

Caractérisation fonctionnelle des éléments transposables chez les procaryotes

DESCRIPTION DU STAGE:

Les éléments transposables (ETs) sont présents dans tous les génomes et peuvent constituer une part importante du génome (jusqu'à 20% chez les bactéries). Au sein des génomes procaryotes, les ETs sont essentiellement représentés (**Figure 1**) par les IS (Insertion Sequence), les MITEs (Miniature Inverted repeat Transposable Element) et les REPs (Repetitive Extragenic Palindromic) [1, 2, 3]. Ces répétitions sont responsables de la plasticité des chromosomes mais ont parfois un rôle sur la régulation des gènes. Cependant, il existe très peu d'analyse à grande échelle permettant la caractérisation fonctionnelle des ETs au sein des génomes, en particulier dans la régulation des gènes à proximité de ces éléments.

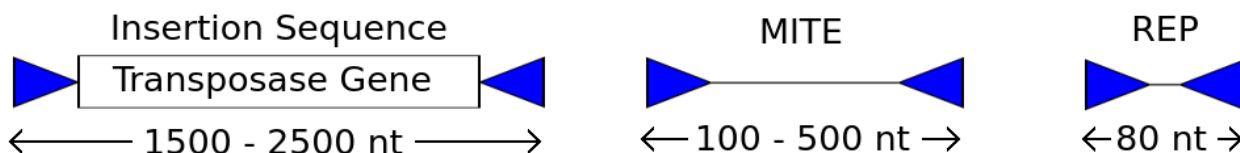


Figure 1: Représentation schématique des ETs bactériens. En bleu, séquences palindromiques de 20 à 40 nt.

Depuis quelques années, notre équipe a développé des outils permettant l'identification ainsi que l'analyse comparative et évolutive des ETs. Un des ces outils, *Visual ModuleOrganizer* [4] affiche les répétitions exactes conservées sous la forme d'une table ou via un interface graphique Java. De plus, une analyse préliminaire a montré que ces répétitions sont conservées entre les génomes et sont associées préférentiellement à certains gènes. L'objectif du stage consistera en : (i) l'identification de tous les couples Gene-ETs présent dans au moins 2 génomes procaryotes (**Figure 2**); (ii) puis une analyse permettant de mettre en évidence et de caractériser (nature, distribution au sein des génomes, taille, ...) des couples Gene-ETs ; et (iii) à identifier leurs rôles putatifs (plasticité et régulation génique, ...) au sein des organismes étudiés. Ce travail s'intègre dans un vaste projet sur la dynamique et l'évolution des séquences répétées au sein des génomes procaryotes et permettra en particulier d'avoir une meilleure compréhension de l'impact structural et fonctionnel des ETs sur l'évolution des génomes.



Figure 2: Contexte génétique associé à un élément transposable. L'association d'un ET (couleur rouge) et d'un gène (localisé en 3' ou en 5') forme le couple Gene-ET.

REFERENCES:

- [1] Delilhas N. (2011) Impact of Small Repeat Sequences on Bacterial Genome Evolution. *Genome Biol. Evol.* 3:959–973.
- [2] Tobes N., Pareja E. (2006) Bacterial repetitive extragenic palindromic sequences are DNA targets for Insertion Sequence elements. *BMC Genomics.* 7:62.
- [3] Ton-Hoang B., Siguier P., Quentin Y., Onillon S., Marty B., Fichant G., Chandler M. (2012) Structuring the bacterial genome: Y1-transposases associated with REP-BIME sequences. *Nucleic Acids Res.* 40:3596-609.
- [4] Tempel S., Talla E. (2014) Visual ModuleOrganizer: a graphical interface for the detection and comparative analysis of repeat DNA modules. *Mob DNA.* 5:9.

LANGAGE DE PROGRAMMATION: Python, Perl ou C++

ENVIRONNEMENT DU STAGE: Le ou la stagiaire sera accueilli(e) dans l'équipe GEB (Genome Evolution Bioinformatique) du LCB (Laboratoire de Chimie Bactérienne) à Marseille.

CONTACT: Sébastien Tempel (sebastien.tempel@univ-amu.fr), Emmanuel Talla (emmanuel.talla@univ-amu.fr).