



CeNT-45-2026

Dyrektor Centrum Nowych Technologii Uniwersytetu Warszawskiego wraz z Kierownikiem Projektu ogłaszają konkurs na stanowisko doktoranta/doktorantki w Laboratorium Genomiki Funkcjonalnej i Strukturalnej – Centrum Nowych Technologii Uniwersytetu Warszawskiego.

OFERTA STYPENDIALNA

Stanowisko w projekcie:	Doktorant/doktorantka (wszystkie męskoosobowe formy czasowników w ogłoszeniu odnoszą się do przedstawicieli wszystkich płci)
Laboratorium:	Laboratorium Genomiki Funkcjonalnej i Strukturalnej
Dyscyplina naukowa:	Biologia
Słowa kluczowe:	genom 3D, TET, metylacja DNA, epigenetyka, epigenomika, NGS, ONT
Rodzaj zatrudnienia (umowa o pracę/stypendium):	stypendium
Liczba stanowisk:	1
Wynagrodzenie/wysokość stypendium miesięcznie:	5000 – 6500 zł (brutto brutto). ¹ 5 000 zł (brutto brutto) ² Istnieje możliwość aplikowania do szkoły doktorskiej w ramach limitu przyjęć w najbliższej rekrutacji po przyjęciu w ramach projektu.
Planowany termin rozpoczęcia:	1.11.2026 lub możliwie najszybciej po tej dacie
Maksymalny okres umowy/stypendium:	33 miesiące z możliwością przedłużenia do 40 miesięcy
Instytucja:	Centrum Nowych Technologii Uniwersytetu Warszawskiego
Kierownik projektu:	Dr inż. Joanna Borkowska
Tytuł projektu:	Rola białka TET1 w kształtowaniu trójwymiarowej organizacji chromatyny i utrzymaniu stabilności genomu.
Program NCN:	Sonata 21

¹ Stypendium doktorantkie – dla osób przyjętych do szkoły doktorskiej poza limitem przyjęć: 5093,08 zł miesięcznie (brutto-brutto) przez pierwsze 24 miesiące oraz, po uzyskaniu pozytywnej oceny śródkresowej, 6446,04 zł miesięcznie (brutto-brutto) przez pozostałe 12 miesięcy.

² Stypendium naukowe – dla osób przyjętych do szkoły doktorskiej w ramach limitu: stypendium w wysokości do 5000 zł miesięcznie (brutto-brutto), wypłacane dodatkowo do stypendium doktoranckiego wypłacanego przez szkołę dokorską, o którym mowa powyżej.



Opis projektu:	Przestrzenna organizacja chromatyny w jądrze komórkowym ma kluczowe znaczenie dla regulacji ekspresji genów, replikacji DNA oraz stabilności genomu. Jednym z głównych mechanizmów epigenetycznych wpływających na architekturę genomu 3D jest metylacja DNA, regulowana m.in. przez enzymy TET. Zmienioną aktywność TET1 obserwuje się w wielu nowotworach, jednak jej konsekwencje pozostają słabo poznane. Nasze wstępne wyniki wskazują, że TET1 kolokalizuje z CTCF, występuje w obrębie pętli chromatynowych oraz jest wzbogacone w miejscach dwuniciowych pęknięć DNA. Celem projektu jest zbadanie roli TET1 w przestrzennej organizacji chromatyny oraz niestabilności genomowej w komórkach zdrowych i nowotworowych. W projekcie zostaną wykorzystane modele z nokautem TET1, katalitycznie nieaktywnym TET1 oraz nadekspresją TET1.
Zakres obowiązków:	- Hodowla komórkowa. - Generowanie funkcjonalnych mutantów z wykorzystaniem standardowych metod transfekcji i/lub edycji genomu CRISPR-Cas9. - Przygotowywanie bibliotek do sekwencjonowania, w tym HiChIP, ChIP-seq oraz CUT&RUN. - Analiza i interpretacja wyników. - Przygotowywanie raportów i rycin naukowych. - Przygotowywanie publikacji naukowych.
Profil kandydatów/wymagania:	Do konkursu mogą przystąpić osoby spełniające warunki określone w regulaminie przyznawania środków na realizację zadań finansowanych przez Narodowe Centrum Nauki w ramach grantu Sonata 21. Tytuł magistra w zakresie biologii, biotechnologii lub dziedziny pokrewnej. Tytuł magistra powinien zostać uzyskany przed datą rozpoczęcia pracy w projekcie. - Potwierdzony status doktoranta (najpóźniej w dniu rozpoczęcia pracy w projekcie). - Znajomość technik biologii molekularnej, w tym PCR, elektroforezy żelowej, immunofluorescencji oraz metod pokrewnych. - Doświadczenie w pracy z hodowlami komórkowymi. - Doświadczenie w Western blottingu i/lub edycji genomu będzie dodatkowym atutem. - Dobre praktyczne umiejętności laboratoryjne i dbałość o szczegóły. - Umiejętność samodzielnej pracy oraz współpracy w zespole badawczym. - Dobre umiejętności organizacyjne i zarządzania czasem.



	- Motywacja do nauki nowych metod eksperymentalnych i obliczeniowych. - Umiejętność analizy i krytycznej interpretacji danych naukowych. - Dobre umiejętności komunikacji naukowej. - Bardzo dobra znajomość języka angielskiego w mowie i piśmie. - Zainteresowanie biologią chromatyny, epigenetyką, genomiką 3D oraz regulacją genomu.
Wymagane dokumenty:	1. List motywacyjny, 2. Aktualny życiorys (CV), 3. Kopia dyplomu magisterskiego (lub, jeśli dyplom nie został jeszcze uzyskany, zaświadczenie/dokument potwierdzający termin obrony pracy magisterskiej), 4. Dokument potwierdzający status doktoranta (do dostarczenia przed rozpoczęciem pracy w projekcie), 5. Podpisana informacja dotycząca przetwarzania danych osobowych, 6. Dane kontaktowe do co najmniej jednej osoby, która może wystawić list rekomendacyjny. Przed przystąpieniem do konkursu kandydaci są zobowiązani do zapoznania się z Wewnętrzną Procedurą Zgłoszeń.
Oferujemy:	- Możliwość pracy w interdyscyplinarnym zespole badawczym łączącym biologię molekularną, genomikę, bioinformatykę i analizę danych. - Udział w innowacyjnym projekcie dotyczącym epigenetyki i przestrzennej organizacji genomu. - Możliwość pracy z najnowocześniejszymi technologiami mapowania genomu. - Kompleksową opiekę naukową i regularne wsparcie metodologiczne przez cały okres realizacji projektu doktorskiego. - Szkolenia z zaawansowanych metod eksperymentalnych i obliczeniowych. - Możliwość udziału w konferencjach, szkoleniach, warsztatach, międzynarodowych wizytach badawczych i stażach naukowych. - Współpracę z krajowymi i międzynarodowymi partnerami naukowymi. - Przyjazne środowisko wspierające dyskusję naukową, rozwój umiejętności oraz stopniowe zwiększanie samodzielności badawczej. - Możliwość współtworzenia wysokiej jakości publikacji naukowych oraz budowania silnego dorobku akademickiego.



UNIVERSITY
OF WARSAW

CeNT Centre Of New
Technologies



Dokumenty należy przesłać na adres:	j.borkowska@cent.uw.edu.pl
Termin nadsyłania zgłoszeń:	14.10.2026
Termin ogłoszenia wyników:	Nie wcześniej niż 20.10.2026
Sposób powiadomienia o wynikach:	e-mail, strona internetowa CeNT UW