

Intitulé du sujet : Relaxation des pressions de sélection sur l'expression des gènes suite à la perte d'un trait morphologique : peut-on détecter une accumulation d'éléments transposables ?

Encadrants : Anamaria NECSULEA (anamaria.necsulea@univ-lyon1.fr), Marie FABLET (marie.fablet@univ-lyon1.fr), LBBE – UMR 5558

Lieu du stage : Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive (LBBE), 43 boulevard du 11 novembre 1918, Villeurbanne.

Résumé du projet :

Pour comprendre les bases génétiques de l'évolution phénotypique, une approche classique est de balayer les génomes d'organismes mutants (naturels ou artificiels) au sein d'une population, et d'associer les différentes mutations aux traits phénotypiques observés. Cette approche peut être adaptée pour étudier les mécanismes moléculaires de l'évolution phénotypique à une échelle évolutive plus grande, en comparant les génomes d'espèces qui ont indépendamment perdu le même trait (1). Dans ces lignées, la sélection naturelle n'agit plus sur les régions génomiques qui étaient ancestralement à l'origine du trait phénotypique étudié. Ces régions peuvent donc accumuler des mutations, allant des simples mutations ponctuelles jusqu'aux événements plus substantiels, comme l'insertion d'éléments transposables. La recherche de régions génomiques qui évoluent de manière accélérée peut donc permettre de prédire les bases génétiques d'un phénotype, dans ce contexte précis.

Dans le cadre de ce projet, nous proposons d'appliquer ce principe pour étudier les bases génétiques de la perte du phallus chez les oiseaux. En effet, plusieurs grandes lignées d'oiseaux (comme par exemple les Neoaves, certains représentants des Galloanserae, les Megapodidae) ont perdu indépendamment le phallus (2). Les mécanismes moléculaires responsables de cette perte ne sont pas encore élucidés. Pour étudier cette question, nous proposons de comparer les génomes et les transcriptomes de plusieurs espèces d'oiseaux, possédant ou non un phallus. En collaboration avec une équipe de l'Université de Bâle, nous avons généré des données de transcriptomique et d'épigénomique (modifications des histones) des précurseurs développementaux du phallus chez le poulet et le canard. Nous avons également initié le séquençage de génomes d'oiseaux. Ces séquences, en plus des génomes déjà publiés, permettront d'avoir un bon échantillonnage phylogénétique des espèces d'oiseaux.

Le sujet de Master proposé s'intéresse spécifiquement aux changements de l'expression des gènes entre espèces d'oiseaux possédant ou non un phallus, en relation avec les mutations qui interviennent au niveau de leurs régions régulatrices. Nous nous intéresserons en particulier aux accumulations d'éléments transposables dans les promoteurs et autres régions régulatrices de l'expression des gènes. Un premier objectif sera d'annoter rigoureusement les éléments transposables dans les différents génomes d'oiseaux, y compris dans les séquences génomiques « brouillon » produites au sein des équipes d'accueil. Ensuite, nous mettrons en relation ces insertions d'éléments transposables avec l'évolution des patrons d'expression des gènes.

Méthodes

La mise en œuvre de ce projet nécessitera l'analyse de données de séquençage (génomique, épigénomique, transcriptomique) à haut débit. L'annotation des éléments transposables sera réalisée grâce à des outils développés dans le laboratoire d'accueil. Pour l'identification des régions génomiques qui évoluent de manière accélérée, indépendamment dans plusieurs lignées, nous utiliserons des approches classiques de phylogénie moléculaire. Le bon déroulement du projet nécessitera des notions de programmation (par exemple Python), des bonnes connaissances de R et de l'environnement Linux.

Références

1. M. Hiller *et al.*, *Cell Rep.* **2**, 817–823 (2012).
2. A. M. Herrera, S. G. Shuster, C. L. Perriton, M. J. Cohn, *Curr. Biol.* **23**, 1065–1074 (2013).