



Offre de stage de Master 2

6 mois janvier - juin 2022

Contexte Scientifique

La rose est utilisée depuis l'antiquité pour ses qualités ornementales et olfactives. L'odeur de rose provient d'un mélange complexe de composés organiques volatils (COV), principalement du 2-phényléthanol, du géraniol et du citronellol. Chez la rose, le géraniol provient de la déphosphorylation du géranyl diphosphate en géranyl mono-phosphate (GP) par l'enzyme *NUDX1-1a*. Une phosphatase encore inconnue à ce jour convertit ensuite le GP en géraniol. Le recrutement du gène *NUDX1-1a* pour la biosynthèse du géraniol est un événement évolutif ancien. L'évolution du gène s'est faite par duplication depuis un locus ancêtre contenant actuellement le gène *NUDX1-1b* vers le chromosome 2 du génome de la rose. Cette duplication a été probablement médiée et s'est accompagnée de fragments de transposons de type *copia* qui ont formé la région promotrice de *NUDX1-1a*. À la suite de la duplication initiale, des séries de duplications en tandem ont eu lieu au sein du même locus chromosomique chez les différentes variétés de rose. L'expression de *NUDX1-1a* est pétale spécifique, forte, et dépendante du nombre de copies observées sur le chromosome 2 tandis que *NUDX1-1b* n'est pas exprimé dans les pétales. La région promotrice de *NUDX1-1a* est composée d'un fragment de *copia* suivi de répétitions d'un fragment de LTR du retrotransposon appelées *box38* et dont le nombre varie en fonction de la variété de rose. La première répétition de la *box38* se trouve toujours à 138 pb en aval de la CDS de *NUDX1-1a*. Les répétitions de *box38* sont nécessaires et suffisantes pour conférer une expression pétale spécifique à la GFP. La séquence du promoteur de *NUDX1-1a* ne présente aucune homologie avec des séquences de régulations connues et aucun facteur de transcription de la rose n'apparaît comme un candidat potentiel pouvant réguler l'expression du gène.

Objectifs du stage

Ce stage s'inscrit dans un projet de recherche qui vise à caractériser à la fois structurellement le promoteur de *NUDX1-1a* et le facteur de transcription putatif contrôlant le gène. Au cours des 6 mois de stage, l'étudiant retenu mettra principalement en place une analyse de banques de données RNA-Seq dans le but de déterminer un ensemble restreint de gènes candidats. Les gènes candidats seront ensuite testés par des approches moléculaires de type simple hybride. Parallèlement, l'étudiant stagiaire pourra commencer l'étude structurelle du promoteur par des approches moléculaires. **Le stage de M2 pourra déboucher sur une thèse en cotutelle avec l'université d'Amsterdam.**

Profil recherché

Le candidat retenu aura **nécessairement** suivi une formation principale en **biologie moléculaire et bioinformatique** au cours de ses études universitaires. Des notions de **programmation** sont indispensables. **Une première expérience en laboratoire mettant en œuvre des méthodes de biologie moléculaire est requise**, de préférence sur des organismes végétaux. Des connaissances académiques en biologie végétale et métabolisme spécialisé sont souhaitées.

Pour candidater, merci de faire parvenir un CV et une lettre de motivation à l'adresse email ci-dessous.

Responsable et lieu du stage

Denis Saint-Marcoux (MCF)

Tel : 04 77 48 50 41

email : denis.saint.marcoux@univ-st-etienne.fr

Laboratoire BVpam UMR 5079 – Université Jean Monnet, Saint-Étienne