

[FR – see below for English version]

Evolution des gènes et génomes après duplication complète du génome chez les poissons téléostéens

Durée du poste : 36 mois

Date de début : 01/10/2017

Ville : Paris

Laboratoire : Institut de Biologie de l'Ecole Normale Supérieure

Encadrement : Hugues Roest Crollius (DR CNRS, HDR)

Projet

Les duplications complètes du génome sont des événements majeurs dans l'histoire évolutive des espèces, car elles fournissent de nombreuses copies de gènes surnuméraires pouvant être recrutés pour de nouvelles fonctions. Les mécanismes gouvernant ce processus de rétention et de perte de gènes et leurs conséquences fonctionnelles sont encore mal compris. Le projet porte sur l'étude d'un événement de duplication complète qui s'est produit à la base du groupe des poissons téléostéens il y a 320 millions d'années. Cette duplication a été suivie d'une radiation rapide de nombreuses espèces dont les génomes ont préservé des fractions variables de gènes dupliqués. Le projet vise à comprendre les relations entre la rétention/perte des gènes et l'évolution de leur expression/régulation. Pour cela nous proposons de cartographier les patrons de rétention des gènes dupliqués dans une vingtaine de génomes de poissons téléostéens, dont 11 seront séquencés de novo pour le projet. Ce travail de génomique comparative à grande échelle implique l'utilisation d'outils bioinformatiques et statistiques pour (i) identifier les gènes orthologues et paralogues issus de la duplication complète; (ii) confronter les patrons de rétention de ces copies de gènes dans les différents génomes à leur patrons d'expression et de régulation (obtenus par le biais de projets connexes déjà en cours); (iii) identifier des gènes aux trajectoires évolutives d'intérêt, qui seront utilisés par les collaborateurs du projet pour des études plus poussées par CRISPR/Cas9 chez le poisson zèbre ou le médaka. Les résultats devraient permettre de mettre en lumière les forces qui gouvernent l'évolution des génomes après une duplication complète, et ainsi de mieux comprendre ce type d'événements qui sont également à l'origine des vertébrés.

Le projet sera réalisé en collaboration avec l'équipe de Yann Guiguen (INRA-LPGP, Rennes), la plateforme INRA-GenoToul (Toulouse), l'équipe de Marc Robinson-Rechavi (Université de Lausanne) et l'équipe de John Postlethwait (University of Oregon, USA)

Financement : ce projet est entièrement financé dans le cadre de l'ANR GenoFish.

Candidat : nous recherchons un(e) candidat(e) motivé(e) ayant un niveau Master 2 ou équivalent en bioinformatique, génomique ou évolution moléculaire. Une expérience en biologie computationnelle et/ou génomique (utilisation d'outils omics, analyse de séquences, programmes de script, utilisation d'un cluster de calcul, analyses statistiques en R) est fortement appréciée.

Contact : merci d'envoyer un CV et une lettre de motivation à dyogenjobs@biologie.ens.fr avant le 15 juillet 2017.

[ENG]

Evolution of genes and genomes after whole genome duplication in teleost fish

Duration: 36 months

Starting: 01/10/2017

Location: Paris, France

Laboratory: Institut de Biologie de l'École Normale Supérieure (IBENS)

Supervisor: Hugues Roest Crolius (DR CNRS, HDR)

Outline

Whole genome duplications are major evolutionary events in the history of species because they generate redundant gene copies that may be recruited for new functions. The evolutionary mechanisms affecting genomes after a whole genome duplication are poorly understood. This project is part of a larger French National Research Agency (ANR) grant studying a whole genome duplication event that occurred at the basis of the teleost fish species tree, dated 320 Mya. This duplication was followed by rapid species radiation, where the genomes of the descending species have preserved variable fractions of duplicated genes. In this PhD project, we seek to analyse the patterns of retention and loss of duplicated genes across twenty teleost fish genomes, 11 of which will be sequenced de novo for this project. This large-scale comparative genomics approach will include the use of bioinformatics and statistical tools to (i) identify orthologous and paralogous gene copies originating from the whole genome duplication to establish an evolutionary map of teleost genomes; (ii) confront patterns of full retention or differential gene loss across different genomes to the gene expression patterns and regulatory landscapes (obtained by transcriptome high-throughput sequencing and comparative genomics analyses); (iii) identify example genes with evolutionary trajectories of interest, which will be used by our collaborators for further testing via CRISPR/Cas9 in zebrafish or medaka. Results should shed light on the forces that govern the evolution of genomes after a complete duplication, and thus help us better understand such events that are also at the root of vertebrates.

This project is a collaboration with Yann Guiguen's group (INRA-LPGP, Rennes), the INRA-GenoToul platform (Toulouse), the group of Marc Robinson-Rechavi (Université de Lausanne) and the group of John Postlethwait (University of Orgeon, USA).

Funding: this project is fully funded by the GenoFish ANR grant.

Candidate: we seek a motivated student with a Master 2 degree or equivalent in bioinformatics, genomics or molecular evolution. Prior experience with computational biology and/or genomics (omics tools, sequence analysis, script programming, cluster computing, statistical analysis in R) is highly appreciated.

Contact: please send a CV and a cover letter to dyogenjobs@biologie.ens.fr before the 15th of July 2017.