



ÉCOLOGIE ÉVOLUTIVE

EQUIPE ÉVOLUTION, ADAPTATION ET COMPORTEMENT

RAJON Etienne

MAÎTRE DE CONFÉRENCES

UCBL

📍 43 bd du 11 novembre 1918
69622 VILLEURBANNE cedex (<http://maps.google.com/maps?q=43%20bd%20du%2011%20novembre%201918+69622+%20VILLEURBANNE%20cedex>)
☎ 33 04 72 43 27 85

@ [Courriel](#)

🐦 [Twitter \(https://twitter.com/etienne_rajon\)](https://twitter.com/etienne_rajon)

[Mastodon](#) ↗

Recherche postdoc – Modélisation de l'évolution des enzymes dans des réseaux métaboliques complexes

Le postdoc est pour 2 ans au LBBE. Pour candidater, merci d'envoyer un CV, une courte description des choses qui vous intéressent et des idées que vous pourriez avoir sur le projet, et le(s) nom(s) et email(s) d'une ou deux références.

L'évaluation des dossiers se fait au fil de l'eau tant que le poste n'est pas pourvu – si l'annonce est visible il ne l'est pas.

Salaire mensuel net: 1864 euros, négociable.

Début du contrat début 2023.

De quoi s'agit-il ? Les réactions métaboliques forment des réseaux essentiels à la transformation des nutriments en énergie et en blocs de construction utiles. Non moins essentielles sont les enzymes qui catalysent ces réactions. Pourtant, malgré leur rôle crucial dans la compétition pour les ressources, les enzymes sont extrêmement diverses, et parfois seulement modérément efficaces. La présence abondante de redondance dans les réseaux métaboliques est tout aussi déroutante ; elle signifie que certaines enzymes sont peut-être inutiles. Ce projet vise à résoudre cette énigme en étudiant l'évolution conjointe des caractéristiques enzymatiques et de la structure du réseau métabolique. Cela implique (i) de construire et d'analyser des modèles mécanistes de génétique des populations pour avoir une idée de ce à quoi les enzymes devraient ressembler, et (ii) de comparer ces prédictions aux données publiées.

Qui peut candidater ? A toute personne ayant fait de la modélisation, de préférence en évolution, et souhaitant s'intéresser aux aspects mécanistiques. Dans l'équipe, on a tendance à produire autant que possible des modèles informés par notre connaissance des systèmes considérés, de sorte que le.la candidat.e idéal.e doit avoir, en plus des compétences en mathématiques / calcul, un appétit pour la lecture et la découverte du fonctionnement des choses. Ne pas avoir travaillé sur les enzymes, ni même à ce niveau d'organisation biologique, n'est pas un soucis ; cela montre au contraire à quel point vous êtes ouvert.e d'esprit!

Et si j'avais d'autres bonnes idées ? Discutons-en ! Même si nous voulons que ce projet avance, nous pouvons aussi faire de la place pour explorer ailleurs.

Est-ce que je veux vivre à Lyon pendant deux ans ? Parfois, la science exige ce genre de sacrifice.... Plus sérieusement : Lyon est une ville dynamique à taille humaine. Réputée pour sa gastronomie, hébergeant de nombreux festivals, un spectacle de lumière emblématique, des musées, etc. Le LBBE est une structure traitant de nombreux pans de la biologie (parfaite pour les esprits ouverts) avec des « départements » allant de la génomique à l'écologie évolutive. Nous avons des séminaires externes et internes, des journées thématiques, etc. Et c'est juste pour apprendre les uns des autres, car nous considérons que cela fait partie de (ce qui est intéressant dans) nos métiers.



Recherche

LBBE



LBBE

URL de la page : https://lbbe.univ-lyon1.fr/fr/annuaires-des-membres/rajon-etienne?is_pdf=true&is_pdf=true

Le monde vivant est d'une complexité spectaculaire, mais la théorie de l'évolution permet d'en comprendre, pas-à-pas, les méandres. La modélisation est un outil puissant pour dépasser les limites de notre intuition et comprendre comment des phénomènes complexes émergent à partir d'ingrédients simples. Évidemment, lorsqu'on change la liste d'ingrédients, le résultat final peut changer, rendant cruciale leur connaissance.

Mon objectif général est d'intégrer des informations concernant les mécanismes qui sous-tendent les phénotypes – de la relation entre le génotype (ou tout autre support d'information) et le phénotype – pour construire des modèles d'évolution réalistes. Cette démarche évite d'avoir à faire (trop) de choix arbitraires, notamment sur la distribution des effets des mutations, et sur les contraintes qui peuvent régir l'évolution : il peut y avoir de la pléiotropie, de la robustesse, des compromis évolutifs, et ces descripteurs de la distribution des effets mutationnels peuvent eux-mêmes évoluer.

Sans que je puisse bien l'expliquer, ces mécanismes qui sous-tendent les phénotypes forment des réseaux, dont (ou dans lesquels) j'étudie l'évolution. Trois m'occupent actuellement : les réseaux de gènes, les réseaux endocriniens et les réseaux métaboliques.

Les réseaux des gènes sont formés par les relations de régulation de l'expression des gènes. Certains gènes codent pour des régulateurs (par exemple les facteurs de transcription) qui interagissent avec certaines petites séquences entourant d'autres gènes et modifient leur transcription. Petite parenthèse : c'est un bon exemple pour montrer l'intérêt de la modélisation mécanistique ; on peut faire des modèles simples où ces relations apparaissent ou disparaissent, avec certaines probabilités, mais en réalité la ou les séquences régulatrices peuvent être plus ou moins proches de la « bonne » séquence, si bien que ces probabilités vont elles-mêmes changer au cours du temps, ce qui ne peut pas être pris en compte sans modéliser explicitement les changements des séquences régulatrices.

Ces réseaux de gènes sont à l'origine de nombreux (tous les ?) phénotypes. Mais leur fonctionnement est soumis à une part de bruit, le nombre de copies d'éléments produits par chacun de ces gènes (ARN et protéines) variant obligatoirement d'une cellule à une autre. Je prends en compte la présence de ce bruit d'expression (thèse de Florian Labourel), pour modéliser son exploitation permettant de générer des stratégies de bet-hedging diversifiant (l'expression aléatoire de divers phénotypes par un seul génotype) et de la multicellularité (mais on s'est un peu cassé les dents là-dessus !).

Mes projets actuels sur ce thème concernent (toujours) l'évolution du bet-hedging et de la multicellularité. Je m'intéresse aussi à l'émergence et à l'évolution de systèmes d'hérédité non génétiques (Rajon et Charlat, 2019), pour lesquels ces réseaux sont un terrain idéal semble-t-il : bizarrement une grande majorité des mécanismes d'hérédité non-génétique décrits interviennent dans les réseaux de gènes (petits ARN, méthylation, etc.).

Les appariements physiques entre hormones et récepteurs sont à l'origine de nombreux phénotypes observés chez les organismes multicellulaires, et surtout des relations entre ces phénotypes. C'est dans ce cadre que je me suis intéressé à leur évolution (thèse de Salomé Bourg), afin de modéliser l'évolution de la forme des trade-offs (Bourg et al, 2019).

Sur ce thème, j'ai pour projet de construire un modèle permettant de comprendre l'évolution des dynamiques temporelles (au cours de la vie) d'allocation d'énergie aux traits d'histoire de vie.

Sans enzyme, pas de vie possible : les réactions biochimiques qui fournissent aux êtres vivants énergie et matériaux de construction, à partir de ce qui se trouve dans leur milieu, seraient beaucoup trop lentes pour soutenir le rythme des organismes autorépliquants. Pourtant, l'image d'Epinal d'enzymes hyper efficaces, fonctionnant aux limites de ce qui est possible physiquement, ne résiste pas à l'analyse de leurs constantes cinétiques.

Pour le comprendre, nous (thèse de Florian Labourel) avons construit des modèles d'évolution des enzymes intégrant une caractéristique essentielle des êtres vivants reposant sur l'efficacité enzymatique (la compétition pour les ressources) et des détails de l'environnement d'une enzyme (réaction catalysée, caractéristiques du métabolite produit, etc.). Ce travail a montré que l'inefficacité observée peut être comprise par un plateau au-delà duquel augmenter l'efficacité augmente peu la valeur sélective (Labourel et Rajon, 2021).

D'autre part, l'intégration des contraintes cellulaires régissant l'expression (coûteuse) de ces enzymes a permis de comprendre pourquoi, parfois, des organismes relarguent des métabolites permettant encore de générer de l'énergie, au profit d'autres, faisant ainsi la lumière sur l'évolution d'interactions de cross-feeding communes dans les communautés microbiennes (Labourel et al, 2021).