

## **Sujet stage M2 2020-2021 : Conservation fonctionnelle 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). On peut s'attendre à observer des variations au niveau des éléments transposables (ET) qui leur sont associés. Dans ce stage, le but est de tester si la présence d'ET a un impact sur la divergence de fonction des gènes paralogues. On pourrait s'attendre à ce que des paralogues avec un voisinage en ET différent soient plus divergents en terme de fonction et donc au niveau de leur expression. Cette divergence devrait être associée avec l'âge des paralogues. Il faudra aussi déterminer si ce sont les insertions d'ET présentes avant l'événement de duplication qui peuvent être associées avec la conservation de fonction des gènes paralogues et/ou si c'est l'accumulation de nouvelles insertions d'ET qui est impliquée dans leur divergence fonctionnelle.

### 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 parmi les gènes paralogues au sein du génome de *Drosophila melanogaster*, leur âge et leur divergence de fonction
- 2/ analyser le lien entre la présence des insertions d'ET et l'expression des gènes dans plusieurs tissus au sein des groupes de paralogues.
- 3/ tester la corrélation entre présence d'ET et divergence/conservation fonctionnelles

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.

## **Internship M2 2020-2021 : Functional conservation of paralogous genes in *Drosophila*, what is the role of transposable elements (TEs) ?**

**Supervisor** Emmanuelle Lerat

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

Lab « Biométrie et Biologie Évolutive » UMR5558 University Lyon 1

**Co-Supervisor:** Carène Rizzon

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

Lab « Mathématiques et Modélisation d'Évry » UMR8071 University of Evry

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

### **Summary of the project**

At an intra-specific level, duplicated genes (paralogs) can have different fates (neo- , sub-functionalization, pseudogenization). We can expect to observe variations about the Transposable Elements associated to these genes. During this training, the goal is to test whether the presence of TEs has an impact on the functional divergence of paralogous genes. We could expect that paralogs with different TE environment would be functionally more divergent but also at the expression level. This divergence could be associated with the age of the duplicated genes. It will be necessary to determine if TE insertions present before the duplication event can be associated with the function conservation of the paralogous genes and/or if it is the accumulation of new TE insertions that play a role in the functional divergence.

### Skills

This internship involves performing NGS and genomic data analyzes using different existing tools and using statistical tests. It is therefore necessary to have very good notions in statistics (R software), skills in Python and shell programming, but also a particular interest in molecular evolution.

### Goal of the project

- 1 / identify among the paralogous genes within the genome of *Drosophila melanogaster*, their age and their divergence in function
- 2 / analyze the link between the presence of TE insertions and the expression of genes in several tissues within groups of paralogs.
- 3 / test the correlation between presence of TEs and the gene functional divergence/conservation

Work environment: the LBBE is internationally recognized as a site of excellence in bioinformatics and evolution. It has a powerful informatic cluster and brings together researchers from various backgrounds ranging from ecology to algorithmic. It is also associated with the PRABI platform (Pôle Rhône Alpin de Bioinformatique) which offers services and training 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.