



**POLITÉCNICA**



E.T.S. DE INGENIERÍA AGRONÓMICA,  
ALIMENTARIA Y DE BIOSISTEMAS

### **Título de las prácticas:**

ESTUDIO DE LA DISTRIBUCIÓN ECOLÓGICA Y FILOGENÉTICA DE LOS SISTEMAS DE SECRECIÓN TIPO VI EN MICROBIOMAS MEDIOAMBIENTALES

### **Descripción de las funciones del alumno**

Análisis computacionales a gran escala orientados a la caracterización de los sistemas de secreción tipo VI a partir de muestras metagenómicas. Las tareas a realizar son diversas y están centradas en el campo de la genómica comparativa: detección de dominios, predicción funcional, análisis filogenéticos, clustering de secuencias y caracterización ecológica de microorganismos. Para ello el alumno/a tendrá que usar software bioinformático y clúster de computación, y desarrollar sus propios programas y protocolos bioinformáticos.

### **Requisitos: (indicar titulación y curso); otros requisitos adicionales (idiomas, informática, otros conocimientos, etc).**

Estudiante de Máster de Biología Computacional. Conocimientos de programación en BASH, AWK, PYTHON y R. Uso de inglés fluido. Conocimientos de Filogenia, y de los sistemas de secreción en bacterias.

### **Proyecto formativo**

Módulo PRACTICAS EXTERNAS. El objetivo fundamental de las Prácticas Externas es guiar al alumno para que aplique en el mundo real los conocimientos que ha adquirido previamente en un entorno de trabajo en grupo que reproduzca de una manera realista las condiciones que se puede encontrar en su futuro lugar de trabajo. El estudiante podrá familiarizarse con el mundo laboral (horarios, responsabilidad, actitud, organización, etc), y con la metodología de trabajo adecuada a la realidad profesional, contrastando y aplicando los conocimientos académicos adquiridos.

### **Actividades a desarrollar en la práctica académica:**



**POLITÉCNICA**



**E.T.S. DE INGENIERÍA AGRONÓMICA,  
ALIMENTARIA Y DE BIOSISTEMAS**

El alumno/a trabajará con una base de datos de muestras metagenómicas generada previamente en el laboratorio. Para el análisis de estos datos el alumno/a escribirá sus propios scripts y programas utilizando los lenguajes de programación BASH, AWK y Python, para generar diferentes pipelines que permitan realizar análisis masivos de genómica comparativa: detección de dominios, predicción funcional, análisis filogenéticos, clustering de secuencias y caracterización ecológica de microorganismos.

<b>Nº de plazas:</b>	<b>1</b>
<b>¿El alumno tendrá trato habitual con menores?</b>	<b>No</b>
<b>Fecha de inicio:</b>	<b>01/02/2021</b>
<b>Fecha de fin:</b>	<b>30/04/2021</b>
<b>Horas semanales:</b>	<b>25 horas semanales</b>
<b>Horario jornada laboral:</b>	<b>A Convenir con el alumno</b>
<b>Importe Ayuda/Bolsa de estudio:</b>	<b>€/mes</b>
<b>Tutor académico:</b> Email:	
<b>Departamento tutor académico:</b>	
<b>Tutor empresa:</b>	<b>Joaquin Giner Lamia</b>
<b>Email tutor empresa:</b>	<b>Joaquin.giner@upm.es</b>
<b>Departamento tutor empresa:</b>	<b>Departamento de Biotecnología-Biología Vegetal</b>



**POLITÉCNICA**



E.T.S. DE INGENIERÍA AGRONÓMICA,  
ALIMENTARIA Y DE BIOSISTEMAS

<b>Ubicación de la estancia de las practicas</b>	<b>En caso de que las condiciones lo permitan las practicas se realizaran en el CBGP-UPM-INIA. Campus de Monteganzedo.</b> <b>Si no se realizarán a distancia.</b>
<b>ENTIDAD COLABORADORA:</b>	
<b>A cumplimentar por Oficina Prácticas ETSIAAB:</b> <b>Créditos a reconocer (Nº ECTS):</b>	

**Enviar por email a: [OFICINA DE PRÁCTICAS ACADEMICAS EXTERNAS – ETSIAAB](#)**