
Modélisation multidimensionnelle de la réaction immunitaire chez la chèvre et étude de son intégration dans un ensemble de plusieurs jeux de données

Contexte

La capacité d'adaptation est une caractéristique qui a été dégradée, chez les animaux de rente, par la sélection pour des niveaux de production élevés. Ce qui a eu des conséquences négatives sur la santé, la reproduction, et la longévité de ces animaux et par conséquent a impacté l'efficacité de production. Les causes du déclin de la capacité d'adaptation sont majoritairement inconnues.

Ce stage s'inscrit dans une approche interdisciplinaire pour mieux comprendre les déterminants génétiques des capacités d'adaptation des ruminants laitiers. Le dispositif repose sur la création de lignées divergentes de chèvres de race Alpine issues deux groupes de boucs sélectionnés à l'échelle nationale pour des index génétiques de longévité extrême (LGV+ et LGV-). Ces chèvres ont été génotypées avec une puce à ADN incluant 50 000 marqueurs SNP et sont élevées à l'élevage expérimentale INRAE de Bourges.

Le système immunitaire de l'animal est une composante majeure conditionnant sa survie. La diversité des réactions immunitaires devant un pathogène donné, leur rôle dans la santé, la santé mammaire et la survie de la chèvre laitière, ainsi que leur déterminisme génétique sont à ce jour mal connus. Une étape clé pour appréhender ces questions est le phénotypage de la réaction immunitaire, impliquant un suivi fin de l'évolution de plusieurs marqueurs de l'inflammation après rencontre de l'organisme avec un pathogène.

Des chèvres issues des deux lignées divergentes ont été soumis à injection de LPS afin de stimuler expérimentalement une inflammation. L'évolution de la concentration plasmatique de 14 marqueurs de l'inflammation a été suivi sur les 144 heures suivantes.

Descriptif du stage

1. Modéliser la réaction inflammatoire en appliquant une ACP ou PLS fonctionnelle sur les courbes d'évolutions de différents marqueurs d'inflammation.
2. Estimer la qualité de prédiction de la lignée génétique de la chèvre à partir des sorties du modèle de l'inflammation.
3. Etudes des corrélations entre le modèle de l'inflammation et plusieurs jeux de données.
4. Estimation de la qualité de l'inférence du modèle de l'inflammation à partir des autres jeux de données.

Profil souhaité

Elève de M2 en biostatistiques.

Programmation sur R. Maîtrise des statistiques descriptives, régression linéaire, sélection de variables, validation croisée, ACP.

Bonnes capacités de rédaction. Lecture de l'anglais fluide.

Travail en équipe.

Durée / Localisation

Durée : 6 mois à partir de janvier 2023

Localisation : UMR Genphyse - Toulouse - Campus INRAE à Castanet-Tolosan

Gratification

Le taux horaire de la gratification correspondant à 15 % du plafond de la Sécurité sociale. 3.90€ de l'heure en 2020 et 577€ maximum par mois.

Responsables de stage à contacter

Marie ITHURBIDE – INRA GenPhySE – marie.ithurbide@inrae.fr

Rachel RUPP – INRA GenPhySE – rachel.rupp@inrae.fr