

Caractérisation des petits ARN dérivés de viroïdes chez les plants de cannabis

Numéro de la fiche : OPR-1366

Sommaire

DIRECTION DE RECHERCHE

Jean-Pierre Perreault, Recteur - RECT
Administration

RENSEIGNEMENTS

jean-pierre.perreault@usherbrooke.ca

UNITÉ(S) ADMINISTRATIVE(S)

Faculté de médecine et des sciences de la
santé

CYCLE(S)

1er cycle

LIEU(X)

Campus de la santé
Université de Sherbrooke, campus
principal

Description du projet

Pour postuler à cette offre, bien vouloir contacter la direction de recherche.

Le cannabis (*Cannabis sativa* L.) est une plante d'une importance économique et scientifique majeure au Canada, dont la pertinence ne cesse de croître, tant en agriculture qu'en biotechnologie et en médecine. La santé des plants de cannabis influence directement la constance, l'innocuité et la composition biochimique des produits d'origine végétale utilisés à des fins médicinales. Parmi les agents pathogènes connus, le viroïde latent du houblon (Hop latent viroid, HLVd) a été identifié comme une cause importante de maladies chez le cannabis, entraînant une diminution de la vigueur des plants ainsi que des modifications des profils métaboliques. Toutefois, des résultats récents obtenus dans notre laboratoire indiquent que la diversité des viroïdes affectant le cannabis est plus grande que ce qui était reconnu jusqu'à présent.

Nos travaux démontrent qu'en plus du HLVd, au moins deux espèces distinctes de viroïdes infectent les plants de cannabis et induisent des phénotypes de maladie différents. Ces différences suggèrent l'existence de mécanismes moléculaires et biochimiques de pathogénie distincts, de même que des effets différenciés sur l'expression des gènes de l'hôte et sur les voies métaboliques. La compréhension de ces mécanismes est essentielle pour élucider la façon dont de petits agents pathogènes à ARN non codant modulent les processus cellulaires de l'hôte.

Nous recherchons un(e) stagiaire aux études supérieures hautement motivé(e) pour participer à un projet de recherche portant sur la caractérisation biochimique et génomique fonctionnelle des interactions entre les viroïdes et leur hôte chez le cannabis. Le ou la stagiaire travaillera à l'interface de la biologie moléculaire, de la biochimie et de la génomique, et contribuera à des expériences visant à comprendre comment l'infection par des viroïdes modifie les réseaux de régulation de l'ARN, l'expression génique et les voies biochimiques.

La personne retenue sera responsable de la préparation d'échantillons d'ARN total et de petits ARN en vue du séquençage de nouvelle génération, incluant l'extraction de l'ARN, l'évaluation de sa qualité et la préparation des bibliothèques. Une composante majeure du projet consistera en l'analyse génomique fonctionnelle des données de séquençage de petits ARN afin d'identifier les petits ARN dérivés de viroïdes et de caractériser leur impact sur la régulation des gènes de l'hôte. Le ou la stagiaire participera également à la compilation des données, à l'intégration des jeux de données génomiques et biochimiques, ainsi qu'à l'interprétation des résultats dans le contexte des fonctions cellulaires de l'hôte.

Les concepts et les méthodologies utilisés dans ce projet présentent une pertinence directe pour la recherche médicale. Les viroïdes

constituent des systèmes modèles puissants pour l'étude de la régulation basée sur l'ARN, des interactions hôte–pathogène et des mécanismes de contrôle épigénétique, qui sont au cœur de nombreuses recherches sur les maladies.

Les candidats(es) doivent être inscrits(es) à un programme de cycles supérieurs (M. Sc. ou Ph. D.) en biochimie, biologie moléculaire, génomique fonctionnelle, biotechnologie ou dans une discipline connexe. Une solide formation en biologie de l'ARN, en expression génique ou en mécanismes moléculaires des maladies est requise. Une expérience pratique en techniques de biologie des acides nucléiques (extraction d'ARN, RT-PCR, électrophorèse sur gel, préparation de bibliothèques) constitue un atout.

Les candidats(es) doivent démontrer une bonne compréhension des principes biochimiques liés aux interactions macromoléculaires et aux voies de régulation. Une familiarité avec le séquençage de nouvelle génération, la biologie des petits ARN ou l'analyse transcriptomique est un avantage, tout comme une expérience en bioinformatique (Linux, R, Python), sans être obligatoire.

La personne retenue devra posséder de solides capacités d'analyse et de résolution de problèmes, être en mesure d'interpréter des données complexes et démontrer un intérêt pour l'intégration de données biochimiques et génomiques. D'excellentes aptitudes en communication, une grande motivation et la capacité de travailler de façon autonome et en équipe dans un environnement multidisciplinaire sont essentielles, de même qu'un intérêt pour la recherche translationnelle.

Co-directeurs : Charith Raj Adkar Purushothama & Kamal Bouarab

Courriels : charith.adkar@usherbrooke.ca & Kamal.Bouarab@usherbrooke.ca

OPR XR364/ZL7A2

Discipline(s) par secteur

Sciences de la santé

Biochimie, Biologie moléculaire, Virologie

Sciences naturelles et génie

Biologie et autres sciences connexes,
Génie biomédical et génie biochimique

La dernière mise à jour a été faite le 23 February 2026. L'Université se réserve le droit de modifier ses projets sans préavis.