Projekt 3.3 Kompleksowe, multimodalne profilowanie stanów chromatyny i ekspresji genów w pojedynczych komórkach

Promotor: prof. dr hab. Maciej Wojtkowski / dr Marcin Tabaka
Instytut: Chemii Fizycznej PAN
Zespół: Zespół 3. Optyka Fizyczna i Biofotonika - - prof. dr hab. Maciej Wojtkowski (contact to: mtabaka[at]ichf.edu.pl)
www: http://groups.ichf.edu.pl/wojtkowski

Opis:

Profilowanie pojedynczych komórek bada sekwencje DNA genomu z pojedynczych komórek przy użyciu sekwencjonowania nowej generacji. Obecnie setki, a nawet tysiące milionów takich sekwencji mogą być mogą być jednocześnie mierzone przez najnowocześniejsze sekwenatory. Aby zbadać funkcje komórkowe, wiele cech wzdłuż genomu może być przetwarzanych w protokołach eksperymentalnych w celu zakodowania przez sekwencje DNA. Korzystając z narzędzi bioinformatycznych, sekwencje DNA mogą być mapowane do genomu w celu przypisania pozycji i poziomów cech w całym genomie. W zależności od liczby cech mierzonych jednocześnie z tej samej komórki, takie metody nazywamy unimodalnymi (jedna cecha) lub multimodalnymi (wiele cech). Większość protokołów profilowania pojedynczych komórek jest unimodalna i pozwala nam mierzyć takie modalności jak cząsteczki RNA, białka związane z DNA, regiony dostępne chromatyny, takie jak aktywne promotory lub enhancery, lub białka chromatyny i ich modyfikacje, takie jak modyfikacje histonów. W ciągu ostatnich trzech lat pojawiły się protokoły profilowania multimodalnego, głównie do profilowania dwóch modalności, takich jak cząsteczki RNA i dostępność chromatyny lub modyfikacje histonów.

Cel projektu:

Głównym celem tego projektu jest opracowanie protokołu eksperymentalnego do jednoczesnego pomiaru dziesiątek modyfikacji histonów i białek związanych z DNA, dostępności chromatyny i cząsteczek RNA, które są poliadenylowane (geny kodujące białka) i niepoliadenylowane (regulatorowe RNA). To kompleksowe podejście pozwoli nam badać cechy całego genomu pojedynczej komórki z niespotykaną dotąd rozdzielczością. Aby analizować duże ilości danych generowanych przez nowy protokół profilowania, opracujemy nowe narzędzie obliczeniowe, które pozwoli nam obsługiwać dane multimodalne w wysoce równoległy sposób.

Wymagania:

- tytuł magistra matematyki, statystyki, fizyki, informatyki, bioinformatyki, biologii obliczeniowej lub pokrewnej dyscypliny ilościowej,
- biegła znajomość języka Python,
- znajomość narzędzi wiersza poleceń systemu Unix,
- doświadczenie w statystyce i uczeniu maszynowym,
- znajomość narzędzi bioinformatycznych