



CeNT-21.1-2021

Director of Centre of New Technologies of the University of Warsaw, with the approval from the Rector of the University of Warsaw, announces opening of the position of Postdoc (Adjunct) in the group of researchers in the Laboratory of Functional and Structural Genomics – Centre of New Technologies of the University of Warsaw.

JOB OFFER

Position in the project:	Postdoc (Adjunct)
Laboratory:	Laboratory of Functional and Structural Genomics
Scientific discipline:	Life Sciences
Keywords:	molecular biology, biophysics, bioinformatics, next generation sequencing, the role of 3D chromatin structure in storing, processing and evolving biological information; spatiotemporal 4D genome organization and transcription regulation in human population, replication stress, genetic instability, DNA double-strand breaks, DNA fragile sites, genomics, bioinformatics, chromatin loops, mammalian 3D genome, Topologically Associating Domains, polymer modelling, cell differentiation, chromatin higher order organization, human genome, bioinformatics, genomics toolboxes and pipelines; genomics, the next generation sequencing techniques, experimental work in NGS-based 3D genomics techniques: Hi-C, ChIA-PET and HiChIP (chromatin conformation capture), i-BLESS, ChIP-seq, RNA-seq, bioinformatics data analysis
Job type:	Employment contract
Part-time/full-time:	Full time
Number of job offers:	1
Remuneration amount/month	PLN 7 300 – 9 200 gross gross, depending on the qualifications and experience, plus the '13 th salary' bonus
Position starts on:	1 April 2022, or as soon as possible afterwards
Maximum period of contract/stipend agreement:	12 months with the possibility of extension up to 50 months
Institution:	Centre of New Technologies, University of Warsaw
Project leader:	Prof. dr hab. Dariusz Plewczyński
Project title:	Multiscale spatial reorganization of chromatin in response to replication stress and its role in cellular protection against genomic instability
Competition type;	OPUS 19
Financing institution:	NCN
Project description:	One of the greatest breakthroughs in biology was the discovery of the structure of our genetic material - DNA. It consists of very long threads built by small blocks, called nucleotides, which form genes and various elements regulating genes' activity. Physical characteristics and the



proper functioning of our organism depend on their linear sequence. Strikingly, in every human cell, DNA, which is around two meters long, is packed in a tiny nucleus with a diameter of only ten micrometers. In addition to the order of nucleotides in the genome, it has been recently discovered that the way in which DNA is folded in the cell nucleus also influences numerous cellular processes, as it determines the spatial interactions between the given elements of DNA. This means that cells performing distinct functions in the organism will differ in their three-dimensional DNA organization. Importantly, recent scientific findings indicate that disruption of the 3D interactions between specific DNA fragments can cause many human diseases, including cancer.

The three-dimensional DNA structure is, among other things, closely related to replication - a fundamental process through which a faithful copy of the whole genetic material of a cell (termed genome) is generated before each cell division. However, various internal and external factors can interfere with the replication process, eventually causing it to slow down. This situation is called replication stress, and it can lead to serious DNA damage, including chromosome breakage. Replication stress is one of the main causes of the phenomenon known as genetic instability, associated with increased frequency of mutations and other changes in the DNA. It is a characteristic feature of most cancers and has been found to contribute to the development of a number of other diseases such as neurodevelopmental disorders and neurodegenerative diseases.

The main aim of this project is to determine how the spatial organization of the genome changes upon replication stress and how these changes help to protect the cell from the harmful consequences of this stress. By using the most modern methods relying on next-generation sequencing, we will compare the three-dimensional structure of the genome in correctly replicating cells and those exposed to replication stress. DNA regions that are particularly susceptible to stress-related damage will also be identified allowing to generate a comprehensive, genome-wide map of fragile sites in human cells. It will enable us to determine the characteristic features of those sites and subsequently to get novel insights into the causes of their breakage. In addition, we will investigate the consequences of permanent 3D changes emerging in cells due to replication stress in terms of their potential contribution to the development of cancer. Based on the obtained results, a computational model, determining genomic sites, where the damage may initiate or stimulate the development of cancer, will be created. Additionally, we will develop new tools enabling modeling of structural elements of DNA such as single DNA loops and dynamics of their formation. The execution of the project will significantly broaden our understanding of the mutual relations between replication stress, the spatial structure of the genome, and genetic instability. In addition, the obtained results can potentially be used in the diagnosis and therapy of diseases associated with chromosome fragility, such as cancer, autism, or mental developmental disorders.

Key responsibilities include:

1. Performing RNA-seq;
2. Performing ChIP-seq, ATAC-seq, iBLESS experiments;
3. Performing ChIA-PET, Hi-C and Hi-ChIP experiments;
4. Analyzing the experimental data, formulating biological hypotheses;



5. Bioinformatics data analysis of genomics data, such as iBLESS, Hi-C, HiChIP, ChIA-PET, ChIA-Drop, HiChIP, ATAC-seq, ChIP-seq, and RNA-seq experimental data;
6. Commitment and full-time effort to the project;
7. Initiative in identifying and resolving problems relating to the research;
8. Management of His or Her work efficiently and increase the visibility through the publications;
9. Active participation in weekly lab meetings, scientific seminars and international conferences;
10. Publications and individual Young Researchers grants preparation;
11. Lab management tasks and daily operational support of the laboratory (in cooperation with the administrative and project department); planning purchases of laboratory equipment and reagents needed for experiments; control of the procurement process, preparation of tender documentation for the purchase of articles necessary for the efficient operation of the laboratory; supervision over the flow of documentation, invoicing; controlling the budget;

Essential qualifications:

The competition is open to persons who meet the conditions specified in:

- Act of 20 July 2018 Law on higher education and science (Journal of Laws of 2021, item 478) and the Statutes of the University of Warsaw;
- Regulations on the allocation of resources for the implementation of tasks financed by the National Science Centre for 3D replication OPUS grant "Multiscale spatial reorganization of chromatin in response to replication stress and its role in cellular protection against genomic instability".

- PhD degree in molecular biology, genomics, bioinformatics or related discipline. The PhD degree should be obtained before the date of employment in the project.

We allow for a short (~a few months) modification of the date of starting employment in line with the candidate's preferences. The possibility of starting employment at a later date shall be agreed upon with the project leader.

- Excellent knowledge of English;

- Team work skills and experience;

- Documented experience with the whole genome sequencing, epigenomic and 3D genomics dataset production and analysis;

- Biological knowledge and technical experience of chromatin-related genomics experiments: DNA sequencing, epigenomics, RNAseq, ATAC-seq, HiC, HiChIP, ChIA-PET, iBLESS;

Profile of candidates/requirements:



- Bioinformatics and basic knowledge of chromatin-related genomics toolboxes and pipelines used in DNA sequencing, epigenomics, RNAseq, ATAC-seq data analysis, HiC, HiChIP, ChIA-PET, iBLESS;
- Knowledge of basic molecular biology techniques (electrophoresis, PCR, qPCR), experience in human cell lines culture;
- Documented experience in next generation sequencing methods of DNA for human cell lines and individuals;
- Essential requirements cover the ability to work in collaboration with others, within a large research team, performing several parallel scientific tasks, independent thinking and finally the ability to deliver publishable results;
- Needed the highly motivated individuals willing to work in an interdisciplinary environment under stress and with strict deadlines.

The candidate should hold a PhD degree for no longer than 7 years before the date of signing an employment agreement in the project. The PhD degree should be obtained in a country of the EU, EFTA, OECD or nostrified on the date of employment at the latest.

The following will be an asset:

- Preferred experience in human or mammalian DNA sequencing, epigenomics, RNAseq, ATAC-seq, HiC techniques that spans both experimental methods and bioinformatics software;
- Priority will be given to candidates with expertise relevant to the OPUS project and in agreement with the general profile of the laboratory. Preliminary experimental work done by applicant in the context of 3DGenomics will be treated as the strong asset;

Required documents:

1. Cover letter;
2. Current curriculum vitae;
3. Copy of PhD certificate or a document confirming that the Candidate will obtain the PhD degree prior to the date of employment in the project;
4. Copy of MSc certificate
5. Motivation letter (why I would like to join 3DGenomics field?);
6. Letters of support from two or more scientists who are familiar with the Candidate (submitted directly to the email careers@cent.uw.edu.pl);
7. Short written review-type document about recent advances in 3D genomics;
8. A list of publications and conference presentations.
9. Signed [information on the processing of personal data](#);
10. Signed [declaration](#) confirming that the candidate has read and accepted the rules of conducting competitions, covered in the following documents:
[Order of the Rector of UW No. 106](#)
Par. 126 of the UW Statutes [Resolution No. 443 of 26 June 2019](#)



We offer:

- an opportunity to participate in an interdisciplinary project spanned across biology, physics and bioinformatics in the novel discipline of 3D genomics;
- a unique multidisciplinary workplace in one of the best scientific institutions in Poland;
- stimulating, young and friendly work environment;
- access to the state-of-art NGS and computational equipment;
- comprehensive training in molecular biology, bioinformatics, computational genomics, chromatin and 3D genomics;
- opportunities for interdisciplinary and international collaborations;
- possibility of further personal and scientific development.

3D replication OPUS project provides unique opportunities for interdisciplinary work between molecular biology, biophysics, and bioinformatics, as well as well-established and long-lasting international collaborations with recognized academic institutes and universities in US, China and EU. Close collaboration with industry will be present as well. We provide also the access to modern 1D and 3D genomics equipments and support from other experienced researchers. International partners will be co-supervising your work at the laboratory.

For more information about the laboratory, please visit:
<https://4dnucleome.cent.uw.edu.pl>

Please submit the following documents to: careers@cent.uw.edu.pl with 'CeNT-21.1-2021' as the email title

Application deadline: 15 February 2022

Date of announcing the results: Not earlier than 28 February 2022

Method of notification about the results: e-mail

The competition is the first stage of the recruitment procedure for the position of academic teacher specified in the Statutes of the University of Warsaw, and its positive result is the basis for further proceedings. Following an initial screening of the applications, selected candidates will be contacted by e-mail for further recruitment steps.



CeNT-21.1-2021

Dyrektor Centrum Nowych Technologii Uniwersytetu Warszawskiego za zgodą Rektora Uniwersytetu Warszawskiego, ogłasza konkurs na stanowisko stażysty podoktorskiego (adiunkta) w grupie pracowników badawczych w Laboratorium Genomiki Funkcjonalnej i Strukturalnej Centrum Nowych Technologii Uniwersytetu Warszawskiego.

OGŁOSZENIE O KONKURSIE

Stanowisko:	Stażysta podoktorski (Adiunkt)
Laboratorium:	Laboratorium Genomiki Funkcjonalnej i Strukturalnej
Dyscyplina naukowa:	Nauki biologiczne
Słowa kluczowe:	biologia molekularna, biofizyka, sekwencjonowanie nowej generacji, rola struktury chromatyny 3D w przechowywaniu, przetwarzaniu i ewolucji informacji biologicznej; czasoprzestrzenna organizacja genomu 4D i regulacja transkrypcji w populacji ludzkiej, stres replikacyjny, niestabilność genetyczna, pęknięcia dwuniciowego DNA, miejsca wrażliwe na DNA, genomika, bioinformatyka, pętle chromatynowe, genom 3D ssaków, topologicznie powiązane domeny, modelowanie polimerów, różnicowanie komórek, ludzki genom
Forma zatrudnienia:	Umowa o pracę
Wymiar etatu:	pełny
Liczba stanowisk:	1
Wynagrodzenie miesięczne:	7 300 – 9 200 zł brutto, w zależności od kwalifikacji i doświadczenia, plus „13tka”
Termin rozpoczęcia pracy:	1 kwietnia 2022, lub najszybciej jak to będzie możliwe
Maksymalny okres zatrudnienia/umowy stypendialnej:	12 miesięcy z możliwością przedłużenia do 50 miesięcy
Jednostka UW:	Centrum Nowych Technologii
Kierownik projektu:	Prof. dr hab. Dariusz Plewczyński
Tytuł projektu:	Wieloskalowa przestrzenna reorganizacja chromatyny w odpowiedzi na stres replikacyjny i jej rola w ochronie przed niestabilnością genomową
Typ konkursu:	OPUS 19
Instytucja finansująca:	Narodowe Centrum Nauki
Opis projektu:	Jednym z największych przełomów w biologii związany był z odkryciem budowy naszego materiału genetycznego, czyli DNA. Składa się on z bardzo długich nici, złożonych z małych klocków – nukleotydów, które tworzą geny oraz przeróżne elementy regulujące ich działanie. Od ich właściwej kolejności zależą nasze cechy fizyczne oraz prawidłowe funkcjonowanie organizmu. W każdej komórce człowieka DNA, o całkowitej długości około dwóch metrów, jest ciasno zwinięty w jądrze komórkowym o średnicy jedynie około dziesięciu mikrometrów. Niedawno odkryto, że oprócz liniowej sekwencji



nukleotydów, dla szeregu procesów zachodzących w komórce kluczowy jest sposób w jaki DNA jest upakowany w jądrze komórkowym, gdyż determinuje on przestrzenne oddziaływania pomiędzy poszczególnymi elementami DNA. Oznacza to, że komórki pełniące różne funkcje w organizmie, będą się różniły między sobą strukturą trójwymiarową DNA. Co istotne, doniesienia naukowe ostatnich lat wskazują, że zaburzenia wzajemnych oddziaływań fragmentów DNA stanowią podłoże wielu chorób występujących u ludzi, w tym nowotworów.

Trójwymiarowa struktura DNA jest między innymi ściśle związana z jego replikacją - fundamentalnym procesem dla wszystkich żyjących organizmów, którego celem jest wierne skopiowanie całego materiału genetycznego komórki (genomu), przed każdym jej podziałem. Pod wpływem różnych czynników, zarówno pochodzenia wewnętrznego jak i zewnętrznego, może dojść do zaburzenia procesu replikacji, skutkującego jej spowolnieniem. Jest to tzw. stres replikacyjny, który może prowadzić do powstawania uszkodzeń DNA, w tym pęknięć chromosomów. Stres replikacyjny jest jedną z głównych przyczyn zjawiska niestabilności genetycznej, polegającej na zwiększonej częstotliwości występowania mutacji i innych zmian w obrębie DNA. Stanowi ona cechę charakterystyczną większości nowotworów, przyczynia się również do rozwoju szeregu schorzeń, takich jak zaburzenia neurorozwojowe czy choroby neurodegeneracyjne.

Głównym celem projektu jest znalezienie odpowiedzi na pytanie, jak zmienia się przestrzenna organizacja genomu w wyniku stresu replikacyjnego i jak pomaga ona chronić komórkę przed jego szkodliwymi konsekwencjami. Dzięki użyciu najnowocześniejszych metod wykorzystujących sekwencjonowanie nowej generacji, porównana zostanie struktura trójwymiarowa genomu w komórkach poprawnie replikujących się oraz tych poddanych działaniu czynników stresowych. Określone zostaną również regiony DNA, które są szczególnie podatne na powstawanie uszkodzeń w wyniku stresu, dzięki czemu wyznaczona zostanie pierwsza kompleksowa mapa miejsc łamliwych w obrębie całego genomu człowieka. Umożliwi to określenie ich cech charakterystycznych, a w konsekwencji pomoże wskazać przyczyny ich łamliwości. Ponadto zbadane zostanie, czy i jak trwałe zmiany powstałe w komórkach na skutek stresu replikacyjnego przyczyniają się do rozwoju nowotworów. Na podstawie uzyskanych wyników stworzony zostanie model obliczeniowy umożliwiający wskazanie miejsc genomu, w których uszkodzenia mogą inicjować lub stymulować rozwój komórek rakowych. Dodatkowo opracujemy narzędzia umożliwiające modelowanie elementów struktury genomu takich jak pojedyncze pętle DNA i dynamiki ich powstawania. Realizacja projektu w znaczący sposób poszerzy nasze zrozumienie wzajemnych relacji pomiędzy stresem replikacyjnym, strukturą przestrzenną genomu, a niestabilnością genetyczną. Ponadto uzyskane wyniki mogą potencjalnie znaleźć zastosowanie w diagnostyce oraz terapii chorób związanych z łamliwością chromosomów, takich jak nowotwory, autyzm czy zaburzenie rozwoju umysłowego.

Zakres obowiązków:

1. Wykonywanie sekwencjonowania RNA;
2. Wykonywanie eksperymentów ChIP-seq, ATAC-seq, iBLESS;
3. Wykonywanie eksperymentów ChIA-PET, Hi-C i Hi-ChIP;
4. Analizowanie danych eksperymentalnych, formułowanie hipotez biologicznych;



5. Analiza bioinformatyczna danych eksperymentalnych iBLESS, Hi-C, HiChIP, ChIA-PET, ChIA-Drop, HiChIP, ATAC-seq, ChIP-seq i RNA-seq;
6. Zaangażowanie i pełnoetatowy udział w projekcie;
7. Inicjatywa i samodzielność w identyfikowaniu i rozwiązywaniu problemów związanych z realizacją projektu;
8. Efektywne zarządzanie swoją pracą, aktywność w rozwoju własnej kariery poprzez publikacje;
9. Aktywny udział w cotygodniowych spotkaniach laboratorium, seminariach naukowych i konferencjach międzynarodowych;
10. Przygotowanie publikacji i grantów indywidualnych dla Młodych Naukowców;
11. Zadania związane z funkcjonowaniem laboratorium i codzienną obsługą operacyjną (we współpracy z działem administracyjno-projektowym); planowanie zakupów sprzętu laboratoryjnego i odczynników potrzebnych do eksperymentów; kontrola procesu zakupowego, przygotowanie dokumentacji przetargowej na zakup artykułów niezbędnych do sprawnej pracy laboratorium; nadzór nad obiegiem dokumentacji, fakturowaniem; kontrolowanie budżetu;

Profil kandydata/ wymagania:

Wymagane kwalifikacje:

Do konkursu mogą przystąpić osoby, które spełniają warunki określone w:

- ustawie z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2021 r., poz. 478) i Statucie UW;
- Regulaminie przyznawania środków na realizację zadań finansowanych przez Narodowe Centrum Nauki w zakresie projektów badawczych, dla konkursu OPUS 19¹

- Stopień doktora z biologii molekularnej, genomiki lub dyscypliny pokrewnej. Stopień doktora należy uzyskać przed datą zatrudnienia w projekcie. Dopuszczamy niewielką (~kilka miesięcy) modyfikację terminu rozpoczęcia pracy, w zależności od preferencji kandydata. Możliwość późniejszego rozpoczęcia pracy będzie uzgadniana z kierownikiem projektu.

- Doskonała znajomość języka angielskiego;

- Umiejętności i doświadczenie w pracy zespołowej;

- Udokumentowane doświadczenie w zakresie sekwencjonowania całego genomu, tworzenia zestawów danych epigenomicznych i genomiki 3D;

- Wiedza biologiczna i doświadczenie techniczne z eksperymentów genomicznych związanych z chromatyną: sekwencjonowanie DNA, epigenomika, RNAseq, ATAC-seq, HiC, HiChIP, ChIA-PET, iBLESS;

¹ Regulamin przyznawania środków na realizację zadań finansowanych przez Narodowe Centrum Nauki w zakresie projektów badawczych (Załącznik do uchwały Rady NCN nr 28/2020 z dnia 12 marca 2020 r.)



- Umiejętności bioinformatyczne i podstawowa wiedza na temat zestawów narzędzi i oprogramowania związanych z genomiką i chromatyną, stosowanych w sekwencjonowaniu DNA, epigenomice, RNAseq, analizie danych ATAC-seq, HiC, HiChIP, ChIA-PET, iBLESS;
- Znajomość podstawowych technik biologii molekularnej (elektroforeza, PCR, qPCR), doświadczenie w hodowli ludzkich linii komórkowych;
- Udokumentowane doświadczenie w zakresie metod sekwencjonowania DNA nowej generacji dla ludzkich linii komórkowych;
- Wymagania zasadnicze obejmują zdolność do współpracy z innymi osobami, w ramach dużego zespołu badawczego, wykonywania kilku równoległych zadań naukowych, niezależne myślenie i wreszcie zdolność do dostarczania wyników, które można opublikować;
- Potrzebujemy wysoce zmotywowanych osób chętnych do pracy w interdyscyplinarnym środowisku w stresie i przy ściśle określonych terminach.

Kandydat powinien posiadać stopień doktora nie dłużej niż 7 lat przed dniem podpisania umowy o pracę w projekcie. Stopień doktora powinien być uzyskany w państwach UE, EFTA, OECD lub nostryfikowany najpóźniej na dzień zatrudnienia w projekcie.

Mile widziane kwalifikacje:

- Preferowane doświadczenie w sekwencjonowaniu DNA ludzi lub ssaków, epigenomice, technikach RNAseq, ATAC-seq, HiC;
- Pierwszeństwo będą mieli kandydaci posiadający wiedzę merytoryczną związaną z projektem OPUS i z ogólnym profilem laboratorium. Wstępna praca eksperymentalna wykonana przez wnioskodawcę w kontekście 3DGenomics będzie traktowana jako mocny atut;

Wymagane dokumenty:

1. List motywacyjny
2. Aktualny życiorys
3. Kopia dyplomu doktorskiego lub innego dokumentu potwierdzającego, że kandydat uzyska stopień doktora najpóźniej na dzień zatrudnienia w projekcie
4. Kopia dyplomu ukończenia studiów magisterskich
5. List motywacyjny (dlaczego chciałbym zająć się trójwymiarową genomiką?);
6. Listy poparcia od dwóch lub więcej naukowców, którzy są zaznajomieni z Kandydatem (przesłane bezpośrednio na adres careers@cent.uw.edu.pl);
7. Krótki pisemny dokument przeglądowy opisujący ostatnie postępy w genomice 3D;



	<p>8. Lista publikacji i prezentacji konferencyjnych.</p> <p>9. Podpisana informacja o przetwarzaniu danych osobowych</p> <p>10. Podpisane oświadczenie, w którym kandydat potwierdza, że zapoznał się i akceptuje zasady przeprowadzania konkursów, zawarte w następujących dokumentach: Zarządzenie nr 106 Rektora UW z dnia 27 września 2019 Par. 126 Statutu UW Uchwała nr 443 z 26 czerwca 2019</p>
Oferujemy:	<ul style="list-style-type: none">• możliwość udziału w interdyscyplinarnym projekcie obejmującym biologię, fizykę i bioinformatykę w nowej dyscyplinie genomiki 3D;• unikalne multidyscyplinarne miejsce pracy w jednej z najlepszych instytucji naukowych w Polsce;• stymulujące, młode i przyjazne środowisko pracy;• dostęp do najnowocześniejszego sprzętu NGS i unikalnego zaplecza obliczeniowego;• kompleksowe szkolenie z biologii molekularnej, bioinformatyki, genomiki obliczeniowej, chromatyny i genomiki 3D;• możliwości współpracy interdyscyplinarnej i międzynarodowej;• możliwość dalszego rozwoju osobistego i naukowego. <p>Projekt OPUS replikacji trójwymiarowej zapewnia wyjątkowe możliwości interdyscyplinarnej pracy między biologią molekularną, biofizyką i bioinformatyką, a także ugruntowaną i długotrwałą współpracę międzynarodową z uznanymi instytutami akademickimi i uniwersytetami w USA, Chinach i UE. Nie zabraknie również ścisłej współpracy z przemysłem. Zapewniamy również dostęp do nowoczesnego sprzętu do genomiki 1D i 3D oraz wsparcie innych doświadczonych naukowców. Partnerzy międzynarodowi będą wspierać Twoją pracę w laboratorium.</p> <p>Szczegółowe informacje o laboratorium dostępne są na stronie: www: https://4dnucleome.cent.uw.edu.pl</p>
Forma nadsyłania zgłoszeń:	careers@cent.uw.edu.pl prosimy zatytułować maila „CeNT-21.1-2021”
Termin nadsyłania zgłoszeń:	15 lutego 2022 r.
Termin ogłoszenia wyników konkursu:	Nie wcześniej niż 28 lutego 2022r.
Sposób informowania o wynikach konkursu:	e-mail

Konkurs jest pierwszym etapem określonej w Statucie UW procedury zatrudniania na stanowisku nauczyciela akademickiego, a jego pozytywne rozstrzygnięcie stanowi podstawę do dalszego postępowania. Po dokonaniu wstępnej analizy nadesłanych zgłoszeń, skontaktujemy się z wybranymi kandydatami celem przeprowadzenia dalszych etapów procedury rekrutacyjnej.