

Proposition de stage M2 / 3<sup>ème</sup> année d'ingénieur

**Titre** : Mise en place et automatisation d'une procédure d'évaluation en routine de la diversité génétique dans les populations d'animaux domestiques

**Domaines** : Génétique/génomique des populations, bioinformatique, informatique.

**Compétences recherchées** : Connaissance de l'environnement Linux (bash, shell) et création de scripts d'analyse ; Maîtrise des concepts de base de la génétique des populations ; Connaissance des gestionnaires d'environnement bienvenue (Conda...).

**Description** :

La sélection artificielle des animaux domestiques entraîne l'utilisation d'un petit nombre d'individus (i.e. les meilleurs), ce qui par dérive génétique et consanguinité va conduire à des effectifs et une diversité génétique faibles. Paradoxalement, la diversité génétique est nécessaire à la sélection, qu'elle soit naturelle ou artificielle, elle est donc garante de l'évolution des populations pour suivre de nouveaux objectifs ou s'adapter à de nouveaux environnements. De plus, la consanguinité peut conduire à l'apparition d'anomalies génétiques (ie dépression de consanguinité). Il est donc nécessaire de contrôler le niveau de diversité génétique des populations domestiques de manière continue pour garantir leur survie et leur santé. Ceci est d'autant plus vrai pour les races locales dont l'effectif est souvent réduit et peuvent être menacées car la dérive et à la consanguinité y sont plus importantes.

Dans le cadre du projet RAGEMO, nous proposons de mettre en place un observatoire de la diversité génétique basé sur l'utilisation des outils moléculaires. Le but est de proposer aux éleveurs et associations de races, notamment locales, un bilan réalisé en routine du niveau de diversité de leurs animaux à partir de génotypes réalisés sur des puces à ADN (50K SNP). Ceci se basera sur des mesures à différentes échelles, allant de la consanguinité individuelle à l'apparentement entre individus en passant par l'hétérozygotie. Des contrôles de filiation et des assignations de parentés seront aussi réalisés. Finalement nous proposerons une vérification de l'assignation à une race par des approches de classification supervisée (ex : Admixture). Cette question étant souvent posée par les éleveurs de races locales pour la gestion de leur cheptel. Un grand nombre de méthodes et de logiciels ont été développés pour réaliser ces analyses, il s'agira donc au cours de ce stage de tester différentes alternatives et de choisir les plus pertinentes mais aussi celles permettant la mise en œuvre en routine de ces analyses au niveau national. Ce dernier point nécessite la mise en place d'un *workflow* efficace et qui pourra être porté sur une infrastructure externe en utilisant par exemple un gestionnaire d'environnement (ex : Conda).

Nous recherchons donc un candidat sachant manipuler des données de génotypage à haute densité. De plus, il faudra des compétences en informatique afin de développer le *workflow* nécessaire à la récupération des données, leur analyse via différents logiciels et l'encapsulation pour le passage en production à grande échelle.

**Durée du stage :** 6 mois

**Localisations possibles :**

INRAE Toulouse – Unité GenPhyse équipe Dynagen (Dynamique Evolutive des Génomes)

Ou

INRAE Jouy-en-Josas – Unité GABI équipe GiBBS (Génomique, Biodiversité, Bioinformatique et Statistiques)

**Date de début :** A partir de janvier jusqu'en mars (fin de juin à septembre respectivement)

**Contacts :** Bertrand Servin ([bertrand.servin@inrae.fr](mailto:bertrand.servin@inrae.fr)) et Gwendal Restoux ([gwendal.restoux@inrae.fr](mailto:gwendal.restoux@inrae.fr))