

Postdoctorant

Les premières semaines du développement embryonnaire sont les plus critiques du développement humain et l'importance des 1000 premiers jours est de plus en plus évidente. Durant cette période, les premières lignées s'établissent : 1) trophoctoderme (TE; examen prospectif du placenta), 2) endoderme primitif (PE; futur sac vitellin), et 3) cellules épiblastiques pluripotentes (EPI; propriétés du futur embryon). Grâce aux récentes avancées en génomique unicellulaire, il est maintenant possible de mesurer le contenu moléculaire dans la cellule individuelle – une technologie optimale pour l'étude de la biologie moléculaire du développement de l'embryon (compte tenu des nombreux types de cellules présents et du matériel de départ limité) et les exosomes libérés par l'embryon dans le milieu de culture. Dans ce projet, nous étudierons la manière dont l'environnement *ex vivo* précoce modifie le méthylome, le transcriptome et l'ARN non codant des trois premières lignées (TE, EPI et PE), programmant potentiellement le placenta et le fœtus en développement pour une maladie et une complication ultérieures. Il est donc important de bien comprendre les voies d'accès aux gènes clés particulièrement susceptibles à l'insulte durant cette période de développement. Ces études permettront de mieux comprendre les mécanismes et les voies d'accès impliqués dans la régulation et la conduite du passage d'un lignage de cellules souches totipotentes aux lignées de cellules pluripotentes présentes avant l'implantation. De plus, ces études peuvent fournir des cibles potentielles d'intervention thérapeutique et fournir des preuves évidentes de la nécessité de poursuivre un protocole actuel ou d'adjuvant thérapeutique en pratique clinique.

Publications indexées dans Pubmed :

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/myncbi/browse/collection/47656928/?sort=date&direction=descending>

Qualifications :

Le poste s'adresse à un stagiaire postdoctoral salarié libre de commencer immédiatement. Il s'agit d'un contrat fixe d'un an avec possibilité de prolongement. Le stagiaire postdoctoral sera responsable du traitement, du contrôle de la qualité, du stockage et de l'analyse de données moléculaires monocellulaires à haut débit (méthylome, transcriptome). Le projet est axé sur l'étude du développement préimplantatoire.

Prérequis :

- De préférence, un diplôme universitaire en bioinformatique ou en biologie computationnelle, ou une expérience équivalente avec des calculs à grande échelle, le traitement de données à haut débit et l'analyse de données biologiques (ARN-seq et méthylation) ;
- Expérience éprouvée dans les environnements R, Unix / Linux et compétences en programmation ;
- Bonne connaissance de la biologie et ayant déjà participé à des activités, des projets et des publications de recherche scientifique. Une expertise en biologie du développement constitue un atout ;
- Excellent sens de l'organisation, autonomie et dynamisme;
- Anglais écrit et parlé avancé.

Statut :

- Bourse : une bourse sera offerte conformément aux directives institutionnelles si l'application à une bourse externe n'aboutit pas.
- Date de début: janvier 2019. Date précise à déterminer avec le candidat.

Pour poser votre candidature :

Veillez faire parvenir par courriel, votre dossier à : Sophie Petropoulos
sophie.petropoulos@umontreal.ca.

Votre dossier de candidature doit inclure :

- Une lettre de motivation décrivant comment votre expérience et votre parcours rencontrent les prérequis exigés;
- Un curriculum vitae complet décrivant vos emplois précédents, vos rôles et vos responsabilités, votre dossier académique, vos publications scientifiques et toute autre expérience pertinente.
- 2 à 3 références.

English translation follows

Project Description:

The importance of the first 1000 days of human development is becoming increasingly evident. Embryonic development during the first week is arguably the most critical window of human development. During this time, the first lineages are being established: 1) trophoblast (TE; prospective placenta), 2) primitive endoderm (PE; prospective yolk sac), and 3) pluripotent epiblast cells (EPI; prospective embryo proper). With recent advancements in single-cell genomics, we can now successfully measure the molecular content in an individual cell – a technology that is optimal for studying the molecular biology in the developing embryo (given the numerous cell types present and limited starting material) and the exosomes released by the embryo into the culture media. The project will also investigate how the early ex vivo environment modifies the methylome, transcriptome and noncoding RNAs of the first three lineages (TE, EPI and PE); thus potentially programming the placenta and developing fetus for disease and disorder later in life. Understanding key gene pathways that are particularly susceptible to insults during this specific window of development in this population is of great importance. These studies will shed light onto the mechanisms and pathways involved in regulating and driving the shift from a totipotent zygote to the pluripotent cell lineages present prior to implantation. In addition, these studies may also provide potential targets for therapeutic intervention in addition to providing definitive evidence as to whether a current protocol or therapeutic adjuvant should be continued in clinical practice.

Publications on Pubmed :

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/myncbi/browse/collection/47656928/?sort=date&direction=descending>

Qualifications:

The position is for a postdoctoral fellow on salary that is available to start immediately. It is for one year fixed term with the possibility for extension. The postdoctoral fellow will take on the processing, quality control, storage and analysis of high-throughput single-cell molecular data (methylome, transcriptome). The project is focused on investigating preimplantation development.

Entry requirements:

- Academic degree in bioinformatics or computational biology preferred or sufficient expertise with
- large-scale computing, high-throughput data handling, biological data analysis (RNA-seq and Methylation)
- Demonstrated experience with R, Unix/Linux environments and programming skills
- Good knowledge of biology and previous participation in research activities/projects/publications.
- Specific expertise in developmental biology is not required but is an asset.
- Impeccable organizational skills, drive and independence
- Excellent spoken and written English.

Job type:

- Scholarship/bourse: Stipends will be provided according to institutional guidelines if application to external fellowship is not successful.
- Start date: Available January 2019, to be determined with candidate.

To apply for this position:

Please send your CV, transcripts, a motivation letter and the name and email addresses of 2-3 references to Sophie Petropoulos: sophie.petropoulos@umontreal.ca

The application must include:

- A letter of interest, outlining how the candidate's experience and background fulfills the specific duties and entry requirements.
- A complete curriculum vitae, describing previous positions, roles and responsibilities, academic track record, scientific publications and other relevant experience
- 2-3 referees