

OFFRE DE STAGE DE MASTER 2 (premier semestre 2027)

Identification et validation de gènes de référence pour la quantification de l'expression génique par RT-qPCR et dPCR chez le bivalve d'eau douce *Dreissena polymorpha*

Mots clés : bivalves, mécanismes de détoxification, expression génique, gènes de référence, transcription-inverse PCR

Lieu : LIEC - UMR CNRS 7360, Campus Bridoux, Rue Delestraint, 57070 Metz

Responsable du stage : Dr François Rodius

Co-encadrants : Dr Bénédicte Sohm, Dr Sandrine Pain-Devin

Contexte

La compréhension des mécanismes de toxicité contribue à prédire et expliquer les impacts cellulaires, tissulaires et individuels des contaminants environnementaux. Ces éléments sont essentiels à la protection des écosystèmes ; ils permettent également, à l'échelle moléculaire, d'identifier des biomarqueurs d'exposition ou d'effets, tels que des systèmes de détoxification, utiles au suivi de l'état de santé des organismes et de la qualité de l'environnement. La mesure de l'expression des gènes par RT-qPCR ou par PCR digitale (dPCR) nécessite une étape rigoureuse de normalisation afin de corriger les variations biochimiques et techniques (efficacité d'extraction des ARN, qualité de la transcription inverse, quantité initiale de matériel). Cette normalisation repose sur l'utilisation de gènes de référence (ou gènes de ménage), dont l'expression doit rester stable quelles que soient les conditions expérimentales ou environnementales étudiées. L'utilisation de gènes non validés au préalable peut induire des biais d'interprétation et masquer de réelles variations biologiques.

Objectifs du stage

Le projet s'inscrit dans le cadre de l'étude de la réponse écotoxicologique de la moule zébrée (*Dreissena polymorpha*) soumise à des stress environnementaux. L'objectif principal est d'évaluer l'expression de plusieurs gènes de détoxification chez des individus prélevés sur des sites du bassin Rhin-Meuse et présentant différents niveaux de pollution.

Le/la stagiaire aura pour mission de :

Tester un groupe de gènes de référence candidats issus de données transcriptomiques obtenues préalablement au laboratoire.

Analyser la stabilité d'expression de ces gènes candidats par **RT-qPCR** et **dPCR** dans les branchies et les glandes digestives de bivalves prélevés sur les différents sites d'étude.

Valider statistiquement les meilleurs gènes de référence à l'aide d'algorithmes dédiés (*GeNorm*, *NormFinder*, *BestKeeper*).

Comparer la RT-qPCR et la dPCR pour la mesure d'expressions géniques en conditions environnementales.

Profil recherché

Formation : étudiant(e) en Master 2 (Écotoxicologie, Biologie moléculaire, Biologie cellulaire et physiologie ou domaines équivalents).

Compétences :

- solides connaissances théoriques et pratiques en biologie moléculaire et plus particulièrement dans le domaine de la RT-qPCR,
- savoir faire une synthèse bibliographique à partir de données en français et en anglais.

Modalités pratiques

Durée : 6 mois (de janvier à juin 2027).

Lieu : LIEC - UMR CNRS 7360, Campus Bridoux, Rue Delestraint, 57070 Metz

Gratification : gratification réglementaire en vigueur pour un stage de Master 2.

Pour postuler : envoyer un CV détaillé, une lettre de motivation et vos résultats de M1 à
M. François Rodius - francois.rodious@univ-lorraine.fr