|  |
| --- |
|  |

**Intitulé de stage M2 ou de fin d’études**

Comparaison des rôles joués par la variabilité transcriptomique et épigénétique dans l’adaptation des chênes aux changements globaux rapides.

**Dates**

Durée de stage : 6 mois

Date de début : à partir de janvier 2023

**Indemnisation**

3400€

**Localisation**

Unité de recherche d’accueil : [UMR 1202 BIOGECO](https://www6.bordeaux-aquitaine.inrae.fr/biogeco/Contact)

Adresse : [Cestas](https://www6.bordeaux-aquitaine.inrae.fr/biogeco/Contact)

**Contacts**

Gregoire Le-Provost gregoire.le-provost@inrae.fr

**Procédure de canditature**

Envoyer SVP un CV et une lettre de motivation au courriels précédents avant le 15 novembre 2021

**Description du stage**

**Contexte :**

Les études portant sur l'adaptation des arbres à l’environnement ont principalement porté sur la contribution du polymorphisme ponctuel (SNP) et de l’expression des gènes à l'adaptation locale. Les mécanismes épigénétiques sont restés très peu étudiés, en dépit de leur importance possible chez des organismes à longue durée de vie, chez lesquels ils pourraient faciliter des modifications phénotypiques rapides en réponse aux changements environnementaux en cours. Dans ce contexte, la méthylation de l'ADN a été étudiée de manière approfondie chez la plante modèle Arabidopsis thaliana et plusieurs espèces cultivées, et a montré des effets intégrés sur l'expression des gènes et les phénotypes. Quelques études sur les arbres ont déjà montré que les approches épigénomiques améliorent notre compréhension du développement et la réponse aux contraintes environnementales de ces organismes. De plus, les variations épigénomiques sont particulièrement pertinentes à étudier sur les méristèmes, qui sont les centres de la morphogenèse pour des traits spécifiques aux arbres comme la régulation de la dormance des bourgeons et la xylogénèse.

**Contenu du stage**

Dans le cadre d’un consortium national (projet [EPITREE](https://www6.inrae.fr/epitree-project/Le-projet-EPITREE)), qui étudie la composante épigénétique dans ses composantes « plastique» et « génétique » de deux espèces d’intérêt économique et écologique: le peuplier et le chêne, nous avons identifié des régions candidates pour l'analyse épigénomique par séquençage bisulfite. Ce stage permettra d’acquérir des connaissances et une réflexion scientifique sur les deux moteurs de l’adaptation : d’une part la plasticité phénotypique en abordant les mécanismes épigénétiques et la régulation de l’expression des gènes.

Plus précisément, il s’agira chez le chêne : 1/ d’étudier l’effet de la méthylation de l'ADN et de l’expression des gènes dans des bourgeons (méristème primaire) échantillonnés dans des environnements contrastés au cours de la saison de dormance au sein de deux pédigrées de cartographie génétique (pour lesquels nous avons identifié des génotypes précoces et tardifs pour la date de débourrement. Ce pédigrée est disponible dans deux environnements contrasté pour la température.), et 2/ d’identifier des marques épigénétiques induites au cours de la dormance et leurs contributions à la variation du débourrement végétatif dans des génotypes de chênes regroupées au sein de ces deux dispositifs expérimentaux et enfin (3) d’analyser les associations possibles entre niveau d’expression des gènes identifiés en RNAseq et taux de méthylations de l’ADN à la fois dans le corps des gènes ou dans les régions promotrices.

**Données disponibles au début du stage**

La caractérisation du transcriptome et des épigénome des arbres étudiés par RNAseq et WGBS sera disponible au début du stage. Par ailleurs, une chaine d’analyse bioinformatique permettant de détecter la méthylation des Cytosines dans les trois contextes CG, CHG, CHH ainsi que les régions différentiellement méthylées est également disponible.

**Compétences développées au cours du stage**

Il s’agira essentiellement d’analyse bioinformatique et statistique des données, ainsi que de l’interprétation biologique des résultats. Ce travail nécessitera donc des compétences initiale (qui seront renforcées) sur l’utilisation de langages de programmation pour la manipulation de grandes matrices de données et leur analyse statistique (R et/ou python).

L’étudiant.e sera aussi amené.e à interagir avec les membres du réseau EPITREE, ce qui lui permettra de positionner plus largement sa contribution dans une communauté scientifique.