

PROGRAMME DE STAGES D'ÉTÉ
Initiation à la recherche biomédicale
au Centre de recherche du CHU Sainte-Justine
Été 2021

Épigénétique du développement embryonnaire

Numéro de l'offre de stage : No. 27

Équipe de recherche

[Serge McGraw, PhD](#)

Département Obstétrique-Gynécologie
Pathologies foetomaternelles et néonatales

Coordonnées

Centre de recherche du CHU Sainte-Justine
3175 Chemin de la Côte-Ste-Catherine
Montréal, Qc, H3T 1C5

Responsable de la supervision du stagiaire

Karine Doiron, PhD
Postdoctorante

Programmes d'études ciblés

Biochimie, bio-informatique

Description du projet

Notre laboratoire cherche à approfondir comment un dérèglement épigénétique survenant pendant l'établissement du programme embryonnaire peut être à l'origine de troubles développementaux chez l'enfant.

Le projet suggéré vise à identifier l'interaction et l'interdépendance qui existent entre diverses modifications épigénétiques, ainsi que leurs susceptibilités à un dérèglement permanent suite à une insulte visant le programme embryonnaire. Nous utilisons un modèle de souris (syndrome d'alcoolisme fœtal), des modèles *in vitro* innovateurs de cellules souches embryonnaires dans lesquelles on peut contrôler l'expression de facteurs épigénétiques clés, ainsi que des cellules souches pluripotentes induites (iPS) de patients ayant une mutation dans une enzyme responsable pour la méthylation de l'ADN. Notre laboratoire cherche à définir à haute résolution la chronologie et l'évolution des dérèglements épigénétiques suivant ces diverses insultes. Au-delà des technologies



Centre de recherche
CHU Sainte-Justine
Le centre hospitalier
universitaire mère-enfant

Université
de Montréal

PROGRAMME DE STAGES D'ÉTÉ

Initiation à la recherche biomédicale au Centre de recherche du CHU Sainte-Justine Été 2021

standards en biologie cellulaire et moléculaire, des approches de séquençage de nouvelle génération (*Whole Genome Bisulfite Sequencing* (WGBS) et *ChIP-Seq*) couplées à des analyses bioinformatiques seront exploitées afin d'établir des signatures épigénétiques hautement détaillées pour la méthylation de l'ADN et les modifications aux histones. Le système d'édition de l'épigénome *CRISPR/dCas9* (*Clustered, Regularly Interspaced, Short Palindromic Repeats/Dead CRISPR-Associated Protein 9*) sera utilisé pour recouvrir la perte de méthylation et identifier les facteurs clés qui sont impliqués dans la maintenance de la méthylation de l'ADN.

Rôle du stagiaire

Le rôle du stagiaire sera de performer des expériences et les analyses qui sont rattachées au projet. La/le stagiaire doit être motivé, faire preuve d'autonomie et avoir le désir d'apprendre et comprendre. Des connaissances pratiques en culture cellulaire et en biologie moléculaire seraient un atout, ainsi qu'un bon sens de la planification et de la communication. Un intérêt de poursuivre les études au niveau maîtrise/doctorat est souhaité. L'apprentissage des approches nécessaires se fera dans un environnement et encadrement dynamiques afin d'assurer le succès du stage. Le/la stagiaire aura également l'occasion d'interagir et collaborer avec d'autres groupes de recherche avec des intérêts similaires.

Mots clés

Épigénétique, embryon, développement, méthylation, troubles neuro-développementaux.

