

Θέση μεταδιδακτορικού ερευνητή μοριακής γενετικής – Functional Genomics Lab

Το εργαστήριο Functional Genomics του Ερευνητικού Κέντρου Βιοϊατρικών Επιστημών Αλέξανδρος Φλέμιγκ καλεί ενδιαφερόμενους να υποβάλλουν αιτήσεις για μία θέση μεταδιδακτορικού ερευνητή μοριακής γενετικής για την υλοποίηση ερευνητικού προγράμματος στα πλαίσια της Δράσης «ΣΥΝΕΡΓΑΣΙΑ II» και τίτλο «Ανίχνευση νέων αλληλομόρφων που προδιαθέτουν για καρκίνο μαστού και ωοθηκών μέσω αλληλούχησης επόμενης γενιάς όλου του γονιδιώματος». Το έργο υλοποιείται στο πλαίσιο του Επιχειρησιακού Προγράμματος «Εκπαίδευση και Δια Βίου Μάθηση» και συγχρηματοδοτείται από την Ευρωπαϊκή Ένωση (Ευρωπαϊκό Κοινωνικό Ταμείο-ΕΚΤ) και από εθνικούς πόρους. Το πρόγραμμα θα υλοποιηθεί στους χώρους του Ερευνητικού Κέντρου Βιοϊατρικών Επιστημών «Αλέξανδρος Φλέμιγκ», στην Βάρη Αττικής. Το πρόγραμμα θα διαρκέσει 30 μήνες από τον Ιανουάριο του 2013.

Αναζητείται ερευνητής/τρια με δημοσιεύσεις σε έγκριτα επιστημονικά περιοδικά και διδακτορική διατριβή στην μοριακή βιολογία, γενετική ή σε παρεμφερές πεδίο. Ο/η ιδανικός υποψήφιος θα έχει εμπειρία σε εργαστηριακές τεχνικές όπως next-generation sequencing, απομόνωση νουκλεϊκών οξέων, PCR, RT-PCR, και chromatin immunoprecipitation. Γνώσεις βιοπληροφορικής, στατιστικής και large-scale sequence analysis είναι εξαιρετικά επιθυμητές. Η θέση αφορά την ανάπτυξη και εφαρμογή τεχνολογιών next generation sequencing για τον προσδιορισμό γενετικών παραγόντων κινδύνου για καρκίνο του μαστού και των ωοθηκών. Ερευνητική εμπειρία στους παραπάνω τομείς θα συνεκτιμηθεί.

Οι υποψήφιοι θα πρέπει να στείλουν: α) πλήρες βιογραφικό σημείωμα, β) σύντομο υπόμνημα για τα προσόντα, την εμπειρία και τα ερευνητικά ενδιαφέροντά τους και γ) τα στοιχεία επικοινωνίας τριών ακαδημαϊκών/επιστημονικών προσώπων ή προηγούμενων εργοδοτών στους Ιωάννη Ραγκούση (ragoussis@fleming.gr) και Αντιγόνη Δήμα (dimas@fleming.gr). Καταληκτική ημερομηνία 31^η Δεκεμβρίου 2012.

Σχετικές δημοσιεύσεις:

Buffa, F.M., Camps, C., Winchester, L., Snell, C.E., Gee, H.E., Sheldon, H., Taylor, M., Harris, A.L., and **Ragoussis, J.** 2011. microRNA-associated progression pathways and potential therapeutic targets identified by integrated mRNA and microRNA expression profiling in breast cancer. *Cancer Res* **71**(17): 5635-5645.

Camps, C., Buffa, F.M., Colella, S., Moore, J., Sotiriou, C., Sheldon, H., Harris, A.L., Gleadle, J.M., and **Ragoussis, J.** 2008. hsa-miR-210 is induced by hypoxia and is an independent prognostic factor in breast cancer. *Clin Cancer Res* **14**(5): 1340-1348.

Lise, S., Jackson, M., Kwasniewska, A., Clarkson, Y., Perkins E., Sadighi Akha, E., Gregory, L., Green, A., Allan, C., Lambie, S., Jayawant, S., Cader, M.Z., Quaghebeur, G., Kanapin, A., Rimmer, A., Lunter, G., Cazier, J.B., Taylor, J., Bentley, D., McVean, G., Donnelly, P., Knight, S.J., **Ragoussis, J.** and Nemeth, A.H. Recessive mutations in SPTBN2 cause dysequilibrium syndrome and implicate β -III spectrin in both cortical and cerebellar function (2012). *Plos Genet.* In press.

Θέση μεταδιδακτορικού ερευνητή βιοπληροφορικής – Functional Genomics Lab

Το εργαστήριο Functional Genomics του Ερευνητικού Κέντρου Βιοϊατρικών Επιστημών Αλέξανδρος Φλέμιγκ καλεί ενδιαφερόμενους να υποβάλλουν αιτήσεις για μία θέση μεταδιδακτορικού ερευνητή βιοπληροφορικής για την υλοποίηση ερευνητικού προγράμματος στα πλαίσια της Δράσης «ΣΥΝΕΡΓΑΣΙΑ II» και τίτλο «Ανίχνευση νέων αλληλομόρφων που προδιαθέτουν για καρκίνο μαστού και ωοθηκών μέσω αλληλούχησης επόμενης γενιάς όλου του γονιδιώματος». Το έργο υλοποιείται στο πλαίσιο του Επιχειρησιακού Προγράμματος «Εκπαίδευση και Δια Βίου Μάθηση» και συγχρηματοδοτείται από την Ευρωπαϊκή Ένωση (Ευρωπαϊκό Κοινωνικό Ταμείο-ΕΚΤ) και από εθνικούς πόρους. Το πρόγραμμα θα υλοποιηθεί στους χώρους του Ερευνητικού Κέντρου Βιοϊατρικών Επιστημών «Αλέξανδρος Φλέμιγκ», στην Βάρη Αττικής. Το πρόγραμμα θα διαρκέσει 30 μήνες από τον Ιανουάριο του 2013.

Αναζητείται ερευνητής/τρια με δημοσιεύσεις σε έγκριτα επιστημονικά περιοδικά και διδακτορική διατριβή στην επιστήμη των υπολογιστών ή σε παρεμφερές πεδίο. Απαραίτητη είναι η ερευνητική εμπειρία στον χώρο της βιοπληροφορικής, υπολογιστικής βιολογίας και high throughput sequence data analysis. Η θέση αφορά την ανάπτυξη και εφαρμογή pipelines για ανάλυση δεδομένων next generation sequencing, data integration, mining και τον προσδιορισμό νοσογόνων μεταλλάξεων.

Οι υποψήφιοι θα πρέπει να στείλουν: α) πλήρες βιογραφικό σημείωμα, β) σύντομο υπόμνημα για τα προσόντα, την εμπειρία και τα ερευνητικά ενδιαφέροντά τους και γ) τα στοιχεία επικοινωνίας τριών ακαδημαϊκών/επιστημονικών προσώπων ή προηγούμενων εργοδοτών στους Ιωάννη Ραγκούση (ragoussis@fleming.gr) και Αντιγόνη Δήμα (dimas@fleming.gr). Καταληκτική ημερομηνία 31^η Δεκεμβρίου 2012.

Σχετικές δημοσιεύσεις:

Buffa, F.M., Camps, C., Winchester, L., Snell, C.E., Gee, H.E., Sheldon, H., Taylor, M., Harris, A.L., and **Ragoussis, J.** 2011. microRNA-associated progression pathways and potential therapeutic targets identified by integrated mRNA and microRNA expression profiling in breast cancer. *Cancer Res* **71**(17): 5635-5645.

Camps, C., Buffa, F.M., Colella, S., Moore, J., Sotiriou, C., Sheldon, H., Harris, A.L., Gleadle, J.M., and **Ragoussis, J.** 2008. hsa-miR-210 is induced by hypoxia and is an independent prognostic factor in breast cancer. *Clin Cancer Res* **14**(5): 1340-1348.

Lise, S., Jackson, M., Kwasniewska, A., Clarkson, Y., Perkins E., Sadighi Akha, E., Gregory, L., Green. A., Allan, C., Lambie, S., Jayawant, S., Cader, M.Z., Quaghebeur, G., Kanapin, A., Rimmer, A., Lunter, G., Cazier, J.B., Taylor, J., Bentley, D., McVean, G., Donnelly, P., Knight, S.J., **Ragoussis, J.** and Nemeth, A.H. Recessive mutations in SPTBN2 cause dysequilibrium syndrome and implicate β -III spectrin in both cortical and cerebellar function (2012). *Plos Genet.* *In press.*

Θέση μεταδιδακτορικού ερευνητή γενετικής – Functional Genomics Lab

Το εργαστήριο Functional Genomics του Ερευνητικού Κέντρου Βιοϊατρικών Επιστημών Αλέξανδρος Φλέμιγκ καλεί ενδιαφερόμενους να υποβάλλουν αιτήσεις για μία θέση μεταδιδακτορικού ερευνητή γενετικής για την υλοποίηση ερευνητικού προγράμματος στα πλαίσια της Δράσης «ΘΑΛΗΣ» και τίτλο «Γονιδιωματική μελέτη στη νοσογόνο παχυσαρκία. Γενετικοί παράγοντες κινδύνου, ο ρόλος της διατροφής και του τρόπου ζωής». Το έργο υλοποιείται στο πλαίσιο του Επιχειρησιακού Προγράμματος «Εκπαίδευση και Δια Βίου Μάθηση» και συγχρηματοδοτείται από την Ευρωπαϊκή Ένωση (Ευρωπαϊκό Κοινωνικό Ταμείο-ΕΚΤ) και από εθνικούς πόρους. Το πρόγραμμα θα υλοποιηθεί στους χώρους του Ερευνητικού Κέντρου Βιοϊατρικών Επιστημών «Αλέξανδρος Φλέμιγκ», στην Βάρη Αττικής. Το πρόγραμμα θα διαρκέσει 26 μήνες από τον Ιανουάριο του 2013.

Αναζητείται ερευνητής/τρια με δημοσιεύσεις σε έγκριτα επιστημονικά περιοδικά και διδακτορική διατριβή στην γενετική ή σε παρεμφερές πεδίο. Ο/η ιδανικός υποψήφιος θα έχει εμπειρία σε εργαστηριακές τεχνικές όπως next-generation sequencing, απομόνωση νουκλεϊκών οξέων, PCR, RT-PCR, και chromatin immunoprecipitation καθώς και τον χειρισμό σπανίων δειγμάτων με περιορισμένο βιολογικό υλικό. Γνώσεις βιοπληροφορικής, στατιστικής και large-scale sequence analysis είναι εξαιρετικά επιθυμητές. Η θέση αφορά την μελέτη λιπώδους ιστού από κανονικού βάρους και υπέρβαρους άνδρες και γυναίκες από τον ελληνικό πληθυσμό ώστε να προσδιοριστούν γενετικοί παράγοντες ρίσκου καρδιαγγειακών νόσων και διαβήτη τύπου 2. Θα μελετηθούν επίσης βιομάρτυρες από αίμα καθώς και επιπρόσθετοι παράγοντες που διαμορφώνουν το ρίσκο νόσου. Το ερευνητικό έργο αυτό είναι σε συνεργασία με το Χαροκόπειο Πανεπιστήμιο.

Οι υποψήφιοι θα πρέπει να στείλουν: α) πλήρες βιογραφικό σημείωμα, β) σύντομο υπόμνημα για τα προσόντα, την εμπειρία και τα ερευνητικά ενδιαφέροντά τους και γ) τα στοιχεία επικοινωνίας τριών

ακαδημαϊκών/επιστημονικών προσώπων ή προηγούμενων εργοδοτών στους Ιωάννη Ραγκούση (ragoussis@fleming.gr) και Αντιγόνη Δήμα (dimas@fleming.gr). Καταληκτική ημερομηνία 31^η Δεκεμβρίου 2012.

Σχετικές δημοσιεύσεις:

Dimas, A.S., Nica, A.C., Montgomery, S.B., Stranger, B.E., Raj, T., Buil, A., Giger, T., Lappalainen, T., Gutierrez-Arcelus, M., McCarthy, M.I. et al. 2012. Sex-biased genetic effects on gene regulation in humans. *Genome Res*.

Celona, B., Weiner, A., Di Felice, F., Mancuso, F.M., Cesarini, E., Rossi, R.L., Gregory, L., Baban, D., Rossetti, G., Grianti, P., Pagani, M., Bonaldi, T., **Ragoussis, J.**, Friedman, N., Camilloni, G., Bianchi, M., Agresti, A.. 2011. Substantial histone reduction modulates genomewide nucleosomal occupancy and global transcriptional output. *PLoS Biol* **9**(6): e1001086.

Schodel, J., Oikonomopoulos, S., **Ragoussis, J.**, Pugh, C.W., Ratcliffe, P.J., and Mole, D.R. 2011. High-resolution genome-wide mapping of HIF-binding sites by CHIP-seq. *Blood* **117**(23): e207-217.