

SUJET DE STAGE DE M2 BIOINFORMATIQUE :
Étude et caractérisation des duplications dans les génomes de bactériophages.

Encadrement : Krister Swenson (swenson@lirmm.fr), Anne Bergeron (bergeron.anne@uqam.ca)

Lieu : Laboratoire d'Informatique, Robotique et Micro-électronique de Montpellier (LIRMM),
Montpellier

Dates : février-juillet 2023

Les bactériophages sont des virus qui sont pathogènes pour les bactéries. Nous nous intéressons dans ce projet à la structure des génomes viraux bactériophages. Certaines familles de ces virus possèdent une structure en mosaïque, qui leur permet, via des recombinaisons modulaires, d'échanger du matériel génétique. Ces recombinaisons sont un facteur important dans l'adaptabilité des virus. Ce projet concerne les aspects théoriques et pratiques de l'évolution des populations de bactériophages. Les objectifs du projet sont:

1. Faire une analyse détaillée des duplications en tandem des génomes de bactériophages.

En effet, jusqu'à tout récemment, il était 'convenu' que ces génomes ne comportaient que de courtes duplications. La découverte de très grandes duplications -- plusieurs centaines ou milliers de paires de bases -- implique une remise en question des modèles d'évolution existants. Il est important de recenser de tels événements dans les populations séquencées, ainsi que de les caractériser. *Le ou la stagiaire se concentrera sur cette tâche en particulier, en établissant un protocole de détection et caractérisation.*

2. Réconcilier les approches théoriques d'évolution par duplications et par recombinaisons.

L'idée de base pour analyser l'historique des recombinaisons dans une population de bactériophages suppose l'absence de (longues) duplications. De nouveaux modèles doivent être conçus pour aménager ces deux facteurs d'évolution. *Le ou la stagiaire pourra, si le temps le permet, aborder cette partie.*

3. Établir un protocole de test pour vérifier dans quelle mesure un scénario d'évolution est plausible.

Un scénario d'évolution par recombinaisons et duplications implique, pour chaque position d'un génome, un scénario d'évolution pour les nucléotides concernés. Ces informations pourraient éventuellement être utilisées pour qualifier un scénario. *Le ou la stagiaire sera impliqué dans la modélisation du protocole de test si le temps le permet.*