

*M2 - Biologie Computationnelle :
Analyse, Modélisation et Ingénierie de l'Information Biologique et Médicale (AMI2B)*

SUJET DE STAGE

NOM, prénom de la personne proposant le stage : BOUSSAHA, Mekki

Adresse Professionnelle : Unité INRA-GABI, Domaine de Vilvert, 78352 Jouy-en-Josas

Numéro de téléphone : 01 34 65 26 46

Adresse électronique : mekki.boussaha@inrae.fr

Entreprise/Unité d'appartenance : UMR1313 - Génétique Animale et Biologie Intégrative

Domaine d'expertise de l'entreprise / laboratoire :

Génétique et Génomique des animaux d'élevage

Nom du représentant légal de l'entreprise / laboratoire :

Mathilde Dupont-Nivet

Adresse postale et N° de téléphone :

Domaine de Vilvert, 78352 Jouy-en-Josas

Tel : 33 (1) 34 65 23 49

Nom de l'unité d'accueil :

UMR1313 - Génétique Animale et Biologie Intégrative

Nom, prénom, statut et spécialité des personnes qui encadreront le stagiaire :

Mekki BOUSSAHA, Ingénieur de recherche, bio-informaticien

Numéro(s) de téléphone où l'on peut les joindre : (33)1 34 65 26 46

Adresse électronique : mekki.boussaha@inrae.fr

Gwenola Tosser-Klopp, Chercheure/DR2,

Equipe GenROC-Génomique des Ruminants Ovins et Caprins

Numéro(s) de téléphone où l'on peut les joindre : (33)5 61 28 51 14

Adresse électronique : gwenola.tosser@inrae.fr

Titre du stage : Etude des génomes des ruminants (bovins, ovins, caprins) à partir de données de séquençage du génome entier (WGS).

Mots clés : Génomique, Bio-informatique, biologie moléculaire, statistiques

Description du sujet (1 page maximum)

Contexte :

La plupart des espèces présentent une grande diversité génétique entre les individus et les populations. Cependant, de grandes quantités de cette diversité génétique sont manquantes et donc inaccessibles, en utilisant les génomes de référence actuels.

Grâce aux avancées technologiques dans le domaine du séquençage haut débit, un nouveau domaine de construction d'un autre type d'assemblage appelé « pangénome » qui vise à atténuer ces problèmes en incorporant la diversité observée entre plusieurs individus de la même espèce se développe ([1]).

Chez les ruminants, plusieurs génomes sont actuellement disponibles ou en cours de production pour les bovins, ovins et caprins. Ces génomes proviennent du séquençage du génome complet d'individus appartenant à plusieurs races différentes. Leur utilisation permettra donc d'intégrer un spectre plus large de la diversité génétique inter-races pour ces trois espèces.

Objectifs :

L'objectif à plus long terme de ce projet est de faire progresser l'utilisation de ces génomes en abordant les questions de diversité génétique.

Au cours de son stage, l'étudiant développera des pipelines bio-informatiques pour analyser ces différents génomes. L'aspect innovant de cette étude est d'englober le spectre des variants génétiques, des grands variants structurels à travers plusieurs races de ces 3 espèces aux variants nucléotidiques uniques au sein de ces races.

Nous espérons que ce travail apportera une contribution significative à la recherche sur l'élevage, allant des études cartographiant les loci génétiques liés à des traits économiquement importants à celles qui comprennent l'évolution des espèces. De plus,

les pipelines développés seront immédiatement transférables à l'analyse de génomes pour d'autres espèces, étendant considérablement l'impact des résultats du projet.

Travail demandé :

1. Analyses bio-informatiques des séquences du génome chez les bovins, ovins et caprins.
2. Recherche et caractérisation de séquences race-spécifiques (contenu en séquences, répétées, en gènes, ...).
3. Etude de leur lien avec certains phénotypes d'intérêt agronomique

Compétences techniques recherchées :

Connaissance en bio-informatique et connaissances de base en génomique

Ce sujet constitue un premier pas vers un travail de thèse (oui / non) :

oui

Date de début du stage et durée estimée du stage :

Début du stage : janvier 2023

Durée du stage : 6 mois

Montant (brut mensuel) de la rémunération proposée :

~3,9 euros/heure - 35 heures/semaine

Date de la proposition de stage et date limite de candidature :

Date de proposition de stage 20/09/2022 ; date limite de candidature 31/12/2022

Référence

Crysnanto D, Leonard AS, Fang ZH, Pausch H. Novel functional sequences uncovered through a bovine multiassembly graph. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2021;118(20):e2101056118.