

Fiche de Poste : Postdoctorat en biologie cellulaire – Éditer des groupes d’éléments cis-régulateurs pour améliorer la tolérance du maïs au déficit hydrique, étude multi-niveau

H/F Postdoctorant•e, durée 39 mois

Environnement de travail, missions et activités

Vous serez accueilli au sein de l’équipe GEvAD (“Genetique Evolutive et Adaptation des plantes domestiquées”, <http://moulon.inrae.fr/en/equipes/gevad/>) dans l’UMR Génétique Quantitative et Evolution-Le Moulon (Gif-sur-Yvette, France). Au sein de GEvAD, nous combinons diverses approches (expérimentations, modélisation, génétique des populations, génomique, biologie des systèmes) pour comprendre des mécanismes évolutifs à l’origine de la domestication et de l’adaptation des plantes domestiquées à leur environnement. L’unité fait partie de l’Institut Diversité, Ecologie, Evolution du Vivant (IDEEV) situé sur le campus de l’Université Paris-Saclay. Le ou la postdoctorant.e travaillera dans le cadre du projet ANR DEREGULE, coordonnée par Maud Fagny, et financée par le PEPR Sélection Végétale Avancée.

Dans le cadre du projet ANR JCJC NETWITS (2023-2028), nous avons identifié des éléments *cis*-régulateurs clefs impliqués dans la ré-organisation des réseaux de régulation de la réponse transcriptomique au déficit hydrique pour 5 lignées de maïs différentes au sein de 5 tissus. Nous avons montré que les programmes transcriptomiques affectés par le déficit hydrique différaient entre les lignées en fonction de leur profil de tolérance au niveau macro-phénotypique. Ce travail a permis l’identification de familles d’éléments *cis*-régulateurs portant des sites de fixation de facteurs de transcription similaires, et régulant l’expression de groupes de gènes impliqués dans la détermination de la tolérance du maïs au déficit hydrique.

L’objectif du projet DEREGULE est maintenant de valider fonctionnellement le rôle biologique des éléments *cis*-régulateurs que nous avons identifiés, et de construire des génotypes de maïs plus tolérants au déficit hydrique par une approche d’édition par des techniques de CRISPR.

Dans ce cadre, nous recherchons un.e post-doctorant•e ayant des compétences hybrides en biologie moléculaire et cellulaire et en analyse de données génomiques. Pour les quelques cibles déjà identifiées, il s’agira dans un premier temps de réaliser des expériences de validation *in vivo* de ces éléments par transformation de protoplastes. En parallèle, il s’agira d’identifier d’autres éléments *cis*-régulateurs participant à la réponse au déficit hydrique chez B73 à tester, en particulier des familles d’éléments *cis*-régulateurs possédant les mêmes sites de fixation de facteurs de transcription et régulant des gènes impliqués dans les mêmes processus cellulaires. Pour cela, le•la postdoctorant•e pourra (1) croiser les données disponibles (réseaux, eQTL, GWAS, ouverture/fermeture de la chromatine), (2) vérifier leur présence chez la lignée transformable A188 par des analyses de génomique comparée, puis (3) valider les cibles *in vivo*. En étroite collaboration avec le RDP à Lyon, le•la postdoctorant•e obtiendra ensuite des lignées éditées qu’il devra évaluer phénotypiquement en serre pour la tolérance au déficit hydrique. Ces travaux s’effectueront sous la supervision de Maud Fagny et Clémentine Vitte

de l'équipe GEvAD, en collaboration avec Carine Rémoué, responsable du laboratoire commun de biologie moléculaire (équipe LaboCom). Les travaux en serre S2 seront réalisés avec l'appui de l'équipe technique de l'infrastructure, notamment Florie Le-Gentil, responsable serre pour l'équipe GEvAD.

Vos missions seront de :

- Réaliser une méta-analyse de plusieurs études afin d'identifier les meilleurs éléments *cis*-régulateurs candidats pour l'édition génétique, en collaboration avec les étudiants et chercheurs ayant généré les données.
- Mettre en place et réaliser des expériences de *enhancer/silencer reporter assay* et de *deadCas9* en protoplastes pour valider les candidats et décider des cibles à éditer en collaboration avec le RDP. Le travail d'édition en lui-même sera réalisé au RDP.
- Construire et réaliser une expérience d'évaluation phénotypique des lignées de maïs en serre S2.
- Réaliser une étude de génomique comparée afin d'étudier la dynamique et l'évolution de ces éléments dans de larges panels de lignées disponibles au laboratoire et dans les bases de données publiques.
- Préparer les données en vue de leur publication dans des répertoires en libre accès (<https://data.gouv.fr>), en collaboration avec les ingénieurs du laboratoire.
- Participer aux réunions de projets avec les collaborateurs
- Participer à la diffusion et à la valorisation des résultats par l'écriture d'articles, la présentation de posters ou de communications orales en conférences.

Note : Une part de télétravail est possible, limitée à 3 jours par semaine maximum, en fonction des besoins du service. Les réunions d'équipe ou d'axe hebdomadaires et les séminaires sont en présentiel, et y assister est obligatoire.

Formations et compétences recherchées

- Le•la candidate devra être titulaire d'un doctorat.
- Le•la candidate devra avoir des connaissances théoriques et pratiques :
 - o avancées en biologie moléculaire et cellulaire et génomique fonctionnelle
 - o intermédiaire en génomique et analyse de données
- Des connaissances en génomique comparée ou génétique des populations sont un plus.
- Le•la candidate devra maîtriser des outils d'analyse bioinformatique (shell, R, gestion de données FAIR, accès cluster de calculs) est nécessaire ;
- Le•la candidate devra maîtriser la rédaction d'articles scientifiques et la communication de résultats scientifiques à l'oral *via* des présentations en réunion de laboratoire, séminaires et conférences ;
- Le•la candidate devra maîtriser l'anglais : niveau B1 à B2 minimum exigé (cadre européen commun de référence pour les langues)
- Le•la candidate devra posséder une capacité à travailler en équipe pluridisciplinaire (biologie cellulaire, bio-informatique).
- Le•la candidate devra montrer une volonté d'encadrer des stagiaires de la licence au master et éventuellement de participer à l'encadrement d'étudiants en thèse.