

# 盛欣课题组诚聘多组学整合/精准医学/AI/统计遗传/肾内科/代谢/免疫方向博士后

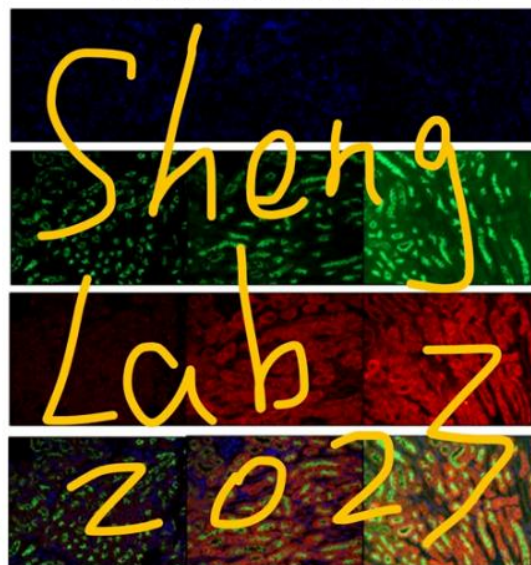
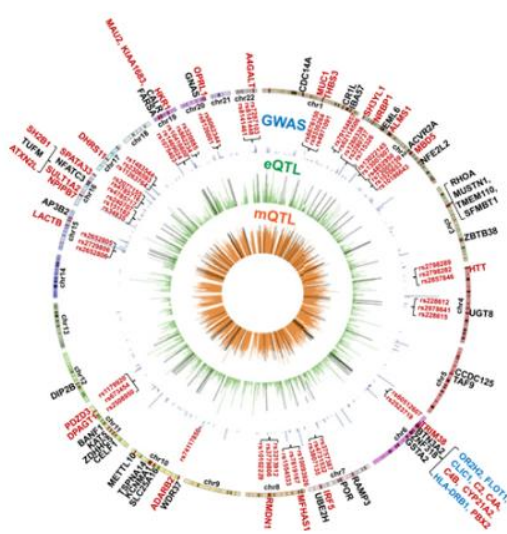
## 课题组介绍

盛欣，浙江大学“百人计划”研究员，博士生导师。盛欣课题组成立于2021年9月，致力于通过采用贝叶斯共定位分析、孟德尔随机化等多组学整合分析算法并自行研发算法来理解究竟在肾脏的何种细胞中何种致病基因发挥着重要致病作用。实验室有全面完善的慢性肾脏病（CKD）疾病表型（肾小球滤过率、血压、尿酸代谢等）丰富的多人群GWAS数据资源、人和不同小鼠疾病模型，以及疾病发展不同阶段的人、小鼠的肾脏、血液的多组学数据及单细胞多组学数据。在博后期间的研究中，盛欣研究员先后揭示了40多个糖尿病肾病的潜在致病基因（*PNAS*, 独立一作, 2020），200多个影响肾内皮表型（高血压、肾功能、尿酸代谢等）的潜在致病基因，并自行研发了通过比较混合效应模型精准追溯致病效应所源于的细胞类型（*Nature Genetics*, 一作一, 2021），所鉴定的靶点中，例如 *MANBA*（*Science Translational Medicine*, 一作三, 2021）、*CASP9*（*Science Advances*, 2021, 合作作者），*DACH1*（*Journal of Clinical Investigation*, 2021, 合作作者）等多个基因的致病机制已得到清晰的实验验证与机制解析，尤其针对 *MANBA* 还采用贝叶斯算法精准定位到1个SNP 其等位基因型可直接决定肾小管上皮细胞中溶酶体形态。相关研究成果多次在 *Nature Genetics*、*Cell Metabolism*、*Science Translational Medicine*、*PNAS* 等重要期刊发表论文29篇，累计影响因子大于460分，近五年引用量超过1900次，其中25篇（共29篇）属于高被引论文（h指数=20, i10指数=25），已发表一作（含共一）或通讯论文7篇，其研究成果屡次获得 *Nature Reviews Nephrology*、*Nature Reviews Genetics* 等杂志的专题报道，21年受邀于美国肾脏病年会做特邀口头报告。博士阶段开发的哺乳动物转录组数据库MTD已被Springer出版社《深度测序数据分析》收录，并与 *Human Protein Atlas (HPA)*、*Encode* 数据库等共计5个数据库一同推荐为是五大实用数据库之一。

课题组成立至今，人才培养成果：已指导组内博后成功申请到省自然科学基金探索项目。

通过贝叶斯共定位分析与孟德尔随机化的有机结合，揭示炎症在糖尿病肾病中的重要作用

发现新的药靶，并实验验证解析机制



同时多项研究成果初现：（1）开发完成新的算法体系以解析 CKD 的致病细胞，正在展开实验验证；（2）建立完善的我国群体狼疮肾炎的多组学数据；（3）建立完善的狼疮肾炎不同疾病发展阶段疾病模型鼠的肾脏、血液的单细胞多组学数据资源，并针对多种主要细胞已有重要发现，文章撰写中；（4）盛欣研究员自行计算鉴定的新的 CKD 致病基因，已经小鼠实验成功验证，表型显著，并正在申请专利；（5）通过多组学整合分析发现了致病 lncRNA 已经实验成功验证，文章在投，专利申请中；（6）带领浙大本科生开发完成全能性干细胞多组学数据库 Toti，文章撰写中等。

课题组现招聘数名博士后，诚邀各位加入。

## 招聘详情

### （1）博士后（实验生物学） 3 名

需具备一定的独立工作能力，博士期间以第一作者发表过同行评议的高水平学术论文，英语沟通能力良好和团队协作能力。

岗位要求：

1. 年龄 35 周岁以下，近期（或即将）取得基因组学、生物学或肾脏病学等相关领域的博士学位（先后顺序无优先级排序）；
2. 扎实的分子生物学和细胞生物学研究经验，能够独立设计、优化和完成相关实验；
3. 熟练掌握以下技能中的数项：PCR、RT-PCR、免疫组化实验、DNA/RNA 提取、Western Blot、免疫共沉淀、FISH、CRISPR 基因编辑、报告基因活性检验、细胞培养及转染、流式细胞分析技术、构建小鼠疾病模型（尤其是 CKD 和 AKI 模型）等；
4. 熟练掌握多组学（ATAC-seq、RNA-seq 等）和单细胞多组学的建库、测序实验；
5. 熟练掌握 CRISPR 筛选等实验，具有肾脏病相关研究经历者优先考虑。

### （2）博士后（生物信息学） 3 名

需具备一定的独立工作能力，博士期间以第一作者发表过同行评议的高水平学术论文，英语沟通能力良好和团队协作能力。

岗位要求：

1. 年龄 35 周岁以下，近期（或即将）取得生物信息学、数理统计、计算机、生物医学或统计相关领域的博士学位（先后顺序无优先级排序）；
2. 扎实的生物信息学研究经验，能够独立分析基因组、转录组、表观基因组等多组学以及单细胞多组学数据；

- 3.熟练掌握两门（R 和 Perl 或 Python）或多门计算语言(php、Java、C/C++等);
- 4.具有较强的统计学和数学背景，能正确运用统计学方法;
- 5.具有多组学数据整合分析背景（熟悉 QTL 识别、贝叶斯共定位、孟德尔随机化、TWAS、fine mapping 等计算），能独立开发数据库或算法者优先考虑。

## 薪酬待遇

### 博士后

- a) 按照良渚实验室博士后管理规定，提供专业的科研指导和具有竞争力的待遇（年薪 23 万起，优秀者年薪 35 万起），提供五险一金，其他福利待遇根据应聘人员资历从优提供。
- b) 支持申报博士后科学基金以及其他国家与地方科研项目。
- c) 课题组与美国知名实验室有合作联系，表现优异者有机会申请国际交流或联合培养。
- d) 博士后出站优秀者有机会申报特聘研究员或副研究员，入职杭州工作者可获得政府资助的 40-60 万安家费及各种人才补贴。

## 招聘程序

请有意者请将以下材料电子版发送到电子邮箱：[shengxin@zju.edu.cn](mailto:shengxin@zju.edu.cn)。邮件标题请注明“姓名\_申请博士后”或“姓名\_申请科研助理”。对于符合要求并通过初审者，将会通知安排面试。应聘材料将予以保密。

1. 详细的个人简历，包括学习工作经历、主要研究工作内容、代表性论文论著清单、获奖情况。
2. **Cover letter**: 简要介绍既往工作、研究兴趣和职业规划。
3. 申请人认为其他有借鉴意义的材料。

申请人请额外提供 2 封或以上推荐信（含导师推荐信，若无请说明，请从推荐人邮箱发出，申请人邮箱发出的视为无效），或提供推荐人联系方式。

**该应聘长期有效，直至相应岗位招聘满额。**



PI 会定期组织活动以鼓励干湿实验背景的学生间互相学习与交流，并会定期邀请不同领域的老师给予学生指导。对于具有出色独立科研能力的学生，愿给予大力支持。