

Tema propuesto. Máximo 20 palabras.	Breve resumen. Máximo 30 palabras.	Apellido y Nombre del Director/ra (formato Apellido, Nombre)	Laboratorio	Departamento	Instituto (siglas solamente)	Tipo de tareas propuestas:	Email de Contacto	Página web con mayor información del laboratorio
Estudios de mecanismos de gating de las acuaporinas	El proyecto contempla el estudio de distintos mecanismos de gating de acuaporinas de plantas animales y bacterias. Esto incluye el gating por tensión de membrana, pH y voltaje. El trabajo del grupo combina aproximaciones experimentales y de modelado y simulación. Entre estos se destacan métodos biofísicos para estudios de transporte a través de canales de membrana, técnicas de fluorescencia, modelado matemático y simulación por dinámica molecular.	Ozu, Marcelo	Laboratorio de Relaciones hídricas en plantas y Acuaporinas	DBBE-FCEN-UBA	IBBEA	análisis bioinformático teórico	ozu.marcelo@gmail.com	<a href="http://bbea.fcen.uba.ar/investigacion/fisiologia/relaciones-hidricas-en-plantas-acuaporinas/">http://bbea.fcen.uba.ar/investigacion/fisiologia/relaciones-hidricas-en-plantas-acuaporinas/</a>
TÓPICOS DE MORFOLOGÍA EVOLUTIVA Y PATRONES DE DIVERSIFICACIÓN DEL ESQUELETO DE GRUPOS SELECCIONADOS DE MICROVERTEBRADOS (RANAS/SERPIENTES/AVES)	Dilucidar patrones de evolución morfológica del esqueleto de microvertebrados (ranas, serpientes, aves) a escala macroevolutiva a través del estudio anatómico comparado de fósiles y formas vivientes y métodos comparativos filogenéticos.	Gómez, Raúl Orenco	Lab. de Morfología Evolutiva y Paleobiología de Vertebrados	DBBE-FCEN-UBA		otro	raulorenciogomez@gmail.com	<a href="https://dbbe.fcen.uba.ar/investigacion/grupos-de-investigacion/lab-de-morfologia-evolutiva-y-paleobiologia-de-vertebrados/">https://dbbe.fcen.uba.ar/investigacion/grupos-de-investigacion/lab-de-morfologia-evolutiva-y-paleobiologia-de-vertebrados/</a>
Medición de la permeabilidad osmótica unitaria de Acuaporinas en oocitos de Xenopus laevis	Desarrollamos métodos de análisis de imágenes de oocitos de Xenopus para analizar de forma automatizada experimentos de cambio de volumen	Galizia, Luciano	Laboratorio de Relaciones Hídricas y Acuaporinas -	DBBE-FCEN-UBA	IBBEA	procesamiento y análisis de datos ya obtenidos en exp o campañas previas	lgalizia@gmail.com	<a href="http://bbea.fcen.uba.ar/?p=307">http://bbea.fcen.uba.ar/?p=307</a>
Patrones de respuesta de la avifauna a diferentes manejos ganadero en la Pampa. Implicancias y propuestas para la conservación de las aves de pastizal.	El objetivo del proyecto es analizar y comparar el desempeño de diferentes prácticas de manejo ganadero (tradicionales y alternativas) en los pastizales nativos de la Pampa Deprimida, los cuáles se han conservado hasta la actualidad como los últimos remanentes de este ecosistema en las Pampas, evaluando las respuestas de los ensambles de aves de pastizal.	Codesido Mariano	Grupo de estudios sobre biodiversidad en agroecosistemas (GEBa)	DBBE-FCEN-UBA	IEGEBa	procesamiento y análisis de datos ya obtenidos en exp o campañas previas	mcodesido@ege.fcen.uba.ar	<a href="http://www.ege.fcen.uba.ar/investigacion/grupo-de-estudios-sobre-biodiversidad-en-agroecosistemas">www.ege.fcen.uba.ar/investigacion/grupo-de-estudios-sobre-biodiversidad-en-agroecosistemas</a>
Supervivencia de huevos de Aedes aegypti frente a condiciones térmicas y de humedad estresantes	Recientemente se demostró para Aedes aegypti, el mosquito vector del dengue, que las poblaciones de Buenos Aires tienen la capacidad de inducir diapausa en sus huevos en respuesta a fotoperiodos parentales indicadores del otoño. El objetivo general de este proyecto es estudiar las consecuencias poblacionales de dicha diapausa. La tesis de licenciatura abordará el estudio del efecto de la diapausa sobre la supervivencia de los huevos. Se cuenta con datos de un experimento realizado en laboratorio, en el cual se estudió en forma comparativa la supervivencia de huevos que estaban o no en diapausa, en distintas condiciones térmicas y de humedad. Los resultados permitirán ampliar el conocimiento de la importancia de la diapausa como mecanismo para que las poblaciones de Aedes aegypti puedan persistir en regiones con condiciones ambientales desfavorables durante periodos prolongados.	Fischer, Sylvia	Grupo de Estudio de Mosquitos	DEGE-FCEN-UBA	IEGEBa	procesamiento y análisis de datos ya obtenidos en exp o campañas previas	sylvia@ege.fcen.uba.ar	<a href="http://server.ege.fcen.uba.ar/gem">server.ege.fcen.uba.ar/gem</a>
Variación en la predisposición a eclosionar de huevos de Aedes aegypti puestos a lo largo del otoño en Buenos Aires	Aedes aegypti es el principal vector del dengue en América, por lo cual esta especie tiene enorme importancia para la salud pública en todo el continente. Recientemente se demostró en experimentos en laboratorio que las poblaciones de Buenos Aires tienen la capacidad de inducir diapausa en sus huevos en respuesta a fotoperiodos de día corto característicos del otoño. El objetivo general de este proyecto evaluar las evidencias de diapausa en los huevos de Aedes aegypti puestos condiciones naturales a lo largo del otoño en la región templada de Argentina. La tesis de licenciatura abordará el estudio de la predisposición a eclosionar de huevos puestos en campo desde marzo hasta mayo en la ciudad de Buenos Aires. Se cuenta con los datos obtenidos en un experimento donde se sumergieron distintas cohortes de huevos para evaluar su eclosión. Los resultados permitirán articular la información proveniente de estudios en laboratorio donde se controló la inducción de la diapausa, con la eclosión de los huevos puestos en condiciones naturales.	Fischer, Sylvia	Grupo de Estudio de Mosquitos	DEGE-FCEN-UBA	IEGEBa	procesamiento y análisis de datos ya obtenidos en exp o campañas previas	sylvia@ege.fcen.uba.ar	<a href="http://server.ege.fcen.uba.ar/gem">server.ege.fcen.uba.ar/gem</a>
Biogeografía de las zorras voladoras (genero Pteropus)	El género Pteropus comprende 64 especies frugívoras. La mayoría de las especies son endémicas de islas, con lo cual resulta interesante estudiar su biogeografía dentro de un contexto evolutivo.	Cunha Almeida, Francisca	GIFF	DEGE-FCEN-UBA	IEGEBa	análisis bioinformático teórico	falmeida@ege.fcen.uba.ar	
Estructura genética y morfológica de Triatoma infestans (Hemiptera: Reduviidae), vector del Chagas en el Monte argentino.	Utilizamos marcadores morfológicos y genéticos para contestar preguntas eco-epidemiológicas relacionadas con el Chagas. Nos interesa caracterizar la variabilidad de las poblaciones de vinchucas de Mendoza y ver el origen de los insectos que reaparecen luego de rociar con insecticidas.	Piccinali, Romina	Eco-Epidemiología	DEGE-FCEN-UBA	IEGEBa	procesamiento y análisis de datos ya obtenidos en exp o campañas previas	rpicci@ege.fcen.uba.ar	<a href="http://www.ege.fcen.uba.ar/investigacion/laboratorio-de-eco-epidemiologia/">http://www.ege.fcen.uba.ar/investigacion/laboratorio-de-eco-epidemiologia/</a>
*Evaluación de la eficiencia de distintos insectos acuáticos como predadores de larvas de mosquitos	Se abordará el estudio de la eficiencia de consumo de insectos acuáticos sobre larvas de mosquitos, con el objetivo de identificar los predadores con utilidad potencial para el control.	Fischer, Sylvia	Grupo de Estudio de Mosquitos	DEGE-FCEN-UBA	IEGEBa	procesamiento y análisis de datos ya obtenidos en exp o campañas previas	sylvia@ege.fcen.uba.ar	<a href="http://server.ege.fcen.uba.ar/gem">server.ege.fcen.uba.ar/gem</a>
*Dinámica temporal de los picos de abundancia de Aedes albifasciatus en Buenos Aires	Aedes albifasciatus es un mosquito muy molesto por sus altas abundancias ocasionales. La tesis analizará los picos de abundancia de esta especie y su relación con las condiciones meteorológicas previas	Fischer, Sylvia	Grupo de Estudio de Mosquitos	DEGE-FCEN-UBA	IEGEBa	procesamiento y análisis de datos ya obtenidos en exp o campañas previas	sylvia@ege.fcen.uba.ar	<a href="http://server.ege.fcen.uba.ar/gem">server.ege.fcen.uba.ar/gem</a>
Supervivencia de huevos de Aedes aegypti frente a condiciones térmicas y de humedad estresantes	Se estudiará efecto de la diapausa sobre la supervivencia de los huevos de Aedes aegypti en condiciones ambientales desfavorables, como mecanismo para persistir durante el invierno en regiones templadas	Fischer, Sylvia	Grupo de Estudio de Mosquitos	DEGE-FCEN-UBA	IEGEBa	procesamiento y análisis de datos ya obtenidos en exp o campañas previas	sylvia@ege.fcen.uba.ar	<a href="http://server.ege.fcen.uba.ar/gem">server.ege.fcen.uba.ar/gem</a>
Análisis de Datos para el Estudio Genómico de Embriones Humanos	Estudios Genómicos Preimplantacionales de Embriones Humanos. Aneuploidias. Rearreglos Estructurales. Enfermedades Monogénicas. Segunda y Tercera Generación de Secuenciación.	Dopazo, Hernán	Genómica Biomédica, Poblaciones y Evolución	DEGE-FCEN-UBA	IEGEBa	procesamiento y análisis de datos ya obtenidos en exp o campañas previas	dopazoh@gmail.com	<a href="https://www.genevopop.net/">https://www.genevopop.net/</a>
Variación temporal en la eclosión y tamaño de huevos de Aedes aegypti	Se evaluará la expresión de diapausa en huevos de Aedes aegypti, estudiando la variación en la predisposición a eclosionar y el tamaño de los huevos a lo largo del otoño	Fischer, Sylvia	Grupo de Estudio de Mosquitos	DEGE-FCEN-UBA	IEGEBa	procesamiento y análisis de datos ya obtenidos en exp o campañas previas	sylvia@ege.fcen.uba.ar	<a href="http://server.ege.fcen.uba.ar/gem">server.ege.fcen.uba.ar/gem</a>
Comunidades de aves en ambientes urbanos	Se analizarán datos de comunidades de aves obtenidos en áreas verdes de la ciudad de Buenos Aires, con el fin de evaluar relaciones entre la estructura del hábitat y las comunidades de aves	Lucas Leveau	ECOMA	DEGE-FCEN-UBA		procesamiento y análisis de datos ya obtenidos en exp o campañas previas	lucasleveau@yahoo.com.ar	<a href="https://www.researchgate.net/profile/Lucas-Leveau">https://www.researchgate.net/profile/Lucas-Leveau</a>

Tema propuesto. Máximo 20 palabras.	Breve resumen. Máximo 30 palabras.	Apellido y Nombre del Director/ra (formato Apellido, Nombre)	Laboratorio	Departamento	Instituto (siglas solamente)	Tipo de tareas propuestas:	Email de Contacto	Página web con mayor información del laboratorio
Evolución cromosómica y ADN satélite en roedores del género Ctenomys (Rodentia, Ctenomyidae)	Se propone indagar sobre la posible asociación entre la evolución del número de copias del principal ADN satélite de Ctenomys y la evolución cromosómica en un grupo de poblaciones cercanamente emparentadas.	Caraballo, Diego	Grupo de Investigación en Filogenias y Filogeografía	DEGE-FCEN-UBA	IEGEB	elaboración de meta-análisis a partir de datos publicados	diego7caraballo@gmail.com	<a href="https://sites.google.com/view/diegocaraballo/home">https://sites.google.com/view/diegocaraballo/home</a>
Optimización del tamaño de muestra (animales instrumentados) para la determinación de áreas marinas de importancia (IBAs) para aves marinas: el Cormorán Imperial (Leucocarbo atriceps) como caso de estudio.	Este trabajo pretende evaluar el efecto que el tamaño muestral tiene sobre la calidad de la determinación de las áreas marinas de uso y determinar el tamaño muestral mínimo y confiable	Gómez Laich, Agustina	Laboratorio de Ecología y Comportamiento Animal (LEyCA)	DEGE-FCEN-UBA	IEGEB	procesamiento y análisis de datos ya obtenidos en exp o campañas previas	agomezlaich@ege.fcen.uba.ar	
ANÁLISIS DE SENESCENCIA DEMOGRÁFICA ASOCIADA A GENOTIPOS DE EXTREMA LONGEVIDAD Y RESISTENCIA AL ESTRÉS TÉRMICO EN EL MODELO DROSOPHILA	Analizar la tasa de senescencia demográfica de cepas que difieren en niveles de expresión de genes candidatos de QTL (loci de carácter cuantitativo) para longevidad y termotolerancia en Drosophila melanogaster	Norry, Fabián Marcelo	Labo 4 del ETH1, piso 2. llamado GERES (Genética Evolutiva de la Resistencia al Estrés y Senescencia) y labo 106 del EGE, piso 4..	DEGE-FCEN-UBA	IEGEB	procesamiento y análisis de datos ya obtenidos en exp o campañas previas	fabian.norry@hotmail.com	<a href="https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2008.03945.x">https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2008.03945.x</a>
Clinas térmicas altitudinales en el modelo Drosophila	Se trabajará con datos de distintos caracteres de historia de vida medidos en condiciones seminaturales en poblaciones de D. bzzatii del Noroeste argentino que conforman una clina altitudinal.	Sambucetti, Pablo	GERES (Genética Evolutiva de la Resistencia al Estrés y Envejecimiento)	DEGE-FCEN-UBA	IEGEB	procesamiento y análisis de datos ya obtenidos en exp o campañas previas	sambucettip@gmail.com	
Ecología del nematodo Capillaria hepatica en roedores de sistemas de cría animal de la provincia de Buenos Aires.	Se analizarán las variaciones de la infección del parásito Capillaria hepatica en distintas especies de roedores capturadas en establecimientos porcinos y bovinos, y factores ecológicos que influyen sobre dichas infecciones.	Lovera, Rosario	Laboratorio de Ecología de Poblaciones	DEGE-FCEN-UBA	IEGEB-UBA-CONICET	procesamiento y análisis de datos ya obtenidos en exp o campañas previas	rorilovera@gmail.com	<a href="http://www.ege.fcen.uba.ar/investigacion/ecologia-de-poblaciones/">http://www.ege.fcen.uba.ar/investigacion/ecologia-de-poblaciones/</a>
Distribución geográfica en Argentina de garrapatas vectoras del agente etiológico de la Fiebre Manchada, una zoonosis emergente grave.	Análisis de la distribución geográfica Amblyomma sculptum y A. tonellae, vectores de Rickettsia rickettsii, y su relación con las características ambientales a través de modelos de nicho, geostatística y GIS.	Sánchez Juliana y Cavia Regino	Laboratorio de Ecología de Poblaciones	DEGE-FCEN-UBA	IEGEB	procesamiento y análisis de datos ya obtenidos en exp o campañas previas	julianasanchez78@hotmail.com; rcavia@ege.fcen.uba.ar	<a href="http://www.ege.fcen.uba.ar/investigacion/ecologia-de-poblaciones/">http://www.ege.fcen.uba.ar/investigacion/ecologia-de-poblaciones/</a>
Co-expresión de genes asociados a la tolerancia al frío en Drosophila	Se propone analizar un set de datos derivado de un ensayo de RNAseq para identificar genes co-regulados asociados a la tolerancia al frío	Mensch, Julián	Evolución	DEGE-FCEN-UBA	IEGEB	análisis bioinformático teórico	julianmensch@gmail.com	<a href="http://labodeevolucion.blogspot.com/">http://labodeevolucion.blogspot.com/</a>
Análisis de genomas de parásitos helmintos	Obtenemos, analizamos e integramos datos x-ómicos de patógenos de interés en salud humana y animal mediante herramientas bioinformáticas y de biología molecular. Una de las principales líneas de trabajo se enfoca en los helmintos parásitos (nematodos, cestodos, trematodos). Estos organismos provocan enfermedades graves y difíciles de tratar en humanos, animales y plantas. Un alto porcentaje de la población de la Tierra, principalmente en los países en desarrollo, sufre de infecciones por helmintos. En América Latina, las estimaciones de prevalencia son ~ 30%. El campo de la helmintología se vio profundamente beneficiado por las tecnologías de secuenciación de alto rendimiento que permitieron la confirmación de todo el genoma y la expansión del conocimiento previo sobre genes y vías particulares importantes para la supervivencia de los parásitos, como los reportados para cestodos, proyectos en los que hemos participado (PMID: 23485966) o nos encontramos ejecutando (PMID: 28241794, PMID: 31440275). Con la generación de secuencias completas del genoma descubrimos que una alta proporción del genoma de parásitos están compuestos de genes sin homología en especies modelo (PMID: 29249363), lo que representa un gran interrogante en términos de su relevancia para el desarrollo y supervivencia de estos parásitos. El siguiente paso en esta caracterización a nivel genómico implica el estudio de la interacción de productos génicos de parásitos mediante estrategias de genómica funcional. En el caso de los parásitos, la genómica funcional tiene dos facetas, ya que sus productos génicos pueden interactuar tanto con las moléculas del parásito como con las moléculas del hospedador, en ese sentido hemos estudiado varias proteínas y ARNs pequeños no codificantes específicos del parásito que interactuarían con el hospedador. Además trabajamos transversalmente y de manera interdisciplinaria con los grupos de investigación del IB3 y diversos institutos dentro y fuera del país.	Kamenetzky, Laura	Genómica y Bioinformática de Patógenos	DFBMC-FCEN-UBA	IB3	procesamiento y análisis de datos ya obtenidos en exp o campañas previas	lauka@fbmc.fcen.uba.ar	<a href="https://ib3.fbmc.fcen.uba.ar/project/genomica_y_bioinformatica_de_patogenos/">https://ib3.fbmc.fcen.uba.ar/project/genomica_y_bioinformatica_de_patogenos/</a>
Análisis de los cambios en la frecuencia de metilación en respuesta al ambiente en plantas de Arabidopsis	En este proyecto se propone analizar datos de secuenciación del genoma de Arabidopsis thaliana para revelar cambios en la metilación del ADN asociados a efectos transgeneracionales del ambiente.	Auge, Gabriela	Memoria Ambiental en Plantas	DFBMC-FCEN-UBA	IB3	procesamiento y análisis de datos ya obtenidos en exp o campañas previas	gauge@fbmc.fcen.uba.ar	<a href="http://gabyauge-es.weebly.com">gabyauge-es.weebly.com</a>
Análisis bioinformático de datos de CHIP-seq y RNA-seq para identificar mecanismos epigenéticos que controlan la regeneración de las células-β pancreáticas.	Análisis bioinformático de datos de experimentos de inmunoprecipitación de cromatina y expresión, seguidos de secuenciación de alto rendimiento (RNA-seq, CHIP-seq) en islotes pancreáticos de ratas tratados con el péptido INGAP.	Rodríguez Seguí, Santiago Andres	Regulación génica durante el desarrollo y regeneración de las células beta pancreáticas	DFBMC-FCEN-UBA	IFIBYNE-UBA-CONICET	procesamiento y análisis de datos ya obtenidos en exp o campañas previas	srodriguez@fbmc.fcen.uba.ar	<a href="https://ifbyne.fcen.uba.ar/grupo-rodriguez-segui/">https://ifbyne.fcen.uba.ar/grupo-rodriguez-segui/</a>
Análisis bioinformático de datos de CHIP-seq y RNA-seq para identificar mecanismos epigenéticos que controlan la regeneración de las células-β pancreáticas.	Análisis bioinformático de datos de experimentos de inmunoprecipitación de cromatina y expresión, seguidos de secuenciación de alto rendimiento (RNA-seq, CHIP-seq) en islotes pancreáticos de ratas tratados con el péptido INGAP.	Rodríguez Seguí, Santiago Andres	Análisis bioinformático de datos de experimentos de inmunoprecipitación de cromatina y expresión, seguidos de secuenciación de alto rendimiento (RNA-seq, CHIP-seq) en islotes pancreáticos de ratas tratados con el péptido INGAP.	DFBMC-FCEN-UBA	IFIBYNE-UBA-CONICET	procesamiento y análisis de datos ya obtenidos en exp o campañas previas	srodriguez@fbmc.fcen.uba.ar	<a href="https://ifbyne.fcen.uba.ar/grupo-rodriguez-segui/">https://ifbyne.fcen.uba.ar/grupo-rodriguez-segui/</a>
Regulación del ruido en la expresión génica	Los microRNAs afectan tanto la expresión génica total como la variabilidad o "ruido" célula-célula. En este proyecto nos proponemos estudiar como el propio metabolismo de los miRNAs afecta sus funciones. Se prevé tanto análisis bioinformático como experimental.	de la Mata Manuel	Funciones y metabolismo de microRNAs	DFBMC-FCEN-UBA	IFIBYNE-UBA-CONICET	otro	mmata@fbmc.fcen.uba.ar	<a href="https://ifbyne.fcen.uba.ar/grupo-de-la-mata/">https://ifbyne.fcen.uba.ar/grupo-de-la-mata/</a>
Estudio evolutivo de las proteínas y genes de la familia Furry en vertebrados.	Con métodos bioinformáticos y bases de datos genómicos se reconstruirá la filogenia y la evolución del ambiente genómico de los genes Furry. Dirección: Cecilia Cirio y Flávio de Souza.	Silva Junqueira de Souza, Flávio	Neurobiología del desarrollo embrionario	DFBMC-FCEN-UBA	IFIBYNE-UBA-CONICET	análisis bioinformático teórico	fsouza.ingebi@gmail.com	<a href="https://ifbyne.fcen.uba.ar/grupo-de-souza/">https://ifbyne.fcen.uba.ar/grupo-de-souza/</a>

Tema propuesto. Máximo 20 palabras.	Breve resumen. Máximo 30 palabras.	Apellido y Nombre del Director/ra (formato Apellido, Nombre)	Laboratorio	Departamento	Instituto (siglas solamente)	Tipo de tareas propuestas:	Email de Contacto	Página web con mayor información del laboratorio
Análisis genómico y transcriptómico de profagos en el genoma de Pseudomonas extremaustralis y su comparación con otras especies del género.	Se analizará el genoma y el transcriptoma de P. extremaustralis, obtenido en el laboratorio, en la búsqueda de profagos. Se compararán los datos disponibles de otras especies de Pseudomonas.	Tribelli, Paula/Lopez, Nancy	QB34	DOB-FCEN-UBA	IQUIBICEN-CONICET	procesamiento y análisis de datos ya obtenidos en exp o campañas previas	nan@qb.fcen.uba.ar	<a href="http://www.iqubicen.fcen.uba.ar/grupoinvestigacion/biotecnologia-ambiental-y-ecologia-bacteriana/">http://www.iqubicen.fcen.uba.ar/grupoinvestigacion/biotecnologia-ambiental-y-ecologia-bacteriana/</a>
Análisis proteómico de la bacteria extremófila Pseudomonas extremaustralis cultivada en condiciones de baja temperatura	Se analizarán cambios en el perfil proteico de P. extremaustralis a baja temperatura y se compararán con el transcriptoma disponible en el laboratorio y con datos de otras bacterias.	Lopez Nancy/Tribelli Paula	QB34	DOB-FCEN-UBA	IQUIBICEN-CONICET	procesamiento y análisis de datos ya obtenidos en exp o campañas previas	nan@qb.fcen.uba.ar	<a href="http://www.iqubicen.fcen.uba.ar/grupoinvestigacion/biotecnologia-ambiental-y-ecologia-bacteriana/">http://www.iqubicen.fcen.uba.ar/grupoinvestigacion/biotecnologia-ambiental-y-ecologia-bacteriana/</a>
Modelado molecular y mapeo epitópico de anticuerpos de isotipo IgM anti-lisozima usando herramientas bioinformáticas.	Se pretende relacionar los epitopes reconocidos por las IgM sobre la superficie de la lisozima con las vías de inmunización y el adyuvante usado para desarrollar estrategias de inmunización.	Ana Cauertff	Laboratorio de Biosensores y Bioanálisis (LABB)	DOB-FCEN-UBA	Depto Oca Biologica	análisis bioinformático teórico	anacauer@gmail.com	<a href="http://www.iqubicen.fcen.uba.ar/grupoinvestigacion/laboratorio-de-biosensores-y-bioanalisis/">http://www.iqubicen.fcen.uba.ar/grupoinvestigacion/laboratorio-de-biosensores-y-bioanalisis/</a>
Investigar el cambio metabólico que ocurre durante el proceso de infección bacteriana.	Análisis bioinformático de datos provenientes de LCMS. Contamos con un set de experimentos que combinan diversas infecciones bacterianas y diferentes líneas transgénicas de Drosophila melanogaster. Conocimiento básico de R necesario.	Beckwith, Esteban	Fisiología Sensorial	Otro	IFIByNE	procesamiento y análisis de datos ya obtenidos en exp o campañas previas	estebanbeck@gmail.com	
Análisis de la memoria de nuevas palabras en adultos mayores utilizando experimentos online	Nos proponemos determinar si se producen cambios en el aprendizaje, memoria y actualización de la memoria de palabras en adultos mayores, respecto a adultos jóvenes.	Kaczer Laura	Laboratorio de Neurociencias de la Memoria. Ifibyne, CONICET	Otro _FCEN-UBA	IFIBYNE	otro	laurakaczer@gmail.com	<a href="https://labneurociencias.wixsite.com/exmemoria">https://labneurociencias.wixsite.com/exmemoria</a>