**OFERTA CONTRATO PREDOCTORAL 6 MESES CANDIDAT@ SOLICITUD CONTRATO FPU2022**

Proyecto: Nuevas aproximaciones basadas en aprendizaje automático para el modelado de la evolución de genes duplicados.

Grupo de investigación: Genómica Evolutiva en Plantas (SICA id: BIO359).

Investigador Principal: Lorenzo Carretero Paulet

[Web](https://uales-my.sharepoint.com/personal/lpaulet_ual_es/Documents/CandidatosPREDOC/pabellondehistorianatural.es/Equipo/lorenzo-carretero-paulet)

[ResearchGate](https://www.researchgate.net/profile/Lorenzo_Carretero-Paulet)
[Google Scholar](https://scholar.google.com/citations?user=EZ1uMYcAAAAJ&hl=en)

[ORCID](https://orcid.org/0000-0001-6697-827X)

[Scopus](https://www.scopus.com/hirsch/author.uri?accessor=authorProfile&auidList=7801512448&authorName=Carretero-Paulet%2c+Lorenzo&origin=AuthorProfile&display=hIndex&documentCount=35%2c35&txGid=3858f45b7a8be2c9ae43dbd07c82d90b)

[Researcher Id: Z-2744-2019](https://publons.com/researcher/Z-2744-2019/)

[LinkedIn](https://www.linkedin.com/in/lorenzo-carretero-paulet-1a995b152/)

Anuncio: El grupo de investigación de **Genómica Evolutiva en Plantas** (SICA id BIO359) busca candidat@s para solicitar un contrato predoctoral en la convocatoria de formación del profesorado universitario 2022 del Ministerio de Universidades que acaba de abrirse ([FPU2022](https://www.universidades.gob.es/el-ministerio-de-universidades-convoca-900-ayudas-para-la-formacion-de-profesorado-universitario-fpu2022/)) que estén actualmente cursando un máster en una universidad española. Para cubrir el período comprendido entre la finalización del máster, la resolución de la convocatoria y la formalización de los contratos, se ofrece un **contrato predoctoral de hasta seis meses** a comenzar en Mayo-Junio de 2023.

La **tesis doctoral** se realizaría en el Departamento de Biología y Geología de la Universidad de Almería en el marco de un proyecto de investigación financiado por el plan nacional del Ministerio de Ciencia e Innovación para estudiar el origen y la evolución genes nuevos y funciones génicas novedosas en plantas (**PlantEvolGen**: PID2020-113277GB-I00).

Descripción del proyecto de tesis: Se conocen numerosos ejemplos de genes duplicados que adquieren funciones nuevas o especializadas en el origen de adaptaciones morfológicas y metabólicas clave de las plantas y de rasgos agronómicos favorables, incluidos algunos resultantes de la propia investigación del IP del proyecto. Los genes duplicados pueden clasificarse en dos grandes grupos según el tamaño de la región genómica afectada por la duplicación: i) duplicaciones **WGD** del genoma completo o poliploidizaciones, que resultan en la duplicación de todos los genes en el genoma y ocurren en momentos específicos a lo largo de la evolución; y ii) duplicaciones **SSD** que están ocurriendo constantemente, generalmente restringidos a pequeñas regiones genómicas y que involucran solo de uno a unos pocos genes. Tanto los WGD como los SSD son especialmente comunes entre las plantas con flores, lo que las convierte en modelos idóneos para estudiar la evolución de genes duplicados.

Para entender completamente la contribución de los genes duplicados a la innovación evolutiva y la adaptación biológica es necesario descifrar los mecanismos que dirigen el destino evolutivo y funcional de los mismos, y que van a determinar en última instancia sus probabilidades de retención después de la duplicación, es decir, su **duplicabilidad**. El propio modo de duplicación ha sido propuesto como uno de esos mecanismos, con ciertas funciones biológicas retenidas preferentemente después de WGD, mientras que rara vez se conservan después de SSD, y viceversa. Entre los diferentes modelos propuestos para explicar este patrón diferencial de pérdida y retención de genes observado después de la duplicación, solo la **hipótesis del balance de dosis** predice tal reciprocidad entre duplicados WGD y SSD. Aunque las investigaciones del IP del proyecto sostienen en lo esencial esta hipótesis, también revelan que otras propiedades moleculares adicionales de los genes implicados estarían influenciando su duplicabilidad.

El proyecto contempla los siguientes objetivos principales:

1. Proporcionar un marco de clasificación basado en aprendizaje automático para predecir las probabilidades de que un gen sea retenido después de su duplicación, esto es, la duplicabilidad, a partir de un conjunto de características de los genes y sus productos seleccionadas como variables predictivas.
2. Identificar el conjunto completo de mecanismos moleculares y fuerzas evolutivas que explican la duplicabilidad.
3. Testar supuestos específicos de la hipótesis de balance de dosis, incluidos los relativos a la contribución diferencial del mecanismo de duplicación, a la duplicabilidad.
4. Modelar con éxito la complejidad inherente a la evolución de los genes duplicados integrando un gran el volumen de datos (gen)-ómicos.

Se trata de un proyecto interdisciplinario que integra bioinformática y genómica evolutiva dentro de un marco de estadística inferencial y aprendizaje automático. El proyecto contempla colaboraciones y estancias con investigadores de la UAL, así como nacionales e internacionales, en matemáticas, genómica evolutiva, biología molecular, genética y ciencias de la computación.

Perfil de los/las candidato/as: Deben tener iniciativa, automotivación, capacidad para trabajar en equipo y un interés genuino en biología evolutiva. Se espera que el/la candidata/a seleccionado/a contribuya al diseño de software y/o pipelines computacionales, al análisis de los resultados y la redacción de comunicaciones científicas para congresos y artículos de investigación, así como a la docencia. Por lo tanto, el/la candidato/a también debería contar, idealmente, con alguna experiencia en análisis de datos -ómicos, conocimiento de un lenguaje de programación, preferiblemente LINUX Shell, R, PERL y / o Python, así como excelentes habilidades de comunicación oral y escrita tanto en español como en inglés.

Requisitos de los/las candidato/as:

* Grado preferiblemente en bioinformática, biología o biotecnología, aunque se considerarán también candidato/as graduado/as en matemáticas, informática, física, química o ingeniería electrónica obtenido en 2018 o en años posteriores.
* Expediente académico con nota media igual o superior a 8,5 en grado.
* Estar matriculado en el curso 2022-2023 en un máster universitario oficial que de acceso a un programa de doctorado en el curso 2023-2024.

**Interesad@s que cumplan los requisitos de la convocatoria y del anuncio enviar una breve carta de motivación, CV y expediente académico a Lorenzo Carretero Paulet (lpaulet@ual.es) antes del 31 de enero de 2023.**