Lmx1b activation in relation to limb mesenchyme formation both in chick and mouse embryos, 2) the changes in the chromatin state of the Lmx1b landscape that lead to its activation in prospective dorsal cells and 3) the mechanisms of creating and maintaining the Lmx1b-dependent compartment. This project offers an exceptionally multidisciplinary and integrative experience. As a student, you'll delve into the forefront of the field, becoming acquainted with cutting-edge techniques and methodologies. You'll gain expertise in handling two embryonic models—the mouse and the chick—while exploring the fundamentals of developmental biology. You'll have the chance to study a diverse array of mouse models exhibiting different DV limb phenotypes and will become familiar with the generation of mouse models through CRISPR/CAS direct electroporation of zygotes. The Ros's lab is part of the Institute of Biomedicine and Biotechnology of Cantabria ( <a href="https://web.unican.es/ibbt/ec/en-us/about-ibbt/ec/team/members/member-detail?id=MarianRosLab">https://web.unican.es/ibbt/ec/en-us/about-ibbt/ec/team/members/member-detail?id=MarianRosLab</a> ). The IBBTEC is a modern research institute of the CSIC, University of Cantabria and Government of Cantabria located in	<a href="https://web.unican.es/ibbt/ec/r/MarianRosLab">https://web.unican.es/ibbt/ec/r/MarianRosLab</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0171	ROSA ACOSTA, MIGUEL ANGEL DE LA	marosa@us.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES QUIMICAS	Separación de fase líquido-líquido mediada por complejos entre SET/TAF-I beta y dímeros de histonas	La oncoproteína SET/TAF-Ib es una chaperona de histonas, que participa en el ensamblaje y desensamblaje de nucleosomas. La dinámica de la cromatina y su regulación por las chaperonas de histonas juegan un papel fundamental en la respuesta a daño en el DNA. Dichas chaperonas son reclutadas sobre las roturas del DNA para modular su respuesta al daño (DDR, del inglés DNA damage response). En particular, SET/TAF-Ib es capaz de promover la compactación de la cromatina, ralentizando la reparación. Las proteínas de DDR se acumulan formando unas estructuras subnucleares sin membrana denominadas DNA damage foci (foci), formadas por un proceso de transición de fase líquido-líquido (LLPS, liquid-liquid phase separation). Se ha observado que los cambios en la expresión de SET/TAF-Ib afectan a la composición y formación de estos foci, debido a la compactación de la cromatina mediada por SET/TAF-Ib. En este contexto, el grupo de investigación de Biointeractómica dispone de datos preliminares de LLPS entre SET/TAF-Ib y dímeros de histonas H3 y H4. Objetivos: El objetivo del proyecto es caracterizar los mecanismos moleculares que explican el fenómeno de LLPS entre SET/TAF-Ib y los dímeros de histonas. Para ello se llevará a cabo la cuantificación y parametrización de la formación de gotas o droplets in vitro entre chaperonas e histonas. Programa de Investigación y Metodología: - Producción, purificación y marcaje fluorescente de proteínas - Ensayos de formación y cuantificación de LLPS Se trata de un proyecto multidisciplinar donde se combinan datos experimentales con cálculos computacionales para entender las bases moleculares que subyacen la transición de fase líquido-líquido entre SET/TAF-Ib e histona. Este Proyecto permite adquirir formación en distintos ámbitos como la Bioquímica, Biología Molecular, Biofísica, Biología Celular y Biología Estructural.	<a href="https://www.iiq-us-csic.es/en/biointeractomics">https://www.iiq-us-csic.es/en/biointeractomics</a>
JAEINT24_EX_0200	ROSA ARRANZ, JOSE MARIA DE LA	jmrosa@irmase.csic.es	INSTITUTO DE RECURSOS NATURALES Y AGROBIOLOGIA DE SEVILLA	Valorización de productos líquidos de la pirólisis de restos agroganaderos: Implicaciones para la sostenibilidad y la economía circular	Anualmente se producen grandes cantidades de restos agrícolas, forestales y ganaderos de escaso valor. Sólo en la UE se estima una producción anual de aproximadamente 258 millones de toneladas de residuos procedentes de cultivos. La mayoría de estos desechos son quemados o vertidos, lo que agrava aún más el riesgo medioambiental. Existe la necesidad de buscar métodos para la gestión, aprovechamiento y uso de residuos agrícolas, forestales y ganaderos, que permitan su valorización. Esta implica la transformación de los desechos en productos, reduciendo así la carga ambiental y maximizando su utilidad. En el contexto actual, la pirólisis se presenta como una tecnología prometedora para la gestión de residuos vegetales. Este proceso consiste en la descomposición térmica de la materia orgánica o biomasa de manera parcial y en ausencia de oxígeno obteniéndose distintos tipos de bio-productos secundarios que consisten básicamente en: una fracción gaseosa conocida como syngas, muy rica en CH <sub>4</sub> , una fracción sólida denominada biochar, que es un sólido aromático poroso y dos fracciones líquidas llamadas bio-aceite (bio-oil) y vinagre de madera (o ácido piroleñoso). La investigación en los últimos años sobre los productos de la pirólisis se ha centrado en el aprovechamiento energético del syngas y el uso del biochar como mejorante de suelos, o adsorbente. Sin embargo, el vinagre de madera y los bio-aceites producidos a partir de residuos agrícolas podrían tener una amplia gama de aplicaciones sostenibles. El ácido piroleñoso por sus propiedades y composición podría ser usado como herbicida orgánico o agente de control de plagas, mientras que los bio-aceites derivados de la pirólisis pueden ser empleados como combustibles renovables o materias primas de interés industrial. De esta forma, la pirólisis permite una valorización efectiva de los residuos agrícolas, transformándolos en productos con potencial aplicación en agricultura, energía y otros sectores industriales. Las actividades a desarrollar en el marco de esta JAE-INTRO incluyen: -Avanzar en el conocimiento sobre como las materias primas y las condiciones de pirólisis influyen en la composición y propiedades de sus productos líquidos. - Caracterización de materias primas y productos líquidos generados (propiedades físicas y composición elemental) -Extracción, aislamiento e identificación mediante cromatografía de gases de compuestos orgánicos -Tests de efectos en la germinación y desarrollo vegetal	<a href="https://www.irmas.csic.es/moss/">https://www.irmas.csic.es/moss/</a>
JAEINT24_EX_0095	ROSALES VILLEGAS, MIGUEL ANGEL	m.rosales@csic.es	ESTACION EXPERIMENTAL DEL ZAIDIN	Estudio de la regulación hormonal e identificación de genes involucrados en el desarrollo radicular en respuesta a la nutrición con cloruro y nitrato	El cloruro es un micronutriente esencial para las plantas, siendo recientemente definido como un macronutriente beneficioso para los cultivos, ya que promueve el crecimiento de las plantas al mejorar la eficiencia en el uso del agua, carbono y nitrógeno. En hojas, el cloruro juega un papel específico en la regulación de la osmolaridad y turgencia celular, induciendo cambios anatómicos como una mayor área foliar y tamaño de las células, y un balance hídrico más eficiente. Sin embargo, poco se sabe sobre su efecto en el crecimiento y desarrollo de las raíces, así como su interacción con el nitrato. Por tanto, el objetivo principal de este plan de formación será el estudio de las funciones de la nutrición con cloruro y nitrato en el desarrollo radicular en plantas de tomate, mediante el estudio de su regulación hormonal y la identificación de nuevas rutas de señalización y genes involucrados en estas respuestas.	<a href="https://www.eez.csic.es/fisiologia-molecular-del-transporte-ionico-en-plantas-bajo-condiciones-ambientales-adversas">https://www.eez.csic.es/fisiologia-molecular-del-transporte-ionico-en-plantas-bajo-condiciones-ambientales-adversas</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0598	ROSAS GONZALEZ, ANTONIO	arosas@mncn.csic.es	MUSEO NACIONAL DE CIENCIAS NATURALES	Procesos de heterocronía en la evolución del esqueleto apendicular del género Homo.	Esta similitud contrasta con las diferencias morfológicas detectadas. La forma y las proporciones de los segmentos del brazo y pierna experimenta cambios en la filogenia de Homo (acortamiento del zeugopodio en el linaje neandertal; reducción de la anchura corporal en H. sapiens, que afecta a la anatomía de las extremidades). Un mismo patrón de maduración en distintas especies junto a especializaciones anatómicas específicas atestiguan una disociación entre los procesos de morfogénesis (fenotipo) y el ritmo de maduración y fusión de sus elementos. Es decir, diferentes fenotipos parecen desplegarse sobre un mismo patrón de maduración. El orden temporal permanece, pero cambia la posición espacial de los elementos. Las variaciones fenotípicas dependientes de la topología pueden obedecer a cambios en la fase de morfogénesis (formación del patrón) o cambios en las tasas de crecimiento de las unidades y/o subunidades esqueléticas. Los cambios en la formación del patrón se manifestarán muy pronto en la ontogenia, mientras que los cambios en las tasas de crecimiento se apreciarán con mayor claridad a medida que aumenta el tamaño (avanza el crecimiento). A fin de dilucidar las fuerzas que determinan la evolución del cuerpo en el género Homo resulta capital esclarecer el desarrollo en las distintas especies. Preguntas a resolver son: en qué momento de la ontogenia aparecen las características distintivas específicas (apomorfías). Cuál es la tasa de diferenciación morfológica de los elementos anatómicos en H. erectus s.l., neandertales y H. sapiens. El objetivo final es la deducción de procesos de heterocronía. Plan de trabajo. Introducción a la morfología evolutiva. Técnicas de manejo e identificación de restos actuales y fósiles. Morfometría lineal. Medir longitudes de huesos del brazo en series ontogenéticas. Cálculo de índices braquial, humerooclavicular, etc. Analizar secuencia de crecimiento. Búsqueda bibliográfica de especímenes fósiles. Morfometría geométrica. Definir "template" para clavícula, radio, ulna ... (software Viewbox). Toma de datos de las series ontogenéticas. Analizar tasas de cambio en tamaño/forma entre especies y elementos anatómicos midiendo distancia fenotípica de los distintos estadios ontogenéticos al adulto (masculino y femenino). Ecuaciones de regresión y comparación estadística de patrones. Discusión de resultados y diseño de publicación.	<a href="https://www.mncn.csic.es/es/quienes_somos/antonio-rosas">https://www.mncn.csic.es/es/quienes_somos/antonio-rosas</a>
JAEINT24_EX_1260	ROTLANT MORAGAS, JOSEP	rotlant@im.csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES MARINAS	MicroARNs circulantes: ¿nuevos biomarcadores para la salud y bienestar animal en el cultivo del pulpo (Octopus vulgaris)?	Los microARNs circulantes (C-miARNs) son pequeñas moléculas de ARN no codificante altamente conservadas que orquestan una amplia gama de procesos biológicos a través de la regulación post-transcripcional de la expresión génica. Un aspecto interesante de la identificación de estas moléculas como biomarcadores proviene de expresión tanto temporal como espacial finamente regulada, su secreción desde las células al medio extracelular y su alta estabilidad en los fluidos corporales. Todas estas características confieren a los C-miRNA el potencial de convertirse en una valiosa herramienta no invasiva para medir el bienestar y la salud de los animales. Por tanto, existe un gran interés en el estudio de la importancia de los C-miRNAs como posibles biomarcadores para evaluar el bienestar durante los procesos de domesticación y cultivo de una determinada especie. En este trabajo pretendemos mapear, caracterizar y establecer diferentes C-miRNAs en diferentes tejidos del pulpo común para ser usados como biomarcadores para la evaluación del estado de salud y bienestar de esta especie en poblaciones naturales y en el proceso de su domesticación y producción en sistemas de cultivo intensivo.	<a href="https://fishbiotech.csic.es/">https://fishbiotech.csic.es/</a>
JAEINT24_EX_0116	RUANO GALLEGO, DAVID	druano@cbm.csic.es	CENTRO DE BIOLOGIA MOLECULAR SEVERO OCHOA	Herramientas biotecnológicas para la cepa probiótica Akkermansia muciniphila	En el laboratorio estudiamos tanto mecanismos que utilizan cepas patógenas de E. coli para causar la infección como la creación de herramientas biotecnológicas de la cepa Akkermansia muciniphila para desarrollar terapias basadas en bacterias. A. muciniphila es una cepa presente en la gran mayoría de humanos y que contribuye a la homeostasis del intestino. Se conoce muy poco sobre la función y la regulación de sus genes. Por ello, queremos generar metodologías para la generación de mutantes y su posterior estudio. Se utilizarán herramientas bioinformáticas (diseño de mutantes, análisis de secuencias...), y técnicas de biología molecular y de microbiología (PCR, secuenciación, crecimiento bacteriano). Además de las técnicas de laboratorio, se aprenderá a diseñar experimentos; analizar, interpretar y comunicar resultados (de forma oral y escrita); y a sacar conclusiones a partir de ellos. También se participará en ciertas actividades, como los seminarios del centro, formaciones específicas en algunas técnicas y en los seminarios de grupo, en los que se exponen resultados, un artículo para su discusión (Journal Club) o se discuten consideraciones técnicas.	<a href="https://rebrand.ly/druanogallego">https://rebrand.ly/druanogallego</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0040	RUBIALES OLMEDO, DIEGO	diego.rubiales@ias.csic.es	INSTITUTO DE AGRICULTURA SOSTENIBLE	Caracterización de resistencia a oídio en guisante	Dando continuidad a la principal línea de trabajo del grupo durante las últimas dos décadas, y aprovechando nuestra experiencia pasada, nos proponemos en este trabajo caracterizar más profundamente la resistencia al oídio en guisante ( <i>Pisum sativum</i> ) a nivel molecular para identificar genes de resistencia y complementar el mejoramiento convencional con el uso eficiente de herramientas moleculares. Se caracterizará la interacción planta/parásito buscando resistencias y estudiando su herencia. Esto proporcionará una comprensión más completa de las respuestas moleculares del huésped al estresor, lo que hará posible la elucidación de los mecanismos y genes implicados en la resistencia, con el objetivo final de contribuir al desarrollo de variedades más resilientes, complementando el mejoramiento clásico con herramientas moleculares.	<a href="https://www.ias.csic.es/investigacion/departamentos/mejora-genetica-vegetal/mejora-vegetal-por-resistencia-a-estreses/">https://www.ias.csic.es/investigacion/departamentos/mejora-genetica-vegetal/mejora-vegetal-por-resistencia-a-estreses/</a>
JAEINT24_EX_0945	RUBIO HERRERO, LUIS MANUEL	luis.rubio@inia.csic.es	CENTRO DE BIOTECNOLOGIA Y GENOMICA DE PLANTAS	Ingeniería de proteínas de fijación de nitrógeno	Se ofrece la oportunidad de colaborar en un proyecto de bioingeniería de nitrógeno en levaduras y cereales, dentro del grupo de investigación "Bioquímica de la fijación de nitrógeno". La formación consistirá en ingeniería de proteínas con foco en las proteínas estructurales de la enzima nitrogenasa, el catalizador de la fijación biológica de nitrógeno. La hipótesis de partida es que fusiones tradicionales de proteínas con estructuras cuaternarias complejas podrían facilitar su plegamiento, estabilidad y solubilidad cuando se expresan heterológicamente. El/la estudiante realizará diseños de proteínas guiados por estructuras tridimensionales conocidas y algoritmos de inteligencia artificial, utilizando el cluster computacional del CBGP. Los genes codificadores de las proteínas diseñadas serán sintetizados y clonados para su expresión en levaduras. Se investigará la solubilidad, estabilidad y direccionamiento intracelular de las proteínas generadas. En paralelo, se investigará su función mediante complementación genética en organismos fijadores de nitrógeno. Idiomas requeridos: inglés y español. Perfil: bioquímica, biotecnología, biología computacional, biología molecular.	<a href="https://www.cbgp.upm.es/index.php/es?option=com_content&amp;view=article&amp;id=174">https://www.cbgp.upm.es/index.php/es?option=com_content&amp;view=article&amp;id=174</a>
JAEINT24_EX_0962	RUBIO MUÑOZ, FRANCISCO	frubio@cebas.csic.es	CENTRO DE EDAFOLOGIA Y BIOLOGIA APLICADA DEL SEGURA	Papel del transporte de potasio en la fertilidad de tomate	En nuestro grupo de investigación estudiamos los mecanismos moleculares implicados en la nutrición de potasio en las plantas (White and Karley, 2010). Una parte de nuestros estudios se centra en la caracterización de los sistemas de entrada de potasio en las raíces y sus mecanismos de regulación (Nieves-Cordones et al., 2014). Recientemente hemos descrito que en las plantas de tomate, algunos de estos sistemas no sólo operan en la raíz sino que también son importantes para la germinación del polen, la fertilidad y la producción de semillas y frutos de tomate (Nieves-Cordones et al., 2020). En concreto, las plantas deficientes en el transportador de alta afinidad de potasio SHAK5 producen frutos partenocárpicos. En el desarrollo de la partenocarpia influyen muchos factores ya que la fecundación es un proceso muy sensible a factores ambientales que puedan incidir en el aporte de nutrientes a los órganos florales y el equilibrio hormonal de los mismos (Shinozaki and Ezura, 2016). Estos resultados son importantes desde un punto de vista científico y también aplicado, ya que la obtención de frutos partenocárpicos es de gran interés para el sector productivo y la esterilidad masculina es un carácter muy útil para los mejoradores de cultivos. Por esto, estamos desarrollando un proyecto para profundizar en el papel de los sistemas de transporte de potasio y de sus reguladores en la partenocarpia y en la esterilidad en plantas de tomate. En concreto las tareas que se plantean son las siguientes: 1. Estudio transcriptómico, ionómico y metabolómico de anteras y pistilos en plantas silvestres o mutantes shak5 que producen frutos partenocárpicos. 2. Estudio del efecto de la aplicación de hormonas vegetales sobre el desarrollo de la partenocarpia en plantas silvestres y mutantes shak5. 3. Identificación de genes candidatos implicados en la nutrición de potasio o de otros nutrientes y en el equilibrio hormonal en el desarrollo de la partenocarpia. 4. Validación de los genes identificados mediante la generación de líneas de tomate mutantes por edición génica por CRISPR. Referencias: Nieves-Cordones, M., et al. (2014). J. Plant Physiol. 171:688–695. Nieves-Cordones, M., et al., F. (2020). Plant Cell Environ. 43:1707–1721. Shinozaki, Y., and Ezura, K. (2016). In Biotechnology in Agriculture and Forestry, pp. 93–112. White, P. J., and Karley, A. J. (2010). Potassium. In Cell Biology of Metals and Nutrients (ed. Hell, R. . M. R. R.), pp. 199R	<a href="http://www.cebas.csic.es/dep_spain/nutricion/nutri_lineas.html">http://www.cebas.csic.es/dep_spain/nutricion/nutri_lineas.html</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0443	RUBIO SOMOZA, IGNACIO	ignacio.rubio@cragenomica.es	CENTRO DE INVESTIGACION AGRIGENOMICA	Mejora de la tolerancia al cambio climático de la patata mediante la red miR156/miR172/miR319 (IMPACC)	Potato is a main staple grown worldwide for its below ground tubers highly rich in starch, and elevated contents in proteins and vitamin C. Warm temperatures at night, however, strongly decrease tuber yield and lead to non-marketable tubers, rendering this crop particularly vulnerable to global warming. In the last decade, 2.5 ppm/year increases in greenhouse gas emissions raised average temperature by 1.5 °C, exceeding already the Paris COP21 conference agreement addressed at reaching climate neutrality by 2050. Ambient temperature is getting dangerously close to the 28°C potato heat-stress threshold, urgently calling for the selection of novel cultivars tolerant to climate change. Preliminary studies revealed that potato miR156 and miR172 have a pivotal role in controlling adult phase transition and tuberization competency, although our understanding of this age pathway is still fragmentary. Recent breakthrough advances in Arabidopsis by Rubio-Somoza's group, underscored on the other side that a concerted action of miR156-targeted Arabidopsis SQUAMOSA PROMOTER BINDING transcriptional regulators and the miR319-targeted CIN-like TCP factors has a critical role in modulating shoot-to-root sugar partitioning (Rubio-Somoza et al., 2014 and unpublished results), a process poorly understood at the molecular level but key at promoting tuber formation and severely impaired in potato under warm temperatures. This proposal thus leverages on the expertise of the recipient group on miRNAs function and potato physiology to gain a detailed understanding on the role of this small RNA networks in the control of potato tuberization and source-sink relationships. That information, along with genomics studies, will be instrumental for smart breeding of potato cultivars resilient to global warming. The proposal builds on exciting discoveries made in the framework of a large international consortium addressed to the characterization of miRNA regulatory networks controlling leaf development, and is largely supported by the earlier reported phenotypes of transgenic miR156ox and miR172ox andigena potato plants. Main objectives of the proposed research are: i) Molecular and physiological characterization of MIM156-miR172ox-MIM319 potato lines grown under control/warm temperatures, ii) Identification of hypo- and hyperactive alleles in commercial potato cultivars.	<a href="https://www.cragenomica.es/research-groups/molecular-reprogramming-and-evolution">https://www.cragenomica.es/research-groups/molecular-reprogramming-and-evolution</a>
JAEINT24_EX_0595	RUIZ CASTON, JOSE	jrcaston@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Determinación de la estructura de los complejos macromoleculares de virus	Análisis computacional de imágenes electrónicas de complejos virales adquiridas en un crió-microscopio electrónico para el cálculo de mapas tridimensionales a resolución atómica. A partir de imágenes bidimensionales de virus y otros complejos virales vitrificados a -180 °C, desde polimerasas hasta estructuras helicoidales, se abordarán todas las etapas necesarias para la evaluación de las imágenes digitales, clasificación bidimensional de las partículas virales seleccionadas, y la posterior reconstrucción tridimensional y refinamiento. A partir de imágenes de los virus completos no sólo es posible determinar la estructura atómica de las proteínas, sino también de los componentes internos como el genoma viral y las polimerasas asociadas.	<a href="https://jrcaston1.wixsite.com/website-2">https://jrcaston1.wixsite.com/website-2</a>
JAEINT24_EX_0086	RUIZ DESVIAT, LOURDES	lruiz@cbm.csic.es	CENTRO DE BIOLOGIA MOLECULAR SEVERO OCHOA	Desarrollo de terapias antisentido y de edición génica en enfermedades neurometabólicas	El plan de formación se centrará en el aprendizaje de la caracterización de modelos celulares portadores de mutaciones de splicing y la aplicación de terapia antisentido y/o de técnicas de edición génica (editores de bases y CRISPR/Cas) para corregir el defecto. Se utilizarán herramientas bioinformáticas (predicción de sitios de unión de factores de splicing, diseño de oligonucleótidos, diseño de guías para edición génica, etc), técnicas de biología celular y molecular (cultivo celular, transfecciones, RT-PCR, PCR, secuenciación, clonaje de minigenes, Western blot). El trabajo se centrará en variantes que afectan al proceso de splicing, utilizando vectores reporteros de splicing (minigenes), líneas celulares derivadas de pacientes (iPSC) o modelos celulares generados mediante CRISPR/Cas introduciendo variantes identificadas en pacientes. Las capacidades y competencias a adquirir incluyen las de tipo científico y técnico: fundamentos teóricos del proceso de reconocimiento exónico en el splicing, de factores de splicing y proteínas de unión a RNA, de las herramientas de CRISPR/Cas incluidas editores de bases y editores de calidad, del uso de oligonucleótidos antisentido moduladores de splicing. En general, la formación incluye la comprensión y ejecución de un proyecto de investigación, interpretación de resultados, aprendizaje de técnicas de biología molecular y celular, y, específicamente, de técnicas de diseño y aplicación de terapias RNA y de edición génica, desarrollo de protocolos experimentales, preparación de reactivos..., así como adquisición de habilidades de comunicación y discusión de resultados, redacción de protocolos y de resultados de investigación. Asimismo, el plan de formación incluye las siguientes actividades: - asistencia a seminarios y ciclos de conferencias impartidas por investigadores nacionales e internacionales de prestigio en el CBM, que cuenta con una programación regular de al menos un seminario o conferencia semanal. - Asistencia a cursos de formación en técnicas experimentales, organizadas por el CBM y por otros centros en el CEI CSIC-UAM - Participación en los seminarios de laboratorio donde los miembros del grupo exponen resultados, exponen un artículo para su discusión (Journal Club), exponen la optimización de una técnica o describen lo aprendido en un congreso o curso al que hayan asistido.	<a href="http://WWW.CBM.UAM.ES/LAB220">WWW.CBM.UAM.ES/LAB220</a>



REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1467	RUIZ GOMEZ, M.MAR	mruiz@cbm.csic.es	CENTRO DE BIOLOGIA MOLECULAR SEVERO OCHOA	Estudios funcionales de componentes del diafragma de filtración renal en Drosophila y pez cebra	La enfermedad renal crónica (ERC) consiste en una pérdida progresiva e irreversible de la función renal que afecta a más del 20% de la población mayor de 65 años. Inicialmente progresa de forma asintomática por lo que su diagnóstico ocurre en un estado muy avanzado, caracterizado por una proteinuria severa y un incremento de la mortalidad. La principal diana sobre la que actúan los desencadenantes de ERC es una unión celular modificada presente en el podocito glomerular denominada diafragma de filtración (DF), de ahí la importancia de estudiar cómo se origina esta estructura, cómo se regula su estabilidad en condiciones fisiológicas y cómo actúan sobre la misma los agentes causantes de daño renal en condiciones patológicas. Nuestro grupo ha sido pionero en demostrar que los nefrocitos de Drosophila melanogaster -las células encargadas de la filtración de la hemolinfa de la mosca- poseen DFs que son estructural, molecular y funcionalmente similares al DF renal, y en validar el uso de los nefrocitos para el estudio de nefropatías. En los últimos años hemos usado la genética de Drosophila para identificar nuevos componentes y reguladores del DF, cuya caracterización funcional será fundamental para avanzar en el estudio de los factores implicados en el mantenimiento y reparación del DF y en la identificación de posibles dianas terapéuticas. Con esta finalidad traslacional, en nuestra investigación usamos una combinación de técnicas genéticas, de biología molecular y celular y de microscopía confocal y electrónica para caracterizar funcionalmente los nuevos genes que hemos identificado en Drosophila, y para investigar la conservación funcional de sus ortólogos en vertebrados utilizando el modelo del pez cebra Danio rerio. La persona que se una a nuestro grupo participará, bajo la supervisión directa de investigadores seniors, en la caracterización funcional de los genes que se estén analizando en el laboratorio en el momento su incorporación.	www.cbm.uam.es/m_ruiz
JAEINT24_EX_0166	RUIZ GONZALEZ, CLARA	clararg@icm.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS DEL MAR	Microorganismos y descarga de agua subterránea al océano	La descarga de agua subterránea al océano es un proceso muy poco estudiado desde el punto de vista biológico, pero de gran relevancia a escala global, ya que aporta grandes cantidades de nutrientes, contaminantes y otros elementos terrestres al mar. En el mar Mediterráneo se ha estimado estos acuíferos subterráneos aportan más nutrientes que los ríos, pero se desconocen tanto los microorganismos que habitan los acuíferos costeros, cuya actividad puede transformar la composición química del agua subterránea que llega al mar, como las consecuencias biológicas y ecológicas de este flujo de agua sobre los microorganismos del plancton, esenciales para el mantenimiento de los ciclos biogeoquímicos y de la vida en el océano. El objetivo del proyecto será estudiar la descarga de agua subterránea en zonas costeras del Mediterráneo desde una perspectiva microbiana, considerando tanto los microbios ocultos en los acuíferos costeros como su conectividad con las comunidades microbianas marinas. Se combinarán técnicas moleculares modernas con técnicas de citometría de flujo y microscopía y análisis de datos entender el papel de los microorganismos en los flujos y el destino de los compuestos químicos aportados por el agua subterránea al mar. La mayor parte del trabajo se realizará en el ICM, y es posible que haya algún muestreo de campo en zona costera. Proyecto dirigido por Clara Ruiz González, del Dpto. de Biología Marina del ICM-CSIC. El estudiante se incorporará a un grupo multidisciplinar con varios estudiantes de doctorado, técnicos y post-docs ( <a href="https://emm.icm.csic.es">https://emm.icm.csic.es</a> ) en un instituto que desarrolla gran cantidad de proyectos de investigación de temáticas variadas, y colaborará con hidrogeólogos de la Universitat Autònoma de Barcelona. El grupo EMM mantiene un compromiso de formación importante con sus estudiantes para garantizar al máximo el aprovechamiento del aprendizaje.	<a href="https://emm.icm.csic.es/">https://emm.icm.csic.es/</a>
JAEINT24_EX_0396	Ruiz López, Noemi	noemi.ruiz@csic.es	INSTITUTO DE HORTOFRUTICULTURA SUBTROPICAL Y MEDITERRANEA LA MAYORA	Identificación de interactores de SYT6, proteína implicada en la dominancia apical en plantas	Recientemente, nuestro grupo de investigación ha identificado la proteína SYT6 en Arabidopsis thaliana y tomate. Los estudios funcionales llevados a cabo han revelado que es una proteína implicada en la determinación de la dominancia apical, por lo que, en su ausencia las plantas muestran un crecimiento alterado. Esta proteína está anclada al retículo endoplásmico a través de su dominio transmembrana y los resultados preliminares sugieren que interacciona con vesículas específicas del trans-golgi network (TGN) a través de sus dominios C2 y su extremo C-terminal coiled-coil, indicando que estaría localizada en puntos de contacto ER-TGN. Lo cual la hace particularmente interesante, ya que sería la primera proteína de plantas identificada con dicha localización subcelular. Además, SYT6 contiene un dominio de transferencia de lípidos (SMP) que podría estar facilitando el intercambio lipídico entre las membranas de estos dos orgánulos. El TGN contiene muchos subdominios y los experimentos Co-IP han demostrado que SYT6 interactúa con VAMP721 pero no con VAMP727, dos proteínas ubicadas en diferentes subdominios de TGN. Además, con experimentos de Turbo ID, hemos identificado ATG18a (implicada en autofagia) y EXOD (un receptor de autofagia) como dos nuevos posibles interactores de SYT6. Por ello, el objetivo de este proyecto es establecer de forma inequívoca y utilizando microscopía confocal, si ATG18a y EXOD co-localizan a nivel subcelular con SYT6, e identificar dónde (en qué orgánulo/s) se produce esta co-localización. Además, se comprobará por inmunoprecipitación y si fuese necesario por otras técnicas (como FRET), su interacción. Todas estas técnicas ya se han puesto a punto en nuestro laboratorio y se utilizan rutinariamente. Dentro del plan de formación se incluirá el aprendizaje de las siguientes actividades: aprendizaje de técnicas básicas de biología molecular (clonación por recombinación, purificación de plásmidos, preparación de inóculos de E.coli, electroforesis, PCR, etc), de trabajo con plantas (Arabidopsis y Nicotiana benthamiana), aprendizaje de técnicas para estudiar proteínas (Western blot y Co-inmunoprecipitación entre otras), aprendizaje a nivel de usuario de microscopía confocal y aprendizaje a nivel de usuario de programas de procesamiento de imágenes. Además, tendrá la oportunidad de asistir a los seminarios organizados regularmente por el IHSM y por nuestro grupo de investigación.	<a href="https://www.ihsm.uma-csic.es/grupos/16">https://www.ihsm.uma-csic.es/grupos/16</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0563	RUIZ MATUTE, ANA ISABEL	ana.ruiz@csic.es	INSTITUTO DE QUIMICA ORGANICA GENERAL	Evaluación de estrategias innovadoras para la evaluación y mejora de la estabilidad de compuestos bioactivos	En la actualidad, los consumidores cada vez son más conscientes de la relación existente entre la alimentación y la salud, por lo que existe un gran interés por la obtención de diferentes ingredientes bioactivos para el desarrollo de nuevos alimentos funcionales o su uso como complementos alimenticios (CA). Sin embargo, dichos compuestos pueden degradarse debido a las condiciones ambientales durante su procesamiento y almacenamiento y, por tanto, pueden verse afectadas las propiedades químicas, sensoriales y bioactivas de estos productos. Además, dichas alteraciones pueden implicar el incumplimiento con el contenido en bioactivos especificado en el etiquetado de los CA y, por tanto, un fraude. Por ello, durante el periodo de formación de esta ayuda, las investigaciones se focalizarán en la evaluación de compuestos bioactivos susceptibles de degradación presentes en CA para la detección de posibles fraudes y en la aplicación de nuevas estrategias, como el uso de nuevos disolventes ecosostenibles, para resolver problemas de estabilidad e incluso solubilidad de dichos compuestos bioactivos. Para ello, la persona candidata se prevé que adquiera una formación multidisciplinar, tanto teórica como práctica, en el manejo de técnicas de preparación de muestra y de análisis, en el tratamiento de datos y análisis de resultados, así como en la búsqueda de información (bases bibliográficas, bibliotecas de espectros, etc.). Se prevé que obtenga las herramientas adecuadas para el manejo de técnicas instrumentales como la cromatografía de líquidos y cromatografía de gases y su acoplamiento a espectrometría de masas, de amplio campo de aplicación en laboratorios de investigación o de control de calidad. Así mismo, le permitirá iniciarse en un campo de especial interés tanto para la industria agroalimentaria como para la sociedad, como es el estudio de ingredientes funcionales y nutracéuticos, en los que resulta determinante asegurar su calidad y estabilidad. Además, se fomentará la asistencia a cursos, seminarios, etc. que ayuden a completar su formación teórico-práctica y se realizarán reuniones periódicas para el seguimiento y control continuado de los conocimientos adquiridos. Es de destacar que, los investigadores del equipo tienen una amplia experiencia en formación y transmisión de conocimientos y en general, todos los estudiantes formados en el laboratorio solicitante han continuado con éxito sus carreras profesionales.	<a href="http://www.iqog.csic.es/es/researchline/grupo-de-analisis-instrumental-en-medio-ambiente-alimentos-y-salud">http://www.iqog.csic.es/es/researchline/grupo-de-analisis-instrumental-en-medio-ambiente-alimentos-y-salud</a>
JAEINT24_EX_1298	RUIZ TRILLO, IÑAKI	inaki.ruiz@ibe.upf-csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA EVOLUTIVA	Unraveling the origin of animals	Ever wonder how animals went from single-celled organisms to amazing multicellular creatures? We, at the MultiCellGenome lab, are diving deep into the secret lives of the closest unicellular relatives to animals. We work with four groups of unicellular organisms that could be the next big stars in cell biology and evolutionary research! We use a multidisciplinary approach to understand how both genes and cellular processes changed during evolution. We've developed transformation and genome editing techniques, which basically means you can test your own ideas about how these organisms work! Imagine unlocking the secrets of how these single-celled ancestors morphed into the first animals! Check out these links for some pictures and videos of these unicellular relatives of animals: Link to MultiCellGenome Flickr: <a href="https://www.flickr.com/people/146564503@N06/">https://www.flickr.com/people/146564503@N06/</a> Link to MultiCellGenome YouTube: <a href="https://www.youtube.com/user/multicellgenomelab">https://www.youtube.com/user/multicellgenomelab</a> Link to a recent research paper: <a href="https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0960982221008903">https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0960982221008903</a> If you're a JAE-Intro student, you could join our project and become an expert on these emerging models. You'll answer questions about their life cycles, how they change throughout their lives, and even edit their genomes to see what happens! Plus, you'll learn awesome techniques like molecular biology, cell culture, microscopy, and computational tools.	<a href="https://multicellgenome.com">https://multicellgenome.com</a>
JAEINT24_EX_1196	RUIZ-CAPILLAS PEREZ, CLAUDIA	claudia@ictan.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIA Y TECNOLOGIA DE ALIMENTOS Y NUTRICION	Innovación en el uso de insectos para el desarrollo de productos cárnicos más sostenibles	En el marco de la convocatoria de las Becas JAE Intro 2024 y en relación con las líneas de investigación del Investigador Responsable (IR) la Dra. Claudia Ruiz-Capillas se ofrece un plan de formación para un JAEIntro en una temática novedosa como es el uso de insectos comestibles para el desarrollo de productos cárnicos más sostenibles. Las actividades a desarrollar por el JAEIntro se centrarán en la elaboración de productos cárnicos con distintos insectos comestibles que sean sostenibles y beneficiosos para el consumidor. Esta es una de las líneas de trabajo de la Investigadora Responsable y de su grupo de investigación (INDMEAT) que viene abalada por los distintos proyectos que actualmente está llevando a cabo en esta temática, en colaboración con la Universidad Federal de Bahía (Brasil). De forma más concreta las tareas a realizar por la persona y en colaboración con otros estudiantes y miembros del grupo serán fundamentalmente: * Actividades a nivel de planta piloto: - Preparación de ingredientes y equipos. - Elaboración de distintas formulaciones de productos cárnicos. - Ensayos de envasado, etc. * Actividades a nivel de laboratorio: - Estudios de composición (proteína, grasa, aminoácidos, ácidos grasos, etc.). - Análisis de propiedades tecnológicas: pérdidas de agua y grasa, pH, color, oxidación lipídica, textura, etc. - Análisis sensorial adecuado al tipo de producto - Estudios microbiológicos (TVC, LAB, etc.) - Estudios de estabilidad en conservación en refrigeración y congelación - Recopilación de resultados, análisis estadístico, y preparación de informe. Los medios científico-técnicos, infraestructura para llevar a cabo estas tareas son los que se viene utilizando de forma habitual en la ejecución de los trabajos de investigación del grupo INDMEAT. En el tiempo que permanezca la persona en formación estará supervisado por el investigador responsable y contará además con la ayuda de los miembros del grupo de investigación para la realización de las distintas actividades. Esta es una oportunidad para los estudiantes universitarios interesados en conocer más de cerca la realidad de la investigación científica y el trabajo y las actividades en un laboratorio. todo ello le ayudara a saber si esta es una opción para su futuro.	<a href="https://www.ictan.csic.es/grupos-de-investigacion/innovacion-en-el-desarrollo-caracterizacion-y-conservacion-de-productos-carnicos-indmeat/">https://www.ictan.csic.es/grupos-de-investigacion/innovacion-en-el-desarrollo-caracterizacion-y-conservacion-de-productos-carnicos-indmeat/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0019	RUIZ-JARABO DE LA ROCHA, IGNACIO	ignacio.ruizjarabo@csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS MARINAS DE ANDALUCIA	Mejora de las condiciones de mantenimiento en acuicultura del pulpo común ( <i>Octopus vulgaris</i> )	Se busca a persona matriculada en un Máster relacionado con biología, acuicultura, bioinformática, o ciencias del mar. La persona candidata se incorporará en el plan del trabajo del proyecto "OCTOFARE (Octopus Welfare)", financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación. El proyecto busca describir marcadores de estrés en cefalópodos para mejorar su bienestar en cultivo. Para ello se usarán técnicas de secuenciación masiva del ARN, metabolómica, y bioquímica clásica entre otras, así como metodologías novedosas de mantenimiento para pulpos. Sus tareas incluirán colaborar en: i) el mantenimiento de los animales; ii) desarrollo de metodologías no invasivas para evaluar el bienestar de los mismos (mediante análisis del comportamiento y de la tasa metabólica); iii) análisis de actividades enzimáticas y de recursos energéticos mediante bioquímica; iv) aprendizaje de metodologías estadísticas; e v) iniciación a la escritura científica. La persona se incorporará al grupo de investigación de Acuicultura del ICMAN-CSIC, donde podrá establecer contactos con otros investigadores y estudiantes que trabajan con otros taxones de interés, como peces teleosteos. La persona solicitante deberá poder hablar y escribir en inglés correctamente (similar a un nivel B2 o superior).	<a href="http://www.icman.csic.es/es/departamentos/biologia-marina-y-acuicultura/">http://www.icman.csic.es/es/departamentos/biologia-marina-y-acuicultura/</a>
JAEINT24_EX_0797	RUIZ-MATEOS CARMONA, EZEQUIEL	e.ruiz-mateos.carmona@csic.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA DE SEVILLA	Análisis de la calidad del reservorio del VIH-1 en controladores de élite persistentes y en personas bajo cART a largo plazo, asociación con parámetro	El personal contratado con la presente ayuda de formación participará en los seminarios semanales del grupo, también participará en las sesiones que cada dos semanas se realizan en el Área de Enfermedades Infecciosas e Inmunología del Instituto de Biomedicina de Sevilla (IBIS), así como a los seminarios correspondientes al Ciclo de seminarios anual del IBIS. En estos seminarios, en el que participan científicos de excelencia nacional e internacional, tendrá la oportunidad de entrevistarse con ellos junto con el IP del grupo. Adicionalmente, asistirá a Congresos Nacionales en el ámbito de las Enfermedades Infecciosas (Congreso Nacional de GESIDA) y de la Sociedad Española de Inmunología (SEI). El personal contratado también asistirá a distintos cursos de formación que se llevan a cabo en el IBIS. A nivel experimental la persona contratada, aprenderá cómo separar células mononucleares de sangre periférica (PBMCs) de pacientes infectados por el VIH y de donantes no infectados en condiciones de bioseguridad adecuadas. También aprenderá a separar linfocitos CD4+ por aislamiento magnético y a extraer ácidos nucleicos de los distintos tipos celulares. Adicionalmente, aprenderá, mediante los cursos del IBIS y el personal del Laboratorio de Inmunovirología, a usar los distintos citómetros de flujo y separadores disponibles en el centro, con objeto de cuantificar y caracterizar distintas subpoblaciones de la inmunidad innata y adaptativa. La persona contratada también adquirirá conocimiento para amplificar material genético del virus por reacción en cadena de la polimerasa (PCR) tanto cuantitativa convencional, como por PCR digital y realizará electroforesis en gel de dichas amplificaciones cuando sea necesario, con objeto de aprender distintos métodos de cuantificación del reservorio VIH (por ej. Niveles de provirus intactos y defectivos, entre otros). Todos estos trabajos serán supervisados por los investigadores postdoctorales del grupo, personal técnico y el propio IP.	<a href="https://www.ibis-sevilla.es/es/investigacion/enfermedades-infecciosas-y-del-sistema-inmunitario/inmunovirologia/">https://www.ibis-sevilla.es/es/investigacion/enfermedades-infecciosas-y-del-sistema-inmunitario/inmunovirologia/</a>
JAEINT24_EX_0562	SABATER PICOT, MJOSE	mj.sabater.picot@csic.es	INSTITUTO DE TECNOLOGIA QUIMICA	Obtención de ácidos carboxílicos con CO <sub>2</sub> via catalisis con metales de transición soportados	El CO <sub>2</sub> es una fuente de C1 ideal en síntesis orgánica debido a su alta abundancia, bajo costo, no toxicidad y renovabilidad. Durante el periodo de formación de la beca JAE-INTRO se abordará la transformación de CO <sub>2</sub> en productos químicos de alto valor añadido, como son los ácidos carboxílicos empleando catalizadores basados en metales de transición soportados a través de la carboxilación de enlaces C-H [1,2]. El Plan de Formación de la Beca JAE-INTRO contempla: 1) Preparación de catalizadores heterogéneos basados en metales de transición soportados capaces de llevar a cabo esta transformación, mediante procesos clásicos de deposición de metales (i.e. impregnación/co-impregnación, deposición/precipitación...) para ser calcinados a continuación en un última etapa. 2) Estos metales serán preferentemente metales no nobles (i.e. Cu, Fe, Ni, ...) los cuales serán incorporados en diferentes soportes de elevada superficie específica. Cuando esta transformación se lleve a cabo en medio acuoso se emplearán soportes hidrofóbicos con objeto de aumentar su estabilidad hidrotérmal (i.e. óxidos de Si micro y mesoporosos, óxidos metálicos hidrofóbicos, tales como ZrO <sub>2</sub> , óxidos mixtos de Mo-Zr, carbonos...). 3) Los catalizadores serán caracterizados convenientemente desde el punto de vista textural, estructural y de composición química. 4) Se identificará y definirá el centro activo necesario para llevar a cabo la transformación con ayuda de técnicas convencionales de caracterización. 5) El screening de catalizadores se llevará a cabo empleando reactores autoclave de tipo batch que permitan llevar a cabo toma de muestra a intervalos. 6) Se procederá a la modificación de las características físico-químicas de los catalizadores hasta conseguir la optimización del mejor catalizador (maximizando actividad/selectividad), tratando de correlacionar este cambio en sus propiedades con la capacidad catalítica. 6) Se optimizarán las condiciones de reacción tratando de maximizar la actividad/selectividad. 7) Se llevarán a cabo estudios cinéticos/mecanísticos preliminares sobre el proceso. El estudiante se integrará en una de las líneas de investigación que lleva a cabo el grupo de investigación, lo cual implica una supervisión diaria. Esto contribuirá a un crecimiento continuo en las tareas y el conocimiento sobre el tema durante su estancia. Referencias 1) Y-X., Luan, M. Ye, Tetrahedron Lett. 2018, 59, 853–861. doi: 10.1016/j.tetlet.2018.01.035 2) K. Michigami	Diseño molecular de catalizadores

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0557	SAINZ DIAZ, CLARO IGNACIO	ci.sainz@csic.es	INSTITUTO ANDALUZ DE CIENCIAS DE LA TIERRA	Adsorción de compuestos bioactivos en arcillas funcionalizadas con aplicación terapéutica	Investigación sobre aplicación de filosilicatos para diseñar materiales nanoestructurales con compuestos bioactivos de interés farmacéutico. La investigación que se propone es de carácter interdisciplinar que abarca desde la escala atómica por métodos computacionales pasando por preparación de materiales a escala de laboratorio y su caracterización. El alumno aprenderá el uso de ordenadores y recibirá una formación completa en el uso de sistemas operativos, software de diseño gráfico y programas de cálculo intensivo con conceptos introductorios teóricos de diseño de fármacos y modelado molecular basados en átomos y moléculas, uso de laboratorio químico y conocimientos de análisis instrumental de caracterización de sólidos. El alumno aprenderá nociones de Cristalografía, Química orgánica, Química-Física, Mineralogía y Tecnología Farmacéutica. Esta preparación será de utilidad para futuros trabajos profesionales con aplicaciones en la industria farmacéutica y medioambiental. Este proyecto tiene algunas aplicaciones industriales en el diseño y desarrollo de materiales nanoestructurados para la liberación controlada de fármacos optimizando su efecto y minimizando los efectos toxicológicos y de resistencia del uso de dichos compuestos bioactivos, y en aplicaciones medioambientales de remediación de suelos contaminados. Un doctor apoyará permanentemente durante la estancia junto con una supervisión continua del investigador principal. Esta acción se encuadra dentro del proyecto de Excelencia P18-RT-3786 de la Junta de Andalucía. Requisitos: Grado o master en Farmacia, en Química o Física	<a href="https://rmm363.csic.es">https://rmm363.csic.es</a>
JAEINT24_EX_0648	SAIZ ZALABARDO, MARGARITA	msaiz@cbm.csic.es	CENTRO DE BIOLOGIA MOLECULAR SEVERO OCHOA	Implicación de la actividad de proteasas virales en estrategias de evasión inmune	El trabajo se englobará en un proyecto de virología molecular centrado en el análisis de la implicación de las proteasas Leader y 3C del virus de la fiebre aftosa (FMDV) en la evasión y bloqueo de los mecanismos celulares de respuesta antiviral. El trabajo experimental incluirá ensayos dirigidos a detectar y caracterizar la interferencia de las proteasas con distintas rutas de señalización y su interacción con una serie de proteínas efectoras como dianas potenciales para estrategias de antagonismo viral. Se realizarán ensayos de co-transfección en líneas celulares humanas y porcinas de plásmidos que expresan las dos proteasas virales en versión wildtype o bien como mutantes catalíticamente inactivos y, por otro lado, distintos efectores de la respuesta antiviral basada en interferón (IFN) tipo I (RIG-I-like receptors, cGAS/STING) o proteínas implicadas en otros mecanismos de defensa celular como la interferencia de RNA (RNAi). Mediante el estudio comparativo del patrón de proteínas obtenido en cada caso por inmunoblot, se identificarán posibles productos de degradación específicos que serán confirmados mediante controles de apoptosis y las regiones diana, en estudios posteriores, mediante mutagénesis dirigida. Las interacciones proteasa-proteína diana serán también confirmadas a nivel intracelular mediante ensayos de co-inmunoprecipitación. El impacto de los posibles efectos detectados en una proteína determinada sobre la respuesta inmune innata se determinará analizando y cuantificando los niveles de los mRNAs de IFN $\beta$ y genes inducibles por IFN (ISGs) en las células transfectadas. Metodología a aplicar: técnicas básicas de virología molecular y biotecnología de RNA, mantenimiento y propagación de líneas celulares eucariotas en cultivo, ensayos de transfección, inmunoblot, RT-PCR, bioensayos de IFN, ensayos de actividad dual de luciferasa, inmunoprecipitación.	<a href="https://www.cbm.uam.es/msaiz">https://www.cbm.uam.es/msaiz</a>
JAEINT24_EX_1135	SALA FARRE, MARIA MONTSERRAT	msala@icm.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS DEL MAR	Comunidades microbianas asociadas a contaminantes de preocupación emergente en el océano.	Los contaminantes de preocupación emergente (CECs) son un grupo de agentes que han originado reciente preocupación por sus riesgos potenciales sobre los ecosistemas y la salud humana. A pesar de ello, muchos de estos contaminantes no están regulados y pueden causar peligros imprevistos. Los microorganismos se encuentran en la base de la red trófica en los ecosistemas y son clave en los ciclos biogeoquímicos del océano. Por ello, cualquier alteración que les afecte puede tener graves consecuencias sobre los ecosistemas marinos. Los CECs comprenden un gran número de compuestos químicos como pesticidas, retardantes de llama, productos farmacéuticos, etc, pero también se incluyen agentes biológicos, patógenos como las bacterias resistentes a antibióticos (ARBs). Debido a que se originan por la actividad humana, la llegada de estos contaminantes tiene lugar preferentemente a través de plantas depuradoras, en la zona costera. Sin embargo, apenas se conoce cuál es la distribución de CECs así como de la composición de las comunidades microbianas y de los genes que expresan estas bacterias en presencia de los CECs en las aguas y sedimentos del océano profundo <b>OBJETIVOS</b> El objetivo principal de la tesis es estudiar la diversidad microbiana y de genes en relación con los contaminantes de preocupación emergente en ecosistemas marinos contrastados, con especial énfasis en los genes de resistencia a los antibióticos (ARGs) PLAN DE TRABAJO El plan de trabajo incluye el análisis de muestras recogidas en diferentes ecosistemas del Mar Mediterráneo, incluyendo agua, sedimentos y biota. De las muestras, el material genético será extraído. La composición del microbioma y la expresión génica se determinarán mediante aproximaciones ómicas: metabarcoding, metagenómica y metatranscriptómica. Los metagenomas y los metatranscriptomas serán ensamblados, y los genomas abundantes más abundantes se extraerán de los metagenomas (metagenome-assembled genomes, MAGs). Los taxones y genes encontrados en las muestras se relacionarán con las concentraciones de CECs determinadas en el IDAEA (CSIC).	<a href="https://emm.icm.csic.es/">https://emm.icm.csic.es/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0204	SALESA CALVO, MANUEL JESUS	msalesa@mncn.csic.es	MUSEO NACIONAL DE CIENCIAS NATURALES	Anatomía funcional de la cintura pélvica en fósiles actuales	Los objetivos del estudio son: 1) Descripción anatómica de la cintura pélvica de varias especies de fósiles actuales; 2) Descripción anatómica comparativa de la cintura pélvica de varias especies de los fósiles fósiles; y 3) Elaboración de hipótesis funcionales que expliquen las diferencias observadas entre las formas fósiles y actuales. Los especímenes actuales objeto de estudio proceden de las colecciones del Museo Anatómico de la Universidad de Valladolid y del Museo Nacional de Ciencias Naturales-CSIC, y consisten en esqueletos completos, desarticulados y limpios, preparados para el estudio individual de cada elemento óseo. La metodología a seguir es: a) Consulta de atlas musculares y bibliografía para la descripción y comparación anatómica de la cintura pélvica de carnívoros fósiles y actuales, realizando a la vez dibujos y esquemas donde se destaquen las áreas de inserción muscular; b) Realización de disecciones de especímenes frescos para la obtención de datos anatómicos directos (esto queda supeditado a la disponibilidad de especímenes); c) Recopilación de información sobre modo de vida, ecología y adaptaciones funcionales de las diferentes especies de fósiles actuales; y d) Propuesta de hipótesis funcionales que expliquen las diferencias anatómicas observadas entre fósiles y actuales. Plan de formación: el proyecto se llevará a cabo en las instalaciones del Museo Nacional de Ciencias Naturales-CSIC, pero también incluye la participación del alumno en las excavaciones paleontológicas que coincidan con el periodo de disfruta de la beca JAE Intro propuesta. Por ello, durante su estancia en el museo, el alumno tendrá ocasión de recibir una doble formación: 1) Aproximación a los métodos de estudios morfofuncionales en Paleobiología: el alumno llevará a cabo estos estudios en las instalaciones del museo, manejando esqueletos actuales, fósiles y bibliografía; y 2) Aprendizaje de las técnicas de excavación paleontológica; parte importante del trabajo del paleontólogo es la excavación de los fósiles, para lo que se necesita aprender una serie de técnicas que garanticen la integridad de los mismos durante su extracción, ya que son elementos muy delicados. Este aprendizaje se realizará durante las excavaciones que realizamos de junio a septiembre en diferentes yacimientos españoles.	<a href="https://www.mncn.csic.es/es/quienes_somos/salesa-calvo-manuel-jesus">https://www.mncn.csic.es/es/quienes_somos/salesa-calvo-manuel-jesus</a>
JAEINT24_EX_0872	SALVADOR VICO, JUAN PABLO	jpablo.salvador@iqac.csic.es	INSTITUTO DE QUIMICA AVANZADA DE CATALUÑA	Caracterización y desarrollo de técnicas inmunoquímicas para la detección de factores de virulencia específicos para Staphylococcus aureus.	Staphylococcus aureus (SA) es una bacteria Gram + y causa principal de infecciones tanto de origen comunitario como hospitalario. SA se caracteriza por ser un microorganismo comensal y oportunista patogénico, que coloniza gran parte de la población general. Cabe destacar las cepas resistentes como la SA metilina-resistente (MRSA), causa principal de infecciones resistente a la mayoría de antibióticos que existen en el mercado. SA utiliza un sofisticado sistema de comunicación bacteriana, denominado Quorum Sensing (QS), basado en la liberación de autoinductores de naturaleza peptídica (AIPs) que controla su crecimiento, sincronización, formación de biofilm así como la liberación de factores de virulencia (FV). Dentro de los FV especímenes de SA podemos destacar la $\alpha$ -Hemolisina (Hla) o la $\delta$ -hemolisina (Hld), específicas de SA y responsables del daño tisular. Actualmente, el grupo de Nanobiotecnología para el Diagnóstico (Nb4D) del IQAC-CSIC, dispone de una batería de anticuerpos para la detección de los diferentes AIPs expresados por SA con el objetivo de desarrollar kits de diagnóstico en las fases tempranas de la infección provocada por SA. Si bien, este trabajo se encuentra en una fase avanzada, se ha visto la necesidad de tener disponible un ensayo para la detección en las fases tardías de la infección y que sea dependiente del QS de SA. Es por ello, que se propone la producción y caracterización de anticuerpos específicos contra Hemolisinas. El candidato se involucraría en el grupo de investigación Nb4D como investigador en formación donde adquiriera los conceptos básicos en el desarrollo de técnicas inmunoquímicas. También, tendrá la oportunidad de presentar sus resultados en seminarios científicos, asistencia a cursos especializados dentro del catálogo del CSIC. Para ello se propone el siguiente plan de trabajo: • Producción de anticuerpos contra Hla. Se dispondrá de la proteína y se procederá su inmunización mediante protocolos bien establecidos en el laboratorio. Se evaluará la evolución de la respuesta inmune a lo largo del tiempo mediante ensayos de tipo ELISA ID. • Desarrollo de un ELISA Sandwich para Hla. Una vez obtenidos los anticuerpos, se evaluarán los mejores pares de anticuerpo de captura-detección para la determinación cuantitativa de Hla. Esta tarea requerirá el marcaje del anticuerpo de detección mediante biotina. • Caracterización analítica del ELISA para Hla. Se determinará el Límite de detección, I	<a href="https://nb4d.csic.es/">https://nb4d.csic.es/</a>
JAEINT24_EX_0126	SAN MARTIN PASTRANA, M.CARMEN	carmen@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Descifrando virus complejos: estructuras in vitro, desensamblaje in vivo, e inactivación con nuevos materiales	Los virus son patógenos causantes de enfermedades, pero también pueden utilizarse como nanocontenedores o vectores terapéuticos. Son ubicuos y desempeñan un papel importante en la regulación del ciclo del carbono. Provocan la selección natural de los hospedadores y facilitan la transferencia horizontal de genes. En consecuencia, los virus son actores principales del desarrollo de la vida en la Tierra. Nuestro grupo investiga el ensamblaje de virus complejos, y su desensamblaje en la célula hospedadora para iniciar con éxito un nuevo ciclo infeccioso. Nos centramos en virus de interés en biomedicina, evolución vírica y ecología marina. Utilizamos técnicas avanzadas de microscopía (criomicroscopía electrónica, criotomografía electrónica, y criomicroscopía correlativa óptica y electrónica) para resolver estructuras de partículas virales purificadas, así como para obtener imágenes de los víriones durante la entrada o ensamblaje en la célula. En una colaboración interdisciplinar con expertos en química y física de la materia condensada, analizamos las propiedades virucidas de nuevos materiales. Nuestros objetivos principales son: explorar la variabilidad estructural de la virosfera y avanzar en nuestro conocimiento de los principios generales del ensamblaje, desensamblaje y función de los virus complejos. Resolver las estructuras de virus recién descubiertos ayudará a descubrir nuevos plegamientos y funciones biológicas, y a dilucidar las vías evolutivas de estos parásitos obligados y sus hospedadores. Comprender los mecanismos del ensamblaje, de la entrada en la célula y la liberación del genoma es esencial para mejorar la eficacia de vectores terapéuticos virales o diseñar nuevos fármacos antivirales. El desarrollo de nuevos materiales virucidas y la comprensión de las bases moleculares de la inactivación de virus son pasos clave para hacer frente a una amplia variedad de virus patógenos. El estudiante participará en proyectos relacionados con la propagación, purificación y caracterización molecular y estructural de distintos especímenes virales, así como en el análisis de la posible actividad virucida de nuevos materiales.	<a href="http://www.user.cnb.csic.es/~sanmartinlab">http://www.user.cnb.csic.es/~sanmartinlab</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0074	SAN SEGUNDO NIETO, PEDRO ANTONIO	pedro.ss@csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA FUNCIONAL Y GENOMICA	¿Cómo prevenir la formación de gametos aneuploides?	La meiosis es la división celular especializada encargada de la producción de gametos haploides a partir de células parentales diploides (la gametogénesis). La precisión en la distribución de los cromosomas a los gametos es crítica para generar una descendencia sana y para la supervivencia de las especies. Los errores en la meiosis originan aneuploidías y, en humanos, son la principal causa de patologías asociadas a la reproducción dando lugar a problemas de fertilidad, abortos espontáneos o defectos genéticos de nacimiento como, por ejemplo, el síndrome de Down. Para evitar estos problemas, las células meióticas poseen sistemas de vigilancia (checkpoints) que monitorizan la distribución correcta del material genético a los gametos. Nuestro objetivo es profundizar en el conocimiento de estos mecanismos moleculares de checkpoint que controlan la dinámica de los cromosomas meióticos, puesto que es fundamental para entender las causas de las pérdidas de embarazos, la infertilidad y ciertas enfermedades congénitas. Para estudiar los controles de calidad meióticos que aseguran la segregación adecuada de los cromosomas, se utilizará como sistema modelo de estudio la levadura <i>Saccharomyces cerevisiae</i> . Esta levadura constituye un valioso modelo para investigar la meiosis en general y los checkpoints meióticos en particular, puesto que los mecanismos fundamentales que regulan estos procesos en este organismo eucariota unicelular son muy similares a los que lo hacen en las células germinales humanas. Mediante una combinación de estrategias genéticas, citológicas y moleculares, en este proyecto se investigará la contribución funcional de proteínas conservadas evolutivamente que modulan la activación y desactivación del checkpoint meiótico determinando la eficiencia de la progresión del ciclo celular meiótico y la distribución de los cromosomas a los gametos.	<a href="https://ibfg.usal-csic.es/pedro-san-segundo-en.html">https://ibfg.usal-csic.es/pedro-san-segundo-en.html</a>
JAEINT24_EX_0838	SANCHEZ ALVAREZ, MIGUEL	msalvarez@ib.uam.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES BIOMEDICAS SOLS-MORREALE	Caracterización de una nueva E3 ubiquitin ligasa que coordina secreción e inflamación en la célula.	El establecimiento de un ambiente inflamatorio, y la deposición y remodelado de matriz extracelular rica en colágeno es un proceso complejo y secuencial común a la mayoría de condiciones fisiológicas de reparación tisular. Su disregulación está asociada a múltiples patologías que cursan con fibrosis y desmoplasia. Pero aún no entendemos bien los mecanismos moleculares a través de los cuales estas dos funciones se comunican y coordinan. En nuestro laboratorio estamos interesados en nuevos mecanismos que comunican física y funcionalmente el aparato secretor celular con redes de señalización inflamatoria. El proyecto de formación del candidato/a estaría enfocado en contribuir a caracterizar una nueva E3 ubiquitin ligasa, identificada en trabajo previo del laboratorio, que potencialmente regula esta comunicación entre ambos sistemas celulares. PLAN DE TRABAJO - Purificación e identificación de proteínas ubiquitadas en células wild type vs células editadas KO para nuestra diana de estudio - Estudios de validación utilizando aproximaciones de biología celular y bioquímica estándar - Ensayos funcionales para estudiar la relevancia de estos mecanismos en el control de la inflamación y secreción celular, testando sustratos específicos FORMACIÓN ESPECÍFICA - Procedimientos de biología molecular (manipulación de ácidos nucleicos, clonaje molecular) - Principios de cultivo celular y transfección - Procedimientos de purificación por afinidad y análisis de proteínas (preparación de muestras para proteómica, análisis por western blot) - Principios de análisis funcional de rutas de señalización - Diseño e interpretación experimental, comunicación de resultados	<a href="https://www.iib.uam.es/en/web/iibm/departamentos?p_p_id=APGIportlet_WAR_IIBMMapPortlets_INSTANCE_kZizqVBI9jPM8p_p_lifecycle=0&amp;_APGIportlet_W">https://www.iib.uam.es/en/web/iibm/departamentos?p_p_id=APGIportlet_WAR_IIBMMapPortlets_INSTANCE_kZizqVBI9jPM8p_p_lifecycle=0&amp;_APGIportlet_W</a>
JAEINT24_EX_0234	SANCHEZ ARGUELLO, PALOMA	arguello@inia.csic.es	INSTITUTO NACIONAL DE INVESTIGACION Y TECNOLOGIA AGRARIA Y ALIMENTARIA	MÉTODOS ALTERNATIVOS EN ECOTOXICOLOGÍA: ENSAYOS IN VIVO CON INVERTEBRADOS Y ENSAYOS IN VITRO CON VERTEBRADOS.	El objetivo es formar al beneficiario/a en ensayos biológicos para estudiar los efectos de los contaminantes en organismos acuáticos recurriendo a metodologías alternativas a los estudios in vivo con vertebrados. Adquirirá habilidades para utilizar las técnicas que se describen a continuación, así como los conocimientos para diseñar estrategias "inteligentes" en la evaluación de contaminantes ambientales y/o sus mezclas, mediante la aplicación de un esquema escalonado en el que la complejidad de los sistemas biológicos va aumentando para ir disminuyendo la incertidumbre sobre los efectos potencialmente adversos de dichos contaminantes sobre el medio ambiente. Ensayos in vivo: Se trabajará con dos especies de invertebrados <i>Chironomus riparius</i> y <i>Physa acuta</i> . Los ensayos se realizarán según las guías estandarizadas de la OECD (Guidelines for testing chemicals. Section 2) para <i>C. riparius</i> (No. 219, 218, 233 y 235), en el caso de <i>Physa acuta</i> utilizaremos las guías desarrolladas para especies similares (No. 243), así como nuevos ensayos desarrollados en el Laboratorio de Ecotoxicología. Se realizarán tareas de mantenimiento de invertebrados acuáticos en cultivo. Aislamiento de estadios del ciclo de vida (larva, pupa, huevo, juvenil y adulto). Se llevarán a cabo ensayos en sistemas agua-sedimento ( <i>C. riparius</i> ) y de columna de agua ( <i>P. acuta</i> ) para determinar efectos en el crecimiento y desarrollo hasta la madurez, reproducción, fecundidad y fertilidad, así como efectos en el desarrollo embrionario, todos ellos parámetros ecológicamente relevantes, que son extrapolables a efectos poblacionales. Ensayos in vitro: Se trabajará con la línea RTG-2, células derivadas de tejido gonadal de trucha arcoiris, según la guía estandarizada de la OECD No. 249, y otros ensayos no estandarizados. El mantenimiento de la línea celular se realiza en condiciones de esterilidad en campana de flujo laminar por lo que se utilizarán técnicas de preparación de material estéril, de medios de cultivo, congelación y descongelación de células en nitrógeno líquido. Cultivo y subcultivo celular en flasks y placas multipocillo tras contaje manual mediante cámara de Neubauer. Exposición a contaminantes y mezclas (efluentes, lixiviados, mezclas eutécticas, etc). Ensayos de citotoxicidad (Rojo Neutro, MTT, ROS, CFDA-AM y Alamar Blue y actividades enzimáticas).	<a href="https://www.inia.es/investigacion/Medio%20ambiente%20y%20agronomia/Ecotoxicolog%C3%ADa/Ecotoxicolog%C3%ADa%20y%20evaluaci%C3%B3n%20de%20ries">https://www.inia.es/investigacion/Medio%20ambiente%20y%20agronomia/Ecotoxicolog%C3%ADa/Ecotoxicolog%C3%ADa%20y%20evaluaci%C3%B3n%20de%20ries</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0679	SANCHEZ BALLESTA, MARIA TERESA	mballesta@ictan.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIA Y TECNOLOGIA DE ALIMENTOS Y NUTRICION	Tratamientos cortos con altos niveles de CO2 en el mantenimiento de la calidad postcosecha de moras: Aspectos tecnológicos y moleculares	Las moras ( <i>Rubus fruticosus</i> L.) comparten con otros rojos, su limitada vida postcosecha debido a sus altas tasas de respiración, sus frágiles estructuras y su alta susceptibilidad a la pudrición fúngica. Para superar esta desventaja, el almacenamiento de la fruta a temperaturas cercanas a 0°C es una práctica recomendada para prolongar su vida de almacenamiento postcosecha. Sin embargo, el uso del almacenamiento en frío como tecnología para mantener la calidad de los frutos rojos por sí sola no es suficiente, ya que se produce el ablandamiento y la pudrición de las bayas. Además, en el caso de las moras, un aspecto distinto a tener en cuenta durante la postcosecha es la aparición de la reversión de la drupa roja (RDR). Esta condición conduce a la transformación de drupas individuales que son inicialmente negras en el momento de la cosecha en un color rojo durante la postcosecha. Además, se asocia con drupas flácidas y un aumento en la pérdida de peso de la fruta. Todos estos factores contribuyen a que su vida postcosecha sea una de las más cortas entre las frutas blandas, haciendo que la conservación de las moras sea un reto aún mayor. Por ello, es necesario avanzar en el conocimiento de tecnologías que puedan mantener la calidad de las moras tras la cosecha. La aplicación de tratamientos gaseosos a baja temperatura durante periodos cortos (1-3 días), en los que el grupo POSTBIOTEC tiene una amplia experiencia en otros frutos rojos, podría crear las condiciones óptimas para mantener la calidad de las moras durante la postcosecha, evitando los efectos adversos mencionados anteriormente. Por ello, durante el periodo de disfrute de la JAEntró el/la candidato/a definirá el tratamiento adecuado a corto plazo con altos niveles de CO2 para prolongar el periodo de almacenamiento y mantener la calidad de las moras durante la conservación a baja temperatura, abordando cuestiones como la reversión de la drupa roja (RDR), la podredumbre y la pérdida de firmeza, incorporando enfoques tanto tecnológicos como moleculares. Se analizarán diferentes parámetros de calidad fisiológicos y fisicoquímicos. Por otro lado, se analizará la expresión de genes, mediante PCR en tiempo real, relacionados con la degradación de la pared y se relacionarán los cambios observados con los análisis de firmeza.	<a href="https://www.ictan.csic.es/miembros-ictan/ma-teresa-sanchez-ballesta/">https://www.ictan.csic.es/miembros-ictan/ma-teresa-sanchez-ballesta/</a>
JAEINT24_EX_0139	SÁNCHEZ CÉSPEDES, JAVIER	jsanchez-ibis@us.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA DE SEVILLA	Salicylamide derivatives of niclosamide for use as broad-spectrum antiviral agents	PROJECT DESCRIPTION There is an urgent need to develop new families of broad-spectrum antiviral drugs able to block virus infection and dissemination by targeting host factors, which would increase their spectrum of clinical utility while reducing the chances of viral resistance. In addition, the repurposing of drugs is gaining increasing interest as a more efficient, cheaper, and faster alternative to the generation of new antiviral therapies. An example of this is niclosamide, an anthelmintic drug approved by the health authorities that has been shown to have significant antiviral activity in vitro against a wide variety of viruses including SARS-CoV-2, IV, CHIKV, WNV, DENV, VACV, CMV, and HAdV, which also support a potential host target. However, the poor aqueous solubility of niclosamide, as well as its low oral bioavailability and moderate cytotoxicity, pose important limitations that must be addressed before it can be used in clinic as a broad-spectrum antiviral agent. Toward this end, two years ago we began a collaboration with the group of Prof. Jia Zhou from the Department of Pharmacology and Toxicology at the University of Texas Medical Branch, TX, USA, to identify novel niclosamide derivatives with improved broad-spectrum antiviral activity and enhanced pharmacokinetics. After evaluating the antiviral activity against HAdV of a series of newly designed and synthesized salicylamide niclosamide derivatives, we have identified several druglike molecules that showed potent antiviral effects at submicromolar concentrations and different mechanisms of action. The present project will be oriented to optimize the antiviral activity of these derivatives. TASK TO DEVELOP BY THE STUDENT: The student will participate in the implement of the cellular and molecular techniques required to achieve the proposed research objectives. She/he will be in charge of the maintenance of the cells lines used in this project along the duration of her/his stay. She/he will carry out the purification, propagation, production and storage of viral particles stocks of the pseudotyped virus and the influenza virus. The student will use techniques of molecular and cell biology such as, viral plaque assays to evaluate de antiviral activity of the selected compounds, or RT-PCR for the mechanistic assays. The student will implement infection protocols with adenovirus, influenza virus A and cytomegalovirus.	<a href="https://www.ibis-sevilla.es/investigacion/enfermedades-infecciosas-y-del-sistema-inmunitario/infecciones-viricas-y-en-pacientes-inmunodeprim">https://www.ibis-sevilla.es/investigacion/enfermedades-infecciosas-y-del-sistema-inmunitario/infecciones-viricas-y-en-pacientes-inmunodeprim</a>
JAEINT24_EX_0303	SANCHEZ COLL, NURIA	nuria.coll@csic.es	CENTRO DE INVESTIGACION AGRIGENOMICA	Caracterización de los mecanismos que regulan la resistencia contra el patógeno vascular <i>Ralstonia solanacearum</i> en tomate	Las plantas de tomate resistentes al patógeno causante del marchitamiento bacteriano <i>Ralstonia solanacearum</i> poseen la capacidad de restringir el movimiento bacteriano dentro de la planta. Se cree que los refuerzos inducibles en la pared celular vascular son cruciales para confinar a <i>R. solanacearum</i> en el sistema vascular de las variedades de tomate resistentes. Sin embargo, los compuestos específicos involucrados en estas barreras físico-químicas vasculares aún no se comprenden completamente, a pesar de su papel crítico en la resistencia. Este proyecto tiene como objetivo dilucidar la naturaleza de la formación inducida por <i>R. solanacearum</i> de recubrimientos vasculares en plantas de tomate resistentes utilizando una combinación de técnicas histológicas e imágenes en vivo, junto con análisis espectroscópicos y de expresión génica. Para ello, se comparará tejido de raíz de variedades de tomate susceptibles y resistentes en condiciones control o tras la infección con <i>R. solanacearum</i> utilizando las siguientes técnicas: Análisis Histológico: Examinar muestras de tejido para visualizar la formación de recubrimientos vasculares en respuesta a la infección por <i>R. solanacearum</i> . Técnicas de Imagen en Vivo: Monitoreo en tiempo real del movimiento bacteriano dentro del sistema vascular de la planta después de la infección. Espectroscopia: Análisis de la composición química para identificar los compuestos involucrados en las barreras vasculares. Análisis de Expresión Génica: Estudio de los patrones de expresión génica relacionados con la vía de ligno-suberina y amidas de ácido hidroxycinámico en variedades de tomate resistentes. Comprender los mecanismos subyacentes a la resistencia del tomate al marchitamiento bacteriano puede ayudar en el desarrollo de nuevas estrategias para criar cultivares resistentes e implementar prácticas efectivas de manejo de enfermedades en entornos agrícolas. Además, los conocimientos obtenidos de este estudio pueden tener implicaciones más amplias para mejorar la resistencia a otros patógenos vasculares en diversas especies de plantas.	<a href="https://www.cragenomica.es/research-groups/bacterial-plant-diseases-and-plant-cell-death">https://www.cragenomica.es/research-groups/bacterial-plant-diseases-and-plant-cell-death</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0859	SANCHEZ DUFFHUES, GONZALO	g.s.duffhues@cinn.es	CENTRO DE INVESTIGACION EN NANOMATERIALES Y NANOTECNOLOGIA	Desarrollo de fármacos en enfermedades raras causadas por el factor de crecimiento transformante beta (TGF-β)	Los ligandos de la familia del factor de crecimiento transformante-beta (TGF-β) son factores de crecimiento solubles que desempeñan roles pleiotrópicos en desarrollo y vida adulta. La respuesta celular a ligandos de TGF-β está mediada por receptores de membrana con actividad quinasa de Serina/Treonina (TGFBR), que transducen las señales inducidas por ligandos extracelulares, en cascadas de segundos mensajeros intracelulares, para así regular la expresión de genes asociados con la proliferación, diferenciación y envejecimiento celular. Desequilibrios en la actividad de los ligandos de TGF-β, por ejemplo, debido a mutaciones en los TGFBR, causan el desarrollo de enfermedades. Un ejemplo extremo es la Fibrodisplasia osificante progresiva (FOP), caracterizada por mutaciones en el TGFBR ALK2. La FOP cursa con formación de hueso extra-esquelético en zonas de tejido conectivo, que progresivamente impide la nutrición, movimiento, respiración de los pacientes afectados. Debido a toxicidad asociada a la inhibición farmacológica de las funciones pleiotrópicas de los ligandos y/o receptores de TGF-β, en la actualidad no hay cura para la FOP. Nuestro equipo ha desarrollado recientemente un novedoso método para monitorear la actividad de los TGFBR, basado en la transferencia de energía de resonancia de bioluminiscencia (BRET) desde los TGFBR a distintas moléculas aceptoras. Este método tiene el potencial de impactar dramáticamente el desarrollo de fármacos, siendo en un sistema cuantitativo, de alto rendimiento (HTP), desarrollado en células vivas (en lugar con proteínas recombinantes aisladas) y específico para cada TGFBR. Utilizaremos líneas progenitoras de hueso sobre-expresando el receptor mutado ALK2 en FOP y realizaremos ensayos BRET en presencia de diversos fármacos experimentales. Mediante western blotting y qPCR, se estudiará la activación de la ruta de ALK2. Además, se realizarán ensayos funcionales de proliferación y diferenciación de células progenitoras en osteoblastos (OB) y condrocitos (CD). Finalmente, los resultados se validarán en células madre pluripotentes inducidas (iPSC) derivadas de pacientes FOP, que se diferenciarán en OB y CD en presencia de los fármacos experimentales. Al término del proyecto, se espera 1) haber validado el sistema BRET en el contexto de la FOP; 2) haber caracterizado la actividad de al menos dos fármacos experimentales en relación a la actividad de ALK2.	<a href="https://ispa-finba.es/senalizacion-bmps/">https://ispa-finba.es/senalizacion-bmps/</a>
JAEINT24_EX_0084	SANCHEZ MORAGAS, GLORIA	gloriasanchez@iata.csic.es	INSTITUTO DE AGROQUIMICA Y TECNOLOGIA DE ALIMENTOS	Detección y control de riesgos emergentes, virus y genes de resistencia, en la cadena alimentaria	El objetivo global de este plan de formación es llevar a cabo la vigilancia de riesgos emergentes, virus y genes de resistencia a antibióticos (ARGs) a lo largo del ciclo del agua y en alimentos. Esto se logrará mediante la implementación de métodos rápidos de concentración, detección, cuantificación y caracterización en muestras de aguas residuales, regeneradas, de consumo y embotellada, así como en distintos alimentos. Además, se busca que estos métodos proporcionen información sobre la potencial infectividad de las muestras analizadas. Por otro lado, la secuenciación masiva de los genomas de virus emergentes, como el SARS-CoV-2, presentes en el agua residual permitirá analizar los linajes y las variantes circulantes en cada periodo, así como la detección de la introducción de nuevas variantes en la población. Los objetivos planteados incluyen: 1. Monitorear y secuenciar virus emergentes a través de un enfoque de Epidemiología Basada en Aguas Residuales (WBE, por sus siglas en inglés) mediante cribado por RT-qPCR y secuenciación masiva. 2. Evaluar la incidencia de virus emergentes como el SARS-CoV-2, virus de la gripe y virus de West Nile, además de virus entéricos humanos e indicadores virales (CrAssphage, colifagos y el virus moteado del pimiento, PMMoV) en ambientes acuáticos y alimentos como en moluscos bivalvos. 3. Evaluar la persistencia de virus emergentes en aguas ambientales mediante qPCR de viabilidad y técnicas de cultivo celular en microcosmos. 4. Puesta a punto de métodos rápidos para la detección de ARGs en muestras ambientales, así como el uso de técnicas de secuenciación masiva para su caracterización.	<a href="https://visafelab.iata.csic.es/">https://visafelab.iata.csic.es/</a>
JAEINT24_EX_1146	SANCHEZ MUT, JOSE VICENTE	j.sanchezm@umh.es	INSTITUTO DE NEUROCIENCIAS	Traectorias epigenéticas de cambio en el envejecimiento y la enfermedad de Alzheimer	La actividad investigadora incluirá formación técnica y conceptual. Se espera que el estudiante adquiera experiencia en análisis bioinformático, cultivos primarios y biología molecular. Se ofrece seguimiento continuado (según experiencia y necesidades), apoyo técnico y científico por parte de todos los miembros del equipo, y supervisión directa por parte del investigador principal. Se desarrollará subproyecto propio relacionado con el efecto de intervenciones ambientales sobre las trayectorias de cambio epigenético hacia envejecimiento saludable y enfermedad de Alzheimer. Se utilizarán sistemas de manipulación genética y epigenética mediante vectores virales, técnicas de inmunohistología y herramientas de perfilado epigenómico/transcriptómico a nivel de tejido y célula única. Se elaborará memoria final y se presentarán resultados en foros científicos. El grupo organiza labmeetings y journal clubs de manera semanal y meetings con otros grupos de manera mensual. Además, participa en los seminarios (martes y viernes) y jornadas científicas (i.e., Semana del Cerebro en marzo, Jornadas del Instituto de Neurociencias en noviembre, Christmas Meeting en diciembre) organizadas por el instituto, y asiste a congresos nacionales e internacionales de manera regular (e.g., SENC, FENS y ADPD). El Instituto de Neurociencias es un centro de excelencia Severo Ochoa participado por la UMH y el CSIC. Realiza investigaciones punteras y tiene un alto grado de internacionalización. Alberga una amplia comunidad de investigadores y organiza un master internacional de neurociencias con becas propias. Posibilidades formativas en la UMH y el CSIC.	<a href="https://in.umh-csic.es/grupo3886">https://in.umh-csic.es/grupo3886</a>



REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0251	SANCHEZ NAVARRO, MACARENA	macarena.sanchez@ipb.csic.es	INSTITUTO DE PARASITOLOGIA Y BIOMEDICINA LOPEZ NEYRA	Uso de bibliotecas peptídicas resistentes a proteasas y protocolos de selección por afinidad para descubrir nuevos agentes terapéuticos	CD47 es una glicoproteína expresada en la superficie de las células. Su interacción con la proteína alfa reguladora de señales (SIRPa) de células dendríticas (DC), macrófagos y linfocitos T induce una señal antifagocítica, que tiene como resultado la prevención de la fagocitosis de células sanas y normales. Este mecanismo no solo es explotado por ciertos tumores para escapar de la vigilancia inmunitaria, si no que algunos patógenos, como el coronavirus SARS-CoV-2 o el Mycobacterium tuberculosis, inducen la sobreexpresión de CD47. Dado que la activación de la expresión de CD47 no está relacionada con la interacción específica del patógeno con la célula huésped, CD47 aparece como una diana terapéutica para tratar una amplia gama de agentes infecciosos. De hecho, se ha demostrado que el uso de compuestos con actividad anti-CD47 durante la infección viral promueve la inmunidad e induce una eliminación del virus más rápida. El objetivo principal de esta propuesta es descubrir nuevos péptidos resistentes a proteasas con alta afinidad por las proteínas CD47 o SIRPa, de forma que inhiban la interacción entre ambas. Los péptidos descubiertos se evaluarán in vitro para estudiar su actividad. Durante la duración de este proyecto el/la candidata aprenderá las bases de la síntesis de péptidos en fase sólida, y la expresión de proteínas. Además, se familiarizará con técnicas de análisis como la cromatografía líquida o la espectrometría de masas.	<a href="https://www.ipb.csic.es/departamentos/macarena.sanchez.html?depto=Dpto.deBioquimicayFarmacologiaMolecular">https://www.ipb.csic.es/departamentos/macarena.sanchez.html?depto=Dpto.deBioquimicayFarmacologiaMolecular</a>
JAEINT24_EX_1243	SANCHEZ PEREZ, RAQUEL	rsanchez@cebas.csic.es	CENTRO DE EDAFOLOGIA Y BIOLOGIA APLICADA DEL SEGURA	Estudio de las rutas metabólicas implicadas en el letargo invernal en frutales	Como resultado del incremento de las temperaturas que acompaña al cambio climático, numerosos cultivos están modificando sus ciclos fenológicos, especialmente en la floración, la fructificación y la maduración de los frutos. Dichas alteraciones son más evidentes en la zona Mediterránea. En frutales como el almendro, cerezo o ciruelo, la floración se viene adelantando progresivamente con los años, provocando una mayor vulnerabilidad a los fenómenos meteorológicos extremos, como las heladas, y con ello afectando al rendimiento y calidad agrícolas. Con el trabajo propuesto, queremos profundizar en los aspectos genéticos y metabólicos que determinan el control de la salida de letargo invernal de las yemas de flor en frutales, con el fin de identificar y testar en campo metabolitos o compuestos prometedores a modo de "agrobioquímicos" que promuevan una floración abundante y de calidad, sin resultar nocivos para el medio ambiente o el agricultor. Esta investigación se realizará en el marco del proyecto vigente ALADINO-MAGIC, implicando salidas a campo a distintas localizaciones de la Región de Murcia. El estudiante ganará conocimiento sobre el manejo agrícola de distintos frutales de interés agronómico, podrá distinguir los distintos estados de la floración, muestrear en campo y aprenderá la metodología de aplicación de los agrobioquímicos testados. En el laboratorio, el estudiante se familiarizará con diversas técnicas analíticas que incluyen análisis metabolómico y transcriptómico y técnicas de biología molecular, así como análisis bioinformático. Sabemos que estas becas son de introducción a la investigación y se dirigen a estudiantes en fase de formación, así que ofrecemos flexibilidad en las tareas a realizar en función de los intereses del estudiante, disponiendo en todo momento de mi supervisión y la implicación de un equipo de trabajo multidisciplinar, definiendo así un entorno adecuado para el aprendizaje y el crecimiento profesional. Raquel Sánchez Pérez (rsanchez@cebas.csic.es)	<a href="http://www.rsanchezperez.com">http://www.rsanchezperez.com</a>
JAEINT24_EX_0426	SANCHEZ PERONA, JAVIER	perona@ig.csic.es	INSTITUTO DE LA GRASA	Eritrodiol en el aceite de orujo como agente protector frente a la aterosclerosis	El eritrodiol es un diálcohol triterpénico presente en la aceituna, los aceites de oliva, con un potencial farmacológico prometedor. A partir de un interés creciente en sus propiedades frente a patologías relacionadas con estrés oxidativo e inflamación, se plantea la hipótesis de que el eritrodiol, especialmente en el aceite de orujo de oliva, tiene propiedades vasodilatadoras, antioxidantes y antiinflamatorias que podrían contribuir a prevenir enfermedades cardiovasculares, como la aterosclerosis. En este contexto, el plan de formación se enfoca en actividades prácticas para evaluar la biodisponibilidad del eritrodiol y entender sus mecanismos de acción. Dentro del plan de formación se incluyen los siguientes aspectos: 1. Análisis de Eritrodiol: • Adquirir habilidades en las técnicas de determinación, mediante análisis cromatográficos, para cuantificar la presencia de eritrodiol en el aceite de orujo de oliva. 2. Participación en Ensayo Clínico: • Contribuir a la logística y ejecución del ensayo de biodisponibilidad, con enfoque en la toma de muestras y registro de datos. 3. Estudios en macrófagos: • Familiarizarse con técnicas de cultivo celular, incluyendo el mantenimiento y diferenciación de líneas celulares de monocitos/macrófagos THP-1. • Evaluar la actividad inhibidora del eritrodiol en la formación de células espumosas a partir de macrófagos. • Colaborar en la obtención de datos experimentales y su interpretación, utilizando técnicas como la RT-PCR cuantitativa para analizar la expresión génica relacionada con la síntesis de lípidos, factores de transcripción y marcadores inflamatorios. • Medir la liberación de citoquinas, moléculas de adhesión y eicosanoides en el medio de cultivo mediante kits ELISA comerciales. • Observar a captación de TRL por macrófagos mediante microscopía óptica después de la tinción con rojo de aceite O. 4. Análisis Estadístico: • Introducirse en el análisis estadístico de datos del ensayo clínico y experimentos de laboratorio. 5. Habilidades de Comunicación: • Desarrollar habilidades de presentación al compartir hallazgos preliminares con el equipo de investigación. • Recibir retroalimentación para mejorar la comunicación científica. 6. Redacción Científica: • Aprender principios básicos de redacción científica y estructuración de informes. • Elaborar un informe preliminar sobre la inve	<a href="https://www.ig.csic.es/compuestos-bioactivos-nutricion-y-salud/">https://www.ig.csic.es/compuestos-bioactivos-nutricion-y-salud/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0651	SANCHEZ PRIETO, RICARDO	rsprieto@iib.uam.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES BIOMEDICAS SOLS-MORREALE	bases moleculares de la radiorresistencia	Es conocido que la resección quirúrgica del tumor es la primera opción terapéutica. No obstante, esta opción no es siempre practicable por lo que la radioterapia junto con la quimioterapia (convencional o dirigida) e inmunoterapia constituye los pilares fundamentales en el tratamiento del cáncer. De hecho, aproximadamente el 50% de los pacientes oncológicos podrían beneficiarse de un tratamiento basado en radioterapia durante el transcurso de la enfermedad, ya sea con la radioterapia como única forma de tratamiento o en combinación con la cirugía y/o quimioterapia, además de uso paliativo. Sin embargo, cabe destacar que en algunos subtipos de cáncer el porcentaje de pacientes sometidos a este tratamiento asciende a cifras muy elevadas, como por ejemplo en cáncer de mama, de cabeza y cuello o de pulmón. En nuestro laboratorio estamos centrados en estudiar como las terapias dirigidas, basadas fundamentalmente en inhibidores específicos contra proteínas quinasas, pueden mejorar, la radioterapia. Para ello recurrimos a estudios en cultivo celular donde combinamos técnicas de biología celular y molecular, edición génica y transcriptómica, estudiamos que compuestos y como son capaces de aumentar la radiosensibilidad de las células tumorales. Nuestro objetivo final es conseguir una radioterapia más efectiva y personalizada evitando efectos secundarios indeseado. Buscamos una persona con interés en la investigación en cancer, con ganas de trabajar, aprender técnicas y que quiera iniciara uan carrear científica. Si estas interesado@ contáctanos <a href="https://www.iib.uam.es/web/iibm/departamentos/cod_unidad=17#gsc.tab=0">https://www.iib.uam.es/web/iibm/departamentos/cod_unidad=17#gsc.tab=0</a> rsprieto@iib.uam.es	<a href="https://www.iib.uam.es/web/iibm/departamentos/cod_unidad=17#gsc.tab=0">https://www.iib.uam.es/web/iibm/departamentos/cod_unidad=17#gsc.tab=0</a>
JAEINT24_EX_1101	SANCHEZ RODRIGUEZ, CLARA	clara.sanchez@csic.es	CENTRO DE BIOTECNOLOGIA Y GENOMICA DE PLANTAS	Explorando las relaciones simbióticas entre bacteria-raiz en Arabidopsis y Tomate	En este proyecto, nos centraremos en las posibles interacciones simbióticas entre las bacterias asociadas a las raíces, previamente identificadas en campo por datos de metagenómica, y dos organismos modelo de plantas, Arabidopsis y tomate. Experimentos preliminares de nuestro equipo sugieren la posibilidad de que ciertas bacterias que habitan naturalmente en las raíces de Arabidopsis puedan desempeñar un papel en el apoyo a la supervivencia de la planta cuando los recursos de nitrógeno son limitados. Nuestro principal objetivo es por tanto investigar si estas bacterias identificadas otorgan beneficios a las plantas, especialmente en condiciones de deficiencia de nitrógeno. Nuestro enfoque implica la inoculación de plantas de Arabidopsis y Tomate con bacterias marcadas fluorescentemente y someterlas a distintas condiciones y estreses, tanto bióticos como abióticos. Mediante microscopía de fluorescencia, monitoraremos la colonización de estas bacterias dentro de la vasculatura de la raíz a lo largo del tiempo, examinando su persistencia y su potencial impacto en el crecimiento de las plantas. Además, investigaremos la respuesta de las plantas, con y sin bacteria, a distintos agentes biotróficos y estreses abióticos, incluyendo infecciones fúngicas. Primero, el/la estudiante determinará si nuestras bacterias candidatas preseleccionadas pueden coexistir in vitro con plantas de tomate y Arabidopsis, cómo se ve afectada la planta por la presencia de las bacterias y cómo las bacterias modulan la respuesta de las plantas hacia otros tipos de estreses tanto bióticos como abióticos. El/la estudiante se beneficiará de nuestro avanzado state-of-the-art microscopio para visualizar los cambios durante la invasión de la raíz, además de recibir formación en adquisición e análisis de imágenes. Además, adquirirá otras habilidades y competencias esenciales, incluyendo la gestión de su proyecto de investigación y del tiempo, el desarrollo y seguimiento de protocolos y documentación de datos, evaluación de datos, diseño experimental, redacción de informes y presentación oral, en nuestro equipo de investigación altamente internacional.	<a href="https://www.cbgp.upm.es/index.php/es/?option=com_content&amp;view=article&amp;id=960">https://www.cbgp.upm.es/index.php/es/?option=com_content&amp;view=article&amp;id=960</a>
JAEINT24_EX_0185	SANCHEZ SANCHEZ PASTOR, PILAR	psanchez@geo3bcn.csic.es	GEOCIENCIAS BARCELONA	Exploración del subsuelo mediante ruido sísmico: Identificación de reflectores inclinados en la mina Concepción	Tradicionalmente, el estudio del interior de la Tierra se ha realizado a partir del registro de terremotos o fuentes activas como explosiones controladas. El ruido sísmico, señal omnipresente, gratuita y respetuosa con el medio ambiente, emerge como una buena alternativa para estudiar el subsuelo. En las últimas décadas ha ido incrementando su importancia hasta convertirse en una herramienta estándar utilizada internacionalmente. Una de las aplicaciones más populares es la búsqueda de capas horizontales reflectoras en el subsuelo, como puede ser la discontinuidad de Mohorovicic, la base de cuencas sedimentas o acuíferos. En este proyecto, queremos ir un paso más allá e identificar reflectores inclinados en el subsuelo a partir del registro de ruido en las tres componentes de las estaciones sísmicas. Como caso de estudio, se analizará la mina Concepción, ubicada en Huelva y dedicada a la extracción de cobre. La mina presenta una estructura geológica característica que la convierte en un escenario ideal para evaluar la metodología propuesta. Este proyecto ofrece una buena oportunidad para adentrarse en el campo del ruido sísmico, una disciplina poco explorada en la formación académica pero con un gran potencial en el ámbito científico.	<a href="https://geo3bcn.csic.es">https://geo3bcn.csic.es</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1158	SANCHO ALBERO, MARIA	msancho@unizar.es	INSTITUTO DE NANOCIENCIA Y MATERIALES DE ARAGON	Study of extracellular vesicles as delivery carriers of nanoparticles against cancer	The trainee will join the Nanostructured Films and Particles (NFP) group, at the INMA. He/She will be involved in the research line developing nanomaterials-based cancer therapies, and more specifically in the development of novel methods for the selective delivery of nanomedicines to growing tumors. This is a very active line in the group, with several promising approaches being investigated. Immersion in a multidisciplinary group such as the NFP and in the vibrant atmosphere of the INMA will provide the trainee with many interaction opportunities with scientists working in other areas, in addition to her own research program. Cancer still represents one of the greatest challenges in the biomedical field. Last findings of nanotechnology provide useful and suitable tools, becoming alternative strategies for cancer treatment. However, these promising advances have so far failed to materialize in the clinic. The project carried out by the trainee will be focused on developing new procedures to create bioartificial nanotechnological tools based on extracellular vesicles (EVs), and able to be selected and specifically accumulated in cancer cells after being loaded with therapeutic nanoparticles (NPs). Specifically, the trainee will work on the influence of the protein corona on the fate and internalization selectivity of nanoparticles combined with EVs. This is a subject of great interest, as there are strong signs indicating that the protein corona is key to avoid or retard immune system recognition and also as an effective way to tune delivery selectivity. To achieve this aim of the project, the trainee will purify EVs by ultracentrifugation techniques isolated from cell culture supernatants. The isolated EVs will be characterized in terms of Western Blot, Flow cytometry, DLS, electronic microscopy and NTA. Those EVs will be then engineered by loading them with the therapeutic NPs. The therapeutic NPs will be composed of different metals such as Au, Pd or Pt. Finally, the stability and aggregation of the NPs-EVs bio-artificial hybrids will be determined in several biological media and environments, including PBS, serum or cell culture media. In this way, the formation of the protein corona, the hydrodynamic size, the surface charge and the new biological identity of the EVs will be determined. Then changes of the delivery selectivity of the nanoparticles will be studied in vitro, in co-cultures of tumoral and healthy cells.	<a href="https://nfp.unizar.es/">https://nfp.unizar.es/</a>
JAEINT24_EX_0988	SANDIN ESPAÑA, PILAR	sandin@inia.csic.es	INSTITUTO NACIONAL DE INVESTIGACION Y TECNOLOGIA AGRARIA Y ALIMENTARIA	Impacto de los tratamientos de potabilización de las aguas en el comportamiento de plaguicidas. Estudio de nuevos contaminantes emergentes.	Una de las líneas de investigación del grupo de la Unidad de Productos Fitosanitarios es el estudio de los contaminantes emergentes provenientes de plaguicidas presentes en las aguas destinadas al consumo humano. Los tratamientos de potabilización de aguas (habitualmente, cloro o cloraminas) que contengan concentraciones significativas de residuos de plaguicidas pueden producir subproductos de reacción más tóxicos que los compuestos de partida. Las legislaciones actuales exigen que se cumplan protocolos muy estrictos para aprobar nuevas sustancias, pero la mayoría de los estudios se centran en el impacto directo de los compuestos de partida. Debido a la importante repercusión que podría tener la generación de compuestos de relevancia toxicológica en la salud humana a través del consumo de agua potable, es necesario disponer de conocimientos y resultados científicos para poder establecer un procedimiento armonizado para realizar esta evaluación de riesgo. Con este contexto, el objetivo del estudiante de grado y master durante su tiempo de formación e introducción a la investigación será llevar a cabo experimentos de laboratorio de las reacciones que tiene lugar entre un pesticida seleccionado por su presencia en aguas susceptibles de potabilización y los tratamientos de potabilización de las aguas principalmente hipoclorito y cloraminas, identificando y desarrollando métodos para la detección de los productos de degradación que se generan en dichas reacciones mediante técnicas más avanzadas en el campo de la química agroalimentaria y medioambiental. También el estudiante se formaría en evaluar el posible impacto medioambiental y ecotoxicológico utilizando fundamentalmente modelos teóricos de predicción como son los QSAR. Las técnicas analíticas que aprendería y utilizaría serían la cromatografía de líquidos acoplados a espectrómetros de alta sensibilidad y selectividad como espectrometría de masas de alta resolución. Para la preparación de la muestra aprendería técnicas modernas como la extracción en fase sólida. El laboratorio de la Unidad de Productos Fitosanitarios cuenta con varios cromatógrafos y un equipamiento moderno que va a estar a disposición del estudiante para formarse e iniciarse en el campo de la investigación. Además, el grupo está formado un equipo multidisciplinar de químicos y agrónomos por lo que el estudiante adquirirá conocimientos en áreas como la química agrícola, medioambiental y analítica.	<a href="http://www.inia.es">www.inia.es</a>
JAEINT24_EX_1293	SANJUAN PINILLA, JUAN	juan.sanjuan@eez.csic.es	ESTACION EXPERIMENTAL DEL ZAIDIN	Biopolímeros bacterianos con interés biotecnológico	Los biopolímeros bacterianos suscitan un creciente interés industrial debido a su pureza, sus particulares características físico-químicas y a la facilidad con que se obtienen con respecto a otras fuentes o materias primas, como las plantas. Además, la relativa facilidad en la manipulación genética frente a otros organismos, hace a las bacterias idóneas para el empleo de modificaciones genéticas pensadas, tanto para incrementar la producción de biopolímeros bacterianos con interés industrial, como para descubrir otros nuevos con interesantes aplicaciones biotecnológicas. En este contexto, el estudiante desarrollará su proyecto de investigación combinando técnicas de Biología Molecular y Genética microbiana con metodologías Químicas/Bioquímicas/Bioinformáticas, encaminadas a la identificación y producción de polímeros bacterianos con relevancia biotecnológica para las industrias textil, farmacéutica, cosmética o agroalimentaria. El proyecto implica una gran diversidad de objetivos y metodologías, además, el plan educativo en nuestro grupo implica la presentación periódica de revisiones críticas sobre temas específicos, relacionados directa o indirectamente con el plan de trabajo; así como la participación en seminarios y conferencias. Se fomentará la asistencia del estudiante a cursos de formación especializada, así como a la asistencia a congresos y otras reuniones científicas, para presentación de resultados de avances e interacción con otros estudiantes e investigadores. Bibliografía: - Pérez-Mendoza, D. et al. The Role of Two Linear $\beta$ -Glucans Activated by c-di-GMP in Rhizobium etli CFN42. <i>Biology</i> 11, 1364, doi:10.3390/biology11091364 (2022). - Schmid, J. et al. Screening of c-di-GMP-Regulated Exopolysaccharides in Host Interacting Bacteria. <i>Methods in molecular biology</i> 1734, 263-275, doi:10.1007/978-1-4939-7604-1_21 (2018). - Pérez-Mendoza, D. et al. A novel c-di-GMP binding domain in glycosyltransferase BgsA is responsible for the synthesis of a mixed-linkage beta-glucan. <i>Sci Rep</i> 7, 8997, doi:10.1038/s41598-017-09290-2 (2017). - Pérez-Mendoza, D. & Sanjuán, J. Exploiting the commons: cyclic diguanylate regulation of bacterial exopolysaccharide production. <i>Curr Opin Microbiol</i> 30, 36-43, doi:10.1016/j.mib.2015.12.004 (2016). - Pérez-Mendoza, D. et al. Novel mixed-linkage beta-glucan activated by c-di-GMP in Sinorhizobium meliloti. <i>Proc Natl Acad Sci U S A</i> 112, E757-765, doi:10.1073/pnas.1421748112 (2015).	<a href="https://www.eez.csic.es/interacciones-planta-bacteria">https://www.eez.csic.es/interacciones-planta-bacteria</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0612	SANJUAN VERDEGUER, RAFAEL	rafael.sanjuan@uv.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA INTEGRATIVA DE SISTEMAS	Análisis Experimental de Virus Emergentes	Los virus emergentes constituyen un problema de salud pública recurrente a escala mundial. Ciertos virus pueden transmitirse a los humanos desde la fauna silvestre (zoonosis), dando origen a pandemias como la COVID-19, la gripe, o el VIH, entre otras. En los últimos años, gracias a la virómica se han identificado innumerables secuencias virales en diferentes especies de animales. Sin embargo, el funcionamiento de la gran mayoría de estos virus es desconocido, pues no han podido ser aislados y cultivados, ya sea por razones técnicas o de bioseguridad. En nuestro plan de investigación, proponemos analizar estos virus desde un punto de vista experimental. En primer lugar, analizaremos muestras de murciélagos y roedores obtenidas por nuestro grupo para la detección de nuevos virus. En segundo lugar, usaremos la biología sintética para reconstruir las proteínas de unión a receptor de estos virus, las cuales median la entrada en la célula y definen el tropismo viral. Expresando estas proteínas en sistemas virales tales como pseudovirus basados en vectores lentivirales o "phage display", analizaremos su capacidad para mediar la entrada viral en diferentes líneas celulares humanas, con el objetivo de determinar el potencial zoonótico de los virus estudiados. Este proyecto familiarizará al estudiante con el campo de la emergencia viral y le permitirá adquirir destrezas en virómica, análisis de secuencias, síntesis de genes y en técnicas de virología, cultivo celular y clonación. El laboratorio cuenta además con recursos para financiar posteriormente una tesis doctoral sobre este tema.	<a href="https://www.uv.es/rsanjuan/">https://www.uv.es/rsanjuan/</a>
JAEINT24_EX_0661	SANMARTIN ARTIÑANO, MARIA MAITE	maite.sanmartin@csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA MOLECULAR Y CELULAR DE PLANTAS PRIMO YUFERA	ESTUDIO DE LA CONSERVACIÓN EVOLUTIVA DE LA SEÑALIZACIÓN SISTÉMICA EN RESPUESTA A LAS HERIDAS EN PLANTAS	Para defenderse de las heridas, los organismos activan mecanismos de respuesta a nivel local y sistémico, lo que permite establecer estrategias de prevención ante futuros ataques. De hecho, la activación de mecanismos de comunicación a larga distancia es aún más importante en las plantas debido a su naturaleza sésil y su incapacidad para escapar a situaciones adversas. En plantas vasculares, esta comunicación sistémica se transmite mediante cambios en los potenciales de membrana e incrementos en los niveles de calcio y ocurre principalmente a través de la vasculatura. Sin embargo, se desconoce cómo responden las plantas no vasculares a las heridas y si activan respuestas sistémicas en respuesta a las heridas. Recientemente, nuestro laboratorio ha demostrado que en la planta no vascular <i>Marchantia polymorpha</i> se generan señales eléctricas e incrementos en los niveles de calcio en respuesta a las heridas, que se propagan desde los tejidos dañados a los tejidos no dañados. Estos resultados abren la vía a identificar las posibles redes de regulación génica conservadas evolutivamente que juegan un papel esencial en la activación de las respuestas de defensa. Para ello, nos planteamos caracterizar las redes génicas que controlan la respuesta a las heridas y su conservación evolutiva, analizando tres linajes con posiciones diferentes en la escala evolutiva. Este abordaje permitirá determinar si la adquisición de la vasculatura fue una innovación esencial para articular una transmisión sistémica rápida y eficaz de la respuesta a las heridas. En paralelo, se investigará el papel de los principales factores implicados en la activación de las rutas de señalización sistémica, lo que permitirá comprender de manera global la evolución de la señalización a las heridas. En este plan de formación, el candidato realizará el análisis de las redes génicas responsables de desencadenar respuestas a heridas, se familiarizará con técnicas de biología molecular, transformación vegetal y microscopía confocal. Los candidatos estarán expuestos a un entorno científico motivador y tendrán acceso a todos los recursos necesarios para alcanzar sus objetivos. Este proyecto combina enfoques moleculares y celulares para comprender una decisión fundamental para la supervivencia de las plantas. Para ello, los estudiantes contarán con el apoyo de investigadores experimentados, buscando que desarrollen un pensamiento científico crítico, una faceta esencial para posterior carrera científica.	<a href="http://www.ibmcp.csic.es/en/research/regulation-cell-differentiation-plants">http://www.ibmcp.csic.es/en/research/regulation-cell-differentiation-plants</a>
JAEINT24_EX_0212	SANMARTIN BASTIDA, ISABEL	isanmartin@rjb.csic.es	REAL JARDIN BOTANICO	Aplicación de la inteligencia artificial en la simulación de escenarios macroevolutivos	La propuesta se basa en la exploración y desarrollo de algoritmos de aprendizaje automático, un subcampo de la inteligencia artificial en el que un conjunto de algoritmos aprende a resolver problemas sin que hayan sido programados específicamente para ello. Aunque con una larga tradición en campos como la medicina, recientemente estas técnicas han empezado a utilizarse en el campo de la biología evolutiva. El aprendizaje automático supervisado (algoritmos entrenados con datos "etiquetados" procedentes de simulaciones) se ha mostrado muy útil en tareas de clasificación (reconocer el modelo que generó los datos de entrada) y regresión (estimar los parámetros del modelo) para problemas estadísticos que son computacionalmente difíciles o imposibles de resolver con métodos de inferencia estadística. Nuestro grupo de investigación ha desarrollado recientemente una serie de redes neuronales capaces de clasificar y estimar parámetros de modelos de diversificación (escenarios de especiación y extinción de linajes), considerados intratables, con métodos de inferencia estadística como el análisis bayesiano. Utilizando como datos de entrada árboles filogenéticos, las redes aprenden la estructura y relación espacial de sus componentes (las relaciones evolutivas entre las especies). Este tipo de redes se han utilizado con éxito en el campo de la epidemiología (expansión y transmisión viral). El objetivo de la JAE-INTRO es formarse en algoritmos de simulación y aprendizaje automático aplicados a escenarios macroevolutivos en los que la especiación y extinción depende de rasgos biológicos, como el rango geográfico o la morfología. Se emplearán simuladores recientemente desarrollados como PhyloJunction para generar los datos de entrenamiento, árboles filogenéticos con rasgos asociados a las especies, que luego se utilizarán para el aprendizaje de la red neuronal. Actividades de formación y capacitación propuestas 1. Aprendizaje teórico de modelos macroevolutivos: sus componentes, estructura y relación entre sus parámetros. Entender el significado biológico y su aplicación en epidemiología y en el ensamblaje de las comunidades de especies. 2. Bioinformática: Aprender a programar simulaciones de escenarios macroevolutivos, utilizando lenguajes de programación Python, Rev y R. 3. Aprendizaje automático: Entender cómo funcionan estas técnicas; testar su capacidad de clasificación e inferencia frente a técnicas de inferencia estadística.	<a href="https://rjb.csic.es/ciencia/grupos-investigacion/biologia-evolutiva-de-plantas-patrones-procesos-y-mecanismos-pbg/">https://rjb.csic.es/ciencia/grupos-investigacion/biologia-evolutiva-de-plantas-patrones-procesos-y-mecanismos-pbg/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1510	SANTAMARIA GALDON, LUIS ENRIQUE	luis.santamaria@ebd.csic.es	ESTACION BIOLOGICA DE DOÑANA	Adaptive management of High Nature Value pastoral systems hosting wild and domestic ungulates facing climate change	The work will be developed in the framework of project RESILGRAZE, which aims at developing evidence-based, adaptive management strategies that optimize the balance between pastoral livestock farming, wildlife conservation, ecosystem services, and ecosystem resilience in Europe's (Mediterranean- and temperate-climate) Atlantic ecosystems facing climate change. The project projects will develop knowledge and tools aimed at fostering the adaptive management of wild (red , fallow and/or roe deer) and domestic (cattle, horse) ungulates in two iconic Natural Protected Areas of Spain's Mediterranean and Atlantic region: Doñana National Park (DNP) and Serra de Xistral (SX). Key ecosystem services targeted by the interventions include carbon storage, soil fertility, pasture production, water provision, prevention of forest fires – and, more generally, the conservation of biodiversity. The grantee will participate in the design, execution and analyses of field and remote-sensing surveys at both DNP and SX, including the acquisition of data on vegetation composition, plant production and consumption, and C and N stocks; the acquisition and analysis of animal movement and behaviour data obtained with GPS collars and camera traps; the analysis of ungulate diet, body condition and health based on DNA and biochemical analyses of fecal samples; and/or anthropological and socio-economic analyses of the pastoral and nature-conservation systems, including the analysis of the relationship between sense of belonging, and ecosystem conservation/services. Emphasis on each of these different aspects, as well as between field, lab and desk work will be adjusted depending on the applicant's background and interest. See details at: <a href="https://spatialecologygroup.blogspot.com/">https://spatialecologygroup.blogspot.com/</a>	<a href="https://spatialecologygroup.blogspot.com/">https://spatialecologygroup.blogspot.com/</a>
JAEINT24_EX_1069	SANTIAGO BLANCO, JOSE LUIS	santi@mbg.csic.es	MISION BIOLOGICA DE GALICIA	Adaptación y evaluación agronómica de diferentes genotipos de olivo autóctono gallego (Olea europaea L.). Identificación de variantes clonales	En el marco de dos proyectos de investigación llevados a cabo por el Grupo de Viticultura, Olivo y Rosa (VIOR) de la Misión Biológica de Galicia (MBG-CSIC), se han localizado más de 150 ejemplares centenarios de olivo autóctono gallego (Olea europaea L.), fruto de una amplia prospección realizada por toda la geografía gallega. La caracterización molecular con marcadores SSR (Simple Sequence Repeat), a partir del análisis del ADN extraído de las hojas de estos ejemplares, ha permitido detectar hasta la fecha una quincena de genotipos distintos. De varios ejemplares de cada genotipo se han recogido muestras de hoja y fruto a lo largo de varias campañas para llevar a cabo su caracterización botánica y tener unos primeros datos agronómicos que permitan valorar la calidad potencial del aceite. Estaquillas de cada genotipo han sido enraizadas y propagadas en las instalaciones de la MBG-CSIC, con el objetivo de poder obtener nuevas plantas de cada genotipo que permitan su conservación y multiplicación. En la actualidad, se dispone de varios ejemplares de cada genotipo cultivados en maceta en invernadero y en condiciones de campo, en dos parcelas experimentales: una en los terrenos de la MBG-CSIC y otra en el conocido como "olivar de la concordia" en la parroquia de Setecoros, municipio de Valga, en la provincia de Pontevedra. Se presenta a partir de ahora la oportunidad de caracterizar agronómicamente los diferentes genotipos de olivo, cultivados todos en igualdad de condiciones, en dos ambientes distintos. De este modo será posible comparar los genotipos entre sí, ya que hasta este momento los estudios se habían realizado sobre ejemplares aislados que crecían en diferentes terrenos muy alejados unos de otros. La persona seleccionada podrá realizar observaciones y medidas en hoja y fruto, así como en el aceite obtenido, siempre que la cantidad de cosecha lo permita. Al mismo tiempo, se profundizará en el estudio de las variaciones alélicas observadas entre varios ejemplares seleccionados en alguno de los 16 loci SSR analizados, lo que apunta a la posible existencia de diferencias clonales en alguno de los genotipos. También participará en la optimización de las técnicas de multiplicación y propagación de los ejemplares de olivo autóctono gallego.	<a href="https://vior.mbg.csic.es/">https://vior.mbg.csic.es/</a>
JAEINT24_EX_0741	SANTIAGO CARABELOS, ROGELIO	rsantiago@mbg.csic.es	MISION BIOLOGICA DE GALICIA	Mejora de Maíz para Doble Aprovechamiento	Hasta ahora, los esfuerzos de mejora del maíz se han centrado predominantemente en mejorar el rendimiento del grano y pocas investigaciones están especializadas en explotar las características bioquímicas del resto de biomasa aérea. En este caso, el progreso en el desarrollo de maíz para la producción de biocombustibles lignocelulósicos (2ª generación) no debe limitarse a la utilización exclusiva de germoplasma disponible comercialmente, debido a que las ganancias genéticas pueden ser limitadas y la erosión genética continuaría siendo una amenaza. Del mismo modo, las variedades para doble aprovechamiento deben ser estables en diferentes escenarios, incluyendo aquellos altamente probables debido al cambio climático (altas temperaturas y sequía), contribuyendo de este modo a la sostenibilidad del cultivo. En el proyecto de estudio se evalúa la capacidad de doble uso de variedades locales de maíz con una amplia diversidad genética y adaptadas a las condiciones de cultivo europeas bajo dos condiciones de cultivo: estrés hídrico e irrigación óptima. Esto permitirá identificar variedades que realmente amplíen la estrecha diversidad genética de los materiales cultivados actualmente y permitirá que puedan utilizarse como fuentes de tolerancia en programas de mejora. El candidato participará en la preparación de ensayos y toma de datos en la evaluación en campo en 2024, se encargará de la recogida y procesado del residuo lignocelulósico, analizará la calidad de este residuo vía espectroscopia NIRs (fibras y eficiencia para la sacarificación para la producción de etanol) y procesará estadísticamente los resultados. Adquirirá conocimientos y experiencia multidisciplinar en las siguientes áreas de conocimiento: agronomía, mejora genética, bioquímica y estadística. El trabajo podrá orientarse a la realización de un Trabajo Fin de Máster.	<a href="https://plantdefensegroup-esp.weebly.com/">https://plantdefensegroup-esp.weebly.com/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1286	SANTIAGO MORENO, JULIAN	moreno@inia.csic.es	INSTITUTO NACIONAL DE INVESTIGACION Y TECNOLOGIA AGRARIA Y ALIMENTARIA	Tecnologías reproductivas para la conservación ex situ del urogallo (Tetrao urogallus) en la Península Ibérica	El urogallo es una especie en peligro crítico que ha sufrido una brusca caída de su eficacia reproductiva. En este escenario, la implementación de estrategias de conservación ex situ, mediante el empleo de tecnologías reproductivas (bancos de germoplasma, inseminación artificial) es una prioridad. En el presente proyecto, se propone profundizar en la biología reproductiva del urogallo, mediante estudios endocrinos, e investigar la respuesta de espermatozoides a los procesos de criopreservación. Estos estudios serán la base para la optimización del procedimiento de congelación gamética y del tejido testicular, mediante evaluación de nuevas combinaciones de crioprotectores-aditivos de diluyentes, su interacción con rampas de enfriamiento y, finalmente, su aplicación mediante inseminación artificial en centros de cría (Valsemana-León y Sobrescobio-Asturias).	<a href="https://spzsilvestre.wordpress.com/">https://spzsilvestre.wordpress.com/</a>
JAEINT24_EX_1375	SANTIN NUÑO, CRISTINA	c.santin@csic.es	INSTITUTO MIXTO DE INVESTIGACION EN BIODIVERSIDAD	Impactos medioambientales de los incendios forestales	Este plan de formación se enmarca en el ámbito de los impactos ambientales de los incendios forestales, que es la línea de investigación desarrollada por la Dr. Cristina Santin Nuño (Científico Titular, IMB). Esta es una línea amplia que cuenta con varios proyectos en desarrollo en este momento, así como varios investigadores, tanto senior como junior, involucrados en la misma. Dentro de este marco amplio se plantean varias tareas: (1) cuantificación en campo de biomasa combustible por medios tradicionales (muestreos destructivos) y técnicas de escáner laser; (2) preparación en el laboratorio de muestras de biomasa y suelos para determinación de su contenido en carbono y otros parámetros fisicoquímicos básicos; (3) análisis de las nubes de puntos tridimensionales tomadas en campo con escáner laser (con software especializado creado por nuestro equipo); (4) monitorización en laboratorio de los efectos de las cenizas producidas en incendios forestales en el crecimiento de larvas de anfibios. Aunque la persona seleccionada contribuirá a todas las tareas descritas en el párrafo anterior, se organizarán las mismas para que aquellas que sean de mayor interés para ella/la candidato/a puedan ser a las que se dedique una fracción más importante del tiempo. Además, no se descarta que la persona seleccionada pueda colaborar, si le interesa, en otras actividades que están en marcha en el grupo de investigación, como por ejemplo, actividades de divulgación dirigidas al público general o también otras destinadas a estudiantes de escuelas e institutos, o también el estudio de las percepciones de la sociedad sobre incendios forestales por medio de encuestas. Este plan proporcionará una formación integral y multidisciplinar al/la candidato/a en el desarrollo de un trabajo de investigación, desde la obtención de datos en campo, pasando por laboratorio, hasta el análisis de los datos obtenidos. Además, se incorporará a un grupo activo y diverso de investigación que actualmente cuenta con 2 investigadores senior, 3 doctores junior, y 2 investigadores predoctorales, lo que repercutirá positivamente en su formación y adquisición de competencias.	<a href="https://www.csic.es/es/investigacion/grupos-de-investigacion/ecosistemas-de-montana-y-cambio-global">https://www.csic.es/es/investigacion/grupos-de-investigacion/ecosistemas-de-montana-y-cambio-global</a>
JAEINT24_EX_0499	SANTOFIMIA PASTOR, ESTHER	e.santofimia@csic.es	INSTITUTO GEOLOGICO Y MINERO DE ESPAÑA	Recuperación de metales estratégicos y críticos desde el agua generada en ambientes extremos	La disminución de los recursos minerales terrestres mundiales ha dado un gran impulso a la investigación de otros métodos de recuperación de metales de interés económico (metales estratégicos y críticos) a partir de los estériles y estructuras (escombreras, bocaminas, balsas de lodos, cortas) de explotaciones mineras abandonadas de sulfuros metálicos, que generan aguas ácidas por lixiviación. La acidez de estas aguas facilita la movilidad de elementos desde los estériles, al agua. Esta característica, junto a la altísima concentración de metales disueltos (Cd, Co, Cu, Ni y Zn), hace que el ambiente sea extremo. Este fenómeno constituye un fuerte problema medioambiental, ya que estas aguas acaban contaminando ríos y acuíferos. Sin embargo, el desarrollo científico actual permite pensar en estas aguas como una oportunidad de explotación ambientalmente sostenible, de las cuales se pueden obtener metales estratégicos y críticos para la transición ecológica, contribuyendo a la economía circular. Nuestro equipo de investigación ha trabajado en proyectos nacionales, europeos e internacionales, adquiriendo una dilatada experiencia en ambientes extremos: ácidos (RTI2018-094867-B-I00, CGL2011-22540, CGL2011-23207, RITA-CT-2003-506069), fríos como la Antártida (CTM2016-75947-R) y la Cordillera Blanca (Perú) (SANTARREM, HUASCARACID), e hidrotermales en Azores y España (CTM2016-75947-R, CGL2012-39524-C02-02). Actualmente trabajamos en estudios de biomineralizaciones generadas en medios extremos (20223PAL006, PID2022-138986OB-I00, PID2021-124553OB-I00), así como en la recuperación de elementos de alto interés económico de residuos mineros (HORIZON-CLS-2021-D3-02-14). Nuestro plan de formación permitirá: 1- Investigar procesos hidroggeoquímicos en aguas ácidas, buscando los elementos de alto interés económico en diferentes áreas de España. 2- Realización de modelizaciones geoquímicas (p.ej. phreeqc) para conocer qué elementos pueden precipitar, según las condiciones hidroquímicas. 4- Interpretación de la Difracción de Rayos X de los precipitados formados en estas aguas. 3- Estudios de la movilidad de elementos de tierras raras, desde la roca al agua en medios extremos, y las posibles vías de recuperación.	<a href="https://www.csic.es/es/investigacion/grupos-de-investigacion/geologia-aplicada-los-recursos-marinos-y-de-medios-extremos-gi">https://www.csic.es/es/investigacion/grupos-de-investigacion/geologia-aplicada-los-recursos-marinos-y-de-medios-extremos-gi</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0933	SANZ BIGORRA, PASCUAL FELIPE	sanz@ibv.csic.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA DE VALENCIA	Disfunción astrocitaria como causa de la epilepsia mioclonica progresiva de Lafora	La enfermedad de Lafora (LD) es una enfermedad rara con una prevalencia de menos de 1:1.000.000 de habitantes, caracterizada por neurodegeneración, epilepsia mioclonica progresiva y acúmulo de depósitos de glucógeno aberrante poco ramificado en el cerebro y otros tejidos periféricos (llamados cuerpos de Lafora, LBs). A pesar de las excelentes aportaciones realizadas recientemente, las bases moleculares de la patología de la enfermedad todavía se desconocen. Los pacientes se tratan con fármacos anti-epilépticos comunes, que si bien resultan efectivos en las primeras etapas de la enfermedad, resultan inoperantes en fases más avanzadas, por lo que en estos momentos no existe un tratamiento eficaz contra esta enfermedad tan devastadora, y los pacientes siguen muriendo alrededor de unos 10 años tras el inicio de los primeros síntomas. En el presente proyecto se apuesta por conocer las disfunciones que existen en los astrocitos de ratones modelo de enfermedad de Lafora, con la finalidad de poder proponer nuevos tratamientos que alivien la enfermedad. Nuestra hipótesis está basada en una serie de resultados que indican que la enfermedad de Lafora cursa con una disfunción energética general (acumulación de LBs, presencia de estrés de retículo endoplásmico, presencia de estrés oxidativo, alteraciones en el sistema de degradación de proteínas, reactividad glial, liberación de moduladores pro-inflamatorios, etc.). Nuestra teoría es que esta disfunción energética afecta severamente la funcionalidad de los astrocitos y, como consecuencia, la funcionalidad de las neuronas con las que interaccionan. Además, resultados recientes de nuestro grupo, también indican que en los modelos animales de LD se establece una reactividad astrocitaria y de la microglia que se acompaña con una liberación de marcadores pro-inflamatorios. Por estas razones, el objetivo general de la presente propuesta es el de estudiar la relación que existe entre la disfunción astrocitaria presente en LD y las consecuencias a nivel de alteraciones neuronales que se desprenden de ella. Con esta aproximación queremos poner en valor la función de los astrocitos en la homeostasis neuronal y definir nuevas dianas terapéuticas para el tratamiento de LD basadas en la recuperación de la disfunción astrocitaria. Pensamos que la mejora de la funcionalidad de los astrocitos redundará en una mejora de la funcionalidad de las neuronas y por tanto en un alivio de los síntomas neurológicos asociados a la enfermedad.	<a href="https://www.ibv.csic.es/web/grupos/USN/usn-index.php">https://www.ibv.csic.es/web/grupos/USN/usn-index.php</a>
JAEINT24_EX_0640	SANZ GOMEZ, NATALIA	nataliasanz@iib.uam.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES BIOMEDICAS SOLS-MORREALE	Identification and characterization of new cancer biomarkers associated with Whole Genome Doubling.	Chromosomal Instability (CIN) is a major hallmark in cancer that correlates with aggressiveness and poor prognosis. One of the most important sources of CIN is Whole Genome Duplication (WGD), which occurs when cells undergo polyploidization. In the particular case of Head and Neck Squamous Cell Carcinoma (HNSCC), WGD has been described as an early event during tumor development and it has been associated with cancer aggressiveness. Paradoxically, polyploidization is a common self-limiting event in normal squamous stratified epithelium, correlating with its non-proliferative differentiation program. WGD is detrimental to epithelial cell division and, thus it also plays a tumor suppressor role. Therefore, tumoral cells that have undergone a WGD event need to overcome this detrimental effect to be able to proliferate. Despite all the efforts done in the last years, how cells adapt to WGD is still unknown. In our laboratory, we are interested in identifying the genetic determinants that make WGD either an oncogenic or a tumor-suppressor event in HNSCC. We will use the most advanced biochemical and molecular biology tools, combined with genetic animal modelling, and ultimately correlate our findings with patient-derived cancer samples. Our final main objective is to unveil biomarkers to better diagnose cancer patients, and to find new therapeutic strategies based on those biomarkers, getting closer to the personalized medicine goal. We are looking for candidates who are willing to join an enthusiastic and active laboratory, and who are interested in learning many molecular and cellular biology techniques related to cancer research. If you are considering becoming a scientist, we are looking for you. More info: <a href="https://www.scopus.com/authid/detail.uri?authorid=57200289166">https://www.scopus.com/authid/detail.uri?authorid=57200289166</a> <a href="https://gdecancer.wixsite.com/website/">https://gdecancer.wixsite.com/website/</a>	<a href="https://www.iib.uam.es/web/iibm/departamentos?p_id=APGIportlet_WAR_IIBMappPortlets_INSTANCE_kZizqVB9jPM&amp;p_p_lifecycle=0&amp;_APGIportlet_WAR_">https://www.iib.uam.es/web/iibm/departamentos?p_id=APGIportlet_WAR_IIBMappPortlets_INSTANCE_kZizqVB9jPM&amp;p_p_lifecycle=0&amp;_APGIportlet_WAR_</a>
JAEINT24_EX_1714	SANZ MARTIN, MARINA	marina.sanz@ieo.csic.es	CENTRO OCEANOGRAFICO DE ILLES BALEARS	El análisis de la velocidad climática vertical y las distribuciones de las especies demersales destacan la importancia de proteger el Mar Mediterráneo	Las respuestas al cambio clima de los organismos marinos difieren de las terrestres debido a la capacidad de las especies marinas para ajustar su posición verticalmente. Aunque varios estudios han utilizado la velocidad climática horizontal para analizar desplazamientos de distribución de especies marinas hacia los polos (Pinsky et al., 2020), muchas especies no están migrando como se anticipaba (Sanz-Martín et al., 2024). Se ha prestado escasa atención a los cambios de profundidad, y la inclusión de la velocidad climática vertical está ofreciendo una explicación más completa de las respuestas climáticas de estos organismos algunas regiones del planeta (Gruenburg et al., in review). A escala global, aproximadamente el 77% de la velocidad climática vertical son negativas, lo que indica un aumento de la profundidad de las isoterms (Gruenburg et al., in review). Aunque la velocidad climática vertical es considerablemente menor en magnitud que la horizontal, desempeña un papel crucial al permitir que los organismos ajusten su profundidad en metros en lugar de kilómetros horizontalmente para mantener temperaturas estables (Jordá et al., 2020). Además, tanto la profundidad del lecho marino como la profundidad de la capa fótica – zona acuática en la que la luz solar puede penetrar lo suficiente como para permitir la fotosíntesis de plantas, macroalgas y fitoplancton – limitan los cambios de las distribuciones vertical posible de las especies. Para sorpresa de la comunidad científica, el estudio de Laura Gruenburg et al. (in review) indica que hay mayores cambios de especies atribuidos a la velocidad climática vertical que a la horizontal. Por ello, la velocidad climática vertical comienza a plantearse como un indicador relevante del cambio climático que podría modificar las profundidades habitadas por las especies y afectar a los recursos marinos comercializados a través de la pesca. ¿Qué sucede en el Mar Mediterráneo, nos preguntamos en el proyecto CLUSSARTES? ¿Cómo cambia la velocidad climática hacia aguas profundas? ¿Cómo han respondido las especies en los últimos 25 años? Nuestro primer estudio, Sanz-Martín et al., (2024) muestra mayores cambios de distribución de especies demersales hacia aguas someras en el Mediterráneo Occidental, pero en este trabajo no tuvimos en cuenta la velocidad climática vertical, solo la horizontal. ¿Te une a nosotras para averiguarlo y descubrir las profundidades mediterráneas a través de la programación y las mat	<a href="http://www.ba.ieo.es/es/investigacion/grupos-de-investigacion/greco">http://www.ba.ieo.es/es/investigacion/grupos-de-investigacion/greco</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0026	SANZ MORALES, JESUS MIGUEL	jmsanz@cib.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS MARGARITA SALAS	Ingeniería de enzimas líticas de la pared celular de patógenos respiratorios	El presente proyecto de tesis se centra principalmente en <i>Streptococcus pneumoniae</i> (neumococo). Este patógeno Gram-positivo, causante de neumonía y meningitis está considerado por la OMS como uno de los prioritarios para el que se debe incrementar la inversión en investigación de nuevos antibióticos: es responsable de alrededor de 1 millón y medio de muertes anuales en el mundo, y constituye el principal agente infeccioso causante de muerte de niños menores de 5 años (alrededor de 1000 niños diariamente). Neumococo posee una enzima lítica de pared (LytA), que forma parte de la familia de las proteínas de unión a la colina de los ácidos teicoicos de neumococo (CBPs) y que ya ha sido probada previamente como "enzibiótico", una enzima con carácter antibiótico frente a este patógeno, si bien aún no se conoce por completo su mecanismo de regulación intracelular. En este trabajo se busca comprender más aspectos acerca de la estabilidad y la dinámica de esta proteína, de manera que se sienten las bases para la construcción de variantes más robustas obtenidas mediante ingeniería de proteínas y que pudieran ser utilizadas como enzibióticos más potentes que la proteína nativa. En este apartado se estudiará, mediante mutagénesis dirigida, la importancia de determinadas interacciones que ocurren en el interior de la proteína, y más concretamente cerca de los sitios de unión a colina. El diseño racional de mutantes múltiples de LytA por combinación de las mutaciones identificadas se espera que conduzcan a variantes más estables que sean más resistentes en condiciones fisiológicas, y por lo tanto posean una acción antibiótica más duradera.	<a href="http://tinyurl.com/cibpneumo">http://tinyurl.com/cibpneumo</a>
JAEINT24_EX_0564	SANZ MURIAS, MARIA LUZ	mlsanz@iqog.csic.es	INSTITUTO DE QUÍMICA ORGÁNICA GENERAL	Nuevas metodologías medioambientalmente limpias y eficaces para la extracción de compuestos bioactivos a partir de subproductos agroalimentarios	Actualmente existe un gran interés en el aprovechamiento de subproductos agroalimentarios como fuente natural de compuestos bioactivos para su uso como ingredientes funcionales o complementos alimenticios. Sin embargo, la explotación industrial de estos compuestos bioactivos requiere la selección de la técnica de extracción y la optimización y validación de las metodologías necesarias para su enriquecimiento y análisis. Durante esta estancia, el estudiante participará en una de las principales líneas de investigación del grupo centrada en el desarrollo de nuevos métodos de extracción eficaces y limpios para la obtención de extractos enriquecidos en compuestos bioactivos a partir de subproductos agroalimentarios, dentro de un contexto de economía circular. Estos estudios tendrán un marcado carácter multidisciplinar adquiriendo conocimientos y experiencia tanto dentro del área de Ciencia y Tecnología de los Alimentos como de Química Analítica. El candidato recibirá formación, tanto teórica como práctica, sobre el empleo de técnicas avanzadas de extracción como la extracción asistida por microondas, por ultrasonidos o asistida con líquidos presurizados. También se contemplará el uso de biodisolventes como los disolventes eutécticos profundos naturales (NADES), alternativos a los convencionales, en combinación estas técnicas de extracción, para mejorar la selectividad y favorecer el enriquecimiento de los extractos en los compuestos bioactivos de interés. Asimismo, el candidato se especializará en el empleo de técnicas cromatográficas (GC y LC) acopladas a espectrometría de masas para el análisis de los extractos obtenidos, así como en diversas metodologías para la determinación in vitro de propiedades bioactivas. Adquirirá también experiencia en el empleo de bases bibliográficas, herramientas estadísticas para el procesamiento de resultados, elaboración de informes y divulgación de resultados. Por último, el candidato asistirá a seminarios y cursos impartidos en el IQOG relacionados con esta temática, participará en reuniones periódicas del grupo de investigación que permitan la evaluación continuada del proceso de aprendizaje del estudiante y en foros científicos para la divulgación de resultados y la adquisición de una visión global del estado actual del tema de investigación. El laboratorio solicitante posee una destacable capacidad formativa (tesis y trabajos de master dirigidos, estudiantes en prácticas, organización de cursos de formación, etc.).	<a href="http://www.iqog.csic.es/es/researchline/grupo-de-analisis-instrumental-en-medio-ambiente-alimentos-y-salud">http://www.iqog.csic.es/es/researchline/grupo-de-analisis-instrumental-en-medio-ambiente-alimentos-y-salud</a>
JAEINT24_EX_0947	SANZ TABERNER, MARIA TERESA	tesanz@iata.csic.es	INSTITUTO DE AGROQUÍMICA Y TECNOLOGÍA DE ALIMENTOS	Emulsiones vegetales basadas en subproductos como sustitutos de grasas saturadas en alimentos	Se elaboraran emulsiones de aceite vegetal y agua utilizando subproductos de la industria de cítricos y de la vid como emulsionantes y estabilizantes. Se analizará su textura, sus propiedades reológicas, su estabilidad, su capacidad de retención de aceite y se aplicaran como fuente de grasa saturada en la elaboración de galletas y cremas de queso como alimentos modelo. Se estudiarán las propiedades físicas y sensoriales de los nuevos alimentos desarrollados con las nuevas emulsiones desarrolladas.	<a href="http://www.iata.csic.es">www.iata.csic.es</a>



REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1367	SAQUE HENRIQUES, DAVID	davidh@iim.csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES MARINAS	Inferring Dynamic Networks for Aquaculture Development: A Machine Learning Approach to Differentiation Anomalies	In the field of aquaculture, developmental anomalies in fish pose significant challenges, affecting both production efficiency and animal welfare. Fundamental to addressing these challenges is an in-depth understanding of fish development. Given the dynamic nature of development, leveraging machine learning techniques alongside dynamic modelling is promising avenue for solving critical issues in aquaculture. Zebrafish has emerged as a vital model for vertebrate developmental studies due to its genetic similarity to other vertebrates and its transparent embryonic stage. Its use in the aquaculture context is invaluable for examining physiological processes and developmental pathways. This master's project will focus on two cell types known to be associated with developmental abnormalities in cultured fish: osteocytes and chromatophores. Osteocytes play a crucial role in bone formation and maintenance, while chromatophores are pigment-containing cells integral to coloration. Aberrations in the development of these cells can lead to skeletal deformities and pigmentation disorders, respectively. In this project, the student will use a combined machine learning and systems biology approach to the reverse engineer cellular differentiation networks from single-cell transcriptomics data. The student's objectives in this project will be to: 1) Utilising a published study on embryonic development, he/she will identify mature cells and trace them back to their progenitors with the help of algorithms for pseudo-time analysis. This procedure will uncover the pivotal transcription factors and signalling pathways that drive cellular differentiation. 2) Based in literature information and the single cell transcriptomics data, the student will build an initial qualitative network of differentiation regulation. 3) Finally, to harness the power of systems biology and machine learning, this project will utilize SELDOM, a software tool that operates at the nexus of these fields. SELDOM is adept at constructing dynamic ensemble models that represent the complexity of gene regulatory networks. These models are instrumental for simulating the gene interactions that drive the process of cellular differentiation, offering a better understanding of developmental biology. The project aims to improve the understanding osteocyte and chromatophore physiology and pave the way for innovations in monitoring developmental anomalies in cultured fish.	<a href="https://www.iim.csic.es/es/research/all-groups/laboratorio-de-biotecnologia-acuatica">https://www.iim.csic.es/es/research/all-groups/laboratorio-de-biotecnologia-acuatica</a>
JAEINT24_EX_1248	SARRIA RUIZ, BEATRIZ IRENE	beasarria@ictan.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIA Y TECNOLOGIA DE ALIMENTOS Y NUTRICION	Estudio multidisciplinar de los efectos del café en la salud de personas con sobrepeso u obesidad	La formación se llevará a cabo mediante la participación en el proyecto: Estudio exploratorio de la variabilidad interindividual en la respuesta al consumo de un café verde rico en polifenoles y factores que influyen en la respuesta (GREENCOF), que está en curso, donde se pretende conocer los efectos del consumo regular de un café ligeramente tostado sobre biomarcadores cardiometabólicos, de inflamación, etc. en sujetos con sobrepeso/obesidad y, entender la contribución de factores genéticos, dietéticos, antropométricos, la microbiota, etc. a dicha respuesta. El estudiante tomará parte en las siguientes actividades: - Reclutamiento y caracterización de la población de estudio. - Recolección y tratamiento de muestras biológicas - Estudio de determinadas variantes genéticas, para determinar un índice de susceptibilidad genética frente a la obesidad. - Estudio dietético a través de la aplicación de recuerdos de 24 horas y su análisis mediante un programa específico. - Evaluación de la composición corporal mediante técnicas de bioimpedancia y antropométricas - Determinación de biomarcadores de inflamación y riesgo cardiometabólico. - Análisis estadístico e interpretación de los resultados obtenidos. Se podrá lograr una formación amplia sobre la realización de estudios en humanos. Se integrará en un grupo de investigación en el que participan también profesores de la Facultad de Farmacia de la UCM, que contribuirán a que consiga una formación interdisciplinar en el Área Científica Vida.	<a href="https://www.ictan.csic.es/grupos-de-investigacion/metabolismo-y-bioactividad-de-fitoquimicos-biocell/">https://www.ictan.csic.es/grupos-de-investigacion/metabolismo-y-bioactividad-de-fitoquimicos-biocell/</a>
JAEINT24_EX_0811	SARRO TRIGUEROS, ROBERTO	r.sarro@csic.es	INSTITUTO GEOLOGICO Y MINERO DE ESPAÑA	Integración de inteligencia artificial (IA) y modelización para el estudio de desprendimientos rocosos en un contexto de Cambio Climático	Comprender la relación entre procesos como los desprendimientos de rocas, es esencial para precisar las variaciones de la peligrosidad en diferentes contextos geológicos, y supone un gran desafío para la comunidad científica que determina el riesgo real al que se expone la población. La aplicación del machine-learning (ML) y la inteligencia artificial (IA) en la cartografía de inestabilidades del terreno ha aumentado su fiabilidad y precisión, abordando desafíos relacionados con la determinación de umbrales, la precisión de la clasificación y la evaluación de la incertidumbre. Estos avances no solo pueden mejorar la calidad de los mapas de inestabilidades del terreno, sino que también contribuirán a la toma de decisiones y a la respuesta rápida frente a estos eventos. Así, en esta beca se estudiarán estos procesos utilizando diferentes herramientas, desde la modelización numérica a la cartografía de eventos a la aplicación de algoritmos de machine-learning y/o inteligencia artificial. El propósito de estas prácticas curriculares es permitir que la/el estudiante elabore un Trabajo Fin de Máster en un marco de investigación que tenga un gran potencial de futuro, tanto en el ámbito público como en el de la empresa privada. Con este objetivo, el Plan de Formación que hemos diseñado desde nuestro Grupo de Investigación está destinado a ofrecer los instrumentos para que la/el estudiante puedan adquirir las competencias propias de esta tarea: 1. Comprensión sistemática de la gestión de riesgos geológicos, tanto de los derivados por procesos de erosión como los producidos por otros factores desencadenantes. 2. Dominio de habilidades y métodos de investigación punteros, que van desde la modelización numérica, a la geoestadística, pasando por el uso de datos obtenidos con satélites y drones. 3. Capacidad de concebir, planificar y desarrollar un trabajo fin de Máster de manera integral. 4. Capacidad de participar en una investigación original y de la que apenas hay estudios desarrollados. 5. Capacidad de realizar un análisis crítico y de evaluación y síntesis de una temática novedosa. 6. Capacidad de comunicación con un equipo científico multidisciplinar, dinámico, divertido y comprometido.	<a href="https://www.igme.es/insrslab">https://www.igme.es/insrslab</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0999	SAURA ALVAREZ, MARIA	saura.maria@inia.csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES MARINAS	Estudio de los perfiles microbianos de trucha y su aplicación en programas de mejora genética para resistencia a enfermedades en acuicultura	La presente propuesta responde a la motivación por profundizar en el conocimiento sobre la base genética que subyace a la resistencia a enfermedades en la acuicultura, con el objetivo de incorporar de manera eficiente este carácter complejo en los esquemas de selección genética. La investigación actual indica que la microbiota intestinal desempeña un papel fundamental en la modulación del sistema inmune. Este proyecto busca aportar una nueva perspectiva al estudio de la resistencia a enfermedades en la acuicultura mediante la aplicación de enfoques metagenómicos. Para llevar a cabo este propósito, se ha llevado a cabo un experimento de infección con la bacteria <i>Yersinia ruckeri</i> , utilizando una muestra de 200 individuos (100 controles y 100 enfermos). Además, se dispone de datos de expresión de ARN en el intestino, que se integrarán con los datos del microbioma. Estos datos de ARN proporcionarán información adicional sobre los mecanismos moleculares subyacentes a la respuesta inmune de los peces y su relación con la diversidad y abundancia de especies de la microbiota. El análisis de los perfiles taxonómicos de variación y abundancia de la microbiota en peces sanos e infectados, junto con los datos de expresión de ARN, permitirá obtener una comprensión más completa de la influencia de la microbiota intestinal en el estado de salud de los peces. Se explorará el potencial de aplicación de este conocimiento para mejorar la respuesta del huésped a la enfermedad, ya sea mediante la selección de individuos con perfiles microbianos específicos o mediante la administración de probióticos. Se espera que los resultados obtenidos no solo contribuyan a optimizar los programas de mejora genética en la acuicultura, sino también a sentar las bases de futuras investigaciones sobre la interacción entre los genomas de la microbiota y del huésped, así como sobre los mecanismos moleculares implicados en la respuesta inmune de los peces. Este enfoque integrador promete impulsar significativamente el avance del conocimiento en el campo de la salud y la producción en la acuicultura.	<a href="https://www.iim.csic.es/research/all-groups/laboratorio-de-biotecnologia-acuatica">https://www.iim.csic.es/research/all-groups/laboratorio-de-biotecnologia-acuatica</a>
JAEINT24_EX_0177	SBRAGAGLIA, VALERIO	sbragaglia@icm.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS DEL MAR	Monitoring the contemporary biodiversity crisis in the Mediterranean Sea using digital data from recreational fishing	The Mediterranean Sea is a global marine biodiversity hotspot, which is facing a biodiversity crisis. Many aspects of such crisis remain unsolved because of the lack of the necessary ecological and socio-economic information to guide decision-makers. Emerging digital research approaches (conservation culturomics and iEcology, which use digital data to study human-nature interactions and ecological patterns) can fill this gap by providing an unprecedented volume of data to advance monitoring and research on biodiversity conservation from an ecological and human-dimension perspective. Recreational fishers play a central role for two main reasons. First of all, the impact of recreational fishing on marine ecosystems is not well understood due to constraints in monitoring activity. Therefore, the development of a cost-effective monitoring tool will increase our understanding of the impact of recreational fishing on Mediterranean ecosystems. Second, recreational fishing has a huge underexplored potential for monitoring marine ecosystems. For example, European marine recreational fishers are estimated to be around 8.7 million (1.6% of the total population), with an estimated 77.6 million days fished per year. Therefore, recreational fishing catches constitute a widespread spatio-temporal network of samples that - if properly analysed - can provide an unprecedented body of information, especially for marine environments where sampling is constrained across time and space. This JAE project will be integrated within the context of my Ramon y Cajal research activity aiming to approach complex problems with an integrative research approach. The student will be introduced to the emerging research approaches of conservation culturomics and iEcology. Research activity will be developed at the Institute of Marine Sciences in Barcelona. The main responsibilities of the student will be related to: (i) mining digital data in R with a script that has been recently developed; (ii) analyse quantitative data about ecological and social aspects of recreational fisheries (iii) interpret results and participate in writing. The JAE-intro project is open to be adjusted to meet specific expectations and support career goals of the student. The Institute of Marine Science is a unique and vibrant international community and offers support for career and talent development of young researchers in a safe and equitable environment. "Ideal" student is nice-to-have some experience	<a href="https://www.icm.csic.es/en/research-group/functioning-and-vulnerability-marine-ecosystems">https://www.icm.csic.es/en/research-group/functioning-and-vulnerability-marine-ecosystems</a>
JAEINT24_EX_1474	SEBASTIÁN CABEZA, VÍCTOR	victorse@unizar.es	INSTITUTO DE NANOCIENCIA Y MATERIALES DE ARAGON	Diseño y aplicación de sistemas microfluidicos para la producción de emulsiones para usos en Biomedicina	Objetivo: Desarrollo de nanovectores de aplicación biomédica mediante tecnologías de flujo continuo para facilitar la escalabilidad y la traslación a usos clínicos La investigación que se persigue en esta propuesta supone trabajar en un grupo multidisciplinar en el que el investigador tendrá acceso a diferentes ámbitos de trabajo vinculados con el campo de la Nanotecnología y la Biomedicina Actividades: Revisión bibliográfica sobre la temática de la propuesta: Búsqueda de publicaciones en Scopus, y otros motores de búsqueda. Ordenación y manejo de la bibliografía en la preparación de manuscritos científicos; Desarrollo de metodologías de producción de nanovectores en flujo continuo Conocimiento de técnicas de encapsulación para funcionalizar los nanovectores con propiedades bactericidas Estudio e interpretación de los resultados obtenidos Participación en la redacción de un manuscrito científico Posibilidad de solicitud de un contrato predoctoral para continuar su labor investigadora El investigador involucrado en esta propuesta será capaz de desarrollar las siguientes competencias: Competencias transversales: CT1:Capacidad para analizar resultados y diagnosticar problemas analíticos CT2:Capacidad de trabajar en equipo CT3:Capacidad de resolver problemas CT4:Capacidad de toma de decisiones CT5:Capacidad de adaptarse a distintos entornos culturales (laboratorio biomédico y nanomateriales) CT6: Capacidad para aprender de forma continuada y desarrollar estrategias de aprendizaje autónomo Competencias específicas: CE1:Capacidad para comprender y aplicar los principios de conocimientos básicos de la química general, química orgánica e inorgánica, ingeniería de materiales, nanotecnología y biomedicina. CE2:Conocimientos de los fundamentos de ciencia, tecnología y química de materiales. Comprender la relación entre la microestructura y las propiedades macroscópicas CE3:Conocimiento de nanobiomedicina adaptada a la ingeniería de tejidos CE4:Capacidad de entender problemas biomédicos actuales	<a href="https://nfp.unizar.es/">https://nfp.unizar.es/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0904	SEIMETZ, MICHAEL	mseimetz@i3m.upv.es	INSTITUTO DE INSTRUMENTACION PARA IMAGEN MOLECULAR	Técnicas para estudios radiobiológicos con protones y rayos X generados por láser	<p>El grupo de trabajo Laser Acceleration of Ions and Applications (LAI, i3M, Valencia), parte del grupo temático Sistemas de Terapia e Imagen Médica, está especializado en la aceleración de protones e iones por pulsos de láser ultra-intensos. Esta técnica tiene muchas aplicaciones potenciales debido a la importancia de los aceleradores para la radioterapia y la generación de radiofármacos. Realizamos medidas experimentales para la caracterización espectral de pulsos ultra-cortos de protones o de rayos X generados en la interacción láser-plasma. Contrario a los aceleradores clásicos, las fuentes basadas en láseres pulsados generan una dosis instantánea muy alta. Actualmente, el interés principal de nuestro trabajo es el estudio de efectos biológicos de estas fuentes de radiación mediante la irradiación de cultivos celulares. Este proyecto ofrece una introducción en aspectos teóricos y prácticos de la aceleración láser y sus aplicaciones multidisciplinares. Se dirige a estudiantes de máster en física o ingeniería biomédica, pero también de telecomunicaciones, ingeniería electrónica o campos relacionados. El/la candidato/a podrá elegir un tema de trabajo según el estado del proyecto y sus preferencias y conocimientos previos. Algunas opciones serán: con énfasis en Física nuclear, la medida precisa de la dosis depositada por pulsos de partículas muy intensos; en Física de plasmas, la realización de simulaciones particle-in-cell (PIC) para estudiar detalles de la interacción láser-plasma; en Ingeniería, el diseño 3D de un montaje experimental nuevo para guiar y focalizar el haz de partículas mediante campos magnéticos; y en Biología/Medicina, la búsqueda de procesos celulares especialmente susceptibles a la tasa de dosis aplicada. Esta temática es muy fronteriza y por tanto no se piden conocimientos previos específicos. Durante las primeras semanas el/la candidato/a obtendrá toda la formación necesaria para realizar su proyecto que idealmente dará lugar a un trabajo de fin de grado o de máster en su disciplina.</p>	<a href="https://i3m.csic.upv.es/research/stim/laia/">https://i3m.csic.upv.es/research/stim/laia/</a>
JAEINT24_EX_0779	SEIVANE RAMOS, HELENA	hseivane@geo3bcn.csic.es	GEOCIENCIAS BARCELONA	Aplicación de datos sísmicos en la exploración de sulfuros masivos en la faja piritica Ibérica: caso de estudio en Mina Concepción (Huelva)	<p>La baja actividad sísmica en el conjunto de la península ibérica ha sido la principal razón para descartar el uso de técnicas de exploración sísmica basadas en el aprovechamiento de sismicidad local. Sin embargo, trabajos recientes en zonas de baja sismicidad como los elaborados utilizando la red sísmica nacional Suiza han demostrado que se puede extraer información valiosa de la estructura más superficial del suelo aún en zonas donde la ocurrencia de terremotos es baja o moderada. En este proyecto se tratará de aplicar la conocida como técnica de cocientes espectrales standard aprovechando la sismicidad registrada por una red sísmica, desplegada entre mayo y septiembre de 2023, en la zona de Mina Concepción (Huelva), así como las detonaciones diarias de la cercana mina activa de Riotinto. El objetivo final será discutir si el uso de esta metodología permite resolver los depósitos de sulfuros masivos que se encuentran en la estructura más superficial (de 50 a 700 metros de profundidad). Los resultados obtenidos se compararán con los ya obtenidos a través de metodologías de ruido sísmico ambiental y será una excelente oportunidad para el/la estudiante, quien a través de esta comparación conocerá las ventajas y el alcance de cada una de las técnicas.</p>	<a href="https://www.geo3bcn.csic.es/">https://www.geo3bcn.csic.es/</a>
JAEINT24_EX_0087	SENTANDREU VICENTE, MIGUEL ANGEL	copete@iata.csic.es	INSTITUTO DE AGROQUIMICA Y TECNOLOGIA DE ALIMENTOS	Búsqueda de marcadores proteómicos y metabólicos para detectar carnes de vacuno defectuosas y contribuir a reducir el desperdicio alimentario	<p>Durante la formación, el/la estudiante aprenderá las tareas relacionadas con la obtención y clasificación inicial de muestras de vacuno en sus distintos niveles de calidad. Para ello se emplearán medidas de color de la carne, de pH, y retención de agua. En una segunda etapa el/la estudiante se formará en la preparación de extractos musculares a partir de muestras de carne pertenecientes a distintas razas de vacuno españolas. Posteriormente, el/la estudiante aprenderá las técnicas relacionadas con el fraccionamiento/separación del proteoma de vacuno muscular y del plasma/suero sanguíneo, tales como la electroforesis en gel (SDS-PAGE) o el isoelectroenfoque en medio líquido (OFFGEL). El objetivo final será caracterizar y cuantificar aquellas proteínas clave que permitan dilucidar eficaz y precozmente diversos aspectos esenciales relacionados con la calidad de la carne, contribuyendo así a reducir el desperdicio alimentario por reducir la incidencia de carnes defectuosas. En una segunda etapa, el/la estudiante podrá aplicar y desarrollar los conocimientos adquiridos al estudio proteómico de una segunda matriz alimentaria como la leche y poder así establecer también criterios de calidad en función de las diferentes razas animales. Para la identificación de las proteínas, el/la estudiante aprenderá los protocolos básicos de trabajo en Proteómica basados en el análisis de cromatografía líquida acoplada a la espectrometría de masas (LC-MS), así como las herramientas bioinformáticas y estadísticas adecuadas para un postprocesado eficiente de la gran cantidad de datos generados.</p>	<a href="https://www.iata.csic.es/investigacion/bioquimica-de-la-carne-y-productos-carnicos">https://www.iata.csic.es/investigacion/bioquimica-de-la-carne-y-productos-carnicos</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1473	SEOANE IGLESIAS, LUIS FRANCISCO	lf.seoane@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Applications of neuromorphic computation to biological problems.	Neuromorphic computation is a new computing paradigm that mimics how biological neurons work [1]. Our neurons compute with spikes. This makes them much more efficient (our brain consumes about the energy of a light bulb), fast, and able to adapt to different new problems. Unfortunately, we do not understand very well yet which are the principles that spiking neurons utilize to implement their computations. But we have some hints [2], and applying what little we know may already suffice to see great advances in a range of problems. This project aims at applying some known principles of neuromorphic computation to solving relevant problems in biology—more specifically, problems related to the analysis of genetic sequences. Our group has huge datasets of genetic sequences from real experiments of viral evolution, and these will serve to try out our advances with neuromorphic algorithms. We will guide a student in implementing novel neuromorphic algorithms to tackle relevant problems with this new computing paradigm. We will make an effort to keep those problems close to real biological questions. We will provide readings and discussions about biology in general, Darwinian evolution, machine learning, neuromorphic computation, and AI. The work will be carried out in close contact with members of the Evolutionary Systems Group, who have a broad expertise on the topics involved—including hands-on experience in machine learning, artificial intelligence, dynamical systems, agent-based models, and statistical physics (all these are methods relevant to the proposed project). The group also hosts periodic seminars on diverse topics on Complex Systems to foster scientific discussion and further contribute to the training of our students. [1] Bohnstingl T et al. Front. Neurosci. 13, 483 (2019). [2] Maass W. Proc. IEEE. 103(12), 2219-24 (2015).	<a href="https://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/biologia-de-sistemas/sistemas-evolutivos">https://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/biologia-de-sistemas/sistemas-evolutivos</a>
JAEINT24_EX_1525	SERRANO DE HARO MARTINEZ, AGUSTIN	agustin.serrano@cchs.csic.es	INSTITUTO DE FILOSOFIA	Fenomenología del cuerpo	El plan de formación del grupo se orienta básicamente a la especialización en fenomenología como inspiración filosófica viva de lo que ha sido llamada filosofía continental. No se hace acepción de autores, aunque se concede especial relevancia a la fenomenología trascendental husserliana y a la tradición francesa de filosofía del cuerpo; se interesa también por la recepción de la fenomenología en lengua española. En el orden temático se privilegia la atención a la corporalidad vivida y a su centralidad en las estructuras del mundo de la vida. En los proyectos de investigación financiados, el grupo ha podido plantear un análisis fenomenológico renovado del dolor físico y, a través de él, de la sensibilidad afectiva. La descripción y categorización exigentes de las experiencias de dolor y ahora también de gozo corporal sirven así de vía de acceso a una comprensión inmanente del cuerpo en primera persona. Tal enfoque se muestra fecundo a la hora de conectar con las dimensiones de la corporalidad tal como se ofrece en segunda y en tercera persona, y en consecuencia con las discusiones del "giro corporal" en la ética y en las ciencias sociales. Desde hace ocho años el grupo convoca regularmente un curso de posgrado de introducción y discusión de fenomenología. De las personas en formación que se incorporen al grupo se espera una participación activa en estas líneas de trabajo, con asistencia regular a los seminarios y actividades de investigación.	<a href="http://fenomenologiadelcuerpo.home.blog">fenomenologiadelcuerpo.home.blog</a>
JAEINT24_EX_1083	SERRANO MISLATA, ANTONIO	antserra@ibmcp.upv.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA MOLECULAR Y CELULAR DE PLANTAS PRIMO YUFERA	Analysis of plant stem cells activity under environmental stress conditions	The combined effects of an exponentially growing world population and climate change urge to find novel biotechnological solutions to ensure food security. Stem cells in the shoot apical meristem (SAM) are the origin of all aboveground organs of the plant: stem, branches, leaves, flowers and fruits. Thus, the activity of these cells determines fruit number, fruit size and seed production in economically important crops, such as tomato, maize and rice. Several studies, mainly in roots and leaves, have shown that environmental (abiotic) stress conditions (drought, salinity, extreme temperatures, etc.) block cell division and, consequently, plant growth. However, little is known about how stress affects the less accessible tissues of the SAM. Plant stem cells are hypersensitive to environmental hazards and therefore need to develop unique defense strategies. Our group aims to explore the effects of harsh environments on SAM activity and to uncover the hormone and genetic pathways that control the defense response. For this, we use a combination of state-of-the-art techniques in cellular and molecular biology, such as bioimaging of shoot apices and tissue-specific transcriptomics. We use the weed <i>Arabidopsis thaliana</i> ( <i>Arabidopsis</i> ) as a model system. The student will be integrated into the routine of a research team in plant molecular biology. He/she will work with other group members on a variety of tasks covering different aspects of our research: preparation of media and solutions, cultivation of <i>Arabidopsis</i> plants under controlled conditions, manipulation of samples for confocal microscopy and molecular biology techniques (extraction of nucleic acids, PCR, etc.) The student will also discuss his/her progress with the rest of the team in weekly meetings. At the end of this internship, the student is expected to gain a comprehensive insight into working in a research laboratory, learn basic cell and molecular biology techniques and, most importantly, improve his/her soft skills (time management, communication, problem solving, teamwork, etc.) that will be of interest for his/her future career.	<a href="https://plasticity.webs.upv.es">https://plasticity.webs.upv.es</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1168	SEVILLA HIDALGO, NOEMI	sevilla@inia.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACION EN SANIDAD ANIMAL	Mecanismos de Evasión de la Respuesta Inmune por el virus de Crimea Congo	Las prácticas se realizarán en el Centro de Investigación en Sanidad Animal (CISA-INIA-CSIC). El virus de la fiebre hemorrágica de Crimea-Congo (FHCCV), de la familia Bunyaviridae, produce la enfermedad hemorrágica de Crimea-Congo, es transmitido por garrapatas y causa graves brotes de fiebre hemorrágica viral, con una tasa de letalidad del 10-40%. Los hospedadores principales son los rumiantes, en los que el virus cursa con un cuadro subclínico, y los humanos en los que causa fiebre hemorrágica. Se ha sugerido un papel de las citoquinas inflamatorias en la patogénesis, y el FHCCV emplea una variedad de mecanismos pasivos y activos para evitar la inducción de los interferones (IFN) antivirales de tipo I. El principal objetivo de este trabajo es contribuir a describir los mecanismos que utiliza FHCCV para escapar al reconocimiento de la respuesta a IFN tipo I. Con este objetivo principal, el plan de formación propuesto es el siguiente: i) Expresión de proteínas recombinantes del virus en un sistema de expresión bacteriano. Se propone la expresión de las proteínas N y G de FHCCV para usarla en ensayos que nos permita evaluar la capacidad de estas proteínas de interferir con la respuesta IFN-I. ii) Ensayos de detección de IFN. Se utilizará RT-qPCR para cuantificar la expresión de genes relacionados con el IFN, en presencia de las proteínas virales y en ausencia, para determinar el efecto de las proteínas virales en la ruta de activación de IFN. Asimismo, se determinará la producción de IFN mediante ensayos de luminiscencia con un plásmido que expresa luciferasa bajo el receptor de IFN. iii) Microscopio confocal para determinar la localización de las proteínas en las células iv) Análisis por citometría de flujo de las citoquinas expresadas en las células en respuesta a la activación por las proteínas virales. Este plan de formación permitirá que el estudiante adquiera conocimientos en virología, biología molecular, citometría y microscopía confocal, lo que le permitirá obtener un conocimiento en un número significativo de técnicas.	<a href="https://www.inia.es/investigacion/animal/sanidad/Nuevas%20estrategias%20de%20control%20de%20pat%C3%B3genos/Pages/Home.aspx">https://www.inia.es/investigacion/animal/sanidad/Nuevas%20estrategias%20de%20control%20de%20pat%C3%B3genos/Pages/Home.aspx</a>
JAEINT24_EX_0686	SIERRA TRAVIESO, M.TERESA	t.sierra@csic.es	INSTITUTO DE NANOCIENCIA Y MATERIALES DE ARAGON	Nanopartículas basadas en dendrímeros para diagnóstico de cáncer mediante espectroscopia de fluorescencia	El trabajo se enmarca en un proyecto sobre la detección de biomarcadores tumorales en sangre utilizando dendrímeros como sondas y espectroscopia de fluorescencia como técnica de detección no invasiva, respondiendo a los criterios de la biopsia líquida. Los dendrímeros son macromoléculas muy ramificadas con una estructura interna definida y un elevado número de grupos funcionales en la periferia. En trabajos realizados en nuestro grupo, hemos demostrado que nanopartículas formadas por dendrímeros catiónicos interaccionan con proteínas del suero y esto permite detectar la presencia de la enfermedad. El trabajo propuesto se centra en modificar las características químicas de los dendrímeros para obtener nanopartículas con distinta funcionalización superficial, la cual determinará su interacción con las proteínas del suero sanguíneo y su aplicación como sonda de diagnóstico de cáncer. Metodologías: Síntesis Orgánica para la preparación de dendrímeros. Caracterización química utilizando técnicas habituales en química orgánica: resonancia magnética nuclear, espectroscopia infrarroja, espectrometría de masas. Preparación y caracterización de las nanopartículas formadas por los dendrímeros: microscopía electrónica, dispersión de luz dinámica. Estudio de la interacción de las nanopartículas con las proteínas del suero mediante técnicas de análisis térmico. Optimización del protocolo de preparación de muestras para la detección utilizando sueros de pacientes. Estudio de las muestras mediante espectroscopia de fluorescencia. Análisis de resultados.	<a href="https://liquidcrystals.unizar.es/">https://liquidcrystals.unizar.es/</a>
JAEINT24_EX_0569	SILVAN JIMENEZ, JOSE MANUEL	jm.silvan@csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACION EN CIENCIAS DE LA ALIMENTACION	Evaluación de la actividad anti-ureásica de ingredientes y subproductos alimentarios para el control del patógeno gástrico Helicobacter pylori	H. pylori es un patógeno gástrico humano de elevada incidencia, que afecta a 50% de la población mundial, y que se relaciona con diversas patologías como la úlcera gástrica o el cáncer gástrico. Entre sus principales factores de virulencia destaca la enzima ureasa que le permite a la bacteria sobrevivir al pH ácido del epitelio gástrico y colonizarlo contribuyendo así al daño tisular asociado a la infección por esta bacteria. La inhibición de esta enzima podría reducir el daño ocasionado por esta bacteria. Actualmente, los tratamientos terapéuticos habituales incluyen una combinación de antibióticos e inhibidores de la bomba de protones. Sin embargo, la efectividad de estos tratamientos ha disminuido en los últimos años, debido fundamentalmente al incremento de la resistencia de H. pylori a los antibióticos. En este contexto, el empleo de sustancias naturales ha ganado gran importancia para la erradicación de este patógeno. Por tanto, el uso de alternativas naturales basadas en la dieta resulta especialmente atractivo en términos de costes de tratamiento, tolerabilidad y aceptación por parte del paciente. El objetivo del trabajo es evaluar el efecto de extractos procedentes de ingredientes y subproductos alimentarios como inhibidores de la enzima ureasa frente a cepas de H. pylori.	<a href="https://microbio.csic.es/">https://microbio.csic.es/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0390	SINTES ELVELIN, EVA	eva.sintes@ieo.csic.es	CENTRO OCEANOGRÁFICO DE ILLES BALEARS	Iluminando el papel de los microorganismos del océano oscuro en los ciclos biogeoquímicos: Cuantificación de microorganismos capaces de asimilar amino	Los microorganismos que habitan el océano oscuro (por debajo de 200m de profundidad) contribuyen el 75% y el 56% de la biomasa y la producción heterotrófica de todo el ecosistema marino, respectivamente. Para avanzar en nuestro conocimiento sobre el papel de los procariontes del océano profundo en los ciclos biogeoquímicos y su respuesta a cambios naturales o antropogénicos, como los que predeciblemente se producirán asociados al cambio climático global (p.ej., incremento de la estratificación, disminución de los eventos de formación de aguas profundas, incremento de la oligotrofia), este proyecto pretende identificar la variación en la actividad de incorporación de amino ácidos y nucleótidos por parte de células procariontes individuales a través de la columna de agua y en distintos momentos del ciclo anual en el Mediterráneo occidental. El/la contratado/a JAE adquirirá conocimiento en técnicas de evaluación de última generación para evaluar la actividad a nivel celular (click-chemistry), en citometría de flujo aplicada a ecología marina, y en separación de células por citometría (sorting) para análisis posteriores mediante otras técnicas como análisis moleculares (secuenciación de ADN). En el laboratorio del Centro Oceanográfico de Baleares del IEO-CSIC (Palma de Mallorca) adquirirá experiencia en el muestreo y conservación de muestras de microorganismos y podrá participar en al menos una campaña oceanográfica de las series temporales RADIALES del IEO-CSIC donde poner en práctica los conocimientos adquiridos, así como observar y ayudar en la obtención de otras muestras y medidas de otros parámetros ambientales relevantes que se recogen rutinariamente en estas campañas. De esta forma, el/la contratado/a JAE adquirirá experiencia en el muestreo de campo y en el laboratorio, utilizando tecnologías de última generación aplicadas al estudio ecológico de microorganismos en el ambiente marino.	<a href="http://www.ba.ieo.es/en/personal/12-contacts/115-eva-sintes-elvelin">http://www.ba.ieo.es/en/personal/12-contacts/115-eva-sintes-elvelin</a>
JAEINT24_EX_0329	SMANI, YOUNES	ysma@upo.es	CENTRO ANDALUZ DE BIOLOGIA DEL DESARROLLO	Descifrando el mecanismo de tráfico intracelular bacteriano en el huésped	Nuestro grupo está centrado en la identificación de nuevas dianas, tanto en el patógeno como en el huésped, implicadas en la virulencia bacteriana. En primer lugar, hemos investigado los mecanismos moleculares y celulares implicados en la muerte celular causada por bacterias gramnegativas como <i>Acinetobacter baumannii</i> . Además, hemos caracterizado por primera vez una vía de señalización localizada en la membrana y el citosol de las células epiteliales pulmonares humanas que regula su adhesión e invasión por <i>A. baumannii</i> . A partir de este trabajo, hemos investigado si la membrana externa de <i>A. baumannii</i> contiene otras adhesinas implicadas en su adherencia e invasión en el huésped. Tres adhesinas presentes en esta membrana externa fueron caracterizadas con alta afinidad a la fibronectina, proteína de la matriz extracelular del huésped. Entre ellas, se encuentra la proteína de la membrana externa A (OmpA), que fue bien caracterizada tanto en estudios preclínicos como en estudios clínicos, con el objetivo de desarrollar inhibidores de la OmpA para controlar las infecciones causadas por los bacilos gramnegativos (BGN) que expresan esta proteína o sus homólogos. Actualmente estamos descifrando los mecanismos utilizados por <i>A. baumannii</i> para entrar en las células hospedadoras. Para ello, estamos estudiando el papel de OmpA y de los endosomas regulados por el factor de transcripción EB (TFEB) y la fosfolipasa A2 (PLA2) en el tráfico intracelular de <i>A. baumannii</i> , cuyos primeros resultados han sido publicados. Descifrar el papel del TFEB y la PLA2 en dicho tráfico permitirá diseñar nuevas estrategias terapéuticas contra las infecciones bacterianas. Nuestro grupo de investigación está formado por 2 investigadores predoctorales y un técnico de laboratorio. Ofrecemos un entorno idóneo para el desarrollo inicial de la carrera investigadora de la candidata o el candidato que será supervisado por el responsable del grupo y por una investigadora predoctoral. El plan formativo incluye (i) la participación en las reuniones periódicas del grupo donde se presentan los avances de los trabajos realizados, (ii) el aprendizaje de técnicas de microbiología (cultivo bacteriano, sensibilidad antibiótica, etc.), (iii) el aprendizaje de cultivar las líneas celulares y su mantenimiento, (iv) el aprendizaje de biología molecular (clonación y secuenciación genómica), y (v) el aprendizaje de técnicas bioquímicas (perfiles de membranas externas bacterianas y western blot).	<a href="http://smaniyouneslab.jimdosite.com/">http://smaniyouneslab.jimdosite.com/</a>
JAEINT24_EX_1297	SMANI HAJAMI, TARIK	tasmani@us.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA DE SEVILLA	Papel de Orail en la angiogenesis y su implicación en la activación de la vía NOTCH	El cáncer de mama es la segunda causa de muerte por cáncer entre las mujeres. Se ha demostrado que las concentraciones anormales de Ca2+ citosólico desempeñan un papel relevante en la progresión tumoral, donde la entrada de Ca2+ operada por los reservorios (SOCE) juega un papel importante. Recientes evidencias demostraron en las células endoteliales (CE) que SOCE desempeña un papel en la angiogénesis germinativa, ya que participa en dirigir el ciclo celular hacia una mayor proliferación y migración. Por lo tanto, la caracterización del papel de las isoformas de Orail, proteínas que forman el canal de Ca2+ responsable de SOCE, en la vascularización tumoral sería beneficiosa para abordar el progreso tumoral. La hipótesis del presente proyecto es que la regulación de la expresión, localización y función de las isoformas de Orail, llevaría a la remodelación de las señales de Ca2+ para el desarrollo de las características distintivas de la angiogénesis en el cáncer de mama. El objetivo principal es explorar la remodelación de la expresión y función de Orail en las CE estimuladas por suero de pacientes con cáncer de mama. Nos centraremos en la activación de vías de señalización implicadas en angiogénesis tumoral, como la vía PI3K/AKT, la señalización Notch y los factores de transcripción CREB. Evaluaremos su efecto sobre la expresión de proteínas claves en angiogénesis. Finalmente, exploraremos el papel de Orail en la regulación post-transcripcional de genes pro-angiogénicos mediante microRNAs y factores de transcripción en CE. Para ello, se desarrollará una variedad de técnicas de vanguardia en fisiología cardiovascular y biología celular y molecular; puesta a punto de dos líneas de CE humanas, HUVEC y HMEC-1; análisis por ELISA-Bioplex de citoquinas presentes en el suero de pacientes de cáncer de mama; ensayos de angiogénesis in vitro (formación de capilares en forma de mallas sobre Matrigel o de brotes vasculares sobre anillos aórticos); estudios de migración celular (ensayo de cicatrización in vitro y análisis de cultivo 3D en cámara de microfluidos Mimetax); estudio mediante microfluorimetría de la respuesta de SOCE en células estimuladas; manipulación de la expresión de las isoformas de Orail y estudio del efecto sobre la angiogénesis, migración y proliferación; y caracterización del papel de Orail en los mecanismos moleculares pro-angiogénicos a través del estudio de genes y proteínas diana activados por suero humano, mediante PCR cuantitativa y Western.	<a href="https://www.ibis-sevilla.es/es/investigacion/patologia-cardiovascular-respiratoria-y-otras-patologias-sistemicas/fisiopatologia-cardiovascular">https://www.ibis-sevilla.es/es/investigacion/patologia-cardiovascular-respiratoria-y-otras-patologias-sistemicas/fisiopatologia-cardiovascular</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1061	SOLA OLLER, JORDI	jordi.sola@csic.es	INSTITUTO DE QUIMICA AVANZADA DE CATALUÑA	New molecular receptors for biologically relevant peptides	Tyrosine Kinases (TK) are enzymes that transfer a phosphate group from ATP to tyrosine (Tyr) residues of peptides and proteins. In many cases, the phosphorylation represents a change in the function of the protein and therefore it regulates the activity of enzymes and is strongly involved in cell signalling. Thus, TK cascades are strongly related to cell communication and regulation. The dysfunction of TKs is involved in several diseases like diabetes, some neurological disorders or several types of cancer. Most of the current TK inhibitors target the catalytic or the ATP-binding sites, which are highly conserved in human TKs. Thus, the putative inhibition of a TK presents important challenges in terms of selectivity. We propose an alternative and complementary approach by designing artificial receptors able to selectively bind the Tyr residues on the peptidic substrates, competing with the TK and thus protecting the Tyr from phosphorylation. The present project is focused on the synthesis, study and optimization of molecular cages that protect Tyr residues from phosphorylation. The proposed work starts with the synthesis of starting materials, the preparation of the above mentioned organic cages and their optimization through different approaches. On one hand, we will prepare new, expanded cages able to include several aminoacids in their inner cavity. On a complementary approach, we will optimize the already known compounds through dynamic covalent chemistry techniques (preparation and evaluation of dynamic libraries) in an effort to obtain sequence-specific cages. We already have some promising preliminary results in both areas that suppose a good starting point for a satisfactory advance in the project. The obtained cages will be tested with different peptidic guests in order to determinate the association constants. If promising, we will also study the selected molecules as modulators in enzymatic reactions and even in vivo. The candidate will have the opportunity to work in an interdisciplinary project learning different techniques such as organic synthesis, characterization of new compounds (NMR, MS spectrometry), determination of association constants (by NMR, UV, surface plasmon resonance (SPR) or fluorescence techniques) and even enzymatic assays. Moreover, he/she will be able to learn new strategies in the search for active compounds in biological chemistry.	<a href="https://www.iqac.csic.es/research/departments/biological-chemistry/supramolecular-chemistry/">https://www.iqac.csic.es/research/departments/biological-chemistry/supramolecular-chemistry/</a>
JAEINT24_EX_1602	SOLA VILARRUBIAS, MARIA GRACIA	msvcri@ibmb.csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA MOLECULAR DE BARCELONA	Structural biology on rare diseases: The C-terminal domain of ATAD3	Human mitochondria contain hundreds of copies of a circular DNA (h-mtDNA, 16.5 kb) that encodes 13 proteins, 22 tRNAs and 2 rRNAs for local protein synthesis which, together with additional imported proteins, form the oxidative phosphorylation pathway (OXPHOS), the last step of aerobic catabolism. OXPHOS is the main source of ATP, which is required for by the majority of physiological functions. Organs and tissues that have high energy demands include heart, kidney, brain, liver or skeletal muscle. Therefore, misregulation of h-mtDNA due to mutations of either the regulatory proteins or the mtDNA itself, disrupts the OXPHOS function, originating complicated diseases and syndromes with a marked clinical variability, severity, age of onset and of difficult prognosis. The ATPase family AAA-domain containing protein 3 (ATAD3) is an essential mitochondrial protein involved in cholesterol trafficking but whose precise function is still not yet fully understood. Among the human ATAD3A variants, the splicing form ATAD3A2 (586 aminoacids) is embedded in the Mitochondrial Inner Membrane (MIM); the short N-terminal domain is located at the intermembrane space, a short helix crosses MIM and the C-terminal ATPase domain is oriented towards the mitochondrial matrix. Mutations at the ATPase domain, of unknown function, results in a plethora of defects that affect mitochondrial biogenesis, cholesterol trafficking, lipid and steroid biosynthesis, protein synthesis, mtDNA maintenance, and alters the organellar membrane architecture. Mutations at ATAD3 genes are related to the Harel-Yoon syndrome (HAYOS; MIM:617183), a lethal perinatal rare disease characterized by developmental delay, hypotonia, optic and cerebellar atrophy, axonal neuropathy, and hypertrophic cardiomyopathy due to alteration of mitochondrial dynamics. Our group studied the structural determinants of the N-terminal domain (to be published) and now seeks for support of a student interested in learning the techniques to produce the C-terminal ATPase domain in a stable and soluble form for structural studies. This will include the production of active site mutants in bacterial cells, establish a solubilization protocol with the appropriate buffers, and purify this important domain by chromatographic methods. With the domain at hand, the student will attempt biophysical approaches such as dynamic light scattering and multi-angle laser light scattering and set up crystallization drops to determine the three-	<a href="https://www.ibmb.csic.es/en/departments/structural-and-molecular-biology/mitochondrial-macromolecules/">https://www.ibmb.csic.es/en/departments-structural-and-molecular-biology/mitochondrial-macromolecules/</a>
JAEINT24_EX_0745	SOLAR DONGIL, GLORIA DEL	gdelsolar@cib.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS MARGARITA SALAS	Regulación del operón de biosíntesis de riboflavina en bacterias lácticas: ¿otros mecanismos aparte del "riboswitch-FMN"?	El empleo de mutantes espontáneos de bacterias lácticas capaces de producir grandes cantidades de riboflavina es un método eficiente y sostenible para la elaboración de alimentos fermentados enriquecidos en vitamina B2. Previamente hemos seleccionado y/o caracterizado mutantes espontáneos sobreproductores de riboflavina, que se obtuvieron a partir de cepas de <i>Lactiplantibacillus plantarum</i> y <i>Weissella cibaria</i> aisladas de materias de origen vegetal. Todos ellos presentan una mutación puntual en el aptámero del "riboswitch" (RS) que regula la expresión del operón rib, implicado en la síntesis de riboflavina. Los DNAs codificantes de las distintas variantes (WT y mutantes) de estos RSs, incluyendo un posible promotor proximal (Pp), se clonaron en el vector pRCR de prueba de promotores, dirigiendo la expresión del gen que codifica la proteína fluorescente mCherry. La actividad reguladora dependiente de efector (FMN) de los distintos RSs se evaluó midiendo la fluorescencia emitida por las bacterias huéspedes. Resultados preliminares de nuestro grupo indican que la expresión del operón rib de <i>L. plantarum</i> y <i>W. cibaria</i> podría estar sometida, además, a mecanismos de regulación independientes del RS. En este sentido, la inspección de la secuencia de DNA de estas bacterias a 5' de Pp revela la presencia de otro posible promotor (Pd, promotor distal), no identificado hasta el momento en ninguna bacteria, para la transcripción del operón rib, y ensayos de "primer extensión" han permitido confirmar que, en <i>L. plantarum</i> , ambos promotores son activos. Entre Pd y Pp se localiza una secuencia invertida, diferente en cada especie, que podría funcionar como sitio cre para la represión catabólica o como atenuador transcripcional. La presente propuesta pretende investigar el papel de Pd y Pp, así como de las secuencias y estructuras localizadas entre ambos, en la regulación de la expresión del operón rib bajo diferentes condiciones. Para ello, la región de DNA de <i>L. plantarum</i> y <i>W. cibaria</i> que incluye ambos promotores (con o sin la secuencia codificante del RS) se clonará en pRCR y, mediante PCR inversa, se construirán derivados que carezcan de uno u otro promotor, o de la secuencia invertida. La fluorescencia emitida por las bacterias huéspedes crecidas a distintas temperaturas, con diferentes fuentes de carbono y en presencia o ausencia del efector, permitirá evaluar la expresión génica mediada por cada una de estas construcciones.	<a href="https://www.cib.csic.es/research/microbial-plant-biotechnology/molecular-biology-gram-positive-bacteria">https://www.cib.csic.es/research/microbial-plant-biotechnology/molecular-biology-gram-positive-bacteria</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0586	SORIA MONZON, ANA CRISTINA	acsoria@iqog.csic.es	INSTITUTO DE QUIMICA ORGANICA GENERAL	Evaluación de la calidad y autenticidad de complementos alimenticios	El plan de formación de la presente ayuda se focalizará en el desarrollo de nuevas metodologías analíticas para la evaluación de la calidad y autenticidad de complementos alimenticios, con especial énfasis en complementos emergentes. Se pretende, entre otros, la identificación de potenciales fraudes relacionados con el contenido en compuestos bioactivos o con el empleo de fuentes naturales distintas a las declaradas en el etiquetado. Dichas metodologías contemplarán los principios de la química analítica blanca (WAC). Las capacidades y competencias que se prevé que adquiera el estudiante estarán enmarcadas en un ámbito multidisciplinar (ciencia y tecnología de alimentos y química analítica). El candidato ampliará conocimientos y adquirirá experiencia práctica en el empleo de técnicas cromatográficas acopladas a espectrometría de masas (GC-MS, HPLC-MS, etc), técnicas en las que el laboratorio ANAEN del IQOG acredita contrastada experiencia. Además, profundizará en la preparación de muestra requerida previo al análisis, así como en el empleo de técnicas estadísticas para el procesado y evaluación de resultados. El candidato profundizará también en el estudio de compuestos bioactivos y su repercusión sobre la salud humana. Adquirirá también experiencia en aspectos básicos para su formación como la búsqueda en bases de datos bibliográficas, elaboración de informes y divulgación de resultados. Plan de formación: - Formación teórica sobre técnicas de preparación de muestra y análisis, manejo de bases de datos bibliográficas, herramientas de análisis estadístico, etc, proporcionada por el personal investigador del laboratorio ANAEN y mediante asistencia a seminarios impartidos en el IQOG. - Formación práctica continuada con el apoyo del personal del laboratorio en las tareas asignadas. - Reuniones periódicas para la evaluación continuada del proceso de aprendizaje del estudiante y del desarrollo de sus funciones. - Participación del estudiante en foros científicos (reuniones de grupo, seminarios de Instituto, congresos, etc) para la divulgación de resultados y la adquisición de una visión general del estado actual del tema de investigación. El laboratorio solicitante posee una destacable capacidad formativa (tesis y trabajos de master dirigidos, estudiantes en prácticas, organización e impartición de cursos de formación, etc). La temática abordada en esta solicitud constituye una de las principales líneas de investigación del laboratorio ANAEN.	<a href="http://www.iqog.csic.es/es/researchline/grupo-de-analisis-instrumental-en-medio-ambiente-alimentos-y-salud">http://www.iqog.csic.es/es/researchline/grupo-de-analisis-instrumental-en-medio-ambiente-alimentos-y-salud</a>
JAEINT24_EX_0304	SORZANO SANCHEZ, CARLOS OSCAR	coss@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Desarrollo de algoritmos de procesamiento de imagen para el análisis de estructuras macromoleculares por microscopía electrónica	La microscopía electrónica se ha establecido como una sólida técnica de determinación de estructuras y complejos macromoleculares. El objetivo es comprender los mecanismos moleculares por los que las macromoléculas llevan a cabo sus funciones fisiológicas, comprender su mal funcionamiento en procesos patológicos y conocer su estructura para poder interactuar con ellas mediante fármacos. El Centro Nacional De Biotecnología del CSIC cuenta con un microscopio de reciente adquisición que se considera el estado del arte a nivel nacional, europeo y mundial. Asimismo, en el centro se encuentran varios grupos cuya línea principal de investigación versa sobre la comprensión de máquinas macromoleculares a partir de información adquirida por este equipo, y entre uno de estos equipos está la Unidad de Biocomputación, dirigidas por los Drs. Carazo y Sorzano. Esta unidad desarrolla algoritmos avanzados de procesamiento de imágenes para la elucidación de dichas estructuras a partir de imágenes de proyección cuya relación señal a ruido se encuentra entre 1/10 y 1/100 (hay entre 10 y 100 veces más ruido que señal). Entre estos algoritmos, los algoritmos basados en machine learning y deep learning juegan un papel fundamental. La unidad está formada por ingenieros, físicos, matemáticos y biólogos permitiendo así una interacción de primera mano con este tipo de datos. Los candidatos a este puesto deben saber programar en Python o C++, y estar familiarizados con los conceptos de estadística, procesamiento de señales o análisis de datos. El software desarrollado se integra en los paquetes de software libre Xmipp ( <a href="http://xmipp.i2pc.es">http://xmipp.i2pc.es</a> ) y Scipion ( <a href="http://scipion.i2pc.es">http://scipion.i2pc.es</a> ) y son accedidos por miles de usuarios distribuidos por todo el mundo ( <a href="http://scipion.i2pc.es/report_protocols/scipionUsage">http://scipion.i2pc.es/report_protocols/scipionUsage</a> ).	<a href="http://biocomputingunit.es">http://biocomputingunit.es</a>
JAEINT24_EX_0163	SOTILLOS MARTIN, MARIA DEL SOL	ssortmar@upo.es	CENTRO ANDALUZ DE BIOLOGIA DEL DESARROLLO	Análisis funcional de las proteínas DLC/Cv-c	Mi grupo está interesado en entender la relación entre polaridad celular y citoesqueleto con señalización durante los procesos morfogénéticos. Para ellos trabajamos con moléculas relacionadas con polaridad apico-basal (la quinasa aPKC), tráfico celular (el interactor de Rab11 Nuf/FIP3) y citoesqueleto (la RhoGAP Cv-c). Recientemente hemos descrito que Cv-c y su ortólogo humano DLC3 tienen funciones más allá de las derivadas de la regulación de Rho11-4 a través del dominio GAP, mediadas por el dominio StART durante la gonadogénesis de macho4. A pesar de la relevancia médica de la familia de genes DLC1-3, relacionados con cáncer y formación de testículos5, se sabe poco sobre su regulación. Por esto, en la actualidad estamos: (1) Analizando las similitudes y diferencias funcionales de las proteínas DLC1, DLC2 y DLC3. Para ello hemos generado líneas transgénicas que nos permitan expresar en Drosophila los genes de humanos y ver comportamiento durante la embriogénesis. En la actualidad tenemos líneas para DLC1 y DLC3 y parte del proyecto a desarrollar es generar líneas para DLC2 y testarlas en Drosophila. (2) Haciendo una búsqueda bioquímica de interactores/reguladores de DLC/Cv-c mediante la técnica de biotinización por proximidad. Usaremos una biotinizasa TurboID fusionada a un nanoanticuerpo de camélido (nanobody) específico para la proteína fluorescente verde (GFP). Al unirse el nanobody a una proteína marcada con GFP, la enzima biotinizará las proteínas cercanas que interactúen con nuestra proteína marcada con GFP. Para este experimento utilizaremos una línea transgénica existente en la cual el gen gfp se ha insertado en fase con cv-c generando una proteína híbrida Cv-c::GFP expresada bajo las regiones reguladoras endógenas6 y la combinaremos con una línea transgénica también existente que expresa el nanobody unido a la enzima TurboID bajo la región reguladora UAS (M[UASp-GFP.TurboID])7. Este es el proyecto en el que el estudiante participará bajo mi supervisión. 1. Denholm, B. et al. Development 132, 2389-2400 (2005). 2. Sotillos, S., Aguilar, M. & Hombria, J. C. Proc Natl Acad Sci U S A 110, 4303-4308 (2013). 3. Sotillos, S., Aguilar-Aragon, M. & Hombria, J. C. Sci Rep 8, 4601 (2018). 4. Sotillos, S. et al. Elife 11 (2022). 5. Ilaşlan, E. et al. Sex Dev 12, 191-195 (2018). 6. di Pietro, F. et al. Curr Biol 33, 858-874 e857 (2023). 7. Baker, F. C., Neiswender, H., Veeranan-Karmegam, R. & Gonsalvez, G. B. Development 148 (2021).	<a href="https://www.cabd.es/es/research_groups/estudio-del-establecimiento-de-la-polaridad-celular-y-su-relacion-con-senializacion/resumen-206.html">https://www.cabd.es/es/research_groups/estudio-del-establecimiento-de-la-polaridad-celular-y-su-relacion-con-senializacion/resumen-206.html</a>



REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0602	SOTO MISFFUT, MJOSE	soto@eez.csic.es	ESTACION EXPERIMENTAL DEL ZAIDIN	Descifrando el diálogo molecular entre bacterias y plantas	Ciertas bacterias son capaces de colonizar e infectar a las plantas pudiendo desencadenar en el hospedador daños si es el caso de una asociación patogénica, o por el contrario un beneficio como ocurre en la simbiosis que Rhizobium establece con las leguminosas. El éxito en el establecimiento de una interacción planta-bacteria es el resultado de un complejo diálogo molecular que se ha ido refinando a lo largo de la evolución. Conocer las señales químicas y las "armas" utilizadas por las bacterias para colonizar a las plantas puede proporcionar las bases para el desarrollo de las herramientas biotecnológicas que permitan obtener soluciones alternativas a los agroquímicos (fertilizantes y pesticidas) contribuyendo al desarrollo de una agricultura sostenible. En nuestro grupo estamos interesados en entender a nivel molecular cómo las bacterias colonizan a las plantas. Para ello, empleamos como sistema modelo la simbiosis Rhizobium-leguminosa y como estrategia el estudio de la vida en superficie de los rizobios. La caracterización de mutantes de la bacteria Sinorhizobium meliloti que fueron aislados por mostrar defectos en su comportamiento sobre superficie nos ha permitido desvelar genes bacterianos que participan en la interacción con la planta y compuestos volátiles capaces de alterar la capacidad infectiva de las bacterias y/o estimular el crecimiento vegetal, propiedades con aplicaciones en Agrobiotecnología. El/La candidato/a contribuirá a seguir descifrando las bases moleculares que rigen las interacciones planta-bacteria a través de la caracterización de nuevos mutantes de S. meliloti procedentes de una población mutagenizada con un transposón y que han sido seleccionados en el grupo por mostrar defectos en la interacción con plantas de alfalfa. Tras identificar el gen afectado, se verificará la relación entre el gen inactivado y el defecto fenotípico con dos aproximaciones complementarias: i) analizando el comportamiento de mutantes en los que se delectará el gen de interés, y ii) realizando experimentos de complementación genética. El objetivo planteado requerirá el empleo de diversas técnicas de Microbiología, Genética Bacteriana, Biología Molecular y Fisiología Vegetal. Además, el/la estudiante tendrá reuniones semanales con la tutora y participará en seminarios de grupo para adquirir destreza en la presentación oral de resultados y en la discusión científica. También se apoyará su participación en eventos para divulgar la línea de	<a href="https://www.eez.csic.es/genetica-de-infecciones-fitobacterianas">https://www.eez.csic.es/genetica-de-infecciones-fitobacterianas</a>
JAEINT24_EX_0621	STRAUSS, MARIANA	mariana.strauss@ieo.csic.es	CENTRO OCEANOGRÁFICO DE ILLES BALEARS	Composición de la comunidad procarionta en la cuenca occidental del Mediterráneo	Los microorganismos marinos juegan un papel fundamental en el funcionamiento de los ciclos biogeoquímicos del océano global. La caracterización de estas comunidades es determinante para entender el funcionamiento de los ecosistemas. Actualmente el conocimiento sobre la composición de la comunidad procarionta relacionada con los patrones temporales en el océano profundo es escaso. Para ampliar este conocimiento, se propone analizar la dinámica temporal de composición de las comunidades procariontas oceánicas epi-, meso- y batipelágicas, evaluada mediante las secuencias del gen 16S rRNA, en diferentes regiones de la cuenca occidental del Mediterráneo. Esto permitirá caracterizar potenciales interacciones entre taxones y correlacionar la presencia de determinados grupos procariontas con variables ambientales. Para cumplir con el objetivo propuesto, se ofrecerá al estudiante (contratado/a JAE Intro 2024) llevar a cabo distintas tareas: I. Participación en al menos una campaña oceanográfica de la serie temporal RADMED a bordo del buque de investigación Francisco de Paula Navarro del Instituto Español de Oceanografía (IEO). Durante esta campaña, el/la estudiante colaborará en la recolección de muestras para análisis de ADN correspondientes al año 2025 y en la obtención de muestras de parámetros ambientales (oxígeno disuelto, alcalinidad, pH, nutrientes, carbono orgánico disuelto y clorofila). II. Utilización de técnicas de biología molecular (extracción de ADN, PCR, electroforesis en gels de agarosa y visualización y control de calidad de las bandas). III. Análisis bioinformáticos de las secuencias del gen 16S rRNA para la caracterización de la composición filogenética de la comunidad procarionta. De esta forma, el/la contratado/a JAE Intro 2024 adquirirá experiencia en el muestreo de campo, en el laboratorio y en análisis bioinformáticos, así como una base de conocimientos en ecología marina microbiana y molecular.	<a href="https://www.csic.es/es/investigacion/grupos-de-investigacion/grupo-de-oceanografia-de-ecosistemas-greco">https://www.csic.es/es/investigacion/grupos-de-investigacion/grupo-de-oceanografia-de-ecosistemas-greco</a>
JAEINT24_EX_0065	SUAREZ MENENDEZ, MARTA	m.suarez@cinn.es	CENTRO DE INVESTIGACION EN NANOMATERIALES Y NANOTECNOLOGIA	Desarrollo de nuevos materiales para regeneración tisular	El objetivo de esta investigación se centra en el desarrollo de un nuevo material vítreo que pueda ser empleado en la obtención de estructuras porosas (scaffolds) que favorezcan la regeneración del hueso cuando sea implantado en la zona dañada. Este nuevo material debe de poseer unas propiedades químicas y físicas que garanticen la osteoinducción, es decir, que promueva la formación de nuevo hueso y, además, que pueda tener una funcionalidad adicional como es combatir la presencia de bacterias. La movilidad es una necesidad básica del ser humano y se está viendo mermada dadas las fracturas óseas, consecuencia de problemas como la osteoporosis. Otro de los problemas existentes hoy en día es la aparición de infecciones relacionadas con la presencia de bacterias durante las intervenciones quirúrgicas, especialmente con las denominadas bacterias resistentes. Por ello, el diseño de nuevos materiales que puedan inhibir el crecimiento de los microorganismos es una necesidad desde el punto de vista sanitario y económico. La persona que se incorpore adquirirá conocimientos en: • Síntesis de nuevos materiales mediante métodos de fusión o sol-gel. • Síntesis de estructuras porosas • Caracterización físico-química, biológica y mecánica	<a href="https://cinn.es/">https://cinn.es/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0611	SUÁREZ SEOANE, SUSANA	s.seoane@uniovi.es	INSTITUTO MIXTO DE INVESTIGACION EN BIODIVERSIDAD	Integrando técnicas geoespaciales y herramientas de percepción social para evaluar tendencias de cambio en mosaicos paisajísticos propensos al fuego	El plan de formación propuesto encaja directamente en la línea de investigación de la Dra. Suárez Seoane, que se centra en la evaluación multi-escalar de los patrones y procesos ocurridos en los mosaicos paisajísticos de la península Ibérica bajo escenarios de cambio global, analizando de manera específica la interacción entre los cambios de usos del suelo y los incendios forestales como agentes inductores de la dinámica del paisaje. Las tareas a desarrollar son: (1) Identificar las tendencias de cambio principales ocurridas en mosaicos paisajísticos atlánticos mediante bases de datos cartográficas, técnicas de teledetección y análisis geoespaciales. (2) Analizar las relaciones entre estos cambios y la prevalencia de grandes incendios forestales en el área de estudio (3) Conocer la percepción de la sociedad sobre la dinámica del paisaje y su relación con los incendios a través de una metodología de encuestas. (4) Valorar la correspondencia entre la percepción de la ciudadanía y las tendencias observadas utilizando técnicas geoespaciales, lo que permitirá evaluar su grado de conocimiento sobre los cambios producidos en el territorio. El alumno/a desarrollará estas tareas con el apoyo permanente de la directora del plan de formación y de su colega, el Dr. Jose V. Roces Diaz, así como del resto del grupo de investigación, lo que le permitirá adquirir una amplia gama de competencias altamente relevantes para su futuro profesional. Para implementar este estudio, que se realizará en la comunidad autónoma del Principado de Asturias, se proporcionará formación conceptual y práctica sobre nuevas tecnologías relacionadas con la clasificación del paisaje, la gestión de datos de teledetección y el desarrollo de proyectos SIG, así como sobre la preparación de encuestas para identificar la percepción social de la población sobre los cambios producidos en el paisaje.	<a href="https://imib.csic.es/">https://imib.csic.es/</a>
JAEINT24_EX_0521	SUÑE NEGRE, CARLOS MARIA	csune@pb.csic.es	INSTITUTO DE PARASITOLOGIA Y BIOMEDICINA LOPEZ NEYRA	Terapias basadas en RNA	La creciente comprensión de las funciones del RNA y su papel crucial en numerosas enfermedades humanas ha promovido la aplicación del RNA para modificar genes, transcritos y proteínas que hasta ahora no eran susceptibles de tratamiento, lo que puede ampliar el número de dianas terapéuticas. Varios fármacos basados en RNA han sido aprobados y comercializados para su uso clínico y otros se encuentran siendo investigados o en fase preclínica. Nuestro laboratorio realiza proyectos relevantes en el desarrollo de terapias basadas en RNA. En particular, nuestro esfuerzo está destinado a comprender los mecanismos moleculares que regulan el procesamiento del RNA de importantes genes humanos implicados en neurodegeneración, cáncer y en la inestabilidad genómica que conduce al envejecimiento celular. Además y movidos por un continuo interés en la investigación aplicada, complementamos las investigaciones básicas anteriores con el desarrollo de nanopartículas lipídicas (LNPs) eficientes y seguras capaces de vehicular RNA al interior celular para generar una respuesta biológica. Los avances en nanotecnología y ciencia de materiales ofrecen posibles soluciones al desarrollo de transportadores eficaces que protejan al RNA del entorno fisiológico dañino. En esta línea de investigación, estamos desarrollando LNPs capaces de atravesar la barrera hematoencefálica, que constituye una barrera natural que protege al cerebro y tejido neural de toxinas y microorganismos pero que, sin embargo, también impide la entrada de fármacos, limitando el número de terapias disponibles para enfermedades como el Parkinson, el Alzheimer y los tumores cerebrales.	<a href="https://www.ipb.csic.es/departamentos/csune_ingles.html?depto=MolecularBiologyDepartment">https://www.ipb.csic.es/departamentos/csune_ingles.html?depto=MolecularBiologyDepartment</a>
JAEINT24_EX_1173	TABLADO ALMELA, ZULIMA	zutal@ebd.csic.es	ESTACION BIOLOGICA DE DOÑANA	Mejorando la conectividad para la fauna salvaje de Doñana	Mejorando la conectividad para la fauna salvaje de Doñana A medida que el cambio climático y las modificaciones del uso del suelo se agravan, es esencial optimizar la conectividad ecológica de las áreas naturales para facilitar los desplazamientos de la fauna, permitiendo así el mantenimiento de las poblaciones naturales y la preservación de la biodiversidad. Esto es especialmente importante en zonas como el área de Doñana, que tienen un alto valor ecológico, pero que también son especialmente vulnerables a los efectos del cambio global. Nuestro grupo de investigación pretende evaluar y mejorar la conectividad ecológica dentro y fuera del Espacio Natural de Doñana para diferentes tipos de especies y ecosistemas de la zona, y así, aumentar su resistencia al cambio global. Esto servirá como base para entender, planificar y priorizar dónde y cómo actuar en el futuro para mejorar la conectividad y la conservación biodiversidad en el área de Doñana. Entre las actividades en las cuales el becario participará, y recibirá formación, podemos encontrar: 1. Búsqueda bibliográfica y recopilación de información relativa a la conectividad ecológica de especies y ecosistemas clave de la zona. 2. Gestión de bases de datos relevantes al estudio de la conectividad. 3. Análisis espacial y estadístico utilizando herramientas SIG y R-Cran. 4. Elaboración de manuscritos científicos sobre las conclusiones del proyecto. 5. Posibilidad de realizar muestreos en el campo (según disponibilidad del estudiante y necesidades momentáneas) El trabajo se desarrollará principalmente en la Estación Biológica de Doñana (EBD-CSIC, Sevilla). El proyecto se enmarca dentro del proyecto europeo NaturaConnect( <a href="https://naturaconnect.eu/">https://naturaconnect.eu/</a> ), y puede convertirse en el punto de partida de futuras colaboraciones, no sólo con investigadores de la EBD-CSIC, sino también con otros miembros del consorcio NaturaConnect en Europa.	<a href="http://www.ebd.csic.es/biologia-de-la-conservacion-y-cambio-global">http://www.ebd.csic.es/biologia-de-la-conservacion-y-cambio-global</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1429	TALAVERA MOR, GERARD	gerard.talavera@ibb.csic.es	INSTITUTO BOTANICO DE BARCELONA	Metabarcoding del microbioma para estudiar los efectos de la polifagia en mariposas migradoras	La polifagia en insectos fitófagos, o la adaptación a alimentarse de distintas plantas huésped durante sus fases larvarias, es una estrategia característica de algunos insectos generalistas con elevados números poblacionales. Algunas de estas especies son migradoras, lo que les permite aumentar la probabilidad de encontrar recursos para criar en localidades distantes con distintas comunidades de plantas. Las consecuencias de la polifagia en la incorporación de microbiomas específicos en las mariposas según su dieta y su posterior dispersión por sus rutas migratorias son desconocidas. Este proyecto plantea investigar la diversidad microbiana adquirida y dispersada por poblaciones de mariposas migratorias en distintas partes del mundo, usando como modelo la mariposa cosmopolita <i>Vanessa cardui</i> . Nuestro grupo mantiene colonias vivas de esta especie y de sus plantas huésped, y lleva a cabo rutinariamente experimentos de comportamiento y fisiológicos. En concreto se propone estudiar el microbioma resultante de cada dieta, la diversidad a escala mundial y su posible influencia en la "fitness" migratoria, mediante técnicas moleculares de "DNA metabarcoding" y fenotipaje fisiológico. Los resultados se integrarán y se discutirán en el contexto de la evolución de la adaptación al comportamiento migratorio y del impacto de la migración en la dispersión de posibles patógenos. Durante este proceso, el/la estudiante podrá introducirse de forma guiada en una línea de investigación muy activa en nuestro grupo y que integra varios campos y uso de tecnologías de interés para su formación científica: entomología, ecología evolutiva, fisiología (respirometría), técnicas de laboratorio molecular, laboratorio experimental y bioinformática. Es deseable que el trabajo realizado durante esta formación se materialice en una publicación científica.	<a href="http://www.phylomigrationlab.com">www.phylomigrationlab.com</a>
JAEINT24_EX_0914	TAPIA SECO, NATALIA	ntapia@bv.csic.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA DE VALENCIA	¿Qué función tiene este gen?	Identificar la función de cada uno de los genes del organismo es de vital importancia para entender qué enfermedades se generan cuando estos genes fallan. ¿Cómo podemos determinar la función de un gen? Un método muy utilizado consiste en generar un ratón en el que un gen determinado se elimina y, a continuación, se observa qué consecuencias tiene en el ratón la ausencia de ese gen. Nuestro grupo ha generado un ratón que, tras eliminar un gen, muere a las 24 horas después de nacer sin leche en el estómago. ¿Por qué no mama el ratón? Puede que tenga un problema muscular y no tenga fuerza para succionar; puede que tenga un problema olfativo y no encuentre la mama; puede que no tenga hambre por un defecto neuronal; pueden ser mil cosas. ¿Cómo determinar la función de un gen que se expresa en todas las células diferenciadas, en todos los tejidos y todos los órganos? ¿Qué técnicas podemos utilizar para abordar este problema? ¿Qué haces cuando la función de este gen resulta ser de un campo de investigación totalmente diferente al tuyo? Nuestro grupo trabaja con diferentes técnicas tanto de biología molecular (PCR cuantitativa, PCR digital, clonaje, etc), biología celular (cultivo de células troncales y organoides, transducción viral, etc), histología (hibridación in situ, inmunofluorescencia, inmunohistoquímica, etc), microscopía electrónica así como con técnicas ómicas (epigenómica a nivel global, transcriptómica de célula única, lipidómica, proteómica, metabolómica y metabolómica espacial). Y lo más importante, colaboramos con expertos en diferentes áreas de conocimiento para poder utilizar técnicas específicas de cada uno de esos campos. Nuestro trabajo en revisión define una de las funciones de nuestro gen de estudio en la homeostasis tisular y podría explicar la muerte de recién nacidos cuya causa de muerte sigue siendo desconocida ( <a href="https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2024.01.23.576868v1">https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2024.01.23.576868v1</a> ). El gen que estamos investigando es un enzima que además de inactivarse por mutaciones genéticas puede inhibirse por sustancias tóxicas, por lo que ahora estamos estudiando las consecuencias de bloquear la actividad catalítica de este gen en ratones adultos, proyecto en el que trabajaría el estudiante JAE Intro. Nuestra estrategia de abordar un problema sin estar limitados únicamente a nuestro campo de conocimiento o a las técnicas que tenemos perfeccionadas es más laborioso, pero permite obtener resultados más inesperados.	<a href="https://www.ibv.csic.es/project/genetica-molecular-celulas-troncales/">https://www.ibv.csic.es/project/genetica-molecular-celulas-troncales/</a>
JAEINT24_EX_1273	TARREGA GUILLEM, MARIA AMPARO	atarrega@iata.csic.es	INSTITUTO DE AGROQUIMICA Y TECNOLOGIA DE ALIMENTOS	Nuevos productos vegetales con textura y sabor genuinos	Los productos comerciales actuales de origen vegetal son en su mayoría alternativas a los productos animales que intentan imitar sus propiedades sensoriales, pero existe una percepción negativa ya que normalmente no coinciden con el sabor y la textura esperados. Por esto surge la idea de desarrollar nuevos conceptos de productos (que no se parezcan a otros) y con texturas y sabores distintivos que impacten en la aceptabilidad. El objetivo de este trabajo es investigar qué características sensoriales únicas se pueden obtener en productos elaborados a partir de legumbres mediante la modificación del procesado y el tipo de legumbre utilizado. 1. Ensayos previos de formulación. Se utilizarán como base legumbres o harinas de legumbres (garbanzo, lenteja o lenteja roja) y diferentes condiciones de procesamiento (calentamiento, fermentación) para preparar productos tipo pasta o loncheables. Se establecerán los ingredientes, el rango de composición y el método de preparación para la obtención de productos con diferentes características de textura y sabor. 2. Caracterización de textura instrumental de prototipos. • Textura instrumental. Se utilizarán análisis de perfil de textura (TPA) o pruebas de penetración o de untabilidad dependiendo del tipo de producto estudiado utilizando el texturómetro TA-XT2i (Stable MicroSystem). • Caracterización Reológica de productos semisólidos. Las propiedades viscoelásticas se determinarán mediante barridos de esfuerzo y frecuencia. El módulo de almacenamiento (G'), el módulo de pérdida (G''), el ángulo tangente de pérdida (tan δ) se registrarán utilizando un reómetro de esfuerzo controlado RSI (Thermo Haake). 3. Propiedades sensoriales de los nuevos prototipos • Perfiles sensoriales. Se realizará un estudio con consumidores (n = 100) evaluarán las propiedades sensoriales de los prototipos seleccionados mediante Check-All-That-Apply (CATA). Se aplicarán la prueba Cochran Q y análisis de correspondencia para explorar cómo se diferencian los productos sensorialmente. • Aceptabilidad y su relación con las propiedades sensoriales. Para obtener una primera visión general del posible agrado de los nuevos prototipos, los participantes calificarán el agrado en una escala hedónica de 9 puntos. Las puntuaciones se evaluarán mediante análisis de varianza (ANOVA) y el análisis de penalización permitirá calcular el impacto de los atributos en la aceptabilidad y así identificar los atributos de textura	<a href="https://sensory-consumer-science.iata.csic.es/">https://sensory-consumer-science.iata.csic.es/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1082	TEIXIDO CALVO, JOAQUIN	joauint@cib.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS MARGARITA SALAS	Migración y diferenciación de células inmunes, y resistencia a terapias en cancer	Las líneas de investigación que desarrollamos en el Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas (CIB) están dirigidas al estudio de la regulación de la diferenciación de células del sistema inmune y del tráfico linfocitario durante la respuesta inmune, así como a la caracterización de mecanismos moleculares de progresión tumoral y de resistencia a quimioterapia en cáncer. En la primera línea de investigación en el campo de la Inmunología, estamos caracterizando la diferenciación de linfocitos T y B utilizando ratones deficientes en una proteína implicada en migración celular. En la segunda estamos caracterizando dianas de potencial intervención terapéutica en respuestas de resistencia de células de melanoma a terapias dirigidas, utilizando modelos in vivo de progresión tumoral. Para información adicional sobre nuestro grupo de investigación, publicaciones recientes y proyectos financiados, entrar en: <a href="https://www.cib.csic.es/research/molecular-biomedicine/immune-cell-migration-and-differentiation-and-therapy-resistance">https://www.cib.csic.es/research/molecular-biomedicine/immune-cell-migration-and-differentiation-and-therapy-resistance</a> Los candidatos-as se integrarían en alguna de estas líneas de investigación, y serían supervisados por investigadores con experiencia en los temas citados. Los candidatos-as se formarían en el laboratorio mediante el aprendizaje de técnicas experimentales como inmunoblotting, PCR, citometría de flujo, silenciamiento y sobre-expresión génica, ensayos de proliferación y viabilidad celular, microscopía confocal, ensayos de adhesión e invasión celular y experimentación in vivo de progresión tumoral y de respuesta inmune. Por otra parte, participarán en seminarios semanales de nuestro grupo de investigación, así como en los seminarios departamentales y del CIB. Es importante asimismo que los candidatos-as se familiaricen con el idioma inglés en los seminarios del CIB y con investigadores extranjeros, así como con diferentes programas de software y bioestadística. En nuestro laboratorio se han llevado a cabo 15 Tesis Doctorales, así como un buen número de TFM y TFG en estos últimos años, por lo que tenemos una sólida trayectoria de formación de investigadores en los temas de investigación relacionados con esta expresión de interés. Como propuesta de formación por nuestra parte, nos comprometemos a supervisar TFM del candidato-a que pueda obtener la beca JAE-Intro en el curso académico 2024-2025. Hemos publicado recientemente varios trabajos relacionados con nuestras líneas de investigación (Díaz-Martínez et al. Cancer Res. 2018; Benit	<a href="https://www.cib.csic.es/departamentos/biomedicina-molecular/migracion-y-diferenciacion-de-celulas-inmunes-y-resistencia">https://www.cib.csic.es/departamentos/biomedicina-molecular/migracion-y-diferenciacion-de-celulas-inmunes-y-resistencia</a>
JAEINT24_EX_1690	TEL PEREZ, ELENA	elena.tel@ieo.csic.es	INSTITUTO ESPAÑOL DE OCEANOGRAFIA	Elaboración de una Base de Datos Marinos Multipropósito para las Costas Españolas	Las costas españolas albergan una rica diversidad de ecosistemas marinos gracias a unas variadas condiciones oceanográficas. La gestión eficiente y sostenible de estos recursos marinos es fundamental para garantizar su conservación y aprovechamiento adecuado. En este contexto, la elaboración de una base de datos marinos multipropósito emerge como una herramienta esencial para la toma de decisiones informadas y la planificación estratégica. La creación de esta base de datos implica la recopilación, organización y análisis sistemático de información relacionada con diversos aspectos de datos físico-químicos de carácter oceanográfico: temperatura del agua, salinidad, corrientes, niveles de oxígeno disuelto y nutrientes. Estos datos proporcionan información crucial sobre la dinámica del océano y los procesos físico-químicos que influyen en los ecosistemas marinos. Su integración en una base unificada seguirá protocolos estandarizados para la recopilación, gestión y compartición de datos, así como mecanismos de actualización y mantenimiento. Una vez compilada, esta base de datos marinos multipropósito servirá como una herramienta para la investigación científica, la planificación espacial marina, la gestión de recursos naturales, la conservación del medio marino y la toma de decisiones políticas orientadas hacia la sostenibilidad. Su utilidad trascenderá fronteras y contribuirá no solo al manejo eficiente de las costas españolas, sino también al conocimiento y la protección de los océanos a nivel global. Plan de trabajo: 1. Definición de objetivos: Recopilar de forma exhaustiva datos marinos de carácter histórico y validarlos con los criterios actuales. Desarrollar de una base de datos robusta para la gestión y el almacenamiento de los datos siguiendo protocolos estandarizados. Promocionar su uso en la toma de decisiones informadas y en la planificación estratégica para la gestión sostenible de las costas españolas. 2. Validación de datos y control de calidad de los datos recolectados para identificar y corregir posibles errores o inconsistencias. 3. Generación de productos: Cálculo los valores climatológicos partir de los datos recopilados. Generación de gráficos, tablas, informes y/o mapas de distribución. Documentación de métodos y ruinas. 4. Difusión: Publicaciones, informes técnicos, conferencias y/o medios digitales. Incorporación de los productos a las herramientas corporativas al uso: GIS corporativo, digital CSIC, DOIs. Posibilidad de TFM.	<a href="https://www.oceanografia.es/IEOOS/">https://www.oceanografia.es/IEOOS/</a>
JAEINT24_EX_1611	TENGBLAD , OLOF ERIK	olof.tengblad@csic.es	INSTITUTO DE ESTRUCTURA DE LA MATERIA	Caracterización de un detector para Dosimetría en Protonterapia	La terapia con protones es una técnica de radioterapia que ofrece un mejor tratamiento que la radioterapia convencional (fotones y electrones). El tratamiento de tumores con protones proporciona ventajas en la distribución de dosis respecto a la radioterapia convencional: proporciona el máximo de dosis en una zona bien definida (pico de Bragg), y apenas deposita dosis en la zona fuera. Esto permite administrar dosis de radiación más altas al tumor y a su vez reducir la dosis depositada en los tejidos sanos. La deposición localizada de dosis en el tumor evitando órganos sensibles implica que la precisión que se exige en esta técnica sea mayor. Por ello, se han propuesto diversas técnicas para verificar in-vivo, que la dosis depositada en cada sesión de tratamiento es la esperada. Dichas técnicas no han alcanzado todavía un nivel de madurez suficiente para permitir su utilización clínica. Por ello, nuestro objetivo es el desarrollo de metodologías novedosas que pretenden solventar las carencias de las técnicas de verificación en proton-terapia. Se pretende desarrollar un equipo de verificación del rango mediante activación del tejido y detección de rayos gamma emitidos de forma instantánea. Prompt Gamma (PG) que aproveche la tecnología de altas prestaciones adquirida por nuestro grupo en el ámbito de la física nuclear experimental. El proyecto consiste en partiendo de un prototipo de detector telescópico de gamma y protones existente se plantea su adaptación para su uso en el entorno clínico. El principal objetivo es realizar la prueba de concepto de nuestro método de detección de protones para la estimación de dosis y la obtención de imágenes tomográficas. En el proyecto se comenzará por realizar simulaciones Monte Carlo del detector, que se validarán con medidas en el laboratorio con fuentes gamma de estándar. Estas verificaciones se completarán con medidas en el acelerador de 5MV del Centro de Microanálisis de Materiales. Capacidades que obtendrá el estudiante: Aprendizaje de técnicas de simulación Monte Carlo y utilización del paquete GEANT4. Trabajo en el laboratorio, montaje de fuentes, electrónica y sistema de adquisición de datos. Familiarizarse con el uso de haces iónicos de un acelerador para caracterización de un detector para su uso en trabajo clínico. El objetivo final del proyecto de este trabajo es evaluar las geometrías, los centelleadores y los colimadores más efectivos en términos de coste/beneficio para verificación de dosis in-vivo.	<a href="https://fexp.iem.csic.es/">https://fexp.iem.csic.es/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1577	TENLLADO PERALO, FRANCISCO	tenllado@cib.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS MARGARITA SALAS	Aplicaciones biotecnológicas para la protección sostenible de cultivos frente a virus basadas en la inducción de defensas innatas y adaptativas	Los virus de las plantas representan una grave amenaza para la producción agrícola y el suministro de alimentos. En la actualidad, la estrategia más utilizada para controlar las enfermedades víricas es el control químico de los vectores víricos. Las alternativas a los pesticidas químicos son deseables por varias razones, como son los efectos nocivos de los residuos químicos en los alimentos y el medio ambiente, así como la creciente resistencia de los insectos a insecticidas. Por otro lado, el desarrollo comercial de cultivos transgénicos resistentes a virus se ve limitado por la normativa que regula la modificación genética de plantas, la preocupación por el medio ambiente y la percepción negativa de la opinión pública. Por tanto, existe una demanda de enfoques biotecnológicos alternativos a la transgénesis que estén encaminados a la protección de cultivos, y que a la vez sean más sostenibles, eficaces, respetuosos con el medio ambiente y percibidos positivamente por la sociedad. Dos nuevas tecnologías emergentes, como son la aplicación tóxica de RNA bicatenario (dsRNA) combinado con la nanotecnología, representan una oportunidad para activar el sistema natural de defensa antiviral mediante dsRNAs diseñados racionalmente, de manera que puedan utilizarse eficazmente en la protección de cultivos. Objetivos científicos y tecnológicos: Desarrollo de una tecnología basada en la aplicación tóxica de dsRNA para el control de virus de plantas, que combine la inducción de inmunidad adaptativa (RNA interference, RNAi) junto con la activación de inmunidad innata (pathogen triggered immunity, PTI). Su implementación requiere la utilización de nanomateriales en complejos con el dsRNA, de manera que se potencie su estabilidad y durabilidad en el medio ambiente. Se trata de una tecnología no transgénica que se implementaría como prueba de concepto en la especie experimental <i>Nicotiana benthamiana</i> , para, a continuación, aplicarla en cultivos de solanáceas (tomate, patata, pimiento, etc.) y otras especies. El desarrollo del Trabajo contempla técnicas propias de Virología Molecular, Fisiología Vegetal y Biología del Estrés, por lo que constituye una excelente oportunidad de formación de un estudiante universitario en las disciplinas mencionadas. El CIB está dotado de cámaras de cultivo de plantas e invernaderos, además de una excelente infraestructura para el desarrollo de la investigación propuesta.	<a href="https://www.cib.csic.es/research/microbial-plant-biotechnology/molecular-plantvirusvector-interactions">https://www.cib.csic.es/research/microbial-plant-biotechnology/molecular-plantvirusvector-interactions</a>
JAEINT24_EX_0504	TERCERO ORDUÑA, JOSE ANTONIO	jatercero@cbm.csic.es	CENTRO DE BIOLOGÍA MOLECULAR SEVERO OCHOA	Mecanismos implicados en el mantenimiento de la integridad del genoma en respuesta a la presencia de daño en el DNA	El objetivo principal del trabajo de nuestro grupo es contribuir al conocimiento de los mecanismos que permiten mantener la integridad del genoma cuando las células proliferan. Este es un problema biológico de interés en investigación básica y biomédica, dado que la inestabilidad genómica es una de las características de enfermedades como el cáncer, así como una de las causas del envejecimiento prematuro, de problemas neurológicos y de anomalías durante el desarrollo. La investigación en la que colaboraría la persona interesada se llevaría a cabo en el Centro de Biología Molecular Severo Ochoa (CBM, Madrid), y estaría centrada en el estudio de los mecanismos implicados en la tolerancia al daño en el DNA (DDT) durante la replicación cromosómica. Estos mecanismos, conservados evolutivamente en eucariotas, permiten el bapás de las lesiones en el DNA que permanecen sin reparar en el momento de la replicación, lo que hace posible que, aun en estas condiciones, la duplicación del genoma se complete. Por ello, juegan un papel crucial en el mantenimiento de la integridad genómica. La persona solicitante participaría en el análisis de la regulación de estos mecanismos. La metodología a emplear consistiría en una combinación de técnicas de genética, biología molecular, biología celular y bioquímica, lo que permitiría adquirir amplios conocimientos teóricos y experimentales en el tema de trabajo y, más globalmente, en distintos aspectos de la biología. El modelo experimental eucariótico a utilizar sería la levadura <i>Saccharomyces cerevisiae</i> , que permite algunos abordajes experimentales no realizables en sistemas más complejos. El plan de investigación previsto consiste en el estudio de: (1) la regulación de las proteínas de DDT durante el ciclo celular y en respuesta al estrés genotóxico; (2) la relocalización subcelular de las proteínas implicadas en DDT bajo condiciones de daño en el DNA o estrés replicativo; (3) la interrelación entre los diferentes mecanismos de DDT. Además de la colaboración en un proyecto de investigación en marcha, según la temática descrita, el plan de formación incluye otras actividades, como el aprendizaje del diseño experimental y del análisis y presentación de resultados, la lectura y discusión de bibliografía, y la participación activa en los seminarios del grupo y del CBM. Todo ello, junto con la experiencia diaria del trabajo en el laboratorio, puede proporcionar una buena formación en esta primera etapa de la carrera investigadora.	<a href="http://www.cbm.uam.es/jatercero">http://www.cbm.uam.es/jatercero</a>
JAEINT24_EX_1285	TIMON SANCHEZ, SUSANA MARIA	s.timon@csic.es	INSTITUTO GEOLOGICO Y MINERO DE ESPAÑA	Geología de minerales críticos y estratégicos para la transición energética en España.	El plan de formación que se propone está relacionado con "La gestión sostenible de las materias primas minerales" (Proyecto MPMIN). Este proyecto se enmarca en el acuerdo de colaboración entre la Subdirección General de Minas (Ministerio para la Transición Ecológica y el Reto Demográfico) y el IGME-CSIC. El candidato aprenderá a caracterizar desde el punto de vista mineralógico y geoquímico las mineralizaciones de elementos críticos y estratégicos, en zonas que previamente han sido consideradas de interés minero durante el desarrollo del Proyecto MPMIN, con reconocimiento en el campo de las mismas. Para realizar la caracterización morfológica, mineralógica, textural y parcialmente genética de los indicios o depósitos mineralizados, el trabajo de investigación se centrará en tareas de laboratorio. Se aplicará la microscopía óptica tradicional y también microscopía electrónica de barrido y microsonda electrónica. Posteriormente, se llevará a cabo el tratamiento de los datos y la interpretación de los resultados con el software específico. El candidato se formará en la Oficina del IGME-CSIC en Salamanca y contará con el apoyo de la Unidad de Investigación Consolidada de Castilla y León (UIC nº 359).	<a href="https://www.csic.es/investigacion/grupos-de-investigacion/geologia-economica-de-los-recursos-minerales-gi-geocomin">https://www.csic.es/investigacion/grupos-de-investigacion/geologia-economica-de-los-recursos-minerales-gi-geocomin</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0704	TOMAS GUTIERREZ, GUSTAVO	gtomas@eeza.csic.es	ESTACION EXPERIMENTAL DE ZONAS ARIDAS	Parasitismo de cría y movimiento embrionario en dos especies de aves	<p>Durante el desarrollo embrionario, los polluelos de las aves muestran actividades que los preparan para su salida al exterior tras la eclosión de los huevos. Se sabe que se comunican emitiendo y recibiendo señales acústicas, y se ha demostrado que son capaces de detectar señales indicadoras de un aumento en el riesgo de depredación. Ello les permite modificar su comportamiento en consecuencia, incluso desde antes de la eclosión. Recientemente, se ha mostrado que los embriones de las aves parásitas de cría presentan una mayor tasa de movimiento embrionario (TME) en el huevo en comparación con los embriones de las aves no parásitas. Esta diferencia proporcionaría ventajas competitivas tras la eclosión a los polluelos parásitos sobre los de sus hospedadores, ya que estos movimientos del embrión dentro del huevo son importantes para un correcto desarrollo muscular-esquelético. No obstante, los factores que pueden estar detrás de las variaciones en la TME no son bien conocidos. Se pretende comprobar si la TME aumenta ante la previsión de una mayor competencia en el nido causada por el parasitismo de cría (en urracas (<i>Pica pica</i>) parasitadas por crialos (<i>Clamator glandarius</i>), y en estorninos (<i>Sturnus unicolor</i>) que sufren parasitismo intraespecífico). En ambos casos, esperamos mayor TME en los huevos de nidos parasitados en comparación con huevos de nidos no parasitados. El trabajo de campo se realizará en poblaciones bien conocidas de estas especies de aves en los alrededores de Guadix (Granada). Tanto los huevos de crialo en nidos de urraca, como los huevos parásitos de estornino, son fácilmente detectables visualmente gracias a diferencias en la forma, color o tamaño con respecto a los huevos no parásitos. El trabajo a desarrollar por la/el estudiante consistirá en monitorear los nidos de urraca y de estornino para estimar las fechas de puesta y de eclosión. Se determinará la tasa de movimiento embrionario de los huevos de forma no invasiva, tres días antes de la fecha de eclosión, mediante un monitorizador portátil digital de huevos ("Egg Buddy", Avtronics, UK). Este monitorizador portátil permite estimar la frecuencia cardíaca y el número de movimientos del embrión por unidad de tiempo. Se obtendrán filmaciones de la pantalla del monitorizador portátil, que deberán ser posteriormente analizadas en el Departamento de Ecología Evolutiva y de la Conducta de la Estación Experimental de Zonas Áridas.</p>	<a href="http://www.eeza.csic.es/es/d_morf.aspx">http://www.eeza.csic.es/es/d_morf.aspx</a>
JAEINT24_EX_1485	TOMAS NASH, FIONA	fiona@imedea.uib-csic.es	INSTITUTO MEDITERRANEO DE ESTUDIOS AVANZADOS	Uso de Inteligencia Artificial para el estudio de las comunidades de epifauna en comunidades de macrofitos marinos.	<p>Los bosques de macrofitos marinos (algas, fanerógamas marinas) son sistemas costeros clave que proporcionan servicios ecosistémicos cruciales a la humanidad, como pesquerías, protección costera, o aguas limpias. Asimismo, albergan gran biodiversidad. En particular, estos bosques son especialmente importante para la denominada "epifauna", pequeños invertebrados móviles (crustáceos, gasterópodos, etc.) que viven asociados a estas especies, pues los bosques les proporcionan hábitat, comida y refugio. Dicha epifauna tiene papeles ecológicos clave. Por ejemplo, actúan como biofiltros al consumir partículas de detritos del agua, ayudando así a mantener el agua limpia, algunos son herbívoros que consumen las algas epífitas, las fanerógamas, o el fitoplancton directamente del agua de mar, influenciando de manera crítica la producción primaria de estos bosques. Además, la epifauna es alimento clave para muchos invertebrados y peces (varios de importante interés pesquero). Por lo tanto, determinar las poblaciones de epifauna que viven en distintos bosques es clave para entender el estado ecológico y funcional de estos ecosistemas. Una limitación importante en el estudio de la epifauna, es el tiempo que debe dedicarse a la identificación y las mediciones de dichos animales. Con el desarrollo de las nuevas tecnologías, el uso de inteligencia artificial para la identificación automática de especies se está extendiendo rápidamente. En este proyecto, se propone desarrollar herramientas de inteligencia artificial para determinar de manera automática la identidad y tamaño de distintos grupos de epifauna para permitir un análisis del estado ecológico de diferentes bosques de interés (e.j. comparando praderas de <i>Posidonia</i> degradadas vs. conservadas). El / la estudiante participará en el trabajo inicial de laboratorio de separación de muestras de epifauna, para aprender a diferenciarlas, así como en el desarrollo de redes neuronales para la identificación automática de dichas especies y sus tamaños. El / la estudiante recibirá formación en diseño experimental, taxonomía de invertebrados, análisis de imágenes, desarrollo de redes neuronales y análisis estadísticos. Las fechas son flexibles dependiendo de la disponibilidad del/ la estudiante. El trabajo puede modularse en función de dichas fechas. El/ la estudiante debe tener interés en ecología marina y conservación. Se valorará el interés en análisis de datos y la capacidad de trabajar independientemente, así</p>	<a href="https://imedea.uib-csic.es/investigacion/investigacion-marina-en-sistemas-ecologicos-y-sociales/">https://imedea.uib-csic.es/investigacion/investigacion-marina-en-sistemas-ecologicos-y-sociales/</a>
JAEINT24_EX_0370	TORRES NUÑEZ, SANDRA	sandra.torres@iibb.csic.es	INSTITUTO DE INVESTIGACIONES BIOMEDICAS DE BARCELONA	INTERACCIÓN INFLAMASOMA/MITOCONDRIA COMO DIANA TERAPÉUTICA EN LA PROGRESIÓN DE LA ENFERMEDAD HEPÁTICA	<p>El inflammasoma NLRP3 es un complejo multiproteico intracelular que se activa al detectar estrés celular mediante señales de peligro (PAMPs) para desencadenar defensas inmunes innatas. La activación del inflammasoma parece desempeñar un papel importante en el desarrollo y progresión de la esteatohepatitis asociada a disfunción metabólica (MASH) (Torres S et al. 2022). El modelo común propuesto de activación de NLRP3 es mediante el incremento de ROS, cuya principal fuente son las mitocondrias, lo que indica una asociación entre el daño mitocondrial y las enfermedades inflamatorias. La proteína reguladora aguda esteroidogénica 1 (STARD1) es una proteína de la membrana externa mitocondrial que transfiere el colesterol a la membrana interna mitocondrial para el procesamiento metabólico. Por lo que el aumento de la expresión de STARD1 determina la acumulación de colesterol en las mitocondrias, lo que afecta las propiedades físico-químicas de las membranas mitocondriales y, conduce a un aumento de los niveles de ROS y a una disfunción mitocondrial (Goicoechea L. et al. 2023). Hallazgos recientes en nuestro laboratorio, descubren un papel no reconocido de StARD1 en la patogénesis del hepatocarcinoma (HCC) impulsado por MASH, a través de la generación de ácidos biliares en la vía mitocondrial alternativa (Conde de la Rosa L. et al. 2021). Este estudio respalda otras investigaciones que destacan a StARD1 como un actor novedoso de las enfermedades hepáticas (Torres S. et al. 2019; Torres S. et al. 2021). La línea de investigación incluye estudios in vitro e in vivo, donde se evaluará la asociación entre daño mitocondrial y la respuesta inflamatoria, donde el colesterol mitocondrial podría jugar un papel crucial en la activación del complejo NLRP3 inflammasoma, favoreciendo el progreso de la enfermedad hepática. Para el enfoque in vivo, utilizaremos una dieta alta en grasas y colesterol (dieta HFD/HC) en ratones wild-type y en ratones con delección StARD1 específica de hepatocitos (StARD1ΔHep). Evaluaremos el impacto de la inhibición de NLRP3 mediante un inhibidor de Nlrp3 (MCC950). Además, examinaremos el impacto de la regulación negativa del colesterol en ratones tratados con estatinas (como la atorvastatina, que inhibe la HMGCoA, enzima clave para la síntesis de colesterol). Para mejorar el impacto traslacional de la investigación de MASH en las enfermedades humanas, se usarán líneas celulares de HCC humano.</p>	<a href="https://www.iibb.csic.es/es/research/59">https://www.iibb.csic.es/es/research/59</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0881	TORRES RUIZ, JOSE MANUEL	jmtorresruiz@irmas.csic.es	INSTITUTO DE RECURSOS NATURALES Y AGROBIOLOGIA DE SEVILLA	Mecanismos de resistencia al estrés hídrico y la sequía en plantas.	El cambio climático no solo incrementará la temperatura media, sino que también reducirá considerablemente las precipitaciones y, por lo tanto, el agua disponible para el consumo humano y otros usos, incluyendo la agricultura. Estas condiciones de estrés hídrico afectarán gravemente tanto a los cultivos de secano como a los de regadío al aumentar sus demandas hídricas, poniendo en peligro su supervivencia y viabilidad. Ante este escenario, es fundamental conocer los mecanismos de respuesta de las plantas a estas condiciones de estrés para determinar su capacidad de supervivencia. Entre los rasgos fisiológicos más importantes a la hora de determinar esta respuesta, se encuentra la conductancia residual (gres) de las plantas. Esta gres va a determinar las pérdidas de agua residuales que ocurren en las plantas tras el cierre estomático y que determinarán su tasa de deshidratación y, por tanto, en qué momento alcanzarán niveles de deshidratación que puedan poner en riesgo su supervivencia. Además, esta gres aumenta con la temperatura del aire, haciendo que el riesgo de sobrepasar los umbrales de supervivencia aumente en momentos de calor extremo como, por ejemplo, durante una ola de calor. El objetivo de esta JAE intro será: i) Determinar cómo la gres varía entre diferentes especies cultivadas con distinta respuesta a la sequía (Olivo, Limonero, Almendro,...). ii) Determinar cómo la gres varía con la temperatura para dichas especies. iii) Analizar cómo dicha variación en gres puede poner en riesgo la supervivencia de las plantaciones de cada especie en condiciones de baja disponibilidad de agua y altas temperaturas. El desarrollo de esta JAE intro generará información crucial en cuestiones tan relevantes como la viabilidad de determinados cultivos en regiones en las que se espera un aumento significativo de la temperatura y una reducción de precipitaciones, o para la identificación de las variedades y/o especies más adecuadas para una determinada región considerando los cambios en el clima que se esperan en un futuro próximo. Estos resultados no solo son importantes a nivel agronómico y económico, sino también a nivel social al aportar información crucial para el mantenimiento y adaptación de los cultivos ante el cambio climático.	<a href="https://www.irmas.csic.es/rec/">https://www.irmas.csic.es/rec/</a>
JAEINT24_EX_0888	TRAPOTE FORNE, MARIA DEL CARMEN	mctrapote@geo3bcn.csic.es	GEOCIENCIAS BARCELONA	Consecuencias ecológicas de los depósitos volcánicos en las comunidades acuáticas de productividad primaria neotropicales: una aproximación paleolimno	Comprender cómo responden los ecosistemas a peligros naturales como las erupciones volcánicas es de vital importancia para las políticas de conservación y gestión, especialmente en hábitats frágiles. Los registros paleoecológicos presentan una perspectiva única para comprender las respuestas de los ecosistemas a largo plazo ya que permiten un análisis detallado de las condiciones previas, durante y posteriores a eventos específicos de alto impacto. En este proyecto se analizará las dinámicas de las diatomeas (algas unicelulares) preservadas en un registro de sedimento lacustre de los Andes ecuatorianos para abordar el cambio ambiental a largo plazo (durante los últimos cientos o miles de años). Los principales objetivos del proyecto son evaluar: i) la sensibilidad y resiliencia de estos organismos a deposiciones volcánicas en un registro andino (alta montaña de región tropical), y ii) los efectos que más influyen en la dinámica de las diatomeas (supresión de luz, cambios en la composición química del agua y sepultamiento). Los resultados obtenidos se compararán con las tendencias de otras comunidades acuáticas y terrestres ya analizadas del mismo registro y otros similares, con énfasis en iniciativas de gestión. - Tareas a realizar: 1) Selección del material de trabajo 2) Sub-muestreo (cada varios centímetros) 3) Procesamiento de muestras (tratamiento de laboratorio) 4) Análisis de diatomeas (bajo microscopio) 5) Análisis estadístico (en R) con paquetes informáticos específicos 6) Revisión bibliográfica de estudios paleoclimáticos y de carbones previos 7) Interpretación paleoambiental de los resultados obtenidos 8) Complementación con datos adicionales: polen, LOI, XRF Financiación disponible relacionada con el trabajo propuesto: 1. A Palaeoenvironmental Investigation of Amazonian Lowland Sensitivity to Climatic Drivers Using Pollen-based Modelling Approaches (PALOMA). MSCA Postdoctoral Fellowships 2022 (ref. 101105420). Co-IPs: Dr Encarni Montoya (supervisora) & Dr Dael Sassoon (candidato). Duración: 2024 - 2026. Presupuesto aprobado: ¡165,312.96. 2. Past analogues of sustainable food production under climate change scenarios: assessing pre-Columbian large-scale practices' viability in flood-prone environments (MOMPAST). Financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación (ref. PID2022-138059NB-I00). IP: Dr Encarni Montoya. Duración: 2023 - 2027. Presupuesto aprobado: ¡175,000.00.	<a href="https://mauritastories.wordpress.com/">https://mauritastories.wordpress.com/</a>
JAEINT24_EX_0403	TRASAR CEPEDA, M.CARMEN	ctrasar@csic.es	MISION BIOLOGICA DE GALICIA	Funcionalidad del suelo en rotaciones forrajeras de secano húmedo resilientes a patrones climáticos alterados.	El/la becario/a se incorporará a las investigaciones que actualmente lleva a cabo el grupo en las que se analiza y compara el impacto de distintas prácticas agrícolas convencionales y ecológicas para la producción de forrajes sobre la calidad y la funcionalidad del suelo. Para ello, se estudian distintas rotaciones forrajeras de secano húmedo y se realiza un detallado seguimiento de las propiedades del suelo relacionadas con el tamaño y actividad de la microbiota edáfica (respiración basal, mineralización del N, biomasa microbiana, etc.) y con la actividad de los enzimas de tipo oxidoreductasa y con enzimas hidrolíticas de los ciclos de los elementos biófilos (C, N, P y S) como herramientas para evaluar diferentes alternativas que permitan el cultivo sostenible de maíz forrajero de secano. Dependiendo de cuando se incorpore el/la becario/a, colaborará en las tareas que en ese momento del año se estén realizando en relación con los experimentos de campo actualmente en marcha. El/la becario/a colaborará en el seguimiento de los experimentos de campo, toma de muestras de suelo y plantas, caracterización general de los suelos y en la determinación de diferentes propiedades biológicas y bioquímicas, con el fin de investigar la funcionalidad del suelo y sus modificaciones como consecuencia de las diferentes prácticas de manejo que se están ensayando.	<a href="https://mbg.csic.es/es/">https://mbg.csic.es/es/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0855	TRIOLA GUILLEM, GEMMA	gemma.triola@csic.es	INSTITUTO DE QUIMICA AVANZADA DE CATALUÑA	Herramientas químicas para el estudio de proteínas modificadas con ácidos grasos	La modificación de proteínas con lípidos ocurre en más de 1000 proteínas diferentes, muchas de ellas relacionadas con enfermedades como el cáncer o los trastornos neurodegenerativos. Como resultado, el desarrollo de estrategias y herramientas que permitan el estudio de este tipo de modificaciones es actualmente un área de investigación de gran relevancia. El candidato o candidata desarrollará y aplicará estrategias químicas para estudiar y modular proteínas modificadas de manera covalente con ácidos grasos. Además, al tratarse de una modificación reversible catalizada por enzimas, se estudiarán con especial interés los enzimas encargados de la lipidación (DHHCs) y deslipidación (tioesterasas) de estas proteínas. Las metodologías en las que se formará el candidato son las siguientes: 1) Síntesis, purificación y caracterización de moléculas 2) Ensayos bioquímicos con proteínas y ensayos celulares 3) Estudios de lipídómica (análisis de lípidos por espectrometría de masas)	<a href="https://www.iqac.csic.es/research/departments/biological-chemistry/chemical-biology/">https://www.iqac.csic.es/research/departments/biological-chemistry/chemical-biology/</a>
JAEINT24_EX_0605	UGALDE BILBAO, CRISTINA	cristina.ugalde@cib.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS MARGARITA SALAS	MECANISMOS REGULADORES DE LA BIOGÉNESIS DE LOS SUPERCOMPLEJOS RESPIRATORIOS: IMPLICACIONES EN SALUD Y ENFERMEDAD MITOCONDRIAL	El proyecto formativo se realizará en el Dpto. de Biomedicina Molecular del Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas (CIB-CSIC, Madrid), enfocándose en estudiar las bases moleculares de las enfermedades mitocondriales (EMs). Las EMs surgen debido a alteraciones funcionales en la cadena respiratoria mitocondrial (CRM), siendo la principal causa de errores congénitos del metabolismo energético. El déficit enzimático del complejo I (CI, NADH deshidrogenasa) de la CRM es la causa más prevalente (>30%) de EM. El CI está compuesto por 45 subunidades que catalizan la transferencia de electrones desde el NADH al coenzima Q, generando una fuerza protón-motriz para la síntesis de ATP (PMID: 30055843). A pesar de la abundante información sobre las variantes genéticas asociadas al déficit del CI, aun no existen terapias efectivas debido al limitado conocimiento sobre su fisiopatología. En humanos, el CI se asocia con los complejos III y IV de la CRM formando el 'respirasoma' mitocondrial, cuyo papel funcional está en debate (PMID: 37828827). Tampoco se conocen los mecanismos moleculares que regulan la biogénesis del respirasoma y su impacto en la función del CI en distintas situaciones fisiopatológicas. OBJETIVOS Y METODOLOGÍA: El objetivo es investigar las vías que regulan la biogénesis del respirasoma mitocondrial para comprender su impacto en la funcionalidad de la CRM y el desarrollo de patologías humanas. Tareas (Ts) específicas: T1 (meses 1-4): Generar por edición genómica CRISPR-Cas9 un modelo celular carente de NDUFB7 (NDUFB7-KO), subunidad del CI relevante para la formación del respirasoma. Diseño y clonación de ARNs guía (ARNg) en pSpCas9-GFP (Addgene); transfección en células HEK293 y aislamiento de clones positivos (FACS); secuenciación de INDELS genómicos; rescate fenotípico de células NDUFB7-KO mediante transfección permanente del cDNA de NDUFB7 (pCMV6- Hygro, Origene); selección en medio restrictivo (galactosa/higromicina); niveles de proteína por SDS-PAGE/Western-blot (WB). T2 (meses 5-7). Estudiar el efecto de la ausencia/rescate de NDUFB7 sobre el ensamblaje del respirasoma y su impacto sobre la función mitocondrial. Análisis por electroforesis azul nativa (BN-PAGE); consumo de oxígeno (SeahorseXF24) y actividades enzimáticas de la CRM (espectrofotometría). El proyecto se complementará con programas de seminarios ofrecidos por el CIB y el Programa de Doctorado en Investigación Biomédica de la Univ. Complutense (Madrid).	<a href="https://www.cib.csic.es/research/molecular-biomedicine/mitochondrial-biomedicine">https://www.cib.csic.es/research/molecular-biomedicine/mitochondrial-biomedicine</a>
JAEINT24_EX_0240	ULLOA SEVERINO, FRANCESCO PAOLO	francesco.ulloa@cajal.csic.es	INSTITUTO CAJAL	How do astrocytes control voluntary behaviors?	Our laboratory is interested in understanding the molecular mechanisms regulating astrocytes' structural changes in the adult brain and their effects on adult synaptic formation, circuit function, and motor behaviors. We use advanced image analysis, opto and chemogenetics, machine learning algorithms for behavioral quantification, live imaging techniques, and cutting-edge molecular tools to explore novel cellular pathways that allow astrocytes to sense what is happening in the extracellular environment and respond with structural adaptations. Our lab also has experience in cortico-striatal circuit function and operant behaviors, and we aim to design new, custom-made behavioral setups to understand the role of astrocyte-neuron communications in voluntary behaviors. The interested student (depending on their levels and certifications) will be involved in the development of such project by having hands-on experience on sample preparation for immunofluorescence studies, confocal imaging, behavioral training, stereotaxic injections, opto and chemogenetics, 3D printing and fabrication, machine-learning based video and image analysis. We look for highly motivated young investigators ready to work in a young research environment and learn directly from the PI and his collaborators.	<a href="https://cajal.csic.es/laboratorios/interacciones-astrocito-neuronal/">https://cajal.csic.es/laboratorios/interacciones-astrocito-neuronal/</a>



REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0743	UTRERO AGUDO, MARIA ANGELES	mariaangeles.utrero@eehar.csic.es	ESCUELA DE ESTUDIOS ARABES	Arqueología de la Arquitectura Medieval en el Occidente Europeo (siglos V-XII)	Durante el periodo de desarrollo de la beca JAE INTRO, se pretende ofrecer una formación teórica y práctica al candidato/a en el campo de la Arqueología de la Arquitectura Medieval en el Occidente Europeo (siglos V-XII). Para ello, se propone la realización de tres actividades formativas principales: 1. Lectura de material bibliográfico sobre la teoría, metodología y desarrollo de la disciplina arqueológica, así como sobre su aplicación en el ámbito de los estudios de la arquitectura medieval en el Occidente europeo, con especial atención a la arqueología de la arquitectura de la Península Ibérica (España y Portugal). 2. Colaboración y participación en actividades arqueológicas de campo dentro del marco de los proyectos de investigación en marcha (y previsibles) dirigidos por la IP, los cuales se ocupan principalmente del análisis arqueológico de construcciones tardoantiguas y altomedievales de carácter monástico en la Península Ibérica. Esta actividad prevé la formación del/la becario/a en los procedimientos (reconocimiento de estratigrafía y tipología) y herramientas (fichas de documentación estratigráfica, listados de unidades estratigráficas, diagramas de secuencia temporal y planimetrías arqueológicas) propios de esta disciplina. 3. Asistencia a posibles cursos y seminarios relacionados con la temática de investigación indicada.	www.eea.csic.es
JAEINT24_EX_1713	VAL LATORRE, MARGARITA DEL	mdval@cbm.csic.es	CENTRO DE BIOLOGIA MOLECULAR SEVERO OCHOA	Respuesta inmunitaria a infecciones virales, base de las vacunas	Nuestro laboratorio está interesado en describir las bases que conducen a la generación y mantenimiento de una memoria inmunitaria protectora frente a infecciones. El objetivo final es guiar el desarrollo racional de vacunas, particularmente el de aquellas dirigidas a personas con especial vulnerabilidad, como las afectadas por inmunodeficiencias parciales de origen genético o iatrogénico (trasplantados, pacientes oncológicos, etc), población anciana o embarazadas. La mayoría de vacunas actualmente comercializadas basan su éxito en la inducción de anticuerpos neutralizantes (inmunidad humoral), dirigidos a eliminar los patógenos extracelulares o a neutralizar sus efectos tóxicos en el organismo. Su éxito contrasta con el fracaso en la inducción de inmunidad celular, principalmente mediada por los linfocitos T CD8+ citotóxicos, esenciales para eliminar células dañadas, como las infectadas, y, por tanto, para controlar infecciones persistentes o crónicas, en especial las intracelulares (como las virales), más resistentes a la protección por anticuerpos. Actualmente estamos interesados en identificar los correlatos de protección y susceptibilidad frente a infecciones virales de alto impacto social como SARS-CoV-2 (causante de la COVID-19), citomegalovirus (asociado a mayor morbilidad y mortalidad en neonatos e inmunodeficientes) o los poxvirus (como los causantes de la viruela humana, erradicada gracias a la vacunación, o de la viruela del mono o mpox). Para el estudio de los mecanismos implicados en la inducción y mantenimiento de una memoria inmunitaria potente y diversa, en condiciones normales o patológicas, trabajamos con muestras humanas, líneas celulares y modelos de ratón. Las muestras humanas proceden de población adulta general y ancianos. Entre los modelos de ratón contamos con uno que reproduce una inmunodeficiencia parcial ultra rara descrita en humanos, el síndrome del linfocito desnudo de tipo I, causada por mutaciones en el transportador de péptidos TAP. Para la obtención y análisis de resultados utilizamos técnicas de biología molecular y celular, cultivos in vitro, ex vivo e in vivo, herramientas como la citometría de flujo espectral y el modelado bioinformático de datos. El Plan de Formación consistirá en la adquisición de competencias experimentales y de análisis de datos que permitan el estudio integral de la respuesta inmunitaria antiviral, su potenciación y la evaluación de correlatos de protección y susceptibilidad.	<a href="https://www.cbm.uam.es/en/research/programs/interactions-with-the-environment/immune-system-development-and-function/viral-immunology">https://www.cbm.uam.es/en/research/programs/interactions-with-the-environment/immune-system-development-and-function/viral-immunology</a>
JAEINT24_EX_1591	VALENZUELA REQUENA, BELEN	belenv@icmm.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIA DE MATERIALES DE MADRID	¿Por qué desaprender el dolor crónico es tan diferente para diferentes pacientes?	Recientemente se está descubriendo que detrás de muchos síntomas sin explicación médica tales como acúfenos, vértigo, bruxismo y dolor crónico hay una predicción por creencias originada en la historia del individuo que se retroalimenta de informaciones erróneas y desfasadas de la comunidad experta. Este descubrimiento a dado pie a la posibilidad de desaprender las creencias fragilizantes aprendiendo de forma corporeizada neurobiología del dolor y así mejorar o superar los síntomas. Desafortunadamente esta aproximación es todavía poco conocida por el sistema público y dado que hay una epidemia de dolor crónico, y abuso de opioides según la World Health Organization, es urgente que esta información se disemine. Por otro lado, la física está contribuyendo a una comprensión más global y profunda de las ciencias cognitivas desde diferentes perspectivas donde el concepto de transición de fase es ampliamente utilizado. La investigadora Belén Valenzuela es experta en modelización de transiciones de fase en materia condensada y recientemente ha propuesto un modelo de Landau para ilustrar el aprendizaje y desaprendizaje del dolor crónico. El modelo ayuda a tener una visión global de un problema muy complejo y puede guiar a la diseminación de la información para que permee más rápido entre la comunidad científica y la comunidad sanitaria en beneficio de los pacientes, del sistema público y de la sociedad. En el trabajo que se propone al solicitante de JAE intro se pretende contestar a la pregunta de por qué hay pacientes que se recuperan antes que otros, cuestión que no se abordó en el trabajo anterior. Para eso el estudiante aprenderá tanto la teoría de Landau de transiciones de fase como de neurobiología del dolor. Aprenderá a identificar variables relevantes tales como el contexto percibido por los sentidos, la información de la cultura experta, la susceptibilidad a la información experta, el histórico del paciente, y ayudará a conceptualizar otras variables tales como el equivalente a la entropía. También resolverá ecuaciones que darán lugar a ciclos de histeresis así como la interpretación de los ciclos como bucles que se forman de la percepción con la información de la comunidad experta, como de la percepción con la información que proviene de los sentidos o por combinaciones de ambos. El trabajo se hará en colaboración con neurologos del Instituto de Neurociencias Vithas y con el centro de investigación de Mindfulness Nirakara.	<a href="https://wp.icmm.csic.es/field-theories-in-condensed-matter-physics/belen-valenzuela-requena/">https://wp.icmm.csic.es/field-theories-in-condensed-matter-physics/belen-valenzuela-requena/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0899	VALES GOMEZ, MARIA MAR	mvalés@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Respuesta anti-tumoral mediada por células Natural Killer	El laboratorio estudia nuevos aspectos de la respuesta inmunitaria anti-tumoral y, en particular, las acciones ejercidas por las células Natural Killer (NK) humanas para eliminar tumores. Para ello, utiliza varios modelos de cáncer humano que nos permiten evaluar la complejidad de la respuesta inmunitaria frente a los tumores. Por ejemplo, el tratamiento de pacientes con cáncer de vejiga con BCG, una inmunoterapia de éxito, como modelo para el estudio de la estimulación de las células inmunitarias. También hemos descrito que, en melanoma, la modulación inmunitaria puede ocurrir incluso en el contexto de terapias dirigidas a rutas de proliferación, como la activación de BRAF, a través de un descenso en la expresión de ligandos del potente receptor activador NKG2D. Tenemos una larga trayectoria en el estudio de los ligandos de NKG2D (NKG2D-L), unas proteínas con gran potencial en el seguimiento del avance tumoral. Se ha demostrado que la presencia de NKG2D-L solubles en plasma de pacientes de cáncer está asociada al progreso de la enfermedad. Estudiaremos varios aspectos de la biología de estas proteínas para poder avanzar en la aplicación de métodos para el seguimiento de pacientes oncológicos y nos proponemos caracterizar los NKG2D-L, tanto en sus formas solubles como ancladas a vesículas extracelulares. A nivel funcional, se estudiará la respuesta de las células NK (del inglés, Natural Killer) frente a células tumorales en el contexto de los tratamientos utilizados en clínica. Así se pretende ahondar en las consecuencias moleculares de la terapia anti-tumoral para el sistema inmunitario. Los objetivos consisten en: 1. Estudiar los mecanismos moleculares implicados en la generación de una respuesta antitumoral NK efectiva 2. Estudiar el papel inmunomodulador de las vesículas extracelulares tumorales El proyecto de investigación se llevará a cabo en el Centro Nacional de Biotecnología (CNB-CSIC), Departamento de Inmunología y Oncología, y permitirá adquirir conocimientos generales sobre las células efectoras del sistema inmunitario y las nuevas tendencias en inmunoterapias frente al cáncer. Además de familiarizarse con el tema de trabajo, utilizará varias técnicas bioquímicas, inmunológicas y celulares trabajando en laboratorio y en sala de cultivo celular en laboratorio de nivel de contención P2.	<a href="https://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/inmunologia-y-oncologia/mecanismos-de-las-celulas-tumorale">https://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/inmunologia-y-oncologia/mecanismos-de-las-celulas-tumorale</a>
JAEINT24_EX_0907	VALIDO AMADOR, JESUS ALFREDO	avalido@ipna.csic.es	INSTITUTO DE PRODUCTOS NATURALES Y AGROBIOLOGIA	Impacto del Cambio Climático en la Polinización de los Lotus ornitófilos canarios	El Cambio Climático es un fenómeno global que está teniendo impactos considerables en el funcionamiento de los ecosistemas y en algunos servicios ecosistémicos (p. ej. polinización) al afectar aspectos básicos que modulan la interacción de las plantas con sus polinizadores (fenología de la floración, morfología floral, calidad/cantidad del néctar, etc.) Dado que los diferentes gremios de polinizadores tienen un patrón preferencial por el néctar en términos de concentración en azúcares y volumen/flor, es esperable que cambios físico-químicos en el néctar afectarían en gran medida sus interacciones con los polinizadores. Esto tendrá especial relevancia en aquellas plantas que son polinizadas por aves paseriformes ya que éstas prefieren flores con un elevado volumen de néctar, diluido en azúcares y dominado por fructosa y glucosa. Un grupo de especies que pueden verse afectados negativamente por el Cambio Climático serían los Lotus ornitófilos canarios: L. berthelotii, L. maculatus, L. gomerythus, L. pyranthus y L. eremiticus. Las funciones y tareas específicas formativas a desarrollar por el estudiante tendrán un perfecto balance entre sus conocimientos y capacidades previas, y el componente de formación y adquisición de nuevas capacidades. Las tareas específicas a desarrollar serían las siguientes: 1. Censo de polinizadores.- El estudiante se formará en la identificación de las especies de insectos y vertebrados (aves, lagartos) que visitan las flores, así como en el propio diseño de un muestreo de campo. Además, el estudiante aprenderá a discernir si un polinizador es un polinizador legítimo o simplemente es un robador de néctar a partir de las observaciones de campo 2. Obtención de datos de cámaras de foto-trampeo.- El estudiante aprenderá como hacer un seguimiento exhaustivo de fotos/videos obtenidas en las cámaras-trampa ubicadas en cada una de las poblaciones de Lotus. Este es un método complementario para documentar interacciones poco frecuentes y/o que ocurran durante la noche. Junto con estos datos y aquellos obtenidos en el punto #1, el estudiante los incorporará en una base de datos para posteriormente realizar análisis estadísticos básicos en la plataforma 'R'. 3. Colección de néctar.- El estudiante se formará en la metodología específica para conocer el volumen, concentración y perfil químico del néctar en Lotus. Se familiarizará en el uso de micro-capilares y refractómetro en el campo. Además, se formará en aspectos básicos r	<a href="https://www.ipna.csic.es/grupo-de-investigacion/ecologia-y-evolucion-en-islas">https://www.ipna.csic.es/grupo-de-investigacion/ecologia-y-evolucion-en-islas</a>
JAEINT24_EX_1048	VALLE TURRILLAS, JAIONE	jaione.valle@csic.es	INSTITUTO DE AGROBIOTECNOLOGIA	Amiloma: identificación de amiloides de microbiota intestinal y su implicación en el desarrollo de enfermedades	La microbiota del tracto intestinal constituye el biofilm más abundante y diverso del cuerpo humano y juega un papel considerable en el mantenimiento de la salud y en el desarrollo de enfermedades. Las alteraciones de la microbiota gastrointestinal, generalmente denominada disbiosis, promueven la proliferación de 'patobiontes' (bacterias residentes simbióticas con potencial patogénico) que contribuyen al desarrollo y la progresión de patologías. Las bacterias patobiontes producen y secretan al medio extracelular metabolitos y componentes estructurales "bioactivos", como los amiloides, y que pueden desencadenar ciertas patologías y afecciones. Estas son en su mayoría afecciones y patologías crónicas no infecciosas como alergias, enfermedades inflamatorias intestinales crónicas, cáncer, diabetes y enfermedades neurodegenerativas, a diferencia de las causadas por los patógenos oportunistas que a menudo causan infecciones agudas. En este proyecto trataremos de identificar el amiloma de la microbiota para estudiar su papel en el mantenimiento de la homeostasis intestinal y en el desarrollo de enfermedades. El proyecto formativo incluirá tareas de i) manejo de muestras de microbiota intestinal; ii) cultivo de microorganismos anaerobios; iii) purificación y caracterización de proteínas amiloides bacterianas.	<a href="https://www.idab.csic.es/laboratory-of-molecular-interactions/">https://www.idab.csic.es/laboratory-of-molecular-interactions/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0463	VALLI , ADRIAN ALEJANDRO	avalli@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Synthetic virology as a new strategy to develop antiviral vaccines for plants	Climate change, pests, and the increasing world population are challenging food security. In this context, an immediate call to action is imperative for augmenting our capacity to produce safe and nutritious food in a sustainable manner. Notably, although plant viruses stand out as major contributors to the detriment of crop production, efficient methods available to prevent and control viral diseases are very limited. Addressing this gap is essential to fortify global food security and ensure the resilience of agricultural systems. Over the past decade, advances in bioinformatics and large-scale DNA synthesis have given rise to the field of synthetic virology. Among diverse applications, synthetic virology has proven successful in generating attenuated versions of animal-infecting RNA viruses for their use as live vaccines. These methodologies involve the artificial deoptimization of viral genomes, preserving amino acid sequences while altering other features, such as codon and codon-pair usage, as well as dinucleotide frequencies. Although the outcomes of these manipulations have demonstrated highly promising results in animals, this technology has not yet been widely developed for protecting plants. In a previous project, we demonstrated that the increase of the UpA dinucleotide frequency in the plum pox virus genome correlates inversely with virus fitness. This proof-of-principle underscores the potential of recoding plant RNA viruses in a controlled manner to develop attenuated variants, opening avenues for its implementation in vaccination-like strategies for plants. The underlying hypothesis is that vaccinations with the attenuated variants will effectively prevent the infection by their corresponding pathogenic ones. This innovative approach based on tailoring attenuated variants by manipulating UpA frequency in viral genomes holds promise for revolutionizing plant protection against viruses. The team of Plant-Virus Coevolution is located at the CNB-CSIC (Madrid). So far, the team comprises the PI, two postdocs, a bioinformatician and a technician. The team is still small, so that the student will receive particular attention and support directly from the PI, which is a great advantage for her/his training. Importantly, we share laboratory space with a bigger and consolidated team, so that the student will enjoy of a very nice and collaborative atmosphere surrounded by experienced researchers.	<a href="https://acortar.link/iilCCke">https://acortar.link/iilCCke</a>
JAEINT24_EX_1505	VAN RAAIJ , MARK JOHAN	mivanraaij@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Biología estructural de endolisinas y tailspikes de bacteriófagos	Los bacteriófagos son máquinas macromoleculares que reconocen específicamente a las bacterias hospedadoras, les transfieren su material genético y redirigen la maquinaria de la célula hospedadora para producir más partículas virales. Poco después de su descubrimiento, los fagos empezaron a usarse como tratamiento de infecciones bacterianas, pero tras el descubrimiento de los antibióticos, quedaron relegados a un segundo plano. Actualmente, con la aparición de muchas bacterias resistentes a antibióticos, los fagos y sus enzimas bacteriolíticas se perfilan como una alternativa en el tratamiento de diversas infecciones. Un conocimiento detallado del mecanismo de infección de los bacteriófagos sería de gran ayuda para desarrollar nuevas aplicaciones. Potencialmente, realizando mutaciones en las proteínas que usan para reconocer a receptores bacterianos, podría alterarse el rango de bacterias que un bacteriófago concreto es capaz de reconocer. Al final de su ciclo de infección, los bacteriófagos producen endolisinas específicas diseñadas para cortar los peptidoglicanos del huésped y así liberar a su progenie. Estas proteínas se pueden utilizar para la erradicación de bacterias patógenas, pero también para su detección. Las endolisinas pueden contener un único dominio catalítico o varios dominios, incluido un dominio de unión a la pared celular. Para entender su función en detalle y diseñar moléculas mutadas o quiméricas con propiedades novedosas, es necesario conocer sus estructuras y mecanismos de interacción en detalle. En este proyecto proponemos resolver las estructuras de estas proteínas. Para ellos se expresarán en <i>Escherichia coli</i> , se purificarán, se cristalizarán y se obtendrán datos cristallográficos para resolver sus estructuras a alta resolución. El proyecto se desarrollará en gran parte en el laboratorio (bioquímica y biología molecular), pero también tendrá una parte informática. Tanto las RBPs como las endolisinas interactúan con la pared celular bacteriana. En este proyecto proponemos estudiar las estructuras de ambos tipos de proteínas en complejos con fragmentos de carbohidratos de la pared celular y con colas de bacteriófagos completas. El estudio de las RBPs nos permitirá descubrir nuevos pliegues proteicos. El conocimiento de las estructuras de RBPs de fagos y endolisinas formando complejos con receptores de oligo-sacáridos, nos permitirá determinar cómo se unen a las paredes celulares bacterianas al nivel de detalle de aminoácidos.	<a href="https://www.cnb.csic.es/~mivanraaij/">https://www.cnb.csic.es/~mivanraaij/</a>
JAEINT24_EX_1201	VAN WELY , KAREL HERMANUS	kvanwely@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Cell death induced by translation of frame-shifted proteins	The IP has investigated DIDO mutants for several years, and has shown that these are involved in correct splicing of pre-messenger RNA. Consequently, mRNA in DIDO mutants shows widespread exon skipping and gene fusions. Bio-informatics indicate that mRNA translation in the mutants will produce altered proteins, either ending in nonsense peptides or tandem fusions. Building on prior experience of the IP with proteomics, we will study how transcriptional defects produce aberrant (frameshifted) proteins and the accumulation of protein aggregates. Initial results have identified aggregation by general staining, based on poor formation of disulfide bridges in unfolded proteins. Antibody labeling of individual fusion proteins has shown altered subcellular localization with respect to the wild-type products. After this initial detection of protein aggregates, the current line of investigation will have two main goals: 1) Connection of mRNA processing defects to aberrant proteins in DIDO mutants. This objective will make use of general proteomics techniques to identify the products that give rise to aggregates. An effort will be direct at the biochemical purification of cellular inclusions (aggregates) from DIDO mutant cells from tissue cultures. Purified inclusions will then be subjected to gel electrophoresis, followed by mass spectrometry identification. Finally, we follow aggregation of targets by immuno-localization in cultured cells. Bio-informatics will help to cross-reference with transcriptomics. 2) Programmed cell death as a result of protein aggregation. Cell death is a major problem in aggregation diseases such as Alzheimer and Huntington. Loss of muscle tension in DIDO mutant mice suggests similar neural effects. This means that aggregation of a variety of proteins reduces cell viability of DIDO mutants. To address this question, we will study activation of death executors, such as caspases (Caspase 3/8) and translation inhibitors (EIF2AK1), shortly after inducing DIDO gene mutation in cell cultures. Also, suppression of the death program by CRISPR-mediated inactivation of executor caspases will be used to study cell death and survival. The student will come to a dynamic workgroup, in which a Ph.D. student and a technician work on parallel lines of investigation. This group composition assures personal supervision by the IP, in which results are directly available for reports and presentations. contact: kvanwely@cnb.csic.es	<a href="http://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/inmunologia-y-oncologia/celulas-madre-e-inmunidad">http://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/inmunologia-y-oncologia/celulas-madre-e-inmunidad</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1227	VEGA BORREGO, JUAN FRANCISCO	jf.vega@csic.es	INSTITUTO DE ESTRUCTURA DE LA MATERIA	Polisacáridos de origen bacteriano para aplicaciones biomédicas	La presente expresión de interés se enmarca en un proyecto de investigación (TED2021-129640B-I00) sobre polisacáridos de origen bacteriano. Es una colaboración que se lleva a cabo con otros grupos del CSIC y Universidades (Cantabria, Sevilla y Autónoma de Madrid), especialmente con el grupo de Interacciones Planta-Bacteria de la Estación Experimental del Zaidín (EEZ-CSIC). Los resultados de este proyecto son altamente prometedores y abren nuevas perspectivas en el campo de los polisacáridos para aplicaciones biomédicas. En este marco, se han sintetizado y caracterizado polisacáridos que presentan una configuración monomérica alterna única, lo que les confiere propiedades diferenciadas de otros polisacáridos. Se plantea la modificación estos polisacáridos para hacerlos solubles en agua, lo cual es un primer paso crucial en la búsqueda de aplicaciones en disolución. Este hecho abrirá las puertas a investigar su capacidad para formar hidrogeles, lo que supondría interesantes aplicaciones en distintos campos. La persona seleccionada tendrá la oportunidad de involucrarse en la investigación experimental avanzada aplicada a estos materiales sostenibles. Se familiarizará con técnicas como la cromatografía con tetradetección, la espectroscopía infrarroja y de dispersión de luz, y la calorimetría, que permiten caracterizar con precisión el peso y tamaño moleculares, la estructura y las propiedades térmicas básicas. Además, tendrá la oportunidad de trabajar con técnicas novedosas como la microrreología, que nos permitirá estudiar las propiedades de flujo de las disoluciones y los hidrogeles en condiciones fisiológicas relevantes. Los polisacáridos son susceptibles de ser utilizados para diversas aplicaciones de gran interés. Entre estas destacan la liberación controlada de fármacos, la ingeniería de tejidos, la producción de recubrimientos comestibles y películas biodegradables, la retención/liberación de agua en los suelos, cosmética y biomedicina, y la bioimpresión 3D. Este proyecto ofrece una oportunidad única para investigar polisacáridos de origen bacteriano en desarrollo con propiedades únicas y prometedoras. La colaboración interdisciplinaria con otros grupos de investigación del CSIC garantiza un entorno de trabajo estimulante y enriquecedor. La formación ofrecida permitirá al estudiante adquirir habilidades experimentales avanzadas y contribuir al avance del conocimiento en este campo emergente.	<a href="https://www.biophym.iem.csic.es/">https://www.biophym.iem.csic.es/</a>
JAEINT24_EX_0520	VELASCO JIMENEZ, JOAQUIN	jvelasco@ig.csic.es	INSTITUTO DE LA GRASA	Interacciones moleculares de antioxidantes para aumentar la vida útil de alimentos	La industria alimentaria requiere un mayor control de las reacciones de oxidación de los lípidos, ya que afectan negativamente la calidad de los alimentos mediante el enranciamiento. Aunque los mecanismos de reacción se han estudiado ampliamente, persisten brechas científicas que dificultan una comprensión completa. De hecho, la rancidez oxidativa es uno de los principales problemas no resueltos en la industria alimentaria actual. Para abordar los problemas de oxidación lipídica, los modelos clásicos han tratado los aceites comestibles como una fase continua. Sin embargo, unidades coloidales de componentes anfífilos presentes en los aceites, como fosfolípidos, ácidos grasos libres y esteroleos, podrían desempeñar un papel esencial en la oxidación lipídica. Estos componentes se asocian con pequeñas cantidades de agua formando micelas inversas y creando interfaces agua-aceite que actúan como micro-reactores catalizando reacciones de oxidación. La eficacia de antioxidantes polares en aceites podría justificarse por su mayor afinidad por estas interfaces. A pesar de que se acepta el efecto pro-oxidante de las micelas inversas, se sabe que los fosfolípidos aumentan la eficacia de mezclas binarias de antioxidantes, posiblemente facilitando las interacciones entre ellos a través de encuentros en las interfaces. La comprensión de los factores fisicoquímicos de las reacciones de oxidación es esencial para optimizar del uso de antioxidantes naturales y tener un mayor control de la oxidación. Esta investigación busca generar nuevos conocimientos con un enfoque en el papel de las micelas inversas de fosfolípidos. Se persigue aumentar la eficacia antioxidante del alfa-tocoferol, presente de forma natural en los aceites, mediante la adición de antioxidantes naturales y fosfolípidos. El candidato recibiría formación en oxidación lipídica y en el estudio de la actividad antioxidante en aceites y alimentos grasos. Aprendería el manejo de técnicas analíticas como cromatografía líquida y de gases, así como métodos acelerados de estabilidad oxidativa. Además, se iniciaría en la espectroscopía de resonancia de espín electrónico, utilizada para determinar la localización y concentración de antioxidantes en micelas inversas y evaluar in situ su eficacia. La formación sería tanto teórica como práctica, permitiendo la aplicación de las técnicas aprendidas para evaluar antioxidantes en aceites y alimentos grasos.	<a href="http://www.ig.csic.es">www.ig.csic.es</a>
JAEINT24_EX_1541	VELASCO VARO, LEONARDO	lvelasco@ias.csic.es	INSTITUTO DE AGRICULTURA SOSTENIBLE	Estudio genético del bajo contenido en glucosinolatos en mostaza etíope (Brassica carinata A. Braun)	La mostaza etíope ( <i>Brassica carinata</i> A. Braun) es un cultivo con gran potencial para producción de aceite para biocombustibles en el área mediterránea. Uno de los principales problemas que presenta el cultivo es que su semilla presenta unos compuestos antinutritivos, denominados glucosinolatos, que limitan el valor de la harina para alimentación animal y, en consecuencia, la rentabilidad económica del cultivo al depreciarse notablemente el valor económico de la harina proteica coproducida junto al aceite. El IAS-CSIC ha desarrollado, mediante mejora genética convencional, líneas de mostaza etíope con contenidos muy bajos de estos compuestos, que pueden desarrollar un importante papel en el desarrollo de este cultivo en España. A partir de poblaciones biparentales segregantes para el contenido en glucosinolatos ya desarrolladas, el objetivo del trabajo a realizar será el estudio y caracterización de los genes implicados en la reducción del contenido en glucosinolatos. Para ello se realizará el genotipado de una población consistente en 570 individuos F2 con marcadores moleculares SNP, se mapearán los genes implicados, se diseñarán nuevos marcadores moleculares para acotar la posición de los genes en el genoma de la especie, y se realizará una estrategia de genes candidatos a partir del conocimiento ya existente de la ruta de biosíntesis de estos compuestos. Se trata de un estudio de gran interés científico que permitirá comprender las bases genéticas de la reducción del contenido en glucosinolatos en la mostaza etíope y desarrollar herramientas moleculares para la incorporación del carácter en variedades cultivadas de la especie.	<a href="https://www.ias.csic.es/investigacion/departamentos/mejora-genetica-vegetal/mejora-genetica-de-cultivos-oleaginosos-anales/">https://www.ias.csic.es/investigacion/departamentos/mejora-genetica-vegetal/mejora-genetica-de-cultivos-oleaginosos-anales/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1036	VENEGAS CALERON, MONICA	mvc@ig.csic.es	INSTITUTO DE LA GRASA	I. Producción de aceite en la biomasa: ingeniería metabólica para la acumulación de triacilgliceridos en tejidos vegetativos.	Se prevé que la demanda mundial de aceite vegetal se duplique para 2030. Es poco probable que los actuales cultivos oleaginosos, incluido la palma y las semillas oleaginosas, permitan tal expansión. Por lo tanto, es necesario buscar nuevas fuentes de aceite vegetal para compensar este futuro déficit de aceite vegetal. Además, en la estrategia de la UE "De la granja a la mesa" se establece un amplio enfoque de valoración de la producción sostenible de alimentos en toda la cadena alimentaria. Es importante minimizar las partes no comestibles de los alimentos, proporcionando una segunda vida a estos subproductos tanto para alimentación como usos industriales. Una solución podría ser la producción de triacilglicéridos (TAG), el lípido mayoritario en los aceites vegetales, en tejidos vegetativos de la planta mediante tecnologías de ingeniería genética. Los estudios multidisciplinares basados en técnicas ómicas permiten mejorar la comprensión de la bioquímica y metabolismo de los lípidos de plantas. En los últimos años, ha habido un rápido desarrollo en el mejoramiento genético de la acumulación de TAG en los tejidos vegetativos y semillas oleaginosas de plantas de alta biomasa a través de la manipulación genética de los genes y reguladores clave involucrados en la biosíntesis de TAG. Sin embargo, estos niveles son todavía muy bajos en cultivos distintos a Arabidopsis o tabaco. En el proyecto propuesto se realizará un análisis del transcriptoma de distintos cultivos para identificar los genes implicados en la producción de aceite. Este análisis comparativo unido a técnicas de biología molecular, caracterización bioquímica, genética y transgénesis de plantas, permitirá obtener información sobre los genes responsables en el reparto de carbono entre almidón y aceite. La información obtenida se extrapolará a un cultivo de interés como es el ricino como estrategia para aumentar su acumulación en otros tejidos vegetativos, como la hoja y tallo. Ello permitirá acelerar la transición hacia una "Bio-economía" sostenible, cerrando la brecha entre las nuevas tecnologías y su implementación.	<a href="https://www.ig.csic.es/genetica-y-bioquimica-de-lipidos-de-semillas/">https://www.ig.csic.es/genetica-y-bioquimica-de-lipidos-de-semillas/</a>
JAEINT24_EX_1165	VERDU DEL CAMPO, MIGUEL	miguel.verdu@ext.uv.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES SOBRE DESERTIFICACION	Las interacciones entre plantas amortiguan los efectos del cambio climático	En las últimas cinco décadas, la severidad de la sequía en la Península Ibérica ha aumentado debido a un incremento en la demanda evaporativa atmosférica causada por el aumento de las temperaturas y los modelos predicen que esta tendencia persistirá durante el siglo XXI. La pérdida simultánea de biodiversidad junto con el cambio climático es motivo de preocupación, y se están realizando significativos esfuerzos de investigación para entender cómo reaccionan las especies ante los desafíos presentados por el cambio climático. En El Centro de Investigaciones sobre Desertificación desarrollamos estudios sobre el papel de la facilitación entre plantas (una interacción ecológica en la que una especie favorece el establecimiento de otra especie sin perjuicio para ninguna de ellas) como agente amortiguador de los efectos del cambio climático en la biodiversidad. La medida en que la facilitación puede mitigar los impactos del cambio climático dependerá de la tolerancia de las especies beneficiarias y benefactoras a las nuevas condiciones climáticas (factores abióticos), así como de otros factores bióticos que en última instancia delimitarán sus nichos de interacción. Esta investigación en la que se integrará el contratado JAE-intro, se desarrolla en un contexto internacional que conlleva trabajo de campo (muestreos de vegetación, suelos y microclima en parques naturales), de laboratorio (caracterización de rasgos fenotípicos de plantas y bioquímicos de la microbiota del suelo) y de gabinete (análisis de datos estadísticos relacionados con redes de interacciones y nicho climático) así como redacción de manuscritos. Para más información del proyecto, se puede visitar <a href="https://www.uv.es/verducam/faciliton.htm">https://www.uv.es/verducam/faciliton.htm</a>	<a href="http://www.uv.es/verducam">www.uv.es/verducam</a>
JAEINT24_EX_0926	VERGER TEN, ALEIXANDRE	verger@csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES SOBRE DESERTIFICACION	Estimación de variables biofísicas de vegetación mediante teledetección e inteligencia artificial	Las actividades a realizar se enmarcan en las líneas de investigación en teledetección de la vegetación a escala global. El supervisor de esta propuesta es responsable científico en el programa de observación de la Tierra Copernicus Global Land Service ( <a href="https://land.copernicus.eu/global">https://land.copernicus.eu/global</a> ) del desarrollo de los algoritmos para producir variables biofísicas de la vegetación (LAI, FAPAR y FCover) a escala global, de manera continua y en tiempo real a 300m de resolución espacial a partir de los datos del satélite Sentinel-3. En la actualidad, con la liberación del archivo histórico Landsat y la puesta en órbita de los satélites Sentinel-2, disponemos de datos de resolución decamétrica con una alta frecuencia temporal que permite desarrollar nuevos algoritmos operacionales para mejorar la fiabilidad y resolución espacial de los productos de vegetación existentes. Plataformas en la nube tales como Google Earth Engine (GEE) facilitan el acceso al gran volumen de datos decamétricos y ofrecen soluciones de computación para tratarlos. La inteligencia artificial ofrece una nueva gran oportunidad aplicar técnicas de aprendizaje automático y procesado masivo. Y se dispone de un mayor número de medidas in-situ para calibrar y validar los modelos. El objetivo principal del proyecto formativo es desarrollar un algoritmo optimizado para generar variables biofísicas de vegetación a partir de datos decamétricos de satélite Sentinel-2 y Landsat-8. Se explorarán diferentes técnicas de inversión (métodos empíricos y modelos físicos de transferencia radiativa), técnicas de machine learning (redes neuronales y procesos Gausianos) y computación en la nube. El plan de formación permite la adquisición de capacidades multidisciplinares en el campo de la teledetección, inteligencia artificial, programación, análisis estadístico de los datos, interpretación de los resultados y comunicación científica. La investigación realizada se presentará en un congreso y/o en una revista científica. El investigador/a mantendrá reuniones semanales con el tutor; participará en los seminarios científicos del centro donde también podrá exponer y discutir los avances de su investigación; y, mejorará sus capacidades con los cursos de formación del CSIC (cursos de comunicación científica en inglés, cursos de estadística, cursos de GEE), entre otros. El trabajo realizado, además de para el TFM, puede constituir el punto de partida de una tesis doctoral. Se requieren conocimientos de programación.	<a href="https://www.uv.es/uvweb/centro-investigacion-desertificacion/es/investigacion/ecologia-cambio-global/presentacion-1286279763835.html">https://www.uv.es/uvweb/centro-investigacion-desertificacion/es/investigacion/ecologia-cambio-global/presentacion-1286279763835.html</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0232	VERNIA MIRALLES, SANTIAGO	svernia@ibv.csic.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA DE VALENCIA	Molecular characterisation of druggable pre-mRNA alternative splicing variants of the multiligand receptor SCARB1	Metabolism associated fatty liver disease (MAFLD) is an overarching term including different pathologies ranging from pre-symptomatic hepatic steatosis to non-alcoholic steatohepatitis (NASH), which is characterized by additional inflammation, hepatocellular injury and fibrosis, and may progress to liver failure, cirrhosis and hepatocellular carcinoma (HCC). While the exact mechanisms promoting the progression from steatosis to NASH are not fully understood, it is widely accepted that cholesterol and other toxic lipid species play an important role in this process. On one hand, increased circulating levels of proatherogenic cholesterol-carrying lipoproteins promote coronary artery disease. On the other hand, liver cholesterol overload is recognized as a key contributor to progression of liver damage and inflammation. Then, synthesis, uptake and efflux of lipid species is tightly controlled to ensure constant supply of essential lipids to tissues, while preventing the detrimental effects of their excessive accumulation. We have recently identified that the splicing factor RNA binding fox-1 homolog 2 (RBFOX2) contributes to lipid distribution by controlling pre-mRNA alternative splicing (AS) of genes implicated in lipid homeostasis such as the scavenger receptor class B type I (Scarb1). Scarb1 gene encodes for SR-BI, a membrane receptor for multiple ligands including high-density (HDL) lipoprotein, that is involved in the transport of cholesterol and other species. Skipping of Scarb1 exon 12 has been shown to generate an alternative receptor variant with a different adapter carboxy-terminal domain, named SR-BII. While in vitro studies suggested that the SR-BII isoform has a lower activity in selective cholesterol uptake from HDL lipoproteins, the overall impact on liver lipid composition and the pathophysiological significance of these splicing variants has not been established. This proposal has two specific aims: 1.- Characterise the protein interactome of SR-BI and SR-BII in hepatocytes by using proximity labeling and high-throughput proteomic approaches. 2.- Interrogate the effect of SR-BI/II on lipid composition in hepatocytes. These experiments will increase our understanding of the functional role of the SR-BI/II splicing switch in hepatocytes and the therapeutic potential of splice-switching oligonucleotides targeting these splicing variants.	<a href="https://www.ibv.csic.es/investigacion/departamentos/bases-moleculares-de-la-enfermedad/">https://www.ibv.csic.es/investigacion/departamentos/bases-moleculares-de-la-enfermedad/</a> (webpage under construction)
JAEINT24_EX_1621	VICARIO ABEJON, CARLOS	cvicario@cajal.csic.es	INSTITUTO CAJAL	Producción de organoides cerebrales a partir de iPSCs humanas para estudiar la degeneración neuronal en la enfermedad de Parkinson	Las neuronas dopaminérgicas de la sustancia negra pars compacta, ubicadas en el mesencéfalo, son las células más vulnerables a la neurodegeneración en pacientes con enfermedad de Parkinson (EP). Su muerte y la degeneración del tracto nigro-estriatal son la principal causa de los síntomas motores debido a la disminución de los niveles de dopamina en el estriado. Las mutaciones en el gen GBA1 son factores de riesgo genéticos para la EP, dado que aumentan entre 5 y 20 veces las posibilidades de padecer la enfermedad. Dichas mutaciones se asocian con una aparición más temprana de la enfermedad y mayor frecuencia de disfunción cognitiva en los pacientes. El estudio de los pasos y mecanismos de la neurodegeneración humana ha resultado difícil debido a la escasez de modelos celulares adecuados. Las células madre pluripotentes inducidas humanas (hiPSCs) son una fuente muy valiosa para establecer modelos celulares en los que investigar los mecanismos de neurodegeneración en la EP. En este proyecto de formación, se obtendrán organoides cerebrales (3D), que deberán contener el mesencéfalo, a partir de hiPSCs derivadas de dos pacientes con EP portadores de una mutación en el gen GBA1 y de dos controles sanos. En comparación con cultivos 2D, la generación de organoides a partir de hiPSCs, tiene la ventaja de que la arquitectura y la celularidad se reproducen parcialmente fuera del cerebro. En un segundo paso, los organoides se caracterizarán mediante inmunocitoquímica y scRNAseq con el objetivo de encontrar posibles dianas moleculares específicas de la EP asociada a GBA1. El plan de formación de este proyecto es: 1. Lectura y discusión crítica de la bibliografía más relevante. 2. Diseñar los experimentos y el plan de trabajo junto con el director de este proyecto. 3. Aprender a cultivar hiPSC y generar organoides cerebrales que contengan el mesencéfalo. 5. Caracterización de organoides mediante inmunocitoquímica, microscopía confocal y análisis de imágenes. 6. Extracción de ARN para realizar estudios de expresión génica mediante scRNAseq. 7. Presentación de los resultados obtenidos en seminarios de laboratorio y departamento. 8. Asistencia al programa de seminarios del Instituto Cajal (IC). El Grupo liderado por el Dr. Carlos Vicario tiene amplia experiencia en la supervisión de estudiantes en tecnología de células hiPSC, su diferenciación en neuronas y astrocitos, y su caracterización mediante técnicas celulares, moleculares, morfológicas y genéticas.	<a href="https://cajal.csic.es/laboratorios/celulas-madre/">https://cajal.csic.es/laboratorios/celulas-madre/</a>
JAEINT24_EX_0593	VICENT MARTINEZ, GUILLERMO PABLO	g.vicent@csic.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA MOLECULAR DE BARCELONA	Unveiling the Tumor-Suppressing Role of Androgen Receptor (AR) in Estrogen Receptor-Positive Breast Cancer	Breast cancer (BC) is the most commonly diagnosed cancer worldwide and represents a significant cause of mortality. Despite the existence of various therapeutic approaches available to address its treatment, the development of resistance is common, emphasizing the need for new therapies. In this regard, the androgen receptor (AR) is considered a crucial target in the treatment of estrogen receptor-positive (ER+) and AR-positive (AR+) tumors, as it is present in 90% of cases. However, despite the high presence of AR in ER+ BC and previous evidence of antitumor activity induced by testosterone, currently, no drugs targeting AR are administered to BC patients in first-line treatments. In this project, through massive sequencing techniques, mass spectrometry, and molecular biology approaches, we aim to: i) analyze the effect of AR activation on the proliferation of BC cell lines and patient-derived xenografts (PDXs), ii) study the functional connection between ER and AR, and iii) explore new drug combinations for BC treatment involving AR agonists like RAD140. This study will provide crucial information on the use of AR as a therapeutic target for ER+/AR+ BC. Understanding how ER and AR pathways interact could lead to the development of new therapeutic combinations aimed at overcoming resistance and improving patient outcomes. In this project, through global massive sequencing techniques, mass spectrometry, and molecular cell biology approaches, we aim to i) analyze the contribution of the AR to the proliferative capacity of BC cell lines and patient-derived xenografts (PDXs), ii) unveil the mechanism of interplay between ER and AR and iii) explore novel combination strategies for the treatment of BC by exploiting the antiproliferative role of the AR. The experiments relying on Patient-Derived Xenografts (PDXs) will be performed in collaboration with the Experimental Therapeutics Group, Vall d'Hebron Institute of Oncology (VHIO), Barcelona.	<a href="https://www.ibmb.csic.es/en/department-of-structural-and-molecular-biology/chromatin-and-gene-regulation/">https://www.ibmb.csic.es/en/department-of-structural-and-molecular-biology/chromatin-and-gene-regulation/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0122	VICENTE CONDE, JORGE	jvicente@cnb.csic.es	CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGIA	Regulación de los niveles de proteínas vegetales clave para hacer frente a infecciones patógenicas	<p>Lograr la seguridad alimentaria mundial requiere el control de las infecciones patógenicas que causan graves pérdidas en las cosechas. El sistema inmune vegetal es muy eficiente, pero aún desconocemos la regulación de muchos de sus elementos, entre los que se encuentran proteínas que activan y mejoran esa respuesta de defensa. Nuestra línea de investigación se centra en entender cómo las plantas responden a desafíos ambientales, como son los ataques patógenicos, mediante el control de los niveles de proteínas clave de defensa y en cómo ese control se usa para traducir la información desde la detección de la infección hasta la activación de una respuesta inmune eficaz que la pare. En concreto, estudiamos como la actividad combinada de las Rutas N-degron, un sistema de degradación proteica, y proteasas vegetales regulan la abundancia de proteínas en la defensa frente a fitopatógenos. Siguiendo enfoques genéticos (generación de mutantes múltiples y transformación vegetal), fenotípicos (análisis de infecciones con patógenos bacterianos y fungicos), metabolómicos (cuantificación de metabolitos) y de biología molecular (PCR cuantitativa, Western Blot, ensayos de degradación, ubiquitinación proteica e interacción proteína-proteína), el proyecto asociado a la beca JAE Intro se basará en analizar cómo las rutas N-degron regulan la respuesta inmune frente a cepas de la bacteria <i>Pseudomonas syringae</i> y al hongo <i>Botrytis cinerea</i> al coordinar simultáneamente los niveles de dos proteínas involucradas en la generación de compuestos esenciales en la defensa: el ácido jasmónico y los indol-glucosinolatos. El/la beneficiario/a recibirá, por un lado, la formación necesaria para llevar a cabo los objetivos del proyecto y, por otro, se le motivará para que proponga nuevos experimentos o líneas de trabajo. Estará en contacto diario tanto con miembros de nuestro equipo como de otros grupos del departamento de Genética Molecular de Plantas del CNB. Asistirá a los seminarios de grupo, de departamento y de centro, así como a los cursos de formación organizados en el CNB para familiarizar a los investigadores con los últimos progresos en el campo de la biología molecular de plantas.</p>	<a href="https://www.cnb.csic.es/index.php/en/research/research-departments/plant-molecular-genetics/teostasis-in-the-plant-immune-system">https://www.cnb.csic.es/index.php/en/research/research-departments/plant-molecular-genetics/teostasis-in-the-plant-immune-system</a>
JAEINT24_EX_0270	VIEITEZ MANRIQUE, ANA CRISTINA	cristina.vieitez@usal.es	INSTITUTO DE BIOLOGIA FUNCIONAL Y GENOMICA	Epigenetics and Chemical Genomics	<p>Every cell in this planet is constantly adapting to changing conditions (fluctuating environments, medication, life style habits, etc). This adaptation is possible thanks to the quick action of Post-Translational Modifications (PTMs), which regulate protein function and transmit the signals orchestrating adaptive responses. Particularly PTMs in histone proteins are crucial regulators of chromatin functions (transcription, replication, DNA repair...) allowing the cells to adapt to these fluctuating conditions. These histone PTMs (often referred as epigenetic marks) or the enzymes that regulate them are often mutated in cancer patients. A small subset of histone PTMs are very well characterized, however, the function of most of them remains a complete mystery due to the lack of unbiased systematic methods. Now, we are ready to tackle this long-standing question in biology by using a new approach based on reverse genetics and chemical genomics using <i>S. cerevisiae</i> as a model organism. Are you interested in joining our group and be part of this scientific journey? We combine cutting-edge high-throughput methodologies based on reverse genetics, chemical genomics and computational analysis with classical molecular biology techniques. Our group is based at the Functional Biology and Genomics Institute (IBFG) in Salamanca, Spain. IBFG is a joint centre between the Spanish Research Council (CSIC) and the University of Salamanca. We are open to discuss the applicant's interest within the project to find the best fit for his/her scientific interests.</p>	<a href="https://ibfg.usal-csic.es/cristina-vieitez-en.html">https://ibfg.usal-csic.es/cristina-vieitez-en.html</a>
JAEINT24_EX_0043	VILA ALVAREZ, IVAN	ivan.vila@csic.es	INSTITUTO DE FISICA DE CANTABRIA	Low Gain Avalanche Diodes-based proton tomography for oncological treatments in proton therapy.	<p>We are seeking a motivate students interested in cutting-edge research opportunities in proton therapy, with a specific focus on proton tomography utilizing LGAD (Low Gain Avalanche Diode) sensors for tomographs based on 4D tracking technologies. This exciting project offers a unique chance to contribute to the development of advanced imaging techniques that promise to revolutionize cancer treatment. Candidates will be expected to contribute to the experimental validation of proton tomography prototypes and collaborate closely with the Oncological Radiotherapy Service of the Hospital Universitario Marqués de Valdecilla (HUMV) in Santander. This collaborative effort will provide students with valuable experience in advances in semiconductor radiation detectors, imaging algorithms, experimental design, data analysis, and interaction with clinical partners. If you are passionate about pushing the boundaries of medical physics and making a real impact on cancer care, we encourage you to join our dynamic research team.</p>	<a href="http://www.ifca.es">www.ifca.es</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0410	VILA COSTA, MARIA	mvcqam@cid.csic.es	INSTITUTO DE DIAGNOSTICO AMBIENTAL Y ESTUDIOS DEL AGUA	Single cell approaches to bioremediation of pollutants in the marine environment	We propose the assessment of bioremediation of organic pollutants relevant in coastal seawater by marine bacteria using single-cell approaches. We will combine in situ experiments with bioelectrochemistry solutions. Basic knowledge on flow cytometry and bacterial cultures is appreciated but not mandatory.	<a href="https://www.idaea.csic.es/research-group/global-change-and-biogeochemistry/">https://www.idaea.csic.es/research-group/global-change-and-biogeochemistry/</a>
JAEINT24_EX_0873	VILAPLANA HOLGADO, MARIA LUISA	lluisa.vilaplana@iqac.csic.es	INSTITUTO DE QUIMICA AVANZADA DE CATALUÑA	Assesment of Quorum Sensing specific antibodies as therapeutic agents to treat Pseudomonas aeruginosa infections	The proposal presented here arises in the context of the infectious diseases research line executed by the Nanobiotechnology for diagnostics group (Nb4D) at IQAC. This topic is of great interest due to the fact that infectious diseases are still between the leading causes of mortality worldwide. On top of this, there is an increase in the incidence of antimicrobial-resistance processes worsened by the fact that the pipeline of new antimicrobials is almost dry. Within this framework, particularly alarming is the rapid spread of multi- and pan-resistant bacteria ("superbugs") such as Pseudomonas aeruginosa. With this scenario, the need of developing new therapeutic strategies is evident. New approaches are being developed targeting processes related with host-pathogen-interactions or with the network, established within a bacterial community instead of aiming at completely eradicate the pathogenic microorganism reducing selective pressure. In this sense, one of the most interesting therapeutic alternatives relies on the disruption of the Quorum Sensing (QS) system that allows bacteria to communicate among them in a density dependent manner to regulate different processes such as virulence and biofilm formation among others. In this regard, we have started studies based on the use of antibodies against relevant QS molecules as potential therapeutic agents. To validate this role we have developed an in vitro assay based on the use of cell cultures that allows to study QS molecules cytotoxicity and also the protective effect of the corresponding monoclonal antibodies (MAbs). Preliminary results showed very promising results concerning cell viability, since MAb addition caused a significant increase on the number of viable cells. Therefore, the next steps should involve studies of the effect of MAb administration on the host immune response, together with the establishment of bacterial assays to study the profile of the different QS molecules along the different bacterial growth phases and the quenching effect on the regulation of the bacterial communication network. Finally, a bacteria-host cells co-culture will be also set up as an in vitro infection model to assess the effect of the whole QS network of P. aeruginosa on the host cells and also the MAb quenching effect. Thus, the student that will join will acquire experience on host cells and bacterial cultures handling, co-culture techniques, immunochemistry and also fluorescence microscopy.	<a href="https://nb4d.csic.es">https://nb4d.csic.es</a>
JAEINT24_EX_1542	VILAR CERVERO, MARCIAL	mvilar@bv.csic.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA DE VALENCIA	Bases Moleculares de la Neurodegeneracion	Nuestra unidad está interesada en comprender a nivel molecular los procesos que desencadenan la muerte neuronal implicada en diversas enfermedades neurodegenerativas. Como modelo de estudio utilizamos el sistema de neurotrofinas y sus receptores y su implicación en la degeneración de las neuronas colinérgicas del prosencéfalo basal, que constituyen la población de neuronas más sensibles en la enfermedad de Alzheimer. El/la estudiante se integrará en un grupo de investigación consolidado. En el laboratorio utilizamos tanto técnicas bioquímicas clásicas y de biología molecular, como biofísicas, estructurales y de microscopía, con un importante enfoque mecanístico utilizando cultivos celulares de líneas establecidas y cultivos primarios de neuronas.	<a href="https://marcalvilar.wixsite.com/mvlab">https://marcalvilar.wixsite.com/mvlab</a>



REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0588	VILHENA ALBURQUERQUE D OREY, JOSE GUILHERME	guilherme.vilhena@csic.es	INSTITUTO DE CIENCIA DE MATERIALES DE MADRID	Diseño del Transporte de Calor en Materiales 2D: un Nuevo Paradigma de Disipación de Calor	¿Sabías que, a la nanoescala se puede transportar la energía térmica a través de un hilo sin calentarlo? Según la ley de Fourier, la conducción del calor resulta en un gradiente térmico en el alambre que conecta un baño caliente (A) y uno frío (B). Sin embargo, experimentos recientes muestran que a nanoescala la conducción del calor puede producir sin dicho gradiente, violando así las leyes clásicas. Aunque Fermi ya había teorizado sobre esta forma exótica de transporte de calor (TC), nuestra comprensión aún es incipiente. A día de hoy, donde la nanotecnología es reconocida (ej. la UE) como un importante impulsor para abordar desafíos sociales (energético y sostenibilidad), es imperativo entender y controlar el TC a esta escala. En este trabajo proponemos desarrollar un marco teórico con poder predictivo para diseñar el TC a escala nanométrica, en particular en materiales 2D (M2D). En los últimos años, el grafeno de doble capa retorcida ha abierto un nuevo campo de investigación en la física del estado sólido conocido como twistrónica [1][2]. Las propiedades de los M2D pueden ser modificadas introduciendo un ángulo de torsión entre dos capas, afectando su interacción. Los primeros esfuerzos se dirigieron a las propiedades electrónicas de tales sistemas y aquí nos centraremos en sus propiedades térmicas. El grafeno monocapa, por ejemplo, tiene mayor conductancia térmica que el mejor conductor térmico conocido (el diamante) debido a sus propiedades flexurales. La superposición de capas, naturalmente afectará estas dichas propiedades flexurales y consecuentemente el TC[3]. Nuestro objetivo es comprender qué mecanismos físicos afectan al TC en M2D, con enfoque en el papel del ángulo de torsión entre capas. Nuestro grupo tiene una vasta experiencia en simulaciones de dinámica molecular (SDM) a nivel de átomos para comprender los efectos físicos fundamentales que gobiernan los fenómenos a nanoescala, con enfoque especial en el TC en los últimos años (ver www.nanotrib.com). Las SDM fuera del equilibrio son idóneas para modelar el transporte de calor, ya que incluyen procesos de dispersión que en última instancia distribuyen energía y rigen su transferencia. [1] Proc. Natl Acad. Sci. USA 108, p12233 (2011) [2] Nature 556, 80–84 (2018). [3] NanoLett. 20(10), p7513 (2020). [4] Carbon, 116, p670 (2017).	www.nanotrib.com
JAEINT24_EX_1015	VILLA SANZ, ROSA	rosa.villa@csic.es	INSTITUTO DE MICROELECTRONICA DE BARCELONA	Organ on a chip: innovaciones con micro-nanotecnologías	El trabajo a desarrollar se enmarca en la línea de investigación consolidada que desarrolla el Grupo de Aplicaciones Biomédicas (GAB) del IMB-CNM y que hace referencia al desarrollo de dispositivos microfluídicos para simular condiciones fisiológicas de órganos o tejidos. Son los denominados Organ on Chip que permiten por ejemplo el estudio de toxicidad de fármacos disminuyendo la experimentación animal. En los últimos años hemos desarrollado dispositivos microfluídicos para distintas aplicaciones biomédicas con sensores realizados con micro y nanotecnologías en la Sala Blanca del IMB-CNM para poder monitorizar los cultivos celulares. El GAB es un grupo multidisciplinar integrado por unas veinte personas y su misión es la de aprovechar las capacidades tecnológicas que ofrece la Sala blanca y las instalaciones del IMB-CNM para desarrollar nueva instrumentación para uso biomédico y que cubra las necesidades de la medicina del futuro. La IP del Grupo (Dra. Rosa Villa) es la solicitante de esta JAE ICU. Todas las líneas que se desarrollan en el grupo son realizadas conjuntamente con grupos biomédicos que van desde la investigación básica a la clínica por lo que la formación del candidato se hará en un entorno muy multi disciplinar. El trabajo a realizar durante estos siete meses consistirá exactamente en participar en la integración de microelectrodos en los dispositivos microfluídicos y su validación para monitorizar la resistencia transepitelial (TER) para ver el estado de la barrera celular. Es un trabajo adecuado para estudiantes del área de ingenierías, ingeniería biomédica, biotecnología y nanociencias. Por ello a nivel formativo le permitirá al candidato/a aprender y conocer técnicas tanto tecnológicas como biológicas. En concreto a nivel tecnológico aprenderá procesos de micro y nanofabricación para realizar los sensores así como técnicas de caracterización electro-química juntamente con técnicas de fabricación de prototipado rápido para hacer dispositivos microfluídicos así como conocer las técnicas de cultivos celulares con estos dispositivos en un laboratorio biológico. Toda esta formación le proporcionará una introducción a la investigación que le permitirá valorar su proyección y área de interés en el futuro.	https://gab.imb-cnm.csic.es/
JAEINT24_EX_1136	VILLAGRA SERRANO, JORGE	jorge.villagra@csic.es	CENTRO DE AUTOMATICA Y ROBOTICA	Sistema de ayuda a la conducción para pacientes de Parkinson	En los últimos años, se ha evidenciado un notable progreso en las capacidades de los vehículos autónomos, siempre con el foco puesto en liberar a los individuos de tareas monótonas, al tiempo que se asegura un elevado nivel de seguridad. Aunque estos avances han sido significativos, sigue habiendo desafíos en la implementación de soluciones lo suficientemente robustas en entornos urbanos complejos. Sin embargo, con la tecnología actual existe un gran potencial aún inexplorado: la capacidad de transformar la vida de aquellos que tienen limitaciones motoras y/o cognitivas. Los enfermos de Parkinson, por ejemplo, representan un segmento de la población que podría experimentar mejoras sustanciales en su movilidad y calidad de vida mediante la implementación estratégica de vehículos autónomos. El objetivo de este proyecto es explorar mecanismos que, a partir de una estimación dinámica de la complejidad de la escena, determinen un nivel óptimo de asistencia a las acciones que un paciente de Parkinson realiza sobre los mandos del vehículo mientras conduce. En el contexto de ese proyecto, el candidato participará en el análisis de experimentos llegados a cabo con pacientes de Parkinson en diferentes estadios de la enfermedad con el objetivo de establecer un modelo de comportamiento interpretable, sintetizable en tiempo real y, en la medida de lo posible, generalizable a una gran variedad de sujetos que hayan desarrollado la enfermedad. Una vez obtenido ese modelo, se estudiarán diferentes mecanismos de control compartido que permitan al sistema de decisión embarcado de vehículo automatizado complementar o filtrar las acciones que cada paciente genera sobre los mandos del vehículo. Esta fase se evaluará inicialmente en simulación y posteriormente sobre uno de los vehículos autónomos del grupo Autopia, del Centro de Automática y Robótica. El proyecto se desarrollará parcialmente en las instalaciones del CAR en Arganda del Rey, en las que el grupo Autopia (https://autopia.car.upm-csic.es/), compuesto por 10 investigadores, dispone de 5 vehículos automatizados y conectados, así como de una pista de pruebas que emula las situaciones más habituales de los entornos de conducción urbanos. Gracias a estas singulares infraestructuras, los algoritmos desarrollados no sólo se probarán en un simulador avanzado de conducción, sino que se desplegarán y evaluarán sobre vehículos y entornos reales.	https://autopia.car.upm-csic.es

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_1427	VILLALOBOS JORGE, CARLOS	carlos.villalobos@csic.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA Y GENÉTICA MOLECULAR DE VALLADOLID	Remodelado de la señal de calcio en cáncer y envejecimiento neuronal	<p>INCORPORACION. El/la estudiante en formación, idealmente del grado en Biomedicina y Terapias Avanzadas de la universidad de Valladolid o equivalente, o del Máster en Investigación Biomédica y Terapias Avanzadas de la Universidad de Valladolid o equivalente, se incorporará al grupo de Fisiopatología del calcio intracelular del IBGM, centro mixto de la Universidad de Valladolid y el CSIC, que estudia los cambios en la homeostasis del calcio intracelular (remodelado) en procesos fisiopatológicos como el cáncer, el envejecimiento neuronal y la enfermedad de Alzheimer, financiado a día de hoy por el proyecto de investigación titulado "Modulación de los canales de calcio operados por depósitos y señal de calcio en cáncer y envejecimiento neuronal" con ref. PID2021-125909OB-I00 (2022-2025, IP Carlos Villalobos). El/la estudiante en formación investigará específicamente los cambios en la expresión y/o la actividad de canales de calcio en cáncer de colon y su regulación por la síntesis de poliaminas, elevada en cáncer debido a la activación del oncogén c-myc y la sobreexpresión de la enzima ornitind Descarboxilasa, el paso limitante en la síntesis de poliaminas.</p> <p>PROGRAMA DE FORMACION. Para ello, el/la estudiante recibirá formación inicial de acuerdo al programa de bienvenida del IBGM incluyendo formación en buenas prácticas en el laboratorio y prevención de riesgos laborales. En segundo lugar será entrenado/a en el manejo adecuado de las técnicas experimentales esenciales para el desarrollo del trabajo incluyendo cultivos celulares, qPCR cuantitativa, western blotting e imagen de calcio intracelular. En tercer lugar, el/la estudiante, se incorporará al programa de formación del IBGM que se desarrolla a través del Máster y programa de Doctorado en Investigación Biomédica de la UVA que incluye la asistencia al ciclo de Seminarios de Investigación y actividades transversales.</p> <p>DESARROLLO DEL TRABAJO. Una vez incorporado y formado inicialmente, el/la estudiante en formación desarrollará sus propios experimentos bajo la supervisión directa de un investigador postdoctoral, el Dr. Sendoa Tajada, Profesor Ayudante Doctor, y al seguimiento cercano del Investigador Principal a través de reuniones semanales. Se elaborará una memoria del trabajo y se presentará a algún congreso científico en forma de poster así como su presentación en el propio centro de trabajo. Al final del proyecto se promoverá la candidatura del estudiante para una beca predoctoral.</p>	<a href="https://acortar.link/t046gn">https://acortar.link/t046gn</a>
JAEINT24_EX_1352	VILLANUEVA LOPEZ, ROGER	roger@icm.csic.es	INSTITUTO DE CIENCIAS DEL MAR	Comportamiento predador de pulpos juveniles	<p>Tras un periodo de vida planctónica de una duración aproximada de 2 meses, las larvas de pulpo se asientan sobre el fondo marino litoral adoptando una vida bentónica para el resto de su vida. Esta fase de asentamiento sobre el fondo marino, cuando los animales pesan menos de 1 gramo, es escasamente conocida. Recientes estudios del presente grupo de investigación sobre la dieta en el medio natural de estos ejemplares juveniles de pulpo común, Octopus vulgaris, han mostrado que su dieta se basa principalmente en diferentes especies de anfípodos, además de otras presas. La presente propuesta de investigación pretende estudiar en condiciones de laboratorio cómo es el comportamiento predador de los pulpos juveniles. Para ello se arrancará en laboratorio un cultivo de diferentes especies de anfípodos para ser utilizados como presa principal. Paralelamente se obtendrán pulpos salvajes recién asentados a partir de colectores de pulpos juveniles anclados en un caladero de pesca de pulpo próximo al centro de investigación. El presente estudio pretende determinar mediante experimentos en laboratorio, el crecimiento de pulpos juveniles tras el asentamiento obtenido con estas presas y describir su comportamiento de predador. Los resultados obtenidos serán de interés para entender las fases iniciales del ciclo de vida de esta especie de interés comercial. El diseño de los experimentos en laboratorio estarán encaminados a obtener resultados contrastados estadísticamente y posterior redacción y publicación de un artículo científico. Perfil del investigador principal en Google Academic: Roger Villanueva Grupo de Investigación: Ecología y conservación de recursos marinos vivos Centro de Investigación: Instituto de Ciencias del Mar (CSIC) en Barcelona.</p>	<a href="https://www.icm.csic.es/es/grupo-investigacion/ecologia-y-conservacion-de-los-recursos-marinos-vivos">https://www.icm.csic.es/es/grupo-investigacion/ecologia-y-conservacion-de-los-recursos-marinos-vivos</a>
JAEINT24_EX_1251	VILLAR RAMOS, ANA VICTORIA	villarav@unican.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA Y BIOTECNOLOGIA DE CANTABRIA	Estudio de una nano-cápsula terapéutica bioluminiscente en organoides humanos	<p>En este proyecto se visualizará y analizará en organoides de corazón humano una bio-cápsula terapéutica fluorescente generada partiendo de vesículas (exosomas) procedentes de fibroblastos. Se procederá a la manipulación genética de dichos exosomas para la incorporación de una señal que promueva su internalización de forma específica en fibroblastos del organoide humano y la descarga de un coctel terapéutico anti-fibrótico bioluminiscente, visible mediante técnicas de imagen in vivo. Dicho sistema (nanocápsula+terapia bioluminiscente) ha sido previamente probado en animales de experimentación. Dirigiremos la bio-cápsula de forma específica a la diana (fibroblasto cardiaco) mediante la incorporación de un dominio proteico presente en la membrana de las células diana. Este dominio proteico haremos que vaya anclado a la nano-cápsula (exosoma). Se busca la reducción de los efectos secundarios en otros órganos humanos, o lo que es lo mismo la llegada efectiva y selectiva de la bio-cápsula terapéutica antifibrótica.</p>	<a href="https://web.unican.es/portal-investigador/grupos/detalle-grupo?g=969">https://web.unican.es/portal-investigador/grupos/detalle-grupo?g=969</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0112	VILLAVERDE CAPELLAN, JAIME	j.villaverde@csic.es	INSTITUTO DE RECURSOS NATURALES Y AGROBIOLOGIA DE SEVILLA	Métodos sostenibles para la eliminación de fármacos en lodos de depuradora.	<p>La gestión de lodos que se producen en las Estaciones Depuradoras de Aguas Residuales (EDARs) constituye un importante problema medioambiental. En Andalucía, más del 90% de los lodos generados se aplican como enmienda orgánica en agricultura. Existe una gran preocupación por las concentraciones de contaminantes orgánicos que los lodos aportan a los suelos agrícolas, pero su contenido no está todavía regulado por ley, a pesar de que hay muchas evidencias de su acumulación en suelos, contaminación de aguas y su concentración en plantas y animales. Plaguicidas, productos industriales, farmacéuticos y de higiene personal, hormonas y otros contaminantes orgánicos están presentes en los lodos usados en agricultura. El objetivo último de las investigaciones del grupo CONSOWAT en el IRNAS-CSIC es la puesta a punto de una tecnología para la reducción del contenido de contaminantes orgánicos en lodos de depuradora antes de que sean usados como enmienda agrícola, para evitar su diseminación en los suelos a los que se aplican y evitar que se alteren sus propiedades físico-químicas. Para ello se usan técnicas químicas, extractantes no tóxicos y biodegradables que mejoran la biodisponibilidad de dichos contaminantes, en combinación con técnicas microbiológicas que favorezcan su degradación por la flora microbiana presente en los lodos o añadida de manera exógena (bioaumento) unida a la estabilización de la enmienda mediante el proceso de compostaje. El objetivo concreto de la investigación que se propone es el de conseguir una serie de consorcios y cepas bacterianas capaces de degradar contaminantes orgánicos emergentes que presenten gran persistencia y toxicidad en los lodos generados por las EDARs, optimizando el proceso de compostaje posterior para así conseguir la mayor eliminación de contaminantes emergentes.</p>	<a href="https://www.irnas.csic.es/consowat/">https://www.irnas.csic.es/consowat/</a>
JAEINT24_EX_0978	VILLAVERDE MELLA, JUAN JOSE	juanjose.villaverde@mbg.csic.es	MISION BIOLOGICA DE GALICIA	Estudio del impacto que los antibióticos de uso veterinario ocasionan en el suelo	<p>Los antibióticos de uso veterinario pueden ser metabolizados para su excreción, o pueden ser expulsados de los animales en su forma original. Así pueden llegar al suelo y persistir durante años. A esto hay que unirle el hecho de que sus metabolitos pueden ser igual de persistentes y activos, incluso más. En este sentido, el gran uso de antibióticos de uso veterinario está ocasionando un impacto en el medioambiente, y el que además estos compuestos alcancen las aguas naturales y su introducción en la cadena trófica. Con estos antecedentes, el objetivo de este proyecto formativo es que el estudiante lleve a cabo estudios sobre la degradación de algunos de estos compuestos en el suelo y como les afecta la interacción con otros elementos, tales como los metales pesados, y sobre el impacto que tienen estos antibióticos sobre la salud humana, animal y el medio ambiente. Para ello el estudiante llevará a cabo trabajo experimental de laboratorio, usará técnicas analíticas modernas, aprenderá el uso de herramientas computacionales basadas en la mecánica cuántica y dinámica molecular y usará modelos QSAR/QSPR para estimar datos fisicoquímicos, medioambientales y (eco)toxicológicos clave, de los que no hay información. Para este trabajo se dispone de todo lo necesario: Un laboratorio de suelos totalmente equipado, cromatógrafos de gases, acceso al Centro de Supercomputación de Galicia para realizar cálculos de alto rendimiento y hardware y software específico. Además, el estudiante interactuará con los investigadores integrantes de las Unidades Asociadas Ecología Microbiana de Suelos (MBG-CSIC, Universidad de Santiago de Compostela) y Comunidades Microbianas de Suelos (MBG-CSIC, Universidad de Vigo), los cuales también podrán apoyar a la ejecución de este plan de formación específico para la beca de introducción en la investigación JAE Intro 2024.</p>	<a href="https://mbg.csic.es/es/departamento-de-suelos-biosistemas-y-ecologia-agroforestal/grupo-de-bioquimica-y-calidad-de-suelos/">https://mbg.csic.es/es/departamento-de-suelos-biosistemas-y-ecologia-agroforestal/grupo-de-bioquimica-y-calidad-de-suelos/</a>
JAEINT24_EX_0834	VIÑAS DIEGUEZ, LUCIA ELISA	lucia.vinas@eo.csic.es	CENTRO OCEANOGRÁFICO DE VIGO	Contaminantes orgánicos en el medio marino	<p>Miles de sustancias químicas llegan diariamente a nuestros mares causando, en algunos casos, efectos a los ecosistemas. En muchos casos no se conoce su identidad ni la cantidad que llega al medio, mientras que otros grupos están regulados por normativas nacionales o internacionales. El estudio y determinación de las sustancias orgánicas que llegan al medio marino implica el diseño de muestreos adecuados a las sustancias que se han de controlar, el desarrollo de metodologías analíticas que aborden la medida de sustancias en muchos casos a niveles traza en el medio y, posteriormente el tratamiento de los resultados para poder obtener evaluaciones ambientales que sirvan a la sociedad. Estos pasos requieren disponer de equipamiento analítico de muy alta resolución, así como de equipos de muestreo y plataformas de muestreo adaptadas a las necesidades y limitaciones de estos análisis. El plan de formación que se plantea incluye la toma de contacto con estos aspectos fundamentales de los estudios de contaminación marina. Se abordarán varias familias de compuestos orgánicos entre los que se incluyen los hidrocarburos aromáticos policíclicos, los pesticidas organoclorados, los retardantes de llama bromados o los PFOS (perfluorocetosulfonatos), recientemente incluidos en listas de compuestos prioritarios.</p>	<a href="https://www.marinepollutionieo.org/">https://www.marinepollutionieo.org/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0077	VIÑAS PEÑA, MARIA	maria.vinas@csic.es	INSTITUTO DE OPTICA DAZA DE VALDES	Polychromatic Adaptive Optics based technologies to investigate visual processes involved in emmetropization	The eye grows in a coordinated manner so that the ocular optics projects focused images on the retina. However, in myopic eyes, the eye grows excessively in the axial direction, causing images to be focused in front of the retina, resulting in blurred images and poor vision. Moreover, severe myopia, increases significantly the risk for impairing pathologies, which makes it the leading factor for permanent blindness worldwide. However, the causes of the increasing risk, as well as the underlying structural and physiological mechanisms of myopia, are not known, which is frustrating the efforts of developing effective treatments and lowering the myopia-induced risks. Eye growth is a tightly coordinated process that converts visual stimuli, into molecular signals specific to it. However, the mechanisms underlying the integration of the visual information, and later neural processing in the brain, are not fully understood. Polychromatic Adaptive Optics (polyAO)-based technologies permit exploring the limits to spatial vision imposed by the ocular optics, bypassing them, to study the neural adaptation processes in the brain. AO systems generally consist of a wavefront sensor, an AO element, and a psychophysical channel. PolyAO, that operates at multiple wavelengths, with complementary AO-elements for blur manipulation, allows to simulate vision in very realistic conditions, using a variety of psychophysical paradigms (i.e. spatiotemporal defocus sensitivity functions, chromatic defocus flicker minimization tasks), and artificial and naturalistic stimuli, to test visual response to different optical cues, combined with relevant ocular features (i.e. accommodation, neural adaptation). The main objective is to advance our fundamental understanding of the visual input processing, by investigating blur sensitivity, using polyAO methods, addressing visual detection mechanisms in myopia, and manipulation of optical cues towards novel optical treatments. The fellow will join the VioBio Lab (IO-CSIC), one of the most recognized groups worldwide in Eye Research, which will provide an excellent training environment that includes access to an extraordinary network of national/international collaborators, training courses, summer schools and attendance at conferences. Dr. Vinas has supervised 3 PhD & 4 MSc thesis fellows (VioBio Lab > 20 PhD theses last 10 years). This line of research is being funded by PID2022-139840OA-I00 & CNS2022-135326 (IP. M Vinas).	<a href="https://www.io.csic.es/optica-visual-y-biofotonica-viobio/">https://www.io.csic.es/optica-visual-y-biofotonica-viobio/</a>
JAEINT24_EX_0430	WANDOSELL JURADO, FRANCISCO	fwandosell@cbm.csic.es	CENTRO DE BIOLOGIA MOLECULAR SEVERO OCHOA	Papel de la proteína WIP en astrocitos/glioma	Nuestros proyectos anteriores nos han llevado a describir una nueva vía a partir de la proteína que interactúa con Akt-WIP como reguladores de los niveles y la actividad de la proteína asociada a Yes (YAP) y coactivador transcripcional con motivo de unión a PDZ (TAZ). Esta nueva vía regula la proliferación en astrocitos/glioblastoma. Nuestro presente trabajo se está centrando en el análisis de elementos que podrían controlar las funciones de YAP/TAZ y cómo dependiendo de los linajes celulares YAP/TAZ pueden regular los procesos de proliferación y/o diferenciación. Usaremos células gliales (principalmente astrocitos) y neuronas para identificar primero cómo PI3K-Akt controla la proliferación a través de WIP en YAP/TAZ, y cuál es el papel en la diferenciación de la glía y las neuronas. En segundo lugar, analizaremos si algunos de estos elementos (vía PI3K-WIP-YAP/TAZ) se modifican en procesos patológicos, utilizando un modelo conocido de neuropatología: el modelo de ratón AD. Nuestro principal tema de análisis serán los astrocitos y gliomas para analizar en profundidad el papel de las proteínas implicadas en la vía WIP-YAP/TAZ tanto en fisiología como en procesos tumorales. Nuestra hipótesis de trabajo es que proteínas de la vía WIP-YAP/TAZ puede tener un papel importante en el cerebro adulto y no sólo en los pasos iniciales de la proliferación. Para este proyecto de iniciación a la investigación pretendemos que el candidato/a se familiarice con la metodología básica de biología celular que permite analizar células, proteínas y vías de señalización, en este caso que regulan la proliferación en astrocitos, como un parte esencial y genérica de cualquier análisis futuro de funciones celulares. Para ello el candidato/a pretendemos que adquiera, considerado el tiempo limitado, competencias en cultivos, análisis de proteínas, análisis de datos obtenidos por experimentación en células y análisis comparativos crítico con los resultados previos bibliográficos.	<a href="http://www.cbm.uam.es/es/investigacion/programas/procesos-fisiologicos-y-patologicos/neuropatologia-molecular/mecanismos-moleculares-de-neur">http://www.cbm.uam.es/es/investigacion/programas/procesos-fisiologicos-y-patologicos/neuropatologia-molecular/mecanismos-moleculares-de-neur</a>
JAEINT24_EX_0107	YBOT GONZALEZ, PATRICIA	patricia.ybot@csic.es	INSTITUTO DE BIOMEDICINA DE SEVILLA	Papel de la vía no canónica Wnt-PCP en el desarrollo del sistema nervioso central	La neurulación es un proceso complejo del desarrollo embrionario temprano destinado a cerrar el tubo neural (TN), precursor del sistema nervioso central. En humanos, los "defectos del TN" (DTN) son la segunda causa más frecuente de anomalías congénitas, afectando a uno por cada mil embarazos. Los diversos síndromes a los que dan origen los DTN incluyen espina bífida y otros defectos letales. Un gran avance en el entendimiento de las bases genéticas del proceso de neurulación ha sido el descubrimiento de la participación de la vía de señalización Wnt-PCP. Nuestro grupo investiga a nivel celular y molecular la implicación de Vangl2, proteína de la vía Wnt-PCP, en el proceso del cierre del TN. El modelo de ratón loop-tail, que presenta una mutación de Vangl2, es crucial para investigar los DTN derivados de alteraciones del citoesqueleto. Nuestros estudios han demostrado que el neuroepitelio de los embriones loop-tail presenta alteraciones del 100% en el citoesqueleto que afectan a la morfología y polaridad celular, dando lugar a la ausencia de fusión del NT, causando DTNs (Ybot-González, 2007; López-Escobar 2018; Fernández-Santos, 2023). Estos DTNs varían en severidad yendo desde craneiorraquisquisis en Vangl2Lp/Lp (Greene, 1998, Ybot-González, 2007), a embriones Vangl2+/Lp que presentan desde espina bífida abierta en los casos más severos (6%; López-Escobar 2018) a DTNs cerrados (94%; Fernández-Santos, 2023). El fenotipo de DTN cerrado detectado en los embriones Vangl2+/Lp se asemeja a lo que podría considerarse como el primordio de un lipomielomeningocele que es la forma más importante de DTN cerrado, una enfermedad neurológica de la infancia que causa una alta tasa de discapacidad en pacientes adultos. Datos previos del grupo destacan mutaciones patogénicas de las regiones reguladoras del gen VANGL2 asociadas a los DTN cerrados. Desde nuestro grupo ofrecemos un plan de formación muy completo que incluye el aprendizaje de una gran variedad de técnicas de biología molecular, embriología, cultivo celular, microscopía, histología e análisis de imágenes y de datos. Al ser un grupo pequeño, la formación está muy seguida por el IP y resto del equipo, y para el uso de cualquier equipo especializado contamos con la formación práctica adecuada por parte del personal técnico cualificado del IBS. El IBS es un centro de investigación biomédica multidisciplinar donde se imparten una amplia serie de seminarios sobre los últimos avances en biomedicina.	<a href="https://www.ibis-sevilla.es/es/investigacion/neurociencias/neurodesarrollo-y-enfermedades-neuropediatricas/">https://www.ibis-sevilla.es/es/investigacion/neurociencias/neurodesarrollo-y-enfermedades-neuropediatricas/</a>

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0954	YEBRA MORA, LIDIA	lidia.yebra@ieo.csic.es	CENTRO OCEANOGRÁFICO DE MÁLAGA	Variabilidad espacio-temporal de la productividad del zooplancton marino en el Mediterráneo occidental	El plancton es un indicador clave del estado de los ecosistemas marinos dado que responde con rapidez a la variabilidad ambiental debida tanto a presiones antropogénicas como al cambio climático. Cambios en las comunidades de zooplancton pueden dar lugar a importantes problemas ambientales con impacto en sectores económicos, como la proliferación de medusas o la disminución de pesquerías artesanales. Por este motivo, el zooplancton es monitorizado dentro de los programas de seguimiento del medio marino que se llevan a cabo en el marco de las directivas europeas y de los convenios internacionales. La persona seleccionada se incorporará al grupo Ecología del Plancton y Retos Ambientales (EPRA, <a href="http://laboratorioplancton.blogspot.com/">http://laboratorioplancton.blogspot.com/</a> ). El plan de formación constará de actividades prácticas y de cursos de formación, y tendrá como objetivo principal la formación en técnicas bioquímicas para la cuantificación de la biomasa y las tasas metabólicas de muestras de plancton, y su aplicación al estudio de las comunidades de zooplancton marino en el Mediterráneo occidental. Las actividades prácticas incluirán: Análisis de biomasa de muestras de zooplancton, Ensayo de actividades enzimáticas para la determinación de las tasas metabólicas de zooplancton, Análisis estadísticos con software específico, y Tratamiento e interpretación de datos de plancton en el contexto de la Directiva Marco de Estrategias Marinas. Así mismo, dentro del programa de monitorización que realiza el grupo receptor, se ofrecerá la posibilidad de participar en campañas oceanográficas para la recolección de muestras de plancton y variables ambientales asociadas. Los cursos de formación incluirán entre otros aspectos: Ecología del zooplancton, biodiversidad y fisiología, Prevención de riesgos laborales, Manejo de software especializado, y Comunicación científica. Al finalizar su estancia, la persona contratada habrá consolidado su experiencia en el manejo de técnicas con alto valor añadido y aplicabilidad en el sector medioambiental.	<a href="https://laboratorioplancton.blogspot.com/">https://laboratorioplancton.blogspot.com/</a>
JAEINT24_EX_1723	ZAHEDI DIAZ, SORAYA	szahedi@ig.csic.es	INSTITUTO DE LA GRASA	Generando valor y eliminando microcontaminantes de subproductos alimentarios	El plan de formación que se propone tiene como objetivo acercar a la carrera investigadora a estudiantes que quieran dar sus primeros pasos en el mundo de la investigación. Trabajamos dentro del marco de la economía circular valorizando diversos subproductos agroalimentarios para la obtención de nuevos recursos como biogás natural, biohidrógeno y otros compuestos de gran valor añadido como metales, fenoles, ácidos grasos, bio-fertilizantes, etc. Además, evaluamos el potencial de diversos bioprocesos para eliminar microcontaminantes persiguiendo el concepto de "one health". Actualmente tengo un proyecto del plan nacional para la eliminación de microcontaminantes y genes de resistencia microbiana mediante bioprocesos. Disponemos de diversos laboratorios y salas de infraestructuras y colaboramos con investigadores de prestigiosos centros de investigación a nivel nacional e internacional. Las tareas en las que se involucrará el estudiante son de apoyo a: 1) Laboratorio: la/el estudiante aprenderá técnicas muy utilizadas tanto en investigación como en laboratorios de empresas. Bioreactores, introducción a analíticas avanzadas como la cromatografía y espectrometría de masas con plasma acoplado inductivamente, biología molecular y microbiología para la identificación y cuantificación de poblaciones y diferentes genes, incluidos genes de resistencia a antibióticos. 2) Discusión, análisis e interpretación de resultados. 3) Participación en seminarios, congresos y actividades de divulgación científica, como congresos internacionales, el día de internacional de las mujeres y las niñas en la ciencia, la noche europea de los investigadores, la feria de la ciencia, etc. Actualmente, el grupo de investigación está trabajando en varios proyectos regionales, estatales e internacionales, y tiene varios contratos de apoyo tecnológico con empresas, lo que garantiza un aprendizaje más completo y aplicable para el/la estudiante que disfrute de la beca del programa JAE Intro. Destacamos que somos un grupo joven y con estudiantes de diferentes nacionalidades, lo que permitirá la inmersión de la/el estudiante en un ambiente internacional.	<a href="http://bioce.ig.csic.es/">http://bioce.ig.csic.es/</a>
JAEINT24_EX_1020	ZAMORA IRANZO, SAMUEL ANDRES	s.zamora@csic.es	INSTITUTO GEOLOGICO Y MINERO DE ESPAÑA	The Mesozoic Marine Revolution in the Tethys	Las tareas en las que se involucrará el estudiante son de apoyo a:	

REFERENCIA	PERSONAL INVESTIGADOR	CORREO ELECTRÓNICO PERSONAL INVESTIGADOR	INSTITUTO/ CENTRO	TÍTULO PROGRAMA FORMATIVO	MEMORIA PROGRAMA FORMATIVO	WEB
JAEINT24_EX_0738	ZAPATER CARDONA, MARIA CINTA	cinta.zapater@csic.es	INSTITUTO DE ACUICULTURA TORRE DE LA SAL	Desarrollo de ensayos para la detección plasmática de hormona anti-mülleriana (Amh) en lubina y en tortuga Caretta caretta.	1)	Laboratorio: la/el estudiante aprenderá técnicas muy utilizadas tanto en investigación como en laboratorios de empresas. Bioreactores, introducción a analíticas avanzadas como la cromatografía y espectrometría de masas con plasma acoplado inductivamente, biología molecular y microbiología para la identificación y cuantificación de poblaciones y diferentes genes, incluidos genes de resistencia a antibióticos. 2) Discusión, análisis e interpretación de resultados. 3) Participación en seminarios, congresos y actividades de divulgación científica, como congresos internacionales, el día de internacional de las mujeres y las niñas en la ciencia, la noche europea de los investigadores, la feria de la ciencia, etc.
JAEINT24_EX_0560	ZAS ARREGUI, RAFAEL	rzas@mbg.csic.es	MISION BIOLOGICA DE GALICIA	Impactos ecológicos de la resinación de los pinos: atracción de insectos, aves y murciélagos	Actualmente, el grupo de investigación está trabajando en varios proyectos regionales, estatales e internacionales, y tiene varios contratos de apoyo tecnológico con empresas, lo que garantiza un aprendizaje más completo y aplicable para el/la estudiante que disfrute de la beca del programa JAE Intro. Destacamos que somos un grupo joven y con estudiantes de diferentes nacionalidades, lo que permitirá la inmersión de la/el estudiante en un ambiente internacional.	
JAEINT24_EX_0483	ZORRILLA LOPEZ, SILVIA	silvia@cib.csic.es	CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLOGICAS MARGARITA SALAS	Bottom up synthetic biology reconstitution to find new targets for antimicrobials within the cell division machinery	El/la estudiante trabajará codo con codo con una estudiante de doctorado del programa de Formación pre-doctoral de 2023 adscrito al proyecto PID2022-137299OB-I00: OLISWINE	