

Projekt 9.1. Wyjaśnienie mechanizmów epigenetycznych w specyfikacji komórek linii sercowo-naczyniowej

Promotor: Cecilia Winata

Instytut: Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej w Warszawie

Jednostka organizacyjna: Laboratorium Genomiki Rozwoju Danio Pręgowanego

WWW: <https://zdglab.iimcb.gov.pl/>

Opis:

Jedno z kluczowych pytań w dziedzinie organogenezy odnosi się do tego, jak wiele rodzajów komórek wymaganych do stworzenia organu powstaje z puli komórek progenitorowych o początkowo podobnych cechach. Komórki progenitorowe serca znajdują się w pobliżu tych, które wytwarzają krew i naczynia krwionośne (hemo-angiogenne). W bardzo wczesnych etapach rozwoju zarodkowego wykazują wspólną ekspresję *nkx2.5*. Następnie każdy typ komórki podejmuje ekspresję różnych zestawów genów i przyjmuje stan epigenetyczny zgodny z jego tożsamością. Pomimo wiedzy, że komórki progenitorowe o ekspresji *nkx2.5* mogą przyczyniać się do różnych linii komórkowych, kilka kluczowych pytań pozostaje bez odpowiedzi. Po pierwsze, nie jest wiadome, na którym etapie rozwojowym zaczyna zachodzić segregacja na sercowe i hemo-angiogenne przeznaczenie komórki. Po drugie, dokładna ścieżka i etapy pośrednie, przez które przechodzą komórki progenitorowe podczas procesu specyfikacji linii są wciąż w dużej mierze nieznane. Ponadto, pomimo wiedzy, że czynniki transkrypcyjne serca, w tym *Nkx2.5*, oddziałują z czynnikami modyfikującymi chromatynę, powodując jej zmiany, nadal nie wiadomo, w jakim stopniu epigenetyka odgrywa rolę w decydowaniu o przeznaczeniu komórki na poziomie pojedynczej komórki. Śledząc ewolucję heterogeniczności komórek w czasie, a jednocześnie oceniając dynamikę epigenetyki na poziomie pojedynczej komórki, chcielibyśmy wyjaśnić mechanizm specyfikacji linii sercowo-naczyniowej.

Cel projektu:

Celem projektu jest wyjaśnienie mechanizmów epigenetycznych w pochodzeniu komórek progenitorowych o ekspresji *nkx2.5* w linii sercowej i hemo-angiogennej. Stawiamy hipotezę, że odmienne stany epigenetyczne występują wśród subpopulacji komórek progenitorowych o ekspresji *nkx2.5* zgodnie z ich potencjałem do różnicowania linii. Sporządzimy profil otwartych regionów chromatyny na poziomie pojedynczej komórki i określimy czy *Nkx2.5* odgrywa rolę w ustalaniu stanu epigenetycznego metodą scATAC-seq.

Wymagania:

- tytuł magistra w dziedzinie biologii, biochemii lub pokrewny
- gruntowne zrozumienie zasad biologii molekularnej i genetyki
- wcześniejsze doświadczenie w pracy laboratoryjnej w zakresie biologii molekularnej i / lub technik biochemicznych
- wcześniejsze doświadczenie w zakresie cytometrii przepływowej, NGS i / lub w pracy na modelach zwierzęcych (mysz lub danio pręgowany), mile widziane podstawowe umiejętności programowania
- umiejętność płynnej komunikacji w języku angielskim i otwartość na współpracę

Oferujemy szansę pracy w zespole młodych i przyjaznych naukowców zajmujących się biologią rozwoju i genomiki. Prosimy o przesłanie pełnego zgłoszenia w języku angielskim zawierającego CV, list motywacyjny wyjaśniający dlaczego chciałbyś podjąć się doktoratu w naszym laboratorium, program studiów z ocenami oraz kontakt do przynajmniej jednej osoby polecającej.