



NOM : **BLOYER**

Prénom : **Sébastien**

Corps/grade : **Pr1**

Section CNU : **65**

Laboratoire : **Institut de biologie intégrative de la cellule, (UMR 9198)**

Tutelles : CNRS, CEA, Université Paris-Saclay

Equipe : « Dynamique de la chromatine »

Principales responsabilités : Correspondant Master Biologie Santé (site Orsay) - Correspondant Relations Internationales - co-responsable M2 GenE2

Mots-clés recherche : Épигénétique - Génomique - Structure 3D de la chromatine

Mots-clés enseignement : Épигénétique - Génomique - Génétique - Biologie moléculaire

Résumé de la recherche :

Mon recrutement comme Professeur à l'Université Paris-Sud m'a permis d'intégrer une équipe pionnière dans l'analyse 3D de la chromatine. J'ai étudié les liens entre colinéarité des gènes HOX, domaines épigénétiques et structure tridimensionnelle de la chromatine chez la drosophile. Mes travaux ont révélé une inversion non canonique de la colinéarité du gène Abd-B, remettant en cause le modèle « open for business ». Les approches 4C-seq et Hi-C ont montré qu'Abd-B s'active dans un domaine distinct du complexe BX-C. Des analyses ChIP-seq ont mis en évidence une activation séquentielle contrôlée par des frontières et séquences cis-régulatrices, avec une colinéarité inversée. Par scRNA-seq, nous avons démontré le rôle d'éléments cis dans le choix des promoteurs alternatifs d'Abd-B (Moniot-Perron et al. 2023). Enfin, j'ai contribué au développement d'une approche innovante de séquençage Nanopore 3C, permettant d'identifier des « hubs chromatinien » uniques et de caractériser la dynamique de CTCF aux frontières des TADs dans les cellules souches embryonnaires de souris (Chang et al. 2021).

Résumé des enseignements :

La majeure partie de mes enseignements se déroule à l'UFR des Sciences de l'Université Paris-Saclay, tant en Licence de Biologie qu'au sein du Master Biologie-Santé. En Licence, je me concentre principalement sur la génétique et la biologie moléculaire, tandis qu'en Master, mes cours portent sur la génomique, l'épigénétique et le traitement des analyses de séquences NGS.