

Master en Biologie orientation

Biodiversité & Systématique

Utilisation de la transcriptomique comparative pour élucider les bases génétiques des processus adaptatifs chez les vertébrés

Laboratoire de phylogénie et évolution des vertébrés

Dr. Juan Montoya juan.montoya@unige.ch +41 22 379 67 86

Thématique: Evolution adaptative

Dans ce projet, l'étudiant utilisera une nouvelle méthode développée dans notre laboratoire pour établir la liste des gènes qui ont évolués sous sélection positive darwinienne (Positively Selected Genes, PSG) après la divergence entre deux espèces proches.

L'étudiant analysera des paires d'espèces proches montrant de grandes différences phénotypiques associées à des adaptations notoires. Les gènes identifiés comme PSG seront classifiés selon leur ontologie (Gene Ontology, GO) et selon leur appartenance à des réseaux de régulation génétique. Ces résultats permettront d'identifier les catégories de GO ou les réseaux de régulation génétique les plus souvent impliqués dans des processus adaptatifs.

Cette recherche nécessitera du travail de laboratoire comme des extractions d'ARN et la préparation de bibliothèques de cDNA pour effectuer des expériences de RNA-seq (séquençage massif de l'ensemble des ARNs d'un tissu ou d'un organisme). D'autre part, des outils de bioinformatiques seront utilisés pour l'assemblage des transcriptomes et les analyses de pression de sélection agissant sur les gènes ainsi que la classification des PSG en classes de GO et en réseaux de régulation génétique.