

Stellenausschreibung der Universität Regensburg | Nummer 23.053

Die Universität Regensburg ist mit über 20.000 Studierenden eine innovative und interdisziplinär ausgerichtete Campus-Universität mit vielseitigen und hochrenommierten Forschungsaktivitäten und einem breiten und attraktiven Studienangebot für junge Menschen aus dem In- und Ausland. Der Lehrstuhl „Computational Immunology“ forscht an der Schnittstelle zwischen der methodengetriebenen, datenwissenschaftlichen und der hypothesengetriebenen, biologischen Seite der Bioinformatik (<https://erhard-lab.de>). Wir entwickeln statistische Methoden, um quantitative Parameter aus molekularen Hochdurchsatzdaten zu gewinnen und heterogene Datensätze miteinander zu verknüpfen. Ein Netz an experimentellen Kollaborationspartnern ermöglicht uns die Anwendung dieser neuen Methoden auf eigens generierte Daten, um gänzliche neue und spannende Einblicke in die Welt der Immunologie gewinnen zu können. Dort ist zum nächstmöglichen Zeitpunkt eine Stelle als

Wissenschaftlicher Mitarbeiter (Doktorand) / Wissenschaftliche Mitarbeiterin (Doktorandin) (m/w/d)

in Vollzeit (40,1 Stunden pro Woche) für das Projekt "Cell type-specific HCMV gene expression and its consequences for the MHC-I immunopeptidome" für 3 Jahre zu besetzen. Die Stelle ist teilzeitgeeignet. Die Vergütung erfolgt nach TV-L E13.

Projekt

Multi-omics-Techniken in Kombination mit speziellen bioinformatischen Analysemethoden haben unser Wissen und Verständnis viraler Genprodukte revolutioniert. In enger Zusammenarbeit mit experimentellen Labors und unter Verwendung der in unserer Arbeitsgruppe entwickelten Tools („PRICE“, „Peptide-PRISM“) haben wir vor kurzem die Genome verschiedener Herpesviren, einschließlich des klinisch hoch-relevanten humanen Zytomegalovirus (HCMV), neu annotiert. In diesem Projekt werden wir einen Schritt weiter gehen und eine zeitlich aufgelöste und zelltypspezifische Kartierung der HCMV-Genprodukte erstellen. Wir werden uns auf die quantitativen Aspekte der viralen Genexpression konzentrieren, indem wir Daten von metabolisch markierter RNA und Proteinen analysieren, und damit die Folgen von Veränderungen der Genexpression für die Überwachung durch T-Zellen untersuchen. Diese einzigartige Kombination aus modersten experimentellen Technologien und neuen bioinformatischen Methoden wird ein neues Licht auf die seti langem bestehenden Fragen werfen, wie HCMV der Erkennung durch das Immunsystem entgeht. Dieses Projekt ist Teil der DFG-geförderten Forschergruppe. „Fortschrittliche Konzepte in der zellulären Immunkontrolle von Zytomegalieviren“.

Ihre Aufgaben:

- Weiterentwicklung unserer bioinformatischen Methode „GRAND-SLAM“, um Translationskinetiken („Ribo-seq“-Daten) mit Hilfe metabolischer RNA Markierung zu analysieren, mit dem Ziel, die zeitliche Dynamik viraler Genexpression aufzuschlüsseln.
- Integrative Analyse von zeitaufgelösten, multimodalen Hochdurchsatzdaten zur Bestimmung und Quantifizierung von Transkriptions-Initiation, der Translation, der Gen-Expression auf RNA- und Protein-Ebene und der Präsentation von Antigenen nach Zytomegalievirus-Infektion in mehreren Zelltypen.
- Erforschung der komplexen Virus-Wirtszell-Wechselwirkung bei der Zytomegalievirus-Infektion und der viralen Evasion von T- und NK-Zell basierter Immunantwort in enger Kollaboration mit experimentellen Forschern.

Unsere Anforderungen:

- Ein Hochschulabschluss in Bioinformatik, Statistik, Informatik, Data Science oder einer verwandten Disziplin ist erforderlich.
- Programmiererfahrung (vorzugsweise in R und Java) und sicherer, praktischer Umgang sowie theoretische Kenntnisse statistischer Methoden wird vorausgesetzt.
- Erfahrung im Umgang mit biologischen molekularen Hochdurchsatzdaten ist gewünscht.
- Wir erwarten Kommunikationsfähigkeit, die Bereitschaft, in einem interdisziplinären Team zu forschen, sowie ein hohes Maß an intrinsischer Motivation, sich sowohl mit der Methodik als auch mit der Biologie unserer Fragestellungen auseinanderzusetzen.

Wir bieten Ihnen:

- Als Teil eines jungen und internationalen Teams forschen Sie mittels bioinformatischer Methoden an hochaktuellen und spannenden Themen der Immunologie.
- Der methodische Teil des Projektes trägt zu unserem GRAND-SLAM/grandR toolkit bei, das weltweit von vielen Forschern verwendet wird, um die Kinetik der Gen-Expression für verschiedenste Fragestellungen zu untersuchen.
- Sie werden sich Kenntnisse sowohl in der theoretischen als auch der praktischen bioinformatischen Forschung aneignen und lernen, ihre Forschung in den beiden sehr unterschiedlichen Forschungszweigen der Datenwissenschaften und der Biologie zu kommunizieren.
- Wir bieten eine flexible Organisation der Arbeitsmöglichkeiten.
- Das Anstreben einer Promotion ist erwünscht.

Die Universität Regensburg strebt eine Erhöhung des Frauenanteils an und fordert daher qualifizierte Frauen ausdrücklich zur Bewerbung auf. Die Universität Regensburg setzt sich besonders für die Vereinbarkeit von Familie und Beruf ein (nähere Informationen unter <https://www.uni-regensburg.de/universitaet/personalentwicklung/familien-service>).

Bei im Wesentlichen gleicher Eignung werden schwerbehinderte Bewerberinnen und Bewerber bevorzugt eingestellt. Bitte weisen Sie auf eine vorliegende Schwerbehinderung ggf. bereits in der Bewerbung hin.

Bitte beachten Sie, dass wir Kosten, die bei einem etwaigen Vorstellungsgespräch für Sie anfallen sollten, nicht übernehmen können.

Bei Rückfragen wenden Sie sich bitte an Herrn Prof. Dr. Florian Erhard (E-Mail: florian.erhard@informatik.uni-regensburg.de). Wir freuen uns auf Ihre ausführliche Bewerbung, (Motivationsschreiben, Lebenslauf, Kurzzusammenfassung der Masterarbeit, Kontaktinformation zweier akademischer Referenzen) die Sie bitte in einer PDF-Datei bis zum **19. März 2023** per E-Mail an jobs@erhard-lab.de senden.

Repräsentative Publikationen unserer Gruppe:

Erhard F, Dölken L, Schilling B, Schlosser A. Identification of the Cryptic HLA-I Immunopeptidome. *Cancer Immunol Res.* 2020.8(8):1018–26.

Erhard F, Baptista MAP, Krammer T, Hennig T, Lange M, Arampatzi P, Jürges CS, Theis FJ, Saliba A-E, Dölken L. scSLAM-seq reveals core features of transcription dynamics in single cells. *Nature.* 2019.571(7765):419–23.

Erhard F, Halenius A, Zimmermann C, L'Hernault A, Kowalewski DJ, Weekes MP, Stevanovic S, Zimmer R, Dölken L. Improved Ribo-seq enables identification of cryptic translation events. *Nature Methods.* 2018.15(5):363–6.

Hinweise zum Datenschutz finden Sie unter

https://www.uni-regensburg.de/assets/universitaet/stellenausschreibungen/dokumente/datenschutz_stellenausschreibungen_2020.pdf

