



UNIVERSIDAD COMPLUTENSE
MADRID

Anexo Convocatoria 8/2019

Proyecto Investigación: ART. 83 250-2018: IDENTIFICACION DE VECTORES Y FAUNA TOXICA DEL SISTEMA DE VIGILANCIA DE VECTORES DE LA COMUNIDAD DE MADRID

Investigador Principal: D. Javier Pérez Tris

Centro: Facultad de Ciencias Biológicas

Código Plaza: PAIT46/19-8/2019-01

Departamento: Biodiversidad, Ecología y Evolución

Nº Plazas: 1

Tipo de Personal: Personal de Apoyo a la Investigación

Titulación requerida: Licenciatura / Grado en Biología

Tareas a desarrollar:

Planificación de muestreo, identificación y recuento de ejemplares y elaboración de informes sobre las poblaciones de insectos vectores en la Comunidad de Madrid.

Jornada: mañana

Retribución Mensual Bruta: 1450,92 €
(Incluye prorrata de paga extra)

Horas Semanales: completa

Fecha Inicio de contrato, a partir de: 15/07/2019

Méritos a valorar:

Perfil entomológico, con experiencia acreditada de al menos cuatro años en el estudio de poblaciones de dípteros (insectos) vectores en la Comunidad de Madrid, con especial énfasis en flebotomos y Aedes albopictus. Disponibilidad de trabajo en los meses de verano. Carnet de conducir y vehículo.

Fecha estimada de finalización de contrato: 10/12/2019



UNIVERSIDAD COMPLUTENSE
MADRID

Anexo Convocatoria 8/2019

Proyecto Investigación: DESARROLLO DE APLICACIONES ChIP-seq, ChIP-exo y RNA-seq DE SECUENCIACION MASIVA

Investigador Principal: D. Javier Arroyo Nombela

Departamento: -

Centro: Unidad de Genómica (Centro de Genómica y Proteómica-UCM)

Nº Plazas: 1

Código Plaza: PAIT46/19-8/2019-02

Tipo de Personal: Personal de Apoyo a la Investigación

Titulación requerida: Doctor

Tareas a desarrollar:

...-.Desarrollo y puesta a punto de tecnologías ChIP-seq y ChIP-exo, mediante inmunoprecipitación de cromatina y secuenciación masiva.
-Análisis de la interacción de factores de transcripción y RNA Pol II con regiones genómicas en cepas de *S. cerevisiae* en situaciones de estrés
-Caracterización de perfiles globales de expresión génica de cepas de *S. cerevisiae* en distintas condiciones mediante RNA-seq.
-Análisis bioinformático de los resultados obtenidos. Evaluación de distintas herramientas de software.
- Evaluación de herramientas de análisis de datos metagenómicos a través de amplicones 16S, análisis de variantes de secuencia y ensamblaje de pequeños genomas.

Jornada: Partida

Retribución Mensual Bruta: 2250 €
(Incluye prorrateo de paga extra)

Horas Semanales: completa

Méritos a valorar:

.-Experiencia previa en técnicas de biología molecular: cultivos, extracción y secuenciación de ADN y ARN, clonación, PCR cuantitativa.
-Experiencia previa en la utilización de técnicas relacionadas con las funciones a desarrollar en el proyecto, especialmente aquellas relacionadas con: diseño de experimentos de secuenciación masiva, análisis de transcriptomas mediante secuenciación masiva, uso de herramientas de análisis bioinformático y creación de programas informáticos específicos para proyectos de secuenciación masiva y manejo de bases de datos.
-Conocimientos de Inglés.

Fecha Inicio de contrato, a partir de: 01/09/2019

Fecha estimada de finalización de contrato: 31/08/2020