

Thèse de doctorat - **Organisation de chromosome de bactéries phytopathogènes**

L'Institut Pasteur conduit des recherches biomédicales de pointe et avant-gardistes depuis plus de 130 ans. Sur notre campus de 5 hectares en plein Paris, dans un environnement international et stimulant, 3000 personnes collaborent ensemble pour répondre aux ambitions de l'Institut Pasteur.

Nous recherchons un étudiant en thèse (contrat de 3 ans) dans le cadre d'un projet financé par l'ANR qui vise à comprendre la **réorganisation du chromosome bactérien lors de l'infection de plantes**. Ce projet a notamment pour objectif de comprendre la relation entre la structure 3D des chromosomes et l'expression des gènes dans le contexte de la pathogénicité bactérienne.

Il/elle travaillera dans le dans l'unité Régulation Spatiale des Génomes (<https://research.pasteur.fr/fr/team/spatial-regulation-of-genomes/>) au sein du département Génomes et Génétique et en étroite collaboration avec le laboratoire MAP UMR5240 de l'INSA de Lyon (<https://map.insa-lyon.fr/fr/content/chromatine-et-regulation-de-pathogenie-bacterienne>).

L'objectif est de caractériser la dynamique des chromosomes du phytopathogène *Dickeya dadantii* dans des conditions de stress et pendant l'infection de la plante en utilisant les technologies de **Hi-C et ChIP-Seq et de transcriptomique**, afin de découvrir de nouveaux mécanismes de régulation de la virulence, avec un accent particulier sur l'activité des Nucleoid Associated Proteins (NAPs) et le supercoiling de l'ADN.

Dû au réchauffement climatique, cette bactérie est responsable de nombreuses maladies touchant des plantes comme la betterave, la pomme de terre, l'ananas générant des impacts environnementaux et économiques importants.

Activités principales :

- Traitement, visualisation et analyse des données de génomiques (ChIP-seq, Hi-C, RNA-seq etc) grâce à des codes Python.
- Interprétation des données biologiques et élaboration de nouveaux mécanismes
- Réalisation d'expériences de Hi-C, culture bactérienne, biologie moléculaire (clonage, PCR).

Compétences :

- Compétences en bioinformatique : langage Python, environnement Linux, script bash.
- En fonction du profil du candidat: une formation en bio-informatique pourra être réalisée au laboratoire et grâce aux formations dispensées au sein de l'Institut Pasteur.
- Expérience en génétique bactérienne, RNA-Seq, ChIP-Seq, ou Hi-C (dans les bactéries ou les eucaryotes).
 - Une expérience en séquençage de nouvelle génération (NGS) est souhaitée
 - Bonne connaissance de l'anglais
 - Créativité
 - Rigueur, travail en équipe

Vos conditions et environnement de travail :

- . Remboursement de 50% des titres de transport
- . Forfait de 204 jours travaillés
- . Cantine d'entreprise, restaurants, cafétérias
- . Mutuelle et service de santé pour les collaborateurs sur le campus
- . Salle de sport, plus de 30 associations culturelles/artistiques/sportives
- . Engagements RSE forts, et initiatives des collaborateurs encouragées
- . Environnement international

Envoyer CV et lettre de motivation à acournac@pasteur.fr

Doctoral thesis - **Chromosome organization of phytopathogenic bacteria**

Institut Pasteur has been conducting cutting-edge biomedical research for over 130 years. On our 5-hectare campus in the heart of Paris, in a stimulating international environment, 3,000 people work together to meet the ambitions of the Institut Pasteur.

We are looking for a PhD student (3-year contract) for an ANR-funded project aimed at understanding **bacterial chromosome reorganization during plant infection**. In particular, this project aims to understand the relationship between 3D chromosome structure and gene expression in the context of bacterial pathogenicity.

He/she will work in the Spatial Regulation of Genomes unit (<https://research.pasteur.fr/fr/team/spatial-regulation-of-genomes>) within the Genomes and Genetics department and in close collaboration with the MAP UMR5240 laboratory at INSA Lyon (<https://map.insa-lyon.fr/fr/content/chromatine-et-regulation-de-pathogenie-bacterienne>).

The aim is to characterize the chromosome dynamics of the phytopathogen *Dickeya dadantii* under stress conditions and during plant infection, using **Hi-C and ChIP-Seq and transcriptomics** technologies, in order to discover new mechanisms for regulating virulence, with particular emphasis on the activity of Nucleoid Associated Proteins (NAPs) and DNA supercoiling.

As a result of global warming, this bacterium is responsible for numerous diseases affecting plants such as beet, potatoes and pineapples, generating major environmental and economic impacts.

Main activities:

- Processing, visualization and analysis of genomic data (ChIP-seq, Hi-C, RNA-seq etc.) using Python codes.
- Interpretation of biological data and development of new mechanisms.
- Perform Hi-C experiments, bacterial culture, molecular biology (cloning, PCR).

Skills :

- Bioinformatics skills: Python language, Linux environment, bash scripting.
- Depending on the candidate's profile: training in bioinformatics may be provided in the laboratory and through Institut Pasteur training courses.
- Experience in bacterial genetics, RNA-Seq, ChIP-Seq, or Hi-C (in bacteria or eukaryotes).
 - Experience in next-generation sequencing (NGS) is desirable.
 - Good knowledge of English.
 - Creativity
 - Rigor, teamwork

Your working conditions and environment :

- . 50% reimbursement of transport tickets
- . Package of 204 days worked
- . Company canteen, restaurants, cafeterias

- . Mutual insurance and health services for employees on campus
- . Sports hall, over 30 cultural/artistic/sports associations
- . Strong CSR commitments, and employee initiatives encouraged
- . International environment

Send CV and motivation letter to acournac@pasteur.fr