*2023-2024*

**SUJET DE STAGE**

**MASTER 2 BIOINFORMATIQUE**

**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** :

Domaine d’expertise de l’entreprise/laboratoire : Génétique et Génomique bovine

Nom de l’unité d’accueil : UMR1313 - GABI (Génétique Animale et Biologie Intégrative)

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

Mekki BOUSSAHA, Ingénieur de recherche en génomique computationnelle

Numéro(s) de téléphone où l’on peut les joindre : 01 34 65 26 46

Adresse électronique : mekki.boussaha@inrae.fr

**Titre du stage** : Détection de signatures de sélection chez le bovin français à partir de données de séquençage génome entier.

**Mots clés** : Génomique, Bioinformatique, biologie moléculaire, statistiques

**Description du sujet**

***Contexte :***

Depuis longtemps, les bovins ont été soumis à de très fortes pressions de sélection exercées par l’homme et l’environnement. Ces processus ont donné lieu à une grande variété de races bovines présentant des caractéristiques spécifiques. En effet, les pressions de sélection ont entrainé des modifications génomiques particulières permettant de contrôler le standard de race, la morphologie, la conformation corporelle, les performances de production, la reproduction, le comportement ou l'adaptation à différentes conditions environnementales. Ces empreintes uniques laissés dans les régions génomiques soumises à la sélection sont appelées « signatures de sélection ». La cartographie de ces empreintes est désormais un objectif majeur car elle permet d’identifier les gènes et les mutations favorables qui apportent un avantage sélectif chez le bovin.

Depuis 2012, l’équipe G2B s’est pleinement investie dans des gros projets de séquençage haut débit et a séquencé le génome entier de 1323 animaux de 18 races bovines. L’équipe a aussi accès aux données issues des séquences de 6191 bovins produites par le consortium international « 1000 génomes bovins ». Ce dispositif a été exploité pour construire une base de données contenant 151 millions de variants génétiques couvrant l’ensemble du génome bovin. Cette base, unique par sa richesse, permettra d’initier une cartographie fine des régions génomiques soumises à ces forces de sélection.

***Objectifs :***

Dans ce contexte, l’objectif principal de ce projet est d’exploiter cette base de variants génétiques pour mieux caractériser la diversité génétique et la structure des races et identifier les régions génomiques sous-jacentes aux processus de sélection.

***Travail demandé :***

1. Identification des régions génomiques soumises à des pressions de sélection.
2. Recherche et étude des gènes bovins associés à ces régions.
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) :** Non

 **Date de début du stage et durée estimée du stage :**

Début du stage : janvier ou février 2024

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 20/10/2023 ; date limite de candidature 31/12/2023