

Bioinformatique des ARN non-codants : Caractérisation des petits ARN nucléolaires et de leurs multiples rôles comme régulateurs cellulaires

Numéro de la fiche : OPR-878

Sommaire

DIRECTION DE RECHERCHE

Michelle Scott, Professeure - Département de biochimie et de génomique fonctionnelle

RENSEIGNEMENTS

michelle.scott@usherbrooke.ca

UNITÉ(S) ADMINISTRATIVE(S)

Faculté de médecine et des sciences de la santé
Département de biochimie et de génomique fonctionnelle

CYCLE(S)

2e cycle
3e cycle
Stage postdoctoral

LIEU(X)

Campus de la santé

Description du projet

Les snoRNA (petits ARN nucléolaires) sont des petits ARN non-codants présents chez tous les eucaryotes et bien caractérisés pour leur rôle dans la biogénèse des ribosomes, grâce à leur capacité de modification chimique séquence-spécifique. Cependant, durant les 2 dernières décennies, de plus en plus d'études ont démontré des fonctions additionnelles pour les snoRNA dont la capacité de réguler l'expression à plusieurs niveaux dont l'épissage alternatif, la polyadénylation alternative et la stabilité des transcrits. L'expression des snoRNA est dérégulée dans de nombreuses maladies dont le cancer de l'ovaire que nous étudions particulièrement. Malgré l'étendue des fonctionnalités décrites pour les snoRNAs, la majorité des snoRNA sont peu caractérisés et certains sont même manquants des annotations des génomes les mieux annotés. Pour augmenter la caractérisation des snoRNA et notre compréhension de leurs rôles cellulaires dans les cellules saines et dans des conditions pathologiques, nous cherchons en parallèle à :

- 1) déterminer l'ensemble des snoRNAs dans différents eucaryotes et étudier leur phylogénie;
- 2) identifier leurs cibles et leurs fonctions;
- 3) déterminer leurs mécanismes d'action.

Nous utilisons des approches de bioinformatique, d'apprentissage machine (machine learning), de phylogénie et de biologie comparative, ainsi que de biologie des réseaux.

EXIGENCES PARTICULIÈRES:

Études en bioinformatique, biologie moléculaire ou domaine connexe et connaissance en programmation ou intérêt à acquérir cette expertise. Une expérience en analyse de RNA-seq et/ou en génomique comparative est un atout.

Discipline(s) par secteur

Financement offert

Oui

Sciences de la santé

Biochimie, Biologie cellulaire, Biologie moléculaire, Épidémiologie et biostatistique

Sciences naturelles et génie

Biologie et autres sciences connexes, Informatique

La dernière mise à jour a été faite le 1 mars 2024. L'Université se réserve le droit de modifier ses projets sans préavis.