

Sujet stage M2 2019-2020 : Analyse de la conservation évolutive des modifications chromatinienne de gènes paralogues chez la *Drosophila*, quel est le rôle des éléments transposables ? (English version below)

Responsable : Emmanuelle Lerat

Coordonnées : [emmanuelle.lerat\(AT\)univ-lyon1.fr](mailto:emmanuelle.lerat(AT)univ-lyon1.fr)

Laboratoire « Biométrie et Biologie Évolutive » UMR5558 Université Lyon 1

Co-Responsable : Carène Rizzon

Coordonnées : [carene.rizzon\(AT\)univ-evry.fr](mailto:carene.rizzon(AT)univ-evry.fr)

Laboratoire de Mathématiques et Modélisation d'Évry UMR8071 Université d'Évry

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

Résumé du projet

A un niveau intra-espèce, les gènes dupliqués (paralogues) peuvent avoir différents destins (néo-, sous-fonctionnalisation, pseudogénéisation) et on peut s'attendre à observer des variations au niveau des modifications épigénétiques et des éléments transposables (ET) qui leur sont associés. Dans ce stage, le but est de comparer la divergence en modifications de la chromatine parmi des paralogues et de tester si la présence d'ET, le temps depuis l'événement de duplication et la divergence de fonction ont un impact sur la conservation de ces modifications épigénétiques. On pourrait s'attendre à ce que des paralogues avec un voisinage en ET différent soient plus divergents au niveau des modifications épigénétiques et donc de leur expression. Cette divergence devrait être associée avec l'âge des paralogues. Il faudra aussi déterminer si les insertions d'ET qui étaient présentes avant l'événement de duplication peuvent être associées avec plus de conservation dans la fonction des gènes paralogues et leur paysage épigénétique.

Compétences requises

Ce stage implique d'effectuer des analyses de données NGS et génomiques en utilisant différents outils existants et d'utiliser des tests statistiques. Il faut donc avoir de très bonnes notions en statistiques (logiciel R), des compétences en programmation Python et shell, mais aussi un intérêt particulier dans l'évolution moléculaire.

Le but du stage

- 1/ identifier les gènes paralogues au sein du génome de *Drosophila melanogaster*, ainsi que leur âge et leur divergence de fonction
- 2/ comparer au sein d'une famille de gènes les insertions d'ET présentes et les modifications chromatinienne associées aux gènes dans plusieurs tissus
- 3/ tester la corrélation entre présence d'ET et divergence/conservation en modifications chromatinienne ainsi que le lien avec l'expression.

Environnement de travail : le LBBE est internationalement reconnu comme un site d'excellence au niveau de la bioinformatique et de l'évolution. Il dispose d'un puissant cluster informatique et regroupe des chercheurs d'horizons variés allant de l'écologie à l'algorithmie. Il est aussi associé à la plateforme du PRABI (Pôle Rhône Alpin de Bioinformatique) qui propose des services et des formations en bioinformatique et biostatistique.

Références

- Igolkina AA et al. (2019) H3K4me3, H3K9ac, H3K27ac, H3K27me3 and H3K9me3 Histone Tags Suggest Distinct Regulatory Evolution of Open and Condensed Chromatin Landmarks. *Cells*, 8:1034.
- Janoušek V, Vaclavand Karn RC, Laukaitis CM (2013) The role of retrotransposons in gene family expansions : insights from the mouse abp gene family. *BMC evolutionary biology*, 13:107.
- Janoušek V, Laukaitis CM, Yanchukov A, Karn RC (2016) The role of retrotransposons in gene family expansions in the human and mouse genomes. *Genome Biology and Evolution*, 8:2632–2650.
- Lannes R, Rizzon C, Lerat E (2019) Does the Presence of Transposable Elements Impact the Epigenetic Environment of Human Duplicated Genes? *Genes*, 10: E249.

Sujet stage M2 2019-2020 : Analysis of the evolutionary conservation of chromatin modification of paralogous genes in *Drosophila*, what is the role of transposable elements?

Supervisor : Emmanuelle Lerat

email : [emmanuelle.lerat\(AT\)univ-lyon1.fr](mailto:emmanuelle.lerat(AT)univ-lyon1.fr)

Laboratoire « Biométrie et Biologie Évolutive » UMR5558 Université Lyon 1

Co-Supervisor : Carène Rizzon

email : [carene.rizzon\(AT\)univ-evry.fr](mailto:carene.rizzon(AT)univ-evry.fr)

Laboratoire de Mathématiques et Modélisation d'Évry UMR8071 Université d'Évry

Training location: Lab. Biométrie et Biologie Evolutive (LBBE), 43 boulevard du 11 novembre 1918, Villeurbanne

Summary of the project

At an intra-species level, duplicated genes (paralogs) can have different fates (neo-, sub-functionalization, pseudogenization) and we can expect to observe variations on the epigenetic modification and transposable elements (TEs) associated to them. In this training, the goal is to compare the divergence in chromatin modifications among paralogs and test whether the presence of TEs, the time since the duplication event and the function divergence have an impact on the conservation of these epigenetic modifications. We could expect the paralogs with different a neighborhood different in TEs to be more divergence for their epigenetic modification and thus their expression. This divergence could be associated with the age of the paralogs. It will also be important to determine if TE insertions that were present before the duplication event can be associated with more conservation in the paralogous genes and in their epigenetic landscape.

Required skills

This training implies to perform analysis of NGS and genomic data using various different existing tools and to perform statistical tests. It is thus important to have very good knowledge in statistics (R software), in python and shell programming, but also a great interest in molecular evolution.

Goal of the training

- 1/ identify paralogous genes in the *Drosophila melanogaster* genome, as well as their age and their function divergence.
- 2/ compare inside a give gene family TE insertions and chromatin modifications associated to the genes in several tissues
- 3/ test the correlation between TE presence and divergence/conservation of chromatin modifications as well as the link to expression.

Working environment: The LBBE is internationally renowned as a site of excellence in bioinformatics and evolution. It has a powerful informatics cluster and group researchers from various domains going from ecology to algorithm development. It is also associated to the PRABI platform (the Rhone-Alpes Bioinformatic Center), which proposes services and formations in bioinformatics and biostatistics.

References

- Igolkina AA et al. (2019) H3K4me3, H3K9ac, H3K27ac, H3K27me3 and H3K9me3 Histone Tags Suggest Distinct Regulatory Evolution of Open and Condensed Chromatin Landmarks. *Cells*, 8:1034.
- Janoušek V, Vaclavand Karn RC, Laukaitis CM (2013) The role of retrotransposons in gene family expansions : insights from the mouse abp gene family. *BMC evolutionary biology*, 13:107.
- Janoušek V, Laukaitis CM, Yanchukov A, Karn RC (2016) The role of retrotransposons in gene family expansions in the human and mouse genomes. *Genome Biology and Evolution*, 8:2632–2650.
- Lannes R, Rizzon C, Lerat E (2019) Does the Presence of Transposable Elements Impact the Epigenetic Environment of Human Duplicated Genes? *Genes*, 10: E249.