

Proposition d'un sujet de stage Master M2 ADAM 2016-2017

Remplissez l'ensemble des champs du formulaire, renvoyez le formulaire à [C.Jacquet](#) ou [C.Dunand](#) en ajoutant le nom de l'encadrant dans l'intitulé du fichier. Nous le déposerons sur le [site du M2 de la mention de biologie végétale](#). (Merci de bien vouloir également joindre une photo pour l'illustrer).

Titre	Impact des éléments transposables sur la transcription des gènes chez le riz
Encadrants 1 (tél. et/ou mail)	Picault Nathalie Tel: 0468662103 mail: Nathalie.picault@univ-perp.fr
Laboratoire	Laboratoire Génome et développement des plantes
Equipe 1	Analyse du genome et évolution
Encadrants 2 (tél. et/ou mail)	Lasserre Eric Tel: 0468662103 mail: lasserre@univ-perp.fr
Laboratoire	Laboratoire Génome et développement des plantes
Equipe 2	Analyse du genome et évolution
Résumé du sujet (maximum de 20 lignes)	<p>Le génome de l'espèce modèle du riz, <i>Oryza sativa</i>, est constitué à 33% d'éléments transposables (ETs). En effet, les génomes ne sont pas seulement un ensemble de gènes, mais contiennent aussi des éléments mobiles qui peuvent se multiplier et influencer activement leur hôte jusqu'à permettre l'apparition de nouveautés biologiques aussi fondamentales que la grossesse placentaire chez les mammifères. En particulier, les rétrotransposons à LTR (LTR-RT), grâce à l'activité promotrice de leurs LTRs, représentent un mécanisme de distribution d'éléments régulateurs qui peuvent prendre le contrôle de gènes.</p> <p>L'objectif de ce stage sera d'étudier l'impact des LTR-RTs sur le contrôle de l'expression des gènes chez <i>Oryza sativa</i>. Dans un premier temps, une analyse du génome permettra de faire l'inventaire exhaustif des LTRs physiquement associés à des gènes. Dans un second temps, on cherchera à déterminer les conditions d'expression et les fonctions moléculaires des gènes sous contrôle de LTR afin de déterminer si certaines familles de LTR sont associées à une spécificité d'expression ou même à un processus biologique particulier.</p> <p>L'essentiel de ce projet sera basé sur l'analyse de données provenant des nouvelles technologies de séquençage à haut-débit (NGS), que ce soit pour les analyses génomiques ou transcriptomiques.</p> <p>L'objectif à terme du programme dans lequel s'intègre ce projet est de proposer de nouvelles voies de création de diversité génétique chez les plantes cultivées en utilisant les ETs comme ressources naturelles endogènes et moteurs de l'évolution du génome.</p>