



Becas de colaboración en Centros de Excelencia Severo Ochoa-CSIC para estudiantes de máster

I. Modalidad A: Becas de Colaboración en el Centro de Excelencia Severo Ochoa Centro Nacional de Biotecnología (proyectos@cnb.csic.es)

- a. Número de Becas: 1
- b. Periodo y duración de cada Beca: Nueve meses consecutivos, de acuerdo con las fechas de inicio y fin del curso académico 2017-2018
- c. Importe de cada Beca, mensualidades y dotación adicional: 1.000 € al mes
- d. Requisitos específicos de los solicitantes:
 - i. Rama de Licenciatura o Grado: Ciencias o Ingenierías
 - ii. Nota media del expediente: 8,5
 - iii. Máster Universitario Oficial: Ciencia y Tecnologías Físicas, Ciencia y Tecnologías Químicas o Biología y Biomedicina, impartido por la Universidad Autónoma de Madrid, la Universidad Complutense de Madrid, la Universidad Politécnica de Madrid o la Universidad de Alcalá de Henares, en colaboración con el Centro Nacional de Biotecnología (CNB-CSIC)
- e. Trabajos de colaboración e investigadores responsables ofertados en el Departamento de Estructura de Macromoléculas (<https://goo.gl/IX5fCL>) del Centro Nacional de Biotecnología:

Título del trabajo	Investigador responsable	Breve resumen
Cryo-microscopía electrónica a resolución atómica de ensamblados virales	José R. Castón	Determinación de las relaciones estructura-función-evolución de los complejos macromoleculares de virus que controlan el ciclo viral. Análisis multidisciplinar de virus con interés sanitario y económico e implicaciones en biotecnología.
Biología celular del reovirus humano	Cristina Risco	Estudio del mecanismo utilizado por los reovirus para transformar las endomembranas celulares y construir sus plataformas de replicación. Se aplicarán técnicas bioquímicas, microscopía óptica de super-resolución y microscopía correlativa óptica-electrónica, y se valorarán los resultados para el diseño de fármacos antivirales y el uso de los reovirus en terapia anti-cancerígena.



<p>Reconocimiento y lisis de bacterias por bacteriófagos</p>	<p>Mark J. van Raaij</p>	<p>La resistencia a los antibióticos por parte de las bacterias patógenas está incrementándose. Simultáneamente, el descubrimiento de nuevos antibióticos se ha ralentizado, lo que significa que habrá que investigar otras opciones para combatir a estas bacterias. Los bacteriófagos y proteínas derivadas de ellos son una de estas opciones. Las fibras de los bacteriófagos se pueden usar para detectar bacterias, mientras las proteínas que los fagos usan para romper la pared bacteriana se pueden usar para desestabilizar o matar a las bacterias. Proponemos resolver las estructuras de las proteínas de los fagos, si es posible complejadas con análogos de sus receptores y de sus sustratos.</p>
<p>Estructuras virales implicadas en la eyección de DNA durante la infección viral</p>	<p>José L. Carrascosa</p>	<p>Estudio de las estructuras de la maquinaria de reconocimiento de receptores y de eyección del DNA implicadas en el proceso de infección de bacterias por fagos de DNA bicatenario.</p>
<p>Análisis 3D de la arquitectura subcelular neuronal</p>	<p>José-Jesús Fernández</p>	<p>Visualización 3D de la arquitectura subcelular neuronal y las alteraciones en condiciones de neurodegeneración mediante tomografía electrónica y procesamiento de imagen.</p>



<p>Determinantes físicos y estructurales del ensamblaje de virus complejos</p>	<p>Carmen San Martín</p>	<p>El objetivo del trabajo es comprender los principios que gobiernan la formación y la estabilización de cápsidas virales complejas. Como sistema modelo utilizamos adenovirus, un espécimen de interés tanto en el campo de la virología básica como en el de la nanobiomedicina. Abordamos el problema desde un punto de vista interdisciplinar, combinando técnicas de Biofísica y de Biología Computacional, Estructural y Molecular.</p>
<p>Estructura y función de las chaperonas moleculares</p>	<p>José María Valpuesta</p>	<p>Las chaperonas son un amplio número de proteínas involucrados en la homeostasis celular. El proyecto trata de la caracterización estructural y funcional de alguna de esas chaperonas, de su interacción con sus sustratos y con las chaperonas y co-chaperonas con las que se asocia para realizar su función.</p>
<p>Análisis de imagen para criomicroscopía electrónica de muestras biológicas</p>	<p>Carlos Oscar Sorzano & José María Carazo</p>	<p>Desarrollo de algoritmos de procesamiento de imagen para el análisis de estructuras macromoleculares mediante microscopía electrónica. Desarrollo de modelos de formación de imagen en este microscopio, así como de métodos para obtener estimaciones cuantitativas de la estructura de células completas.</p>



<p>Mecanismos moleculares asociados a la proyección de enfermedades hepáticas. Aproximación proteómica.</p>	<p>Fernando J. Corrales</p>	<p>El objetivo del trabajo es la identificación de las proteínas mediadoras de los mecanismos asociados a la progresión de la enfermedad hepática crónica. Se utilizará tecnología de última generación para la caracterización sistemática de los modelos experimentales de esteatosis, fibrosis, cirrosis y carcinoma hepatocelular y definir así paneles de proteínas que puedan recapitular el proceso patogénico en humanos, como punto de partida en el desarrollo de biomarcadores de aplicación clínica.</p>
---	-----------------------------	--



2. Modalidad B: Becas de Colaboración en el Centro de Excelencia Severo Ochoa Centro Nacional de Biotecnología (proyectos@cnb.csic.es)

- a. Número de Becas: 1
- b. Periodo y duración de cada Beca: Nueve meses consecutivos, de acuerdo con las fechas de inicio y fin del curso académico 2017-2018
- c. Importe de cada Beca, mensualidades y dotación adicional: 1.000 € al mes
- d. Requisitos específicos de los solicitantes:
 - i. Rama de Licenciatura o Grado: Biología, Bioquímica, Medicina, Biotecnología, Veterinaria, Farmacia, Biología Sanitaria o Química
 - ii. Nota media del expediente: 8,5
 - iii. Máster Universitario Oficial: Biología, Biomedicina, Biociencias, Microbiología o Virología, impartido por la Universidad Autónoma de Madrid, la Universidad de Alcalá de Henares, la Universidad Complutense de Madrid o la Universidad Politécnica de Madrid, en colaboración con el Centro Nacional de Biotecnología (CNB-CSIC)
- e. Trabajos de colaboración e investigadores responsables ofertados en el Departamento de Biología Molecular y Celular (<https://goo.gl/OctM17>) del Centro Nacional de Biotecnología:

Título del trabajo	Investigador responsable	Breve resumen
Generación de un virus del Zika de ciclo único como candidato vacunal	Fernando Almazán Toral & Francisco José Iborra Rodríguez	El virus del Zika es un flavivirus que recientemente se ha asociado con microcefalia en recién nacidos y con el síndrome de Guillain-Barré en adultos. Hasta la fecha no existen vacunas ni antivirales para el tratamiento de la infección por el virus del Zika. En este trabajo se propone la generación de un virus recombinante de ciclo único con el gen E delecionado, haciendo uso del sistema de genética reversa del virus del Zika generado en nuestro laboratorio y células Vero que expresan establemente la proteína E. Una vez generado el virus recombinante, se analizará su eficacia como vacuna viva atenuada frente al virus del Zika.



<p>Estudio de las interacciones funcionales del virus de la hepatitis B con las vías de reparación del DNA</p>	<p>Urtzi Garaigorta de Dios</p>	<ul style="list-style-type: none">- Identificación de factores celulares que regulan la infección por el virus de la hepatitis B.- Caracterización funcional de las vías de reparación del DNA implicadas en la producción del cccDNA del virus de la hepatitis B.- Optimización de la detección del cccDNA viral en muestras de biopsias de pacientes infectados por el virus de la hepatitis B.
<p>Desarrollo y plasticidad de las redes neuronales de la corteza cerebral. Implicaciones terapéuticas para la enfermedad y la reparación</p>	<p>Marta Nieto López</p>	<p>El alumno incorporará en un proyecto dinámico e interdisciplinario para investigar los mecanismos que regulan el cableado funcional y estructural de las redes formadas por neuronas ubicadas en las capas II-III y IV de la corteza cerebral. Se trata de circuitos muy especializados que participan en las altas funciones cognitivas del cerebro y están afectados en la enfermedad mental, como los trastornos del espectro autista (TEA), esquizofrenia y neurodegeneración. El proyecto utiliza el ratón como un modelo con experimentos in vivo, complementado con aproximaciones in silico y otros múltiples enfoques experimentales. Pretende explotar la plasticidad molecular y celular como vía de reparación.</p>



<p>Generación y análisis de nuevos modelos animales de enfermedades raras mediante la tecnología CRISPR-Cas</p>	<p>Lluís Montoliu José</p>	<ul style="list-style-type: none">- Se diseñarán nuevos modelos animales en ratón usando las herramientas CRISPR-Cas que sirvan para investigar albinismo, una enfermedad rara y heterogénea genéticamente, causada por mutaciones en alguno de los 20 genes conocidos hasta el momento.- Las mutaciones en el ratón se diseñarán en base a las encontradas mediante diagnóstico genético entre la población humana afectada de albinismo, con objeto de obtener los ratones avatar correspondientes.- El análisis fenotípico se centrará en estudiar las anomalías visuales que representan la discapacidad más importante asociada a albinismo.
<p>Estudio de la interacción virus-hospedador durante la infección por el virus de la hepatitis C</p>	<p>Pablo Gastaminza</p>	<ul style="list-style-type: none">- Estudio del impacto de la infección en el perfil transcriptómico de células persistentemente infectadas, irreversible por tratamiento antiviral.- Estudio del papel de las mitochondria-associated membranes en el ciclo vital y en la patogénesis por HCV.



<p>Caracterización de los determinantes de patogenicidad del virus de la gripe en aislados clínicos de pacientes infectados con síntomas muy severos</p>	<p>Amelia Nieto</p>	<p>La patogenicidad del virus de la gripe es el resultado de una serie de factores que cooperan en su patogenicidad. Se estudiará en aislados virales de pacientes infectados con síntomas muy severos:</p> <ul style="list-style-type: none">- El papel de los genomas defectivos, ya que estudios nuestros realizados en cohortes pequeñas de pacientes indican que existe una estrecha correlación entre baja producción de genomas defectivos y alta patogenicidad.- Capacidad de infectar el corazón de los distintos aislados en el modelo de ratón. Estudios previos indican la existencia de disfunción cardiaca en pacientes infectados con el virus de la gripe.- La disfunción cardiaca producida por virus de alta patogenicidad, medida por electrocardiograma e histología cardiacas. Nuestros estudios previos indican alteraciones en la conducción cardiaca de ratones infectados con virus de alta patogenicidad.
--	---------------------	---



<p>Papel de la inflamación en regeneración de tejidos y órganos</p>	<p>Juan José Sanz Ezquerro</p>	<p>Nuestro grupo estudia los mecanismos moleculares y celulares que dirigen el desarrollo embrionario y la regeneración en vertebrados, utilizando modelos animales (pollo y ratón). Estamos interesados en comprender la relación entre inflamación y regeneración, ya que puede tener un papel positivo o negativo dependiendo del contexto. Nos centramos en el papel de la vía de señalización de p38 MAPK en distintos órganos (epitelio intestinal, músculo) tras daño y reparación, usando técnicas moleculares y bioquímicas.</p>
<p>Patogénesis y protección en coronavirus</p>	<p>Luis Enjuanes & Isabel Sola</p>	<p>1. Estudio de mecanismos de inducción de edema pulmonar por coronavirus humanos. Identificación de genes virales de virulencia y rutas celulares implicadas en la patología pulmonar inflamatoria:</p> <ul style="list-style-type: none">- Interacciones proteína-proteína entre motivos PBM-PDZ.- Antagonismo de la respuesta inmune innata.- RNAs no codificantes. <p>2. Protección frente a infecciones de CoV:</p> <ul style="list-style-type: none">- Diseño de virus atenuados como candidatos a vacunas.- Identificación de antivirales.



<p>Estudio del papel de la proteína VP3 en el control de la respuesta antiviral innata frente a IBDV</p>	<p>José F. Rodríguez</p>	<p>El candidato/a llevará a cabo un estudio basado en el empleo de una librería de doble híbrido (yeast two hybrid) obtenida a partir de cDNAs de prelinfocitos B de Gallus gallus para identificar proteínas celulares con capacidad de interacción con la proteína VP3 de IBDV. La especificidad de interacción de las proteínas identificadas inicialmente será determinada mediante inmunoprecipitación y microscopía confocal. Tras el proceso de validación, se realizará un estudio del papel funcional de la interacción(es) en el contexto de la infección.</p>
<p>Estudio de las bases moleculares de la patogenia causada por el virus de la bursitis infecciosa o IBDV</p>	<p>Dolores Rodríguez Aguirre</p>	<p>El objetivo de su trabajo será estudiar los factores celulares que intervienen en el desencadenamiento de apoptosis en células de pollo infectadas con IBDV, tras el tratamiento con IFN. Para ello, en base a los resultados que hemos obtenido hasta el momento, en primer lugar, nos proponemos bloquear la expresión de TNF-alpha mediante el silenciamiento génico o el sistema CRISPR/cas9, para estudiar su efecto sobre la apoptosis inducida por el tratamiento con IFN en células infectadas con IBDV.</p>



3. Modalidad C: Becas de Colaboración en el Centro de Excelencia Severo Ochoa Centro Nacional de Biotecnología (proyectos@cnb.csic.es)

- a. Número de Becas: 1
- b. Periodo y duración de cada Beca: Nueve meses consecutivos, de acuerdo con las fechas de inicio y fin del curso académico 2017-2018
- c. Importe de cada Beca, mensualidades y dotación adicional: 1.000 € al mes
- d. Requisitos específicos de los solicitantes:
 - i. Rama de Licenciatura o Grado: ciencias de la salud o ciencias experimentales
 - ii. Nota media del expediente: 8,5
 - iii. Máster Universitario Oficial: máster en ciencias de la salud o ciencias experimentales, impartido por la Universidad Autónoma de Madrid, la Universidad Complutense de Madrid, la Universidad Politécnica de Madrid o la Universidad de Alcalá de Henares, en colaboración con el Centro Nacional de Biotecnología (CNB-CSIC)
- e. Trabajos de colaboración e investigadores responsables ofertados en el Departamento de Biotecnología Microbiana (<https://goo.gl/Fg8XRw>) del Centro Nacional de Biotecnología:

Título del trabajo	Investigador responsable	Breve resumen
Ingeniería de E. coli con fines biomédicos	Luis Ángel Fernández Herrero	El trabajo en nuestro grupo se centra en la ingeniería de bacterias E. coli para aplicaciones biomédicas, incluyendo la selección y producción de anticuerpos recombinantes de pequeño tamaño en bacterias y el diseño de bacterias para su uso in vivo en diagnóstico y terapia.
Bases genéticas de la evolución bacteriana (resistencia a antibióticos)	Jesús Blázquez Gómez	Se investigan los sistemas de mantenimiento de la estabilidad genómica como participantes clave en la evolución y adaptación bacteriana. Específicamente se analiza su papel en el desarrollo de resistencia a antibióticos y su posible uso para prevenir dicho desarrollo.
Recombinación y estabilidad genética: Mecanismos de transferencia genética horizontal	Juan C. Alonso	Se analizarán los mecanismos de estabilidad genética, recombinación homóloga, transformación cromosomal y plasmídica.



<p>Función de las proteínas Hfq y Crc en el control del metabolismo de Pseudomonas</p>	<p>Fernando Rojo</p>	<p>El proyecto pretende analizar cómo las proteínas Hfq y Crc, junto con los sRNA CrcZ/CrcY, modulan de forma post-transcripcional la expresión de diversos genes en las bacterias del género Pseudomonas.</p>
<p>Plasticidad de la pared celular de patógenos bacterianos intracelulares</p>	<p>Francisco García del Portillo</p>	<p>Estudio dirigido a determinar los cambios en componentes de la pared celular de patógenos bacterianos como Salmonella y Listeria cuando infectan células eucariotas. Se examinará igualmente las consecuencias de esos cambios en la transmisión de señales a sistemas de reconocimiento de patrones moleculares (defensa inmune innata del hospedador).</p>
<p>Mecanismo de inestabilidad cromosómica cuando se desregula la división celular</p>	<p>Arturo Calzada</p>	<p>Estudiamos las causas moleculares de este proceso, que compone la base molecular del inicio del cáncer, e implica un programa de replicación del genoma y una mitosis aberrantes y desincronizados. Objetivos actuales son cómo se regula la redundancia funcional del inicio de replicación; si su fallo produce replicación cromosómica incompleta en mitosis; y si ello produce los reordenamientos cromosómicos característicos de ciclos celulares oncogénicos.</p>



<p>Bioquímica de la replicación y la recombinación del DNA</p>	<p>Silvia Ayora</p>	<p>El objetivo de este proyecto es profundizar en el conocimiento de la recombinación del DNA y su efecto sobre la estabilidad genómica. Para ello se realizarán ensayos in vivo, se usarán técnicas como la clonación, mutagénesis dirigida y purificación de proteínas, entre otras. Se analizará la actividad de las proteínas que reparan el DNA.</p>
<p>Métodos predictivos para analizar la resistencia a los antibióticos</p>	<p>José Luis Martínez</p>	<p>Se analizará la capacidad de las bacterias de adquirir resistencias a nuevos antibióticos en base a estudios de evolución experimental, secuenciación de genomas, reconstrucción de mutantes, transcriptómica y análisis funcionales.</p>



4. Modalidad D: Becas de Colaboración en el Centro de Excelencia Severo Ochoa Centro Nacional de Biotecnología (proyectos@cnb.csic.es)

- a. Número de Becas: 1
- b. Periodo y duración de cada Beca: Nueve meses consecutivos, de acuerdo con las fechas de inicio y fin del curso académico 2017-2018
- c. Importe de cada Beca, mensualidades y dotación adicional: 1.000 € al mes
- d. Requisitos específicos de los solicitantes:
 - i. Rama de Licenciatura o Grado: Ciencias
 - ii. Nota media del expediente: 8,3
 - iii. Máster Universitario Oficial, en colaboración con el Centro Nacional de Biotecnología (CNB-CSIC), en Biociencias Moleculares, impartido por la Universidad Autónoma de Madrid; Bioquímica, Biología Molecular y Biomedicina, impartido por la Universidad Complutense de Madrid; Investigación en Ciencias Biomédicas, impartido por la Universidad Complutense de Madrid; Biología Vegetal Aplicada, impartido por la Universidad Complutense de Madrid; Virología, impartido por la Universidad Complutense de Madrid; Biotecnología Agroforestal, impartido por la Universidad Politécnica de Madrid; Ciencia y Tecnología Informática, impartido por la Universidad Carlos III de Madrid; Biotecnología Molecular, impartido por la Universidad de Barcelona; Genética y Genómica, impartido por la Universidad de Barcelona; Biotecnología Molecular y Celular de Plantas, impartido por la Universidad Politécnica de Valencia.
- e. Trabajos de colaboración e investigadores responsables ofertados en el Departamento de Genética Molecular de Plantas (<https://goo.gl/xgwe56>) del Centro Nacional de Biotecnología:

Título del trabajo	Investigador responsable	Breve resumen
Design of novel approaches to interfere with Plum pox virus and other plant potyviruses	Juan Antonio García	Rapid progress in DNA synthesis has allowed to produce synthetic viruses. Mammalian viruses with large segments of codon deoptimized genome sequences have shown to be stably attenuated and suitable for vaccine generation. The project will consist in making a similar recoding in Plum pox virus trying to: <ul style="list-style-type: none">- Identify cis-acting sequences in the viral genome- Identify RNA sequence features contributing to adaptation to particular hosts- Produce attenuated virus variants suitable for cross-protection strategies



Lógica reguladora cis-trans en plantas: el sistema de respuesta al ayuno de fosfato. Potencial aplicado.	Javier Paz-Ares	Análisis de eQTLs, GWAS, redes transcripcionales.
Identificación de mecanismos implicados en la extracción de metales de suelos y aguas contaminadas por metaloides	Antonio Leyva	<ul style="list-style-type: none">- Caracterización molecular de la percepción y acumulación de metales en plantas.- Identificación de especies acuáticas con alta eficiencia en la captación de metales.
Estudio de la función del meristemo del cambium en la formación de órganos de reserva	Salomé Prat	Los órganos de reserva se diferencian según la especie vegetal a partir de las hojas, el tallo o las raíces. Estos tejidos tienen en común un meristemo que son las células del cambium. Se dispone de líneas marcadoras GFP de células del cambium y se estudiará su división y diferenciación durante la formación de estos órganos.
Uncovering the activities of oxylipins as activators of plant immunity against pathogen infection	Carmen Castresana	Understanding plant-pathogen interactions will help to develop alternative strategies for minimizing crop losses due to microbial infections. Our research focuses on the study of the defense mechanisms that allow plants to control pathogen attack and, in particular, in exploring the action of oxylipins, a family of lipid derivatives regulating the activation of plant immunity.
Redes genéticas reguladoras de los patrones de ramificación en plantas	Pilar Cubas	El estudiante utilizará técnicas avanzadas de Biología Molecular, Genética y Biología de Sistemas para identificar y caracterizar genes con un papel central en el control de la dormición y la brotación de yemas axilares en Arabidopsis y estudiar su posible aplicación en tomate y/o patata.



Biología y genética molecular de la señalización por estrigolactonas, hormonas vegetales con múltiples aplicaciones agronómicas	Pilar Cubas	El estudiante utilizará técnicas avanzadas de Biología Molecular y Genética para identificar y caracterizar genes que interaccionan funcionalmente con el receptor de estrigolactonas D14.
Caracterización de nuevos genes <i>MTV</i> implicados en el tráfico de proteínas a vacuolas en <i>Arabidopsis</i>	Enrique Rojo de la Viesca	Recientemente hemos identificado las mutaciones causantes de los defectos en tráfico de nuevos mutantes <i>mtv</i> de <i>Arabidopsis</i> . Entre los genes identificados, hay 9 que no han sido previamente estudiados. El estudiante iniciará la caracterización molecular y funcional de estos genes.
Mapeo fino y caracterización de un QTL del patrón de tricomas de <i>Arabidopsis</i>	Carlos Alonso Blanco	El objetivo general es caracterizar y localizar un locus identificado en la población de RILs Ler/Doñ-0. Para ello se desarrollarán los siguientes objetivos concretos: <ul style="list-style-type: none">- Mapeo fino en una población segregante mediante el genotipado con varios marcadores moleculares.- Caracterización fisiológica mediante fenotipado de líneas de introgresión en distintas condiciones ambientales.
Obtención de líneas de arroz con mayor tolerancia a estreses abióticos mediante edición genética precisa	Vicente Rubio	Se generarán herramientas biotecnológicas basadas en la manipulación de la actividad de complejos E3 ubiquitina ligasas de tipo CRL4 con el fin de obtener líneas de arroz muy tolerantes a la sequía, alta salinidad y temperaturas extremas. Para ello se emplearán técnicas bioquímicas, moleculares y de edición genética precisa (CRISPR-Cas9).



<p>Evolution and functional conservation of the JA-signaling pathway in plants</p>	<p>Roberto Solano</p>	<p>The plant hormone jasmonates mediate very diverse plant responses in both higher and primitive plants. The genome of primitive plants such as Bryophytes contains conserved sequences for all the core components of the JA pathway, but they lack the active hormone JA-Ile. Therefore, our hypothesis is that Bryophytes possess a functionally conserved JA-signaling pathway that is activated by a different OPDA-derived ligand. Our preliminary results suggest that this “ancestral” hormone of bryophytes may be conserved in higher plants, uncover a new hormone common to all land plants.</p>
<p>Identification of Plant Hormone analogs by Chemical Genomics</p>	<p>Andrea Chini</p>	<p>The plant hormone jasmonates mediate very diverse plant responses, including plant immune responses. However, the molecular basis for this specificity is not known. This project aims to identify analog molecules of jasmonates to dissect the specificity of jasmonate-responses, mainly focusing on jasmonates-mediated defenses.</p>



5. Modalidad E: Becas de Colaboración en el Centro de Excelencia Severo Ochoa Centro Nacional de Biotecnología (proyectos@cnb.csic.es)

- a. Número de Becas: 1
- b. Periodo y duración de cada Beca: Nueve meses consecutivos, de acuerdo con las fechas de inicio y fin del curso académico 2017-2018
- c. Importe de cada Beca, mensualidades y dotación adicional: 1.000 € al mes
- d. Requisitos específicos de los solicitantes:
 - i. Rama de Licenciatura o Grado: Biología, Biotecnología, Bioquímica, Química u otro grado dentro de la rama de las Ciencias de la Salud
 - ii. Nota media del expediente: 8,5
 - iii. Máster Universitario Oficial: Biología, Inmunología, Biomedicina, Biotecnología, Biomedicina Molecular, Biomoléculas y Dinámica Celular, Genética y Biología Celular o Terapias Avanzadas e Innovación, impartidos por la Universidad Autónoma de Madrid, la Universidad Complutense de Madrid, la Universidad Politécnica de Madrid, la Universidad de Alcalá de Henares o la Universidad Francisco de Vitoria, en colaboración con el Centro Nacional de Biotecnología (CNB-CSIC)
- e. Trabajos de colaboración e investigadores responsables ofertados en el Departamento de Inmunología y Oncología (<https://goo.gl/X2HjmR>) del Centro Nacional de Biotecnología:

Título del trabajo	Investigador responsable	Breve resumen
Nanomedicina contra el cáncer	Domingo F. Barber	The overall objective of the group is to develop new nanomedicines based on nanoparticles that allow the targeting of drugs, biomolecules or cell types, efficiently and specifically to the desired site of action in antitumor therapies.
Células Madre Cardiacas (CSC) - Fisiología y Patología	Antonio Bernad	<ul style="list-style-type: none">- Papel del factor de transcripción Bmi1 en la regulación funcional de las CSC.- Impacto del stress oxidativo sobre la viabilidad y regulación de las CSC.- Análisis funcional de genes identificados como implicados en el auto-mantenimiento (stemness) de CSC.- Estudio de alteraciones fisiopatológicas humanas en relación con la afectación de la regulación/envejecimiento de las CSC.



<p>Inmunoterapia de cáncer vía desactivación de la inmunosupresión</p>	<p>Dimitri Balomenos</p>	<p>La respuesta inmunitaria en cáncer tiene un alto interés científico por sus efectos anti- tumorales. Hemos identificado inmunosupresores como p21 en células T o macrófagos que reducen su reactividad. Transferiremos células T o/y macrófagos modificadas, con reducida expresión del p21, en modelos de cáncer. Esas células impedirán la desactivación de la inmunidad hacia el tumor, y facilitarán la respuesta hacia tumores.</p> <ol style="list-style-type: none">1. Daszkiewicz L ... Balomenos D. (2015) Distinct p21 requirements for regulating normal and self-reactive T cells through IFN-gamma production. Scientific Reports 5:7691. Prensa: https://goo.gl/qDTy022. Rackov G ... Balomenos D. (2016). p21 mediates macrophage reprogramming through regulation of p50-p50 NF-κB and IFN-β. J Clin Invest. 126:3089-103. Video: https://www.jci.org/posts/487 Prensa: https://goo.gl/TahPgN
<p>Mecanismos moleculares que regulan la dinámica celular o comportamiento de los linfocitos B</p>	<p>Yolanda R. Carrasco</p>	<ol style="list-style-type: none">1. Efectos de estímulos de tipo innato.2. Dinámica celular en respuesta a ligandos de CCR6.3. Mecanismos moleculares implicados.
<p>Regulación de la actividad de NF-κB en células endoteliales asociadas a tumores</p>	<p>Santos Mañes</p>	<p>El grupo ha identificado una nueva interacción entre la superóxido dismutasa (SOD)-3 y CAND-1, un regulador de la neddylación de Cullin-1. Datos previos sugieren que la interacción entre SOD-3 y CAND-1 regula la actividad del factor de transcripción NF-κB, lo que a su vez influye el infiltrado leucocitario en tumores.</p>



<p>Papel de la inflamación en el desarrollo de patologías como el cáncer o la infección</p>	<p>Ana Cuenda</p>	<p>Estudiamos los mecanismos moleculares y celulares que causan la inflamación, utilizando modelos celulares y animales. Estamos interesados en comprender la relación entre inflamación y cáncer e infección, ya que puede tener un papel positivo o negativo dependiendo del contexto. Nos centramos en investigar el papel de las redes de señalización controladas por las proteínas quinasas p38 MAPK en distintos tejidos (células mieloides, epitelio intestinal) tras tratamientos con cancerígenos o infecciones por microorganismos, usando técnicas celulares, moleculares y bioquímicas. Utilizamos inhibidores de quinasas como terapias para enfermedades inflamatorias.</p>
<p>Estudio de la dinámica de los receptores de quimioquinas en la membrana celular</p>	<p>Mario Mellado</p>	<p>Los receptores de quimioquinas forman complejos multiméricos en la membrana celular. El trabajo consiste en emplear técnicas de microscopía de alta resolución (TIRF, STED), de transferencia de energía (FRET, BRET) así como de técnicas clásicas de biología molecular, bioquímica y cultivo celular para estudiar la interacción entre distintos receptores de quimioquinas en la membrana celular y establecer su relevancia para la funcionalidad de los mismos en ensayos funcionales (ensayos de migración y adhesión, uso de bicapas lipídicas, etc.)</p>
<p>Función de la familia Gadd45 en desarrollo y/o supresión tumoral</p>	<p>Jesús Salvador</p>	<ul style="list-style-type: none">- Caracterización de modelos in vivo de cáncer hepático.- Función de linfocitos, hepatocitos y macrófagos en el desarrollo y supresión de cáncer.



<p>Mecanismos de regulación de la respuesta inmune frente a tumores</p>	<p>Isabel Mérida</p>	<p>Líneas del laboratorio:</p> <ol style="list-style-type: none">1. Las diacilglicerol quinatas y el control de la respuesta T citotóxica.2. Estudio de los mecanismos que regulan la diferenciación de células T reguladoras en el microentorno tumoral.3. Desarrollo y optimización de nuevos fármacos con capacidad inmunomoduladora.4. Función de la Sorting nexin 27 en el control de la respuesta inmune y la metástasis.
<p>Las células NK en infección e inmunodeficiencia</p>	<p>Hugh Reyburn</p>	<ul style="list-style-type: none">- La investigación del laboratorio se centra en estudiar dos temas importantes y relacionados: como del sistema inmunitario responde a infección, y la función de las células NK en pacientes inmunodeficientes.- Los objetivos de estos estudios incluyen proveer herramientas para el diagnóstico y la terapia de estas enfermedades y generar conocimiento nuevo sobre la biología y función del sistema inmunitario que será relevante para aplicaciones como la vacunación, las respuestas inmunitarias frente al cáncer y autoinmunidad.- Para alcanzar estos objetivos usamos múltiples técnicas de la inmunología molecular y celular y en particular utilizamos técnicas que involucran el estudio de linfocitos humanos individuales. No trabajamos con animales de laboratorio ya que preferimos estudiar la inmunología en condiciones naturales frente a los experimentales. También colaboramos con grupos de investigación en centros europeos y americanos de gran prestigio.



<p>Función de c-Myc/Max en la diferenciación de linfocitos B</p>	<p>Ignacio Moreno de Alborán</p>	<p>In Europe, 1.7 million people die each year due to cancer. It is estimated that up to 50% of all human cancers show constitutively enhanced expression of proto-oncogenes of the Myc family. The Myc proteins are members of a basic region/helix-loop-helix/leucine zipper (bHLHZip) transcription factor family (N-, L- and c-Myc) and are implicated in numerous biological functions such as the regulation of cell cycling, differentiation, and apoptosis. Myc proto-oncogenes are deregulated by different mechanisms in either one of the three-myc genes or to deregulation of signaling pathways controlling their expression. Importantly, many reports have shown that strategies that interfere with the function of deregulated myc will have a tremendous therapeutic impact on a wide range of aggressive tumors. To activate or repress target genes, Myc proteins bind to conserved DNA sequences on gene regulatory regions. To achieve this, Myc proteins must form heterodimers with its mandatory partner Max. The majority of the scientific literature assumes that Myc function relies entirely on its capacity to form heterodimers with Max. However, no definitive data has been shown regarding Myc/Max association. Some reports have suggested that c-Myc can execute some functions in the absence of Max in cell lines. In this study, we will analyze the function of Max in physiological and pathological scenarios in vivo such as B lymphocyte differentiation and Myc-induced B lymphomas, respectively. We will characterize the role/s of Max in the generation and/or the maintenance of these tumors and identify Max-independent Myc targets as potential therapeutic.</p>
--	----------------------------------	---



<p>Respuesta inmunitaria frente al cáncer</p>	<p>Mar Valés Gómez</p>	<p>La idea de utilizar armas inmunológicas para eliminar tumores se lleva intentando aplicar desde hace décadas y ha resurgido recientemente con fuerza gracias al éxito obtenido con el uso de anticuerpos monoclonales frente a puntos de control del sistema inmunitario. El laboratorio utiliza principalmente dos modelos de tumores, vejiga y melanoma, para explorar nuevos aspectos de la respuesta inmunitaria anti-tumoral y, en particular, las acciones ejercidas por las células Natural Killer (NK) humanas. Se utilizan técnicas bioquímicas, inmunológicas y celulares.</p>
<p>Reclutamiento de proteínas activadores en el splicing alternativo</p>	<p>Karel H.M. van Wely</p>	<p>El ajuste y empalme de pre-ARN en el ARN mensajero (splicing) es un mecanismo de regulación importante en la especialización celular. Curiosamente, la maquinaria responsable permite un grado de flexibilidad, la cual permite generar distintos mensajeros desde un solo gen mediante splicing alternativo, pero conlleva el riesgo de generar ARN y proteínas aberrantes. Pretendemos estudiar como el splicing alternativo intercede en la fisiología celular, en particular en relación con la formación de células tumorales y el estrés celular. Además, pretendemos identificar posibles mecanismos de control de calidad en el proceso de splicing mediante mutantes en genes modelo. Finalmente, el trabajo de máster se integrará en un estudio mayor, el cual conecta los resultados a nivel celular con la fisiología general mediante modelos de animales de experimentación.</p>



6. Modalidad F: Becas de Colaboración en el Centro de Excelencia Severo Ochoa Centro Nacional de Biotecnología (proyectos@cnb.csic.es)

- a. Número de Becas: 1
- b. Periodo y duración de cada Beca: Nueve meses consecutivos, de acuerdo con las fechas de inicio y fin del curso académico 2017-2018
- c. Importe de cada Beca, mensualidades y dotación adicional: 1.000 € al mes
- d. Requisitos específicos de los solicitantes:
 - i. Rama de Licenciatura o Grado: Biomedicina o Biotecnología
 - ii. Nota media del expediente: 8,5
 - iii. Máster Universitario Oficial: Microbiología, impartido por la Universidad Autónoma de Madrid, en colaboración con el Centro Nacional de Biotecnología (CNB-CSIC)
- e. Trabajos de colaboración e investigadores responsables ofertados en el Programa de Biología de Sistemas (<https://goo.gl/KLPXLs>) del Centro Nacional de Biotecnología:

Título del trabajo	Investigador responsable	Breve resumen
Microdiversidad y redundancia funcional en muestras marinas	Javier Tamames	Se analizarán muestras de amplicones 16S y metagenómicas. A partir de las secuencias 16S se determinará la microdiversidad (cepas) de diversas especies marinas, y su correlación con diversas condiciones ambientales. Se estudiarán los patrones de asociación entre cepas, y mediante las secuencias metagenómicas se analizará su contenido funcional. Esto se utilizará para estudiar patrones de redundancia funcional o de adaptación a diferentes condiciones.