



**Instytut Biochemii i Biofizyki PAN poszukuje wykonawcy – „Post-doc” - do realizacji projektu OPUS „Nowe mechanizmy regulujące aktywność *cis*-prenylotransferaz w roślinach.” finansowanego przez Narodowe Centrum Nauki.**

### OPIS PROJEKTU

Poliizoprenoidy to naturalne polimery obecne w komórkach wszystkich żywych organizmów. Związki te uczestniczą w wielu ważnych procesach komórkowych, takich jak glikozylacja i prenylacja białek, modulacja przepuszczalności i płynności błon oraz reakcje na warunki stresowe. Rozmiar cząsteczek poliizoprenoidów jest zmienny i zależy od gatunku pochodzenia. Tworzenie poliizoprenoidów jest katalizowane przez dedykowane enzymy - *cis*-prenylotransferazy (CPT) odpowiedzialne za wydłużanie łańcucha prenylu i regulację jego długości. Niektóre CPT wymagają interakcji z homologami receptora NogoB (NgBR) do biosyntezy łańcucha poliizoprenoidowego. Mutacje w genach kodujących CPT lub homologi NgBR prowadzą do zaburzeń szlaku poliizoprenoidowego i powodują niedobór glikozylacji białek, co objawia się u ludzi jako wrodzone zaburzenia glikozylacji typu I (CDG I). Ponadto u pacjentów ze zdiagnozowanym zapaleniem siatkówki obserwowano dyskretne skracanie dominującego dolicholu ludzkiego o jedną jednostkę izoprenu. Podobnie mutacje w genie kodującym LEW1, homology Arabidopsis NgBR, powodują spadek zawartości dolicholu i defekty glikozylacji białek. Wydaje się, że nie tylko niewystarczająca ilość dolicholu, ale także zmiana jego specyficznej dla gatunku długości może prowadzić do patologicznych zmian w komórce.

Nasza hipoteza robocza zakłada, że nie tylko pierwotna struktura CPT, ale także inne czynniki, takie jak skład lipidów i inne właściwości błon organicznych i / lub obecność wciąż niezidentyfikowanych białek regulatorowych, wpływają na długość zsyntetyzowanych łańcuchów poliprenylowych. Aby rozwiązać ten problem, zastosowane zostanie nowe narzędzie - hybrydowe CPT. Zastosowane zostaną narzędzia biologii molekularnej, biochemiczne i mikroskopowe, w tym: klonowanie genów i ekspresja rekombinowanych białek roślinnych w układach heterologicznych, analiza ekspresji genów za pomocą qRT-PCR, badania interakcji białko-białko (BiFC, ko-immunoprecypitacja, Y2H), SDS- PAGE i Western blot, analiza lipidów HPLC/UV i UPLC/MS, obserwacje w mikroskopie konfokalnym i elektronowym.

Część projektu będzie wykonywana we współpracy z naukowcami z Polski i USA (Yale School of Medicine).

**Kierownik projektu:** dr hab. Liliana Surmacz (surmacz@ibb.waw.pl)

**Maksymalny czas realizacji projektu:** 48 miesięcy

**Liczba miejsc:** 1

**Początek zatrudnienia:** 1.10.2020

**Forma zatrudnienia:** umowa o pracę (pełny etat) na czas określony

**Całkowite wynagrodzenie:** ok. 7000 zł brutto/m-c

### WYMAGANIA

- stopień naukowy doktora;
- udokumentowany dorobek naukowy z zakresu biologii molekularnej/genetyki, proteomiki lub pokrewnych;
- dobra znajomość języka angielskiego w mowie i piśmie;
- silna motywacja do pracy, obowiązkowość, samodzielność;
- dodatkowym atutem będzie znajomość biologii roślin oraz technik mikroskopii konfokalnej i elektronowej.

### Kandydaci proszeni są o przesłanie następujących dokumentów (pdf):

- kopii dyplomu ukończenia uczelni wyższej i kopii dyplomu stopnia naukowego;
- CV zawierającego informacje o dotychczasowej pracy badawczej i osiągnięciach naukowych (lista publikacji, staże naukowe) z dopiskiem "Wyrażam zgodę na przetwarzanie moich danych osobowych zawartych w ofercie dla potrzeb procesu rekrutacji zgodnie z Ustawą o ochronie danych osobowych z dnia 29.08.1997r., Dz. U. Nr 101, poz. 926 ze zm.";
- listu motywacyjnego uzasadniającego zainteresowanie projektem;
- listów referencyjnych zawierających dane kontaktowe dwóch pracowników naukowych (promotora, opiekuna naukowego, naukowca zagranicznego) gotowych udzielić referencji.

Zgłoszenia prosimy przesyłać drogą e-mailową na adres [surmacz@ibb.waw.pl](mailto:surmacz@ibb.waw.pl) do dnia 20.08.2020r.

Wybrani Kandydaci zostaną zaproszeni na rozmowę z Komisją rekrutacyjną i poproszeni o przedstawienie krótkiej (20 min) prezentacji wyników z dotychczasowej pracy naukowej.