

Formulaire de stage (sur une page maximum)  
Parcours M2 GGBS 2021-22

Laboratoire : INSERM U1232 CRCINA

Intitulé/N° d'équipe : Immunobiologie des  $LT\alpha\beta$  et  $\gamma\delta$  humains et applications immuno-thérapeutiques/ Équipe 1

Nom-Prénom de l'encadrant : Harly Christelle

Courriel de l'encadrant : christelle.harly@inserm.fr

Titre du stage : **Mécanismes transcriptionnels contrôlant le développement des cellules lymphoïdes innées chez la souris.**

Résumé du projet proposé :

Les cellules lymphoïdes innées ont été récemment découvertes et jouent des fonctions très importantes et uniques dans l'immunité et l'homéostasie. Le développement de ces cellules est encore mal compris (Harly et al., Nature Immunol 2019). La compréhension des mécanismes contrôlant le développement des cellules lymphoïdes innées permettrait de moduler ce processus à des fins immuno-thérapeutiques.

L'objectif de ce projet est de comprendre la fonction d'un facteur de transcription important pour le développement des cellules lymphoïdes innées. Les gènes potentiellement contrôlés par ce facteur seront identifiés grâce à une reconstruction pseudo temporelle des changements transcriptionnels au cours du développement. L'association directe entre les gènes candidats et le facteur de transcription d'intérêt sera ensuite examinée. Finalement, les gènes cibles seront validés dans des modèles de gain et perte de fonction du facteur d'intérêt.

Approches utilisées :

- (i) Reconstruction pseudo temporelle du développement des cellules lymphoïdes innées par l'analyse de données de single-cell RNA-sequencing.
- (ii) Génération et analyse de données de CHIP-seq et analyses des sites d'accrochages du facteur de transcription genome-wide.
- (iii) Analyses transcriptionnelles par qPCR et scRNAseq en condition de surexpression ou déficience du facteur de transcription d'intérêt *in vitro* ou *in vivo*.

Le candidat idéal sera intéressé par le recherche fondamentale couplant des approches expérimentales *in vitro* et *in vivo* et des analyses bioinformatiques.