

**PDTS Nº 2192/17 – “Aplicación de plataforma en secuenciación de nueva generación del ADN como evidencia forense para la identificación humana en el sistema judicial argentino”**

**Becas ofrecidas:** UNA (1) Beca Interna Postdoctoral para cada perfil.

**Fecha de recepción de las solicitudes:** Hasta el 17/11/2017

**Perfil 1 :**

Analista de ADN como evidencia forense aplicando NGS

**Objetivos:**

- Desarrollo y optimización de bibliotecas genómicas y de amplicones target específicos desde ADN proveniente de diferentes fuentes biológicas para obtener secuencias mediante Next Generation Sequencing (NGS).
- Optimizar la obtención y producción de bibliotecas de material genético informativo de diferentes tipo de muestras biológicas en origen, calidad y cantidad según el material generalmente empleado en casuística genética forense.
- Utilizar el poder discriminatorio superior a las técnicas actualmente utilizadas por el laboratorio del STJER en casos de disección de perfiles genéticos mezclados, ADN degradado o escaso, y de filiación materna; asimismo, asistir en la creación de una base de datos de secuencias mitocondriales de Entre Ríos.

El trabajo del becario consistirá en desarrollar y poner a punto e incrementar la eficiencia del proceso de obtención de secuencias informativas de identidad por medio de la plataforma de NGS MiSeq, Illumina para creación de base de datos forenses y comparación en casuística forense.

Ejemplo de actividades específicamente de transferencia:

El becario desarrollará puesta a punto de técnicas de caracterización de secuencias de ADN (Short tandem repeats (STR), SNP, y D-Loop) en material de referencia y forense, deberá interpretar los resultados, escribir reporte y preparar testimonios de esta nueva tecnología para ser interpretada por abogados, jueces y personal de la justicia en la corte.

**Requisitos específicos:**

Excluyentes:

- buen conocimiento y manejo de inglés,
- excelente manejo de condiciones de bioseguridad nivel 2 y de esterilidad, y saber trabajar en condiciones de Quality Assurance/Quality Control (QA/AC).
- experiencia en el manejo de secuenciación al menos EC.
- conocimientos de Genética y Genómica (microarrays, plataformas de Real Time PCR, células, ADN, ARN, proteínas, genoma, transcriptoma, etc.).

Preferentes: (al menos 3 de estas capacidades)

- conocimiento de Biología/uso de ADN en Forense,
- familiaridad con técnicas de screening, extracción de ADN, cuantificación, amplificación y tipificación de ADN,
- conocimiento de técnicas de bioquímica, ADN recombinante, y genética molecular, áreas del conocimiento que permiten tener una comprensión de los fundamentos del análisis del ADN en forense,

- experiencia en el uso de plataformas de NGS,
- conocimiento y experiencia en optimizaciones de diferentes tipos de PCR, y uso de bibliotecas genómicas,
- análisis estadístico de datos masivos,
- fuerte interés en Genética de poblaciones y genómica.
- Tener interés y facilidad para presentar testimonio perito en la corte.

Los candidatos deberán poseer título de Dr. en Ciencias Naturales, Exactas, Ciencias Biológicas o carreras afines (Bioquímica, Genética, Química, Biotecnología, Biología).

## Perfil 2 :

Profesional de las ciencias de la computación y bioinformática para el tratamiento de información proveniente de NGS en forense.

### Objetivos:

- Desarrollo de métodos (software) y análisis de datos de secuencias obtenidas mediante Next Generation Sequencing (NGS).

El trabajo del becario consistirá en desarrollar y poner a punto e incrementar la eficiencia del proceso de desarrollo de *nuevas* bases de datos y alineación de secuencias producto de proyectos de secuenciación de índole forense producidos mediante las tecnologías de secuenciación NGS de plataforma Illumina y asistir en la creación de una base de datos de secuencias mitocondriales y de SNPs, STR de Entre Ríos.

### Requisitos específicos:

Excluyentes:

- buen conocimiento y manejo de inglés,
- excelente manejo del entorno Unix/Linux,
- experiencia en al menos un lenguaje de programación scripting (Perl, Python, Ruby, etc.),
- conocimientos de Biología y Genética (células, ADN, ARN, proteínas, genoma, transcriptoma, etc.).

Preferentes:

- conocimiento del lenguaje funcional R,
- análisis estadístico de datos masivos y/o genética de poblaciones aplicada al análisis del ADN en forense,
- fuerte interés en Genética de poblaciones, genómica y Metabolómica.

Los candidatos deberán poseer título de Dr. En Ciencias de la Computación, Bioinformática, Ciencias Biológicas o carreras afines (Física, Química, Matemática).

## Características generales de la beca:

Las bases generales de la convocatoria se encuentran publicadas [aquí](#)

## Directores y Lugar de desarrollo de la beca:

Director de beca: Dra. Verónica Martínez Marignac.-

Lugar de trabajo: Centro de Investigaciones Científicas y de Transferencia Tecnológica a la Producción –CICYTTP



(CONICET, UADER, y Provincia de Entre Ríos) Diamante, Entre Ríos.

### **Presentación:**

Los interesados deberán contactarse por mail a la Dra. Verónica Martínez Marignac ([veromm99@gmail.com](mailto:veromm99@gmail.com)) para solicitar una entrevista. Las propuestas de candidatos serán elevadas por la Dra. Martinez Marignac al CONICET.

### **Evaluación de los candidatos y otorgamiento de la beca:**

Se verificará que los postulantes propuestos cumplan con los requisitos reglamentarios establecidos en las bases de la convocatoria. Las solicitudes que no cumplan con alguno de ellos, serán rechazadas.

Las solicitudes aceptadas serán evaluadas académicamente por la Comisión Asesora de Desarrollo Tecnológico y Social de CONICET y luego el Directorio resolverá el otorgamiento o denegatoria del pedido de beca.