

Projekt 1.10 Niekanoniczne funkcje ATP w regulacji ekspresji genów (SONATA BIS-11)

Promotor: Dr Aleksandra Pękowska

Pracownia: Centrum Dioscuri - Pracownia Biologii Chromatyny i Epigenomiki

WWW: <https://www.nencki.edu.pl/laboratories/dioscuri-center-for-chromatin-biology-and-epigenomics/>

Opis:

Życie każdego ssaka zaczyna się od pojedynczej komórki – zygoty. W trakcie jej rozwoju, w wyniku wielokrotnych podziałów i precyzyjnie zaaranżowanych procesów stopniowego różnicowania, zygota przeistacza się w pełni ukształtowany organizm, by następnie stać się samodzielnym, dojrzałym osobnikiem. Regulacja ekspresji genów leży u podstaw niezwyklej precyzji i powtarzalności tego procesu. Promotory, wzmacniacze, elementy wyciszające oraz insulatory to sekwencje DNA do których przyłączają się czynniki transkrypcyjne kontrolujące ekspresję genów. Dotychczas uzyskane dane wskazują, że komunikacja pomiędzy elementami regulatorowymi DNA opiera się na tworzeniu kontaktów w trójwymiarowej przestrzeni jądra komórkowego. Jak dotąd nie jest jasne, co wpływa na częstość i siłę tych interakcji. Już ponad 50 lat temu odkryto, że ATP w wysokim stężeniu działa jak rozpuszczalnik, który wpływa na dynamikę tworzenia się agregatów białkowych. Jednak wciąż nie jest znana funkcjonalna rola tych niekanonicznych, podobnych do rozpuszczalnika właściwości ATP w kontroli ekspresji genów.

Cel projektu:

Oszacowanie wpływu cząstki ATP na interakcje między elementami regulatorowymi DNA. Doktoranci połączą nowoczesne metody sekwencjonowania o wysokiej przepustowości, technologie edycji genomu oraz techniki obrazowania, aby lepiej zrozumieć mechanizmy kontrolujące aktywność genów i wkład niekanonicznych funkcji ATP w regulacji transkrypcyjnej genów.

Wymagania:

Doktorant 1: Uzyskany tytuł magistra w dziedzinie fizyki, matematyki lub bioinformatyki. Kandydat będzie musiał szybko nauczyć się podstawowych metod obliczeniowych do analizy danych uzyskanych z sekwencjonowania nowej generacji, będzie musiał również znać podstawy statystyki. W toku realizacji doktoratu zdobędzie wiedzę m.in. w zakresie metod i algorytmów stosowanych w analizie danych ilościowych czy w przetwarzaniu obrazu (*image processing*). Zadaniem doktoranta będzie wykonanie analiz bioinformatycznych danych generowanych w czasie realizacji projektu z zastosowaniem skryptów/języków tj. R/RStudio, Python, Julii i bash/shell oraz narzędzi do analizy sekwencjonowań nowej generacji.

Doktorant 2: Uzyskany tytuł magistra z zakresu biologii komórki, biotechnologii, genetyki lub biochemii/biofizyki. Zadaniem doktoranta będzie prowadzenie eksperymentów z inżynierii genetycznej oraz biologii komórkowej.