



Fiche proposition de stage - *Internship offers* 2025-26

Offre pour / Offer for (you can make offers for both levels, if the subjects are different, please use a new form)

☒ **Master 2 (from end January)**

☐ **Master 1 (from mid January)**

Intitulé du stage <i>Title</i>	Rôle des paraspeckles dans l'organisation 3D et l'expression du génome <i>Role of paraspeckles in 3D genome organization and gene expression</i>
Laboratoire d'accueil <i>Host laboratory</i>	IGMM – équipe "Organisation génomique et contrôle épigénétique" <i>IGMM - team "Genome organization and epigenetic control"</i>
Nom du responsable <i>Name of the PI</i>	Thierry Forné
Nom d'encadrant <i>Supervisor</i>	Thierry Forné
Description (3 phrases) <i>Description</i> (3 sentences)	Les paraspeckles sont des organites nucléaires sans membrane formés par séparation de phase de leurs constituants et ils sont altérés dans plusieurs maladies dont certains cancers. Afin d'explorer les conséquences de l'association de ces organites avec la chromatine pour l'organisation 3D et l'expression du génome, l'équipe a développé la méthode RD-HRS (Lecouvreux <i>et al.</i>, sous presse : https://hal.science/hal-04711849v1). Cette méthode permet un profilage global des séquences d'ADN et d'ARNs associées à l'ensemble des corps nucléaires, sans savoir lesquelles correspondent à un corps nucléaire donné. Le but du projet sera d'adapter l'approche de marquage par hybridation-proximité (HyPro) (Yap <i>et al.</i>, 2021, <i>Mol. Cell</i> 82, 463-478) à la méthode RD-HRS pour biotinyler les ARN et l'ADN génomique à proximité du long ARN non codant NEAT1_2 spécifique des paraspeckles dans une lignée de fibroblastes bien caractérisées (cellules IMR-90). Le séquençage des ADN/ARN biotinylés permettra de comparer la composition spécifique des paraspeckles en conditions physiologique ou pathologique. <i>Paraspeckles are nuclear membraneless organelles formed by phase separation of their constituents and they are altered in several diseases like cancers. To explore the consequences of association of such nuclear organelles with genomic sequences for 3D genome organization and gene expression, the team has developed the RD-HRS method (Lecouvreux et al., in press: https://hal.science/hal-04711849v1). This method allows global profiling of DNA sequences and RNAs associated with all nuclear bodies, without knowing which sequences correspond to a given nuclear body. The aim of the proposed project will be to adapt the Hybridization-Proximity (HyPro) labelling approach (Yap et al. 2021, <i>Mol. Cell</i> 82, 463-478) to the RD-HRS method to biotinylate the RNAs and genomic DNA in the vicinity of the paraspeckles-specific NEAT1_2 long non-coding RNA in the well-characterised IMR-90 fibroblasts. Sequencing of biotinylated DNA/RNAs will then allow to compare the specific composition of paraspeckles in physiological or pathological conditions.</i>
Durée prévu <i>Duration</i>	5/6 mois 5/6 months
E-mail	thierry.forne@igmm.cnrs.fr