

Vous trouverez ci-dessous une offre de stage M2 (financé) portant sur l'**identification de gènes soumis à empreinte exprimés au cours du développement sexuel chez le parasite plathelminthe *Schistosoma mansoni*** au laboratoire Écologie et Évolution des Interactions à Perpignan.

Contexte :

Les recherches développées au sein de l'équipe d'accueil touchent à l'écologie et à l'évolution des systèmes hôtes-parasite, et notamment du schistosome, parasite responsable de la bilharziose (seconde endémie parasitaire humaine après le paludisme). Parmi les nombreuses espèces hermaphrodites de Trématodes, les Schistosomatidae présentent quant à eux des sexes séparés, déterminés génétiquement par le système chromosomique ZZ/ZW où la femelle est hétérogamétique. Cependant, il n'existe pas de gène W spécifique ce qui pose la question du déterminisme sexuel et en fait un modèle d'étude très intéressant d'un point de vue évolutif.

Description du stage :

Le projet dans lequel s'inscrit le stage vise à caractériser les bases moléculaires du déterminisme sexuel chez *Schistosoma mansoni*.

L'objectif du stage est d'identifier des gènes à empreinte parentale (c'est à dire dont l'expression ne provient que d'une seule des deux copies, maternelle ou paternelle) et potentiellement impliqués dans la différenciation sexuelle.

Il s'agira d'analyser des données issues du séquençage global du transcriptome (RNA-seq), réalisé à la fois chez des mâles et des femelles, et à deux stades de développement : avant (stade larvaire) et après (stade adulte) la différenciation sexuelle. Cette approche originale se fera sur des individus hybrides, obtenus par croisement de souches. En effet, le laboratoire a récemment identifié des polymorphismes nucléotidiques « souche-spécifiques » (Clément et al. 2013), ce qui nous permettra de déterminer l'origine des gènes transcrits. En complément, l'étude du statut chromatinien des gènes (données de séquençage après immuno-précipitation de chromatine : ChIPseq) sous permettra de mieux caractériser les mécanismes sous-jacents de l'empreinte parentale.

Les résultats obtenus à l'issue de l'ensemble de ces analyses seront confirmés par des expériences de PCR quantitative en temps réel.

Profil recherché :

- Fort intérêt pour l'analyse de séquences.
- Bonnes connaissances en génomique.
- Pratique des techniques de base en biologie moléculaire.

Les analyses se feront essentiellement sur la plateforme web intuitive Galaxy, cependant une première expérience en manipulation et traitement de données sera un plus.

Encadrement : Eve Toulza et Jérôme Boissier, Laboratoire 2EI (Perpignan) <http://2ei.univ-perp.fr/>.

Contact : eve.toulza@univ-perp.fr / boissier@univ-perp.fr