**Proposition de stage PFE (Mars– Aout 2025)**

**Structure/laboratoire d’accueil** : LRSV

**Equipe :** GBF / PEP

**Supervision :** Anis Djari anis.djari@toulouse-inp.fr

 Jean-Philippe Combier jean-philippe.combier@univ-tlse3.fr

**Intitulé –** Création d’un pipeline d’annotation de microARNs/application à la tomate

**Contexte scientifique –** L’expression des gènes est finement régulée pour permettre le développement et leurs réponses aux stress environnementaux. Parmi les mécanismes de régulation de l’expression des gènes, le « RNA Silencing », très conservé au sein des eucaryotes, joue un rôle majeur (Prix Nobel 2006). Dans le cas des plantes et des animaux, le silencing fait notamment intervenir des petits ARN régulateurs nommés microARNs (miARNs) connus pour réguler bon nombre de voies de signalisation et pour être impliqués dans la plupart des mécanismes de développement et de réponse aux stress (prix Nobel 2024).

Hormis pour quelques espèces modèles, les miARNs sont très mal annotés dans la plupart des plantes, notamment d’intérêt agronomique. Ainsi, la plus grosse base de données de miARNs (www.mirbase.org) comprend une centaine de miARNs de tomate, alors que le nombre total de miARNs chez la tomate est estimé entre 350 et 500.

**Objectifs du stage –** L’objectif de ce stage est de mettre en place un protocole bioinformatique, basé sur la bibliographie, l’expérience et les données de génomique et transcriptomique des équipes d’accueil, pour la détection et l’annotation des miARNs chez la tomate en particulier et chez les plantes de manière plus générale.

**Compétences recherchées et/ou Environnement & programmes principaux** :

* Bases solides en bioinformatique des séquences (génomique et transcriptomique)
* Bonne maîtrise de la programmation : Bash, Python (ou Perl), R
* Aisance dans un environnement Unix/Linux.
* Familiarité avec les outils de travail collaboratif : Git.
* Une expérience ou un intérêt pour le calcul haute performance (HPC) est souhaité
* La connaissance ou l’usage de gestionnaires de workflows tels que Nextflow (ou Snakemake) serait un plus.
* Capacité à explorer et synthétiser la bibliographie scientifique.
* Qualités attendues : autonomie, rigueur et capacité d’adaptation.

**Modalités des candidatures :**

Merci de faire parvenir un CV et une lettre de motivation à Anis Djari (anis.djari@toulouse-inp.fr) et Jean-Philippe Combier (jean-philippe.combier@univ-tlse3.fr)