

Un poste CDD au niveau IE pour une durée de 36 mois est disponible au Laboratoire RDP (Reproduction et Développement des Plantes) de l'École Normale Supérieure de Lyon, unité mixte INRAE-CNRS-ENSL-Lyon1-INRIA.

Projet : Étude du génome et de l'épigénome du rosier, en lien avec le développement de la fleur et ses traits d'intérêt.

Contexte : Le Laboratoire RDP étudie l'ensemble des aspects du développement des plantes (mise en place des organes, croissance, signalisation intercellulaire, développement de la graine...) avec une approche multidisciplinaire et multi-échelle combinant la biologie moléculaire et la biochimie avec la microscopie, la biophysique et la bioinformatique. L'équipe « Morphogenèse Florale » s'intéresse plus particulièrement à la mise en place des organes floraux, des mécanismes moléculaires aux caractères de la fleur adulte, en utilisant deux modèles principaux : *Arabidopsis* et la rose. L'équipe a mené des travaux pionniers pour faire du rosier une plante modèle, sur laquelle il y a maintenant assez de données disponibles : premier atlas transcriptomique du rosier, première séquence génomique complète, compréhension du mécanisme de contrôle du nombre de pétales, etc. Le séquençage du génome de l'espèce *Rosa chinensis* (*Nature Genetics*, 2018) a révélé une structure complexe, portant des marques profondes de la domestication du rosier par l'homme, des informations sur l'origine de traits majeurs chez le rosier..., ainsi que des hypothèses sur les mécanismes moléculaires et génomiques sous-jacents.

L'objectif est maintenant d'aller plus loin dans l'élucidation de ces mécanismes.

Le/la candidat(e) se chargera de l'analyse des données existantes et à venir, en lien avec les bioinformaticiens déjà présents et le centre de calcul de l'ENS de Lyon, et participera à l'interprétation biologique des résultats en collaboration étroite avec les autres membres de l'équipe.

Expériences et compétences souhaitées :

- Une formation solide en bioinformatique est indispensable pour combiner les différentes approches.
- Maîtrise d'un langage de script.
- Motivation pour l'analyse de données et leur interprétation biologique.
- Goût pour le travail en équipe et la communication, esprit d'observation, minutie et créativité.

Le poste est disponible dès maintenant. Le/la candidat(e) retenu(e) commencera dès que possible.

Contact et informations : Envoyer par email CV et lettre de motivation à Mohammed Bendahmane
mbendahm@ens-lyon.fr Tél : 04 72 72 86 84 <http://www.ens-lyon.fr/RDP/>

Sélection de références bibliographiques récentes :

- Just & Bendahmane, 2020. Genome of the month: *Rosa* spp. *Trends in Genetics* **36**(2):146-147. doi:10.1016/j.tig.2019.11.002.
- Raymond et al., 2018. The *Rosa* genome provides new insights into the domestication of modern roses. *Nature Genetics* **50**:772-777. doi: 10.1038/s41588-018-0110-3.
- Roccia et al., 2019. Biosynthesis of 2-phenylethanol is linked to the expression of one allele of RhPAAS in rose petals. *Plant Physiology* **179**(3):1064-1079. doi: 10.1104/pp.18.01468.
- François et al., 2018. A miR172 target-deficient AP2-like gene is associated with the double flower phenotype in roses. *Scientific Reports* **8**:12912. doi:10.1038/s41598-018-30918-4.
- Magnard et al., 2015. Biosynthesis of monoterpene scent compounds in roses. *Science* **349**:81-3. doi: 10.1126/science.aab0696.
- Li et al., 2019. The development of a high-density genetic map significantly improves the quality of reference genome assemblies for rose. *Scientific Reports* **9**:5985. doi: 10.1038/s41598-019-42428-y.
- Betsch et al., 2019. TCTP and CSN4 control cell cycle progression and development by regulating CULLIN1 neddylation in plants and animals. *PLoS Genetics* **15**(1):e1007899. doi: 10.1371/journal.pgen.1007899.