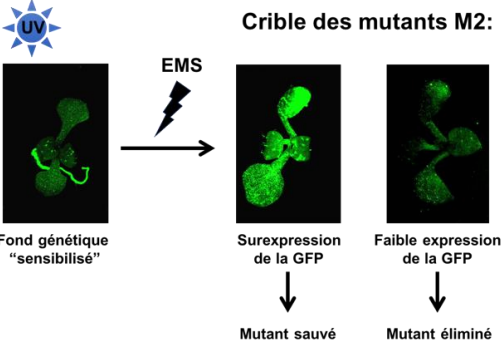




## Proposition d'un sujet de stage au M2 ADAM (2017-2018)

Titre	Un crible génétique identifie de nouveaux acteurs épigénétiques chez Arabidopsis.
Encadrant 1 (tel + mail)	Guillaume Moissiard 04 68 08 67 90 guillaume.moissiard@univ-perp.fr
Encadrant 2 (tel + mail)	
Equipe(s)	Mécanismes épigénétiques et architecture de la chromatine. Laboratoire Génome et Développement des Plantes UMR5096 CNRS/UPVD Perpignan.
Résumé	<p>Une organisation précise du génome au sein du noyau eucaryote est essentielle pour une bonne expression des gènes et l'intégrité de la cellule. La méthylation de l'ADN et les modifications d'histones sont des marques épigénétiques qui contribuent à la compaction de la chromatine et à la régulation de l'expression des gènes. Ces marques épigénétiques jouent aussi un rôle essentiel dans la répression transcriptionnelle des éléments d'ADN répétés de type éléments transposables (TEs) qui doivent être maintenus inactifs pour préserver l'intégrité de la cellule à cause de leur fort pouvoir mutagène. Les mécanismes épigénétiques sont aussi impliqués dans le développement des organismes. De plus, de profondes modifications épigénétiques se produisent lors du développement de maladies, comme dans le cas de cancers chez l'humain. Finalement, comprendre les mécanismes épigénétiques chez les plantes est d'une grande importance afin d'optimiser la production des cultures agricoles.</p> <p>Au cours des dernières années, plusieurs acteurs moléculaires impliqués dans les mécanismes épigénétiques ont été identifiés chez les animaux et les plantes. De manière importante, certains de ces acteurs comme par exemple les protéines « Microrchidia (MORC) » ont d'abord été identifiés chez les plantes. Ceci démontre l'importance d'étudier l'épigénétique chez les plantes et en particulier chez Arabidopsis. A ce jour, il est très probable que de nouveaux composants des mécanismes épigénétiques restent encore à identifier. Dans ce but, notre équipe de recherche développe une approche de génétique directe basée sur l'expression du gène rapporteur de la GFP qui est sous le contrôle d'un promoteur de type « Long Terminal Repeat, LTR » dérivé d'un rétrotransposon de la famille ATCOPIA28. Ce crible génétique a déjà permis d'identifier de nouveaux mutants au sein desquels la GFP est fortement exprimée.</p> <p>Le projet de master M2 proposé ici consiste en la caractérisation de ces mutants d'intérêt en utilisant des approches de génétique (« backcrossing », test de complémentation, analyses dCAPS), de biologie moléculaire (QPCR, « bisulfite-DNA sequencing »), de microscopie (observation de la GFP, immunofluorescence) et de biochimie (Western blot, Immunoprecipitation, ...). De plus, des analyses génomiques basées sur les technologies de séquençage de nouvelle génération (NGS) seront entreprises.</p>
Photo	 <p><b>Crible des mutants M2:</b></p> <p>Le diagramme illustre le processus de criblage génétique. À gauche, un fond génétique « sensibilisé » est traité par EMS (méthanesulfonate d'éthyle), représenté par un éclair. À droite, deux types de mutants M2 sont obtenus : un mutant avec une surexpression de la GFP (mutant sauvé) et un mutant avec une faible expression de la GFP (mutant éliminé). Les images de fluorescence sous lumière UV sont montrées à l'échelle de la plante entière.</p> <p>Concept du crible génétique : Un fond génétique dit « sensibilisé » permet une faible expression du transgène ATCOPIA28 LTR ::GFP. Après mutagenèse au méthanesulfonate d'éthyle (EMS), les mutants de la génération M2 sont criblés au microscope sous lumière UV afin de sélectionner les plantes mutantes présentant une surexpression de la GFP.</p>



## Proposition d'un sujet de stage au M2 ADAM (2017-2018)