Tytuł: Badanie mikrobiomu na osi jelito-wątroba za pomocą narzędzi bioinformatycznych.

Promotor: Dr Aleksandra A Kołodziejczyk
Instytut: Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej w Warszawie
Jednostka organizacyjna: Laboratorium Genomiki Komórkowej
www: https://olab.com.pl/ https://shorturl.at/JNT69

Opis projektu:

Wpływ mikrobioty jelitowej na zdrowie człowieka jest niezaprzeczalny. Przewód pokarmowy jest szczególnie interesujący w kontekście mikrobioty ze względu na objętość i złożoność populacji bakterii w tej niszy. Jelita są bezpośrednio narażone na działanie bakterii i ich produktów. Wraz ze składnikami odżywczymi ze strawionego pokarmu, cząsteczki i metabolity pochodzące z mikrobioty docierają do wątroby poprzez krążenie wrotne. To sprawia, że wątroba jest wyjątkowo narażona na działanie mikrobioty, mimo braku bezpośredniego kontaktu z żywymi bakteriami. Z drugiej strony wątroba wpływa na środowisko jelitowe bezpośrednio - na przykład poprzez wydzielanie kwasów żółciowych, a także pośrednio - na przykład poprzez regulację homeostazy metabolicznej organizmu.
Taka architektura prowadzi do niezliczonych współzależności między jelitami, mikrobiotą jelitową i wątrobą, które muszą być ze sobą w równowadze, aby utrzymać homeostazę. W chorobach jelit i wątroby utrata równowagi na osi jelito-wątroba może prowadzić do pętli sprzężenia zwrotnego, w których pogorszenie funkcji jednego układu wpływa na fizjologię drugiego, co z kolei powoduje zaostrzenie pierwotnej choroby.
Naszym nadrzędnym celem jest uzyskanie kompleksowego zrozumienia mechanizmów molekularnych i komórkowych leżących u podstaw osi jelitowo-wątrobowej w zdrowiu i chorobie, z myślą o poprawie wyników klinicznych.

Cel projektu:

Celami tego badania są: (1) przetestowanie potencjalnego wpywu mikrobioty na gospodarza, (2) znalezienie bakterii, które wywołują specyficzne odpowiedzi u gospodarza oraz (3) znalezienie mechanizmów, które za nim stoją. Aby odpowiedzieć na te pytania, przeprowadzimy analizy wieloomowe zarówno gospodarza, jak i mikrobioty.
Potencjalny doktorant będzie analizował dane z wysokoprzepustowych eksperymentów przeprowadzanych w laboratorium. W projekcie istnieją dwie potencjalne ścieżki: (1) analiza mikrobioty, która obejmuje analizy metagenomiczne mikrobioty jelitowej zarówno z danych sekwencjonowania Illumina, jak i nanopore, w połączeniu z podejściami kulturomicznymi i charakterystyką szczepów bakteryjnych oraz (2) analiza wieloomiczna gospodarza, która obejmuje głównie analizę danych z sekwencjonowania Illumina (RNAseq, genomika jednokomórkowa) w połączeniu z innymi rodzajami danych, takimi jak proteomika.

Wymagania:

- Tytuł magistra biologii, biotechnologii, inżynierii, informatyki, matematyki, fizyki lub dziedzin pokrewnych
- Zainteresowanie biologią molekularną, mikrobiologią i fizjologią
- Biegła znajomość języka angielskiego w mowie i piśmie
- Doskonałe umiejętności interpersonalne, inicjatywa, dobra organizacja pracy, umiejętność współpracy
- Umiejętność kodowania w R i/lub Pythonie, doświadczenie w data science
- Wcześniejsze doświadczenie w analizie danych sekwencjonowania lub pisaniu pipeline-ów będzie dodatkowym atutem

Liczba dostępnych pozycji: 1

Kontakt: akolodziejczyk@iimcb.gov.pl