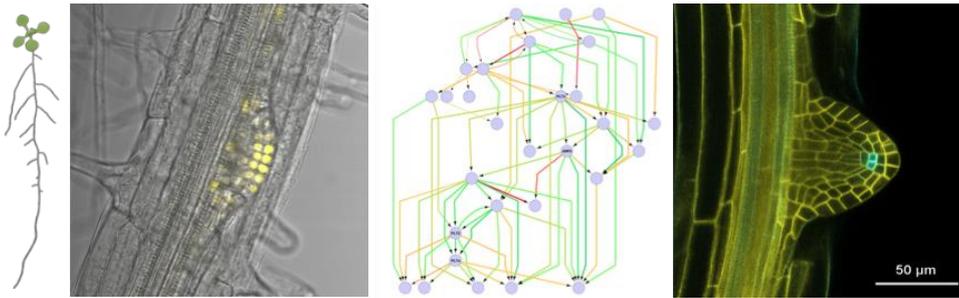


Développement d'un logiciel de modélisation de réseaux de gènes et application à l'analyse du réseau de gènes gouvernant la mise en place des racines latérales chez *Arabidopsis thaliana*



Contexte

Le système racinaire des végétaux est responsable de la nutrition hydro-minérale et de l'ancrage au substrat, deux fonctions critiques pour le développement des plantes. Le bon accomplissement de ces fonctions dépend essentiellement de l'adéquation entre le sol et l'architecture du système racinaire, c'est-à-dire la structuration des racines dans l'espace.

La mise en place de l'architecture du système racinaire est le fruit des processus de ramification et de croissance des racines. Ces processus sont régulés à l'échelle microscopique par la conjugaison des facteurs environnementaux et des facteurs génétiques intrinsèques. L'activité intégrative des réseaux de régulation génétique actifs au sein des tissus racinaires conditionne ainsi la mise en place des futures racines latérales et est à la base de l'ensemble de l'architecture racinaire. Comprendre la façon dont ces réseaux génétiques fonctionnent permettrait donc de fournir des pistes de contrôle de l'architecture racinaire et d'ouvrir la voie à de possibles améliorations variétales pour créer des plantes mieux adaptées à des sols pauvres en ressources hydro-minérales.

Nous avons précédemment généré des données transcriptomiques couvrant l'expression des gènes durant tout le processus de développement de la racine latérale chez la plante modèle *Arabidopsis thaliana* (Voss et al 2015). Sur la base de ces données, nous avons développé un algorithme d'inférence de réseaux de gènes basés sur les comparaisons de profils d'expression génétiques avec décalage temporel, et généré le réseau putatif de régulation du processus de développement de la racine latérale (Lavenus et al 2015). Ce réseau a pu être validé expérimentalement, et notre objectif actuel est de procéder à l'analyse de ses propriétés topologiques et dynamiques afin de déterminer quels sont les gènes clés pour l'organogenèse des racines latérales. Nous avons pour ce faire commencé à développer une solution logicielle de simulation de réseaux de gènes basée sur des approches booléennes.



Objectif et travail expérimental

L'objectif de ce stage est de contribuer au développement du logiciel de simulation conçu au sein de notre laboratoire et de le mettre en application pour étudier la dynamique du réseau de gènes régulant l'organogenèse des racines latérales d'*A. thaliana*.

Les axes de contributions possibles sont variés et seront discutés en fonction des compétences et intérêts du ou de la candidat(e) retenu(e), mais il est possible d'en lister quelques-uns ici : extension d'une interface utilisateur pré-existante pour intégrer des aspects d'interaction et de visualisation dynamique, développement d'une bibliothèque de modèles booléens de régulation génétique, écriture de scripts d'automatisation des pipe-line d'analyse de mutagenèse in-silico, développement d'algorithme d'exploration des états des réseaux de gènes, portage de projet sur GitHub, portage d'algorithmes de R en Python, etc...

Au-delà du développement logiciel, le ou la candidat(e) sera impliqué dans l'analyse du comportement du réseau cible et dans le dialogue avec les biologistes de l'équipe pour déterminer les façons de valider expérimentalement les prédictions du logiciel.

Profil recherché

Master 2 en bioinformatique

Compétences en python, une expérience de développement logiciel serait un plus

Laboratoire d'accueil

Ce stage sera réalisé au sein de l'UMR DIADE (<http://diade.ird.fr>) au centre IRD de Montpellier.

Candidatures

Contactez par email mikael.lucas@ird.fr et soazig.guyomarch@ird.fr avec une courte lettre de motivation et un CV.

Quelques références bibliographiques en rapport avec le sujet

Lavarenne J, Guyomarc'h S, Sallaud C, Gantet P, Lucas M. 2018. The spring of systems biology-driven breeding. **Trends in plant science** 23 (8), 706-720 2018

Lavarenne J, Lucas M, Gantet P. De Facebook au développement des plantes : quand les réseaux s'en mêlent. 2018. **The Conversation**, 7 février 2018

Lavenus J., Goh T., Guyomarc'h S., Hill K., Lucas M., Voss U., Kenobi K., Wilson M., Farcot E., Hagen G., Guilfoyle T.J., Fukaki H., Laplace L., and Bennett M.J. 2015. Inference of the Arabidopsis lateral root gene regulatory network reveals a bifurcation mechanism that defines primordia flanking and central zones. **The Plant Cell**, 27:1368-1388.

Voß U., Wilson M., Kenobi K., Gould P., Robertson F., Peer W.A., Lucas M., Swarup K., Casimiro I., Holman T., Wells D., Peret B., Goh T., Fukaki H., Hodgman C., Laplace L., Halliday K., Ljung K., Murphy A., Hall A., Webb A., and Bennett M.J. 2015. Lateral root organ initiation re-phases the circadian clock in Arabidopsis thaliana. **Nature Communications**, 6:7641.