



Offre de thèse financée

Interactions évolutives fonctionnelles entre éléments transposables et chromatine chez les vertébrés

ENS
ÉCOLE NORMALE
SUPÉRIEURE
DE LYON

Durée du financement : 3 ans (projet financé par l'Agence Nationale de la Recherche)

Date de début : septembre ou octobre 2021

Laboratoire : Institut de Génomique Fonctionnelle de Lyon, en collaboration avec le Laboratoire de Physique de l'Ecole Normale Supérieure de Lyon

Adresse : Ecole Normale Supérieure de Lyon, 46 allée d'Italie, Lyon

Contact : Jean-Nicolas VOLFF (Jean-Nicolas.Volff@ens-lyon.fr)

http://igfl.ens-lyon.fr/equipes/j.-n.-volff-fish-evolutionary-genomics/activite?set_language=en&cl=en

Thématique :

Les interactions fonctionnelles entre chromatine et éléments transposables ont été largement inexplorées dans les études évolutives à grande échelle. En effet, la structure chromatinienne est beaucoup moins traçable que les séquences codantes au cours de l'évolution. Un modèle physique du positionnement des nucléosomes basé sur le coût énergétique pour un fragment d'ADN de passer à sa conformation super-hélicale dans le nucléosome a été développé. Chez l'homme, ce modèle prédit l'existence de barrières énergétiques inhibitrices des nucléosomes (BEINs) correspondant à des régions dépourvues de nucléosomes, autour desquelles 4-6 nucléosomes sont bien positionnés. Ces régions couvrent plus de 38% du génome humain, le long desquels les prédictions de positionnement du nucléosome sont en très bon accord avec des données expérimentales *in vitro* et *in vivo*. Les BEINs constituant des régions à la structure chromatinienne *in vivo* codée par la séquence, notre approche permet ainsi pour la première fois d'étudier l'évolution de la chromatine par des approches de génomique comparée couvrant des périodes évolutives très longues.

Les éléments transposables sont des séquences répétées et mobiles qui constituent une proportion très importante des génomes eucaryotes. Par exemple, plus d'un million d'éléments Alu sont présents dans le génome humain (comparé à environ 20.000 gènes codant pour des protéines). De manière intéressante, nous avons constaté que plus de la moitié des éléments Alu sont insérés flanquant un BEIN, avec une orientation préférentielle. La/le candidat.e aura pour objectif de tester si ce phénomène peut être étendu aux éléments Alu d'autres espèces de primates, et à différents types d'éléments transposables dans différentes lignées de vertébrés. Une approche de génomique comparative permettra d'établir si les éléments transposables utilisent préférentiellement les BEINs pour s'intégrer dans les génomes, et/ou s'ils contribuent de manière significative à la formation et l'évolution des BEINs.

Environnement :

L'équipe de Jean-Nicolas Volff est spécialisée dans la génétique, la génomique et l'évolution des poissons ; elle possède en particulier une expertise reconnue au niveau international dans l'analyse des éléments transposables des vertébrés. L'IGFL constitue un cadre stimulant et riche pour la recherche en génomique, avec des équipes internationales abordant des aspects variés de l'étude des génomes. Le projet de thèse sera effectué, dans le cadre d'un projet interdisciplinaire financé par

l'Agence Nationale de la recherche (ANR), en collaboration proche (co-encadrement) avec Benjamin Audit et Cédric Vaillant du Laboratoire de Physique de l'ENS de Lyon, spécialistes de la modélisation physique du positionnement et de la dynamique de la chromatine à l'échelle des génomes entiers.

Profil et compétences recherchées :

Nous recherchons un(e) candidat(e) motivé(e) ayant un intérêt marqué pour la génomique fonctionnelle et évolutive, et capable de développer des approches bioinformatiques pour l'analyse intégrée de données fonctionnelles à grande échelle et de diverses annotations (en particulier celles des éléments transposables).

Candidature :

Merci d'envoyer CV complet, relevés de notes et classements, lettre de motivation et adresses e-mail de deux référent.e.s à : Jean-Nicolas.Volff@ens-lyon.fr

Pour en savoir plus : <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6028776/>