

**Uchwała nr 4/22/09/2019**

**Komisji Rekrutacyjnej Szkoły Doktorskiej Nauk Ścisłych i Przyrodniczych**

**z dnia 22 września 2019 r.**

**w sprawie ogłoszenia dodatkowego konkursu w postępowaniu rekrutacyjnym na rok akademicki 2019/2020.**

Na podstawie § 21-21a w związku z § 20 ust. 1 pkt 3 uchwały nr 412 Senatu UW z dnia 17 kwietnia 2019 r. w sprawie warunków i trybu postępowania rekrutacyjnego do Szkół Doktorskich na Uniwersytecie Warszawskim w roku akademickim 2019/2020 (Monitor UW z 2019 r., poz. 116 ze zm.), uchwała się co następuje:

§ 1

Na podstawie wniosku dr Marty Zapotocznej, kierownika projektu pt. „Identyfikacja kluczowych determinantów genetycznych *Staphylococcus aureus* związanych z rozwojem zakażeń krwi” ogłasza się konkurs na dodatkowe 1 miejsce w Szkole Doktorskiej Nauk Ścisłych i Przyrodniczych w dyscyplinie nauki biologiczne w roku akademickim 2019/2020.

§ 2

Konkurs zostanie przeprowadzony na zasadach określonych w Regulaminie nadanym przez podmiot finansujący stypendium doktoranckie.

§ 3

Zasady konkursu, o którym mowa w § 1, stanowią załącznik nr 1 do niniejszej uchwały.

§ 4

Uchwała wchodzi w życie z dniem podjęcia.

Jerzy Tiuryn

Przewodniczący Komisji Rekrutacyjnej

Szkoły Doktorskiej Nauk Ścisłych i Przyrodniczych

**Załącznik nr 1 do uchwały nr 4/22/09/2019  
Komisji Rekrutacyjnej Szkoły Doktorskiej  
Nauk Ścisłych i Przyrodniczych**

Konkurs w ramach dodatkowej puli miejsc w rekrutacji do Szkoły Doktorskiej Nauk Ścisłych i Przyrodniczych w dyscyplinie biologia jest związany z realizacją projektu badawczego pt.: „Identyfikacja kluczowych determinantów genetycznych *Staphylococcus aureus* związanych z rozwojem zakażeń krwi” (finansowanie pozyskane w ramach konkursu SONATA14 w oparciu o umowę nr UMO-2018/31/D/NZ6/02648).

Celem projektu jest identyfikacja kluczowych determinantów genetycznych *Staphylococcus aureus* związanych z rozwojem zakażeń krwi w Polsce.

*Staphylococcus aureus* jest przyczyną zakażeń krwi, związanych z powikłaniami i wysoką śmiertelnością. Identyfikacja kluczowych czynników odpowiedzialnych za rozwój tych zakażeń jest skomplikowana ze względu na wieloaspektowy charakter zjadliwości *S. aureus*, różnorodność ewolucyjną tej chorobotwórczej bakterii, a także specyficzność gospodarza i infekowanej niszy. Czynniki wirulencji i wynikające z nich cechy fenotypowe, które odpowiadają za chorobotwórczość *S. aureus* (np. unikanie odpowiedzi immunologicznej gospodarza, cytotoksyczność czy zdolność do tworzenia biofilmów) zostały scharakteryzowane przy pomocy dominujących do tej pory badań „genotyp-fenotyp”. Tego typu badania pozwalają na identyfikację determinujących tę cechę genów, co może być wykorzystane do dalszej analizy molekularnej i strukturalnej związanego z tą cechą mechanizmu. Fenotypy są też kontrolowane przez sieć regulatorów zarówno na poziomie komórkowym, jak i populacyjnym, m.in. w odpowiedzi na zmieniające się warunki środowiskowe i stres (np. poziomy składników odżywczych, pH, temperatura), jak ma to miejsce podczas różnych etapów infekcji. Ich indywidualny lub łączny wpływ na rozwój choroby pokazany został z wykorzystaniem zwierzęcych modeli infekcji. Jednak wzrost dostępności danych genomowych patogena (WGS) i związanych z nimi objawów pacjentów stwarza nową możliwość – odkrycia kluczowych i specyficznych dla ludzkich zakażeń mechanizmów zaangażowanych w rozwój bakteriemii.

Proponowana metodyka opiera się o genomowe badania asocjacyjne (z ang. *genome wide association studies*, GWAS) badające powiązania między wariantami genetycznymi (w tym single nucleotide polymorphisms, SNPs czy indelami) a pożądanymi fenotypami. Zastosowanie GWAS w analizie bakteryjnych genomów jest nadal pionierską metodą, która wprowadzona została w ciągu ostatnich lat w celu identyfikacji zmian genetycznych istotnych z punktu widzenia epidemiologii, oporności na antybiotyki, czy chorobotwórczości. W proponowanym projekcie wykorzystane zostaną WGS, które zasocjowane zostaną z powiązanymi manifestacjami klinicznymi oraz z szeregiem danych fenotypowych („sygnałami adaptacyjnymi”) na etapie analizy dyskryminacyjnej, której celem będzie zidentyfikowanie kluczowych elementów genetycznych związanych z bakterią. Ponadto aby zwiększyć moc „sygnałów adaptacyjnych” wykonane zostaną testy fenotypowe, istotne z punktu widzenia rodzaju choroby, niszy oraz specyfiki gospodarza, w tym wzrost bakterii w krwi i w osoczu, adhezja do glikoprotein w osoczu lub pojawienie się wywołanych antybiotykami persystentów. Te cechy fenotypowe zostaną zmierzone przy użyciu wysokoprzepustowych testów w oparciu o indeks konkurencyjności, który umożliwia ilościowe porównanie fenotypu badanego izolatu względem szczepu kontrolnego. Analiza całych genomów bakteryjnych, powiązanych objawów klinicznych i sygnałów adaptacyjnych zmniejszy strukturę populacji i pozwoli na identyfikację determinantów genetycznych. Zidentyfikowane czynniki chorobotwórczości potwierdzone zostaną przy użyciu wariantów genetycznych wygenerowanych przez wyciszenie za pośrednictwem CRISPR i potwierdzone fenotypowo. Wykorzystane zostaną zarówno istniejące jak i nowo stworzone biblioteki izolatów bakteremicznych składający się z WGS i metadanych klinicznych. Nasza analiza będzie nowatorska

poprzez wykorzystanie jednorodnej grupy klonalnej. Badane będą izolaty należące do dominujących w Polsce grup klonalnych, tj. 5 i 45.

Nasz zespół pracować będzie w Zakładzie Genetyki Bakterii, na Wydziale Biologii Uniwersytetu Warszawskiego. Planujemy współpracę z klinicystami z Warszawskiego Uniwersytetu Medycznego oraz naukowcami z London School of Tropical Science i Trinity College Dublin.

#### Wymagania wobec kandydatów:

- tytuł magistra bioinformatyki, biologii, biotechnologii, biofizyki, matematyki lub kierunków pokrewnych,
- motywacja do pracy badawczej i obowiązkowość,
- bardzo dobra znajomość języka angielskiego,
- wiedza z zakresu bioinformatyki, mikrobiologii, genetyki bakterii i genomiki,
- (dodatkowym atutem będzie) znajomość podstawowych technik mikrobiologicznych i biologii molekularnej,
- (dodatkowym atutem będzie) zainteresowanie tematyką epidemiologii, biologii infekcji i mechanizmów chorobotwórczości *Staphylococcus aureus*,
- (dodatkowym atutem będzie) doświadczenie w projektach badawczych opartych na bioinformatyce / biologii obliczeniowej, takich jak np. projekty dyplomowe czy dodatkowe szkolenia.

#### Metody i zadania badawcze przewidziane do zastosowania w projekcie:

- standardowe techniki mikrobiologiczne i biologii molekularnej,
- tworzenie bibliotek szczepów, w tym imputacja całych genomów, filogeneza i analiza porównawcza bibliotek,
- wysokoprzepustowe badania fenotypowe *in vitro* w celu identyfikacji sygnałów adaptacyjnych w oparciu o indeks konkurencyjności,
- badania asocjacyjne genomów; WGS x sygnały adaptacyjne x objawy kliniczne

#### **Dyscyplina: nauki biologiczne**

#### **Limit miejsc: 1**

#### **Promotorzy**

Prof. dr hab. Dariusz Bartosik oraz (pomocniczo) dr Marta Anna Zapotoczna

**Stypendium** 4000 zł przez 36 miesięcy, i 3653,70 zł w ostatnim roku kształcenia w Szkole.

#### **Harmonogram rekrutacji**

- rejestracja w IRK: od 1 do 15 października 2019 r.,
- przyjmowanie dokumentów: od 7 do 18 października 2019 r., do godz. 14:00,
- postępowanie rekrutacyjne: od 21 do 25 października 2019 r.,
- ogłoszenie listy rankingowej: do 30 października 2019 r.
- ogłoszenie listy przyjętych do Szkoły Doktorskiej: do 5 listopada 2019 r.

#### **Oplata rekrutacyjna**

150 zł

## **Forma postępowania kwalifikacyjnego**

1. Ocena kompletności i zgodności formalnej dokumentów
2. Rozmowa kwalifikacyjna;
  - ocena dorobku i osiągnięć naukowych kandydata
  - określenie kompetencji do realizacji zadań w projekcie

## **Język postępowania kwalifikacyjnego, w tym rozmowy kwalifikacyjnej**

Język polski lub angielski w zależności od preferencji kandydata. W przypadku wyboru języka polskiego, postępowanie kwalifikacyjne będzie zawierało część prowadzoną w języku angielskim.

## **Wymagane dokumenty**

1. podanie wygenerowane w IRK, które zawiera przedmiot wniosku, w tym wybraną dyscyplinę, w której kandydat planuje kształcenie, numer PESEL lub numer paszportu, obywatelstwo, dane kontaktowe (adres, adres poczty elektronicznej, numer telefonu), informację czy kandydat wyraża zgodę na doręczenie decyzji administracyjnych za pomocą środków komunikacji elektronicznej oraz podpis;
2. dyplom ukończenia jednolitych studiów magisterskich bądź studiów drugiego stopnia lub równorzędny uzyskany na podstawie odrębnych przepisów;
3. życiorys zawierający informacje o zainteresowaniach naukowych i aktywności naukowej kandydata od dnia 1 października 2014 r. włącznie, z zastrzeżeniem § 18 ust. 7 uchwały nr 412 z dnia 17 kwietnia 2019 r. w sprawie warunków i trybu postępowania rekrutacyjnego do Szkół Doktorskich na Uniwersytecie Warszawskim w roku akademickim 2019/2020 (Monitor UW poz. 116 ze zm.), w szczególności o publikacjach, pracach badawczych w kołach naukowych, udziale w konferencjach naukowych, udziale w projektach badawczych, nagrodach, wyróżnieniach, stażach badawczych;
4. kontakt do 2-3 pracowników naukowych, którzy udostępnią referencje;
5. list motywacyjny;
6. dokumenty potwierdzające znajomość języków obcych lub oświadczenie o znajomości języka angielskiego w stopniu umożliwiającym kształcenie w Szkole Doktorskiej Nauk Ścisłych i Przyrodniczych;
7. krótki opis metody która mogłaby mieć zastosowanie w projekcie badawczym (do 500 słów, oraz bibliografia) wraz z uzasadnieniem. Alternatywą będzie zaprezentowanie jednej z publikacji podczas rozmowy kwalifikacyjnej.
8. 1 zdjęcie,
9. zgoda na przetwarzanie danych osobowych na potrzeby postępowania kwalifikacyjnego w ramach UW.

Skany dokumentów, o których mowa w pkt 2-7, oraz materiałów potwierdzających wskazaną w życiorysie własną aktywność naukową (np. co najmniej stronę tytułową potwierdzającą autorstwo publikacji), a także zdjęcie kandydat umieszcza w systemie IRK do dnia 15 października 2019 r. do godz. 23:59.

Oryginalne dokumenty z pkt 1, 2 i 9 składa w Sekretariacie Szkoły Doktorskiej Nauk Ścisłych i Przyrodniczych (ul. Krakowskie Przedmieście 1) do dnia 15 października 2019 r. do godz. 14.00.

## **Kryteria oceny**

1. Ocena kompletności i zgodności formalnej dokumentów (warunek formalny)
2. Pierwsza część rozmowy kwalifikacyjnej ma na celu określenie kompetencji do realizacji zadań w projekcie. Kandydat może dokonać wyboru zadania za które otrzymuje punktację 0-4, która będzie stanowiła 30% oceny końcowej. Zadania do wyboru to;

a) krótka prezentacja/recenzja jednego z proponowanych artykułów (0-4pkt ma na celu określenie kompetencji do realizacji zadań w projekcie i będzie stanowiło 30% oceny końcowej)

- A) Recker et al. Nat Microbiol. 2017 Oct;2(10):1381-1388. doi: 10.1038/s41564-017-0001-x
- B) Yokoyama et al. Genome Biol. 2018 Jul 18;19(1):94. doi: 10.1186/s13059-018-1469-2
- C) Lacoma et al. Sci Rep. 2019 Jul 25;9(1):10798. doi: 10.1038/s41598-019-47258-6
- D) Dymond et al. Clin Infect Dis. 2019 Jun 18. pii: ciz480. doi: 10.1093/cid/ciz480

lub

b) krótki opis metody do wykorzystania w projekcie wraz z uzasadnieniem (pisemnie, do 500 słów w języku polskim lub angielskim)(0-4pkt co ma na celu określenie kompetencji do realizacji zadań w projekcie i będzie stanowiło 30% oceny końcowej)

3. Druga część rozmowy kwalifikacyjnej będzie miała na celu weryfikację dorobku naukowego kandydata zgodnie z życiorysem (0-4 pkt zgodnie z regulaminem NCN, co będzie stanowiło 50% oceny końcowej) oraz osiągnięcia kandydata, jak udział w projektach, doświadczenie badawcze, szkolenia (0-4 pkt zgodnie z regulaminem NCN, co będzie stanowiło 20% oceny końcowej).

Warunkiem przyjęcia do Szkoły Doktorskiej i uzyskania stypendium w projekcie jest osiągnięcie min. 51% ogólnej sumy punktów w postępowaniu kwalifikacyjnym.

### **Program kształcenia**

Kształcenie trwa 4 lata. Obejmuje zajęcia obowiązkowe (nie więcej niż 240 godz. łącznie przez cały okres kształcenia) oraz realizację indywidualnego programu badawczego, realizowanego pod kierunkiem promotora.

Przygotowanie rozprawy doktorskiej w ramach programu nie może trwać dłużej niż 4 lata.