

Maria Pia Cosma 教授团队诚聘科研型博士后

一、合作导师介绍

Pia Cosma 于 2000 年获得意大利那不勒斯费德里克二世大学医学院细胞和分子遗传学专业博士学位，博士后期间曾获玛丽居里博士后基金资助。2003 年底开始，在那不勒斯 TIGEM 成立了科研团队，并成为 EMBO（欧洲分子生物学组织）青年研究员成员（YIP）。从 2004 年到 2010 年，担任 SEMM（欧洲分子医学学院）讲师，并于 2009 年至 2015 年在那不勒斯 IGB（Institute of Genetics and Biophysics (IGB), CNR）担任名誉副研究员。2010 年 4 月，加入西班牙巴塞罗那基因组调控中心（CRG），担任高级科学家和 ICREA（加泰隆尼亚研究与高级研究所）研究教授。她多次应邀在重大国际会议和研究机构发表演讲。



获得奖项包括：2005年玛丽居里卓越奖，2007年意大利共和国荣誉勋章，2015年巴塞罗那城市奖，2018年La Caixa Health。此外，她是 2009 年 ERC stGrant 获奖者和 2010 年 HFSP 基金获得者。她于2010年当选为EMBO会员。是 H2020 FET 开放项目的协调员。除了欧盟的资助外，Pia Cosma还获得国家自然科学基金等多项中国资助。2018年底，她加入中国科学院广州生物医药与健康研究院，目前在广东省人民医院（GDPH）担任研究员。

现海内外诚聘博士后人员若干名，欢迎申请加入本团队！

二、课题组主要研究内容

在国家自然科学基金及省部级等多个项目支持下，研究包括：

对研究基因和染色质功能方面的研究 (Cantone et al., Cell 2009)。使用超分辨率显微镜 (STORM) , 团队最近确定了染色质纤维组装的新模型 , 以及纤维如何在体细胞 , 胚胎干细胞和诱导多能干细胞中发生变化 (Ricci et al. Cell 2015, Neguembor et al., NAR 2018, Otterstrom et al., NAR 2019; Cosma and Lakadamyali Nature Methods 2020; Neguembor et al. Molecular Cell 2021; Castells-Garcia et al. NAR 2022; Neguembor et al. Nature Struct. Mol. Biol 2022) 。

Cosma 团队目前正在使用应用于超分辨率显微镜数据的人工智能方法来研究体细胞重编程和分化过程中染色质结构和组织的变化。这些研究推动了团队对控制体细胞重编程和组织再生机制的研究 , 重点是剖析 Wnt 信号通路的功能 (Lluís et al., Cell Stem Cell 2008; Frade et al., Science Advances 2019; Arumugam et al. Cell Reports 2020) 。



三、 合作导师代表性论著

- 1) The Multiple Sulfatase Deficiency Gene Encodes an Essential and Limiting Factor for the Activity of Sulfatases, *Cell*, 2003.
- 2) Chromatin fibers are formed by heterogeneous groups of nucleosomes in vivo, *Cell*, 2015.
- 3) Super-resolution microscopy reveals nucleosomal level decompaction of chromatin upon hyperacetylation, *Nucleic Acid Research*, 2019.
- 4) Visualizing the genome in high resolution challenges our textbook understanding, *Nature Methods*, 2020.
- 5) Transcription-mediated supercoling regulates genome folding and loop formation, *Molecular Cell*, 2021.
- 6) Super resolution microscopy reveals how elongating RNAPolymerase II and nascent RNA interact with nucleosome clutches, *Nucleic Acid Research*, 2021.
- 7) The Wnt/TCF7L1 transcriptional repressor axis drives primitive endoderm formation by

antagonizing naive and formative pluripotency, *Nature Communications*, 2023.

四、 博士后招收研究方向及基本要求

生信分析博士后

要求：

1. 具有生物信息学、计算科学、数学、物理或相关学科博士学位。
2. 具备以下基本技能： Matlab 和 Python 脚本编程，超算、并行计算、生物信息脚本开发。
3. 具备以下任何一项专业知识和技能者优先： R、Shell，图像处理、机器学习/人工智能、空间建模与统计等。

项目和工作职责

1. 与湿实验室科学家携手合作，开发用于分析单分子定位超分辨率成像数据以及生物信息学基因组数据的新工具和方法。 研究项目将利用以下超分辨率成像技术，其中包括：尼康 N-storm，Vutara 352，Oxford NanoImager。
2. 应用机器学习方法分析超分辨率成像数据，总体目标是发现染色质空间分布的新特征和特征。
3. 分析在多个物种中收集的大型生物信息基因组数据。
4. 维护和扩展分析脚本库和管道，并使用 Matlab 或 Python 代码开发 GUI。

细胞生物学和组织再生领域博士后：

要求：

- 1、具有生物学、生物医学、生物物理学或相关学科博士学位；
2. 具备以下基本技能：在细胞生物学和成像方法方面有扎实的经验，最好

是干细胞生物学和/或动物和组织生物学；

3、具备以下任何一项专业知识和技能者优先：超分辨率成像方法知识、显微镜成像经验、基因组编辑和基因组学。

拟开展项目：

1.研究使用单细胞超分辨率成像方法和基因组分析来确定细胞分化和重编程以及 3D 基因组组织的机制方面的项目。

2.从事旨在建立有效的细胞治疗方法来再生修复大型动物的视网膜的项目。

五、 博士后相关待遇

1. 年薪 30 万起（税前，含五险一金）。

2. 另发住房补贴 4000 元/月。

3. 博士后启动经费 5 万元，中期考核合格者追加 3-5 万元科研经费。

4. 根据个人需要，可协助办理个人落户。

5. 鼓励并支持博士后申请各类博士后基金项目 and 人才计划，参加国际学术交流(境外交流项目)，助力青年人才成长和发展。

6. 鼓励并支持博士后独立申报国家、省部级基金以及广东省的各类博士后人才项目。

7. 申请获得国自然项目，医院按资助金额 1:1 进行配套。

六、 应聘材料

1.个人简历（含教育背景、科研背景、研究特长）；

2.学历证书、学位证书、获奖证书等复印件；

3.两名推荐人（包括博士生导师）的推荐信 2 封；

4. 博士论文、代表性论文等学术成果证明材料复印件；

5. 进站后工作设想（3000 字左右）。

七、 联系方式

有意向者将应聘材料发送至如下邮箱，邮件主题请注明“博士后应聘”。

E-mail: pia.cosma@crg.eu

联系老师：钟丽梅

联系电话：19128630602