

Proposition de Stage M2 Année Universitaire 2023-2024

Identification et Caractérisation de retrogènes chez les ruminants.

Intitulé et numéro de l'Unité : GenPhySE UMR 1388 INRAE

Intitulé de l'équipe d'accueil : GenROC Génomique des Ruminants Ovins et Caprins,

Adresse et lieu du stage : Centre INRAE, 24 chemin de Borde-Rouge, Auzeville.

Nom du responsable scientifique du projet : Carine Genêt - GenROC

Co-encadrants du stage :

- **Bioinformatique :** Thomas Faraut Cytogène– GenPhySE

E-mail : Carine.Genet@inrae.fr et Thomas.Faraut@inrae.fr

Description du sujet :

L'une des questions centrales de la biologie évolutive est celle de l'apparition de nouveaux gènes dont le mécanisme moléculaire prépondérant est la duplication. Le premier mécanisme permettant la duplication requiert un intermédiaire ADN (cas de la duplication segmentale) et a été largement étudié et caractérisé. Le second mécanisme, plus marginal, nécessite un intermédiaire ARN (cas de la rétro-transcription ou rétrocopie) et passe par la transcription inverse d'un transcrit et son intégration dans le génome.

Alors que les rétrocopies ont souvent été considérées comme des impasses évolutives, plusieurs études, en particulier chez l'homme, ont montré que certaines de ces copies étaient fonctionnelles. Des études récentes montrent par ailleurs que cette dynamique de rétrotransposition est importante et plus grande que celle qui était estimée à partir de la comparaison entre espèces (Zhang et al. 2021). Cela a été rendu possible grâce à l'analyse de données populationnelles qui permettent d'étudier le phénomène avant que la sélection naturelle n'ait pu produire tous ses effets.

Nous proposons dans le cadre de ce stage d'étudier la dynamique de rétrocopie de gènes chez les ruminants en profitant d'un accès privilégié à un grand jeu de données populationnelles (quelques centaines chez les bovins et les ovins et plus d'un millier chez les caprins). Le stage consistera dans un premier temps à identifier les insertions de rétrocopies dans les génomes de ruminants, pour lesquels nous disposons d'assemblage. Les relations d'orthologie entre les gènes parentaux d'une part et les locus d'insertion d'autre part seront établies permettant de positionner les événements de rétrocopie au sein de la phylogénie des ruminants. La deuxième étape du stage consistera à identifier les rétrocopies polymorphes dans les populations sur les données populationnelles mentionnées ci-dessus.

Ce stage sera au cœur de la collaboration entre les équipes Cytogène et GenROC regroupant les compétences en Bio-informatique et en Génomique et bénéficiera de l'infrastructure de calcul de la plateforme genotoul-bioinfo (<https://bioinfo.genotoul.fr>)

Zhang, Wenyu *et al.* (2021) The Mutational Load in Natural Populations Is Significantly Affected by High Primary Rates of Retroposition. PNAS 118:6 <https://doi.org/10.1073/pnas.2013043118>