

# Estimation du fond génétique et de l'apparentement d'abeilles à miel *Apis mellifera*, à l'aide d'une puce à 10 000 SNP

## Stage M2R

### Contexte :

Des lignées d'abeilles sont mesurées chez des apiculteurs pour des caractères liés à la résistance à l'acarien *Varroa destructor*. Le suivi de ces lignées est réalisé par génotypage d'un mélange de mâles, représentant le génome de la reine, à l'aide d'une puce contenant 10 000 SNPs. Ces génotypes permettront de caractériser les fonds génétiques présents dans les lignées et de détecter les éventuels remplacements de reines (appelés « remérages » par les apiculteurs) dans les colonies.

### Données disponibles :

- Génotypage de 750 lignées d'abeilles à l'aide d'une puce 10 000 SNP
- Pedigrés des lignées d'abeilles
- Populations de référence : sous-espèces *A. m. mellifera*, *A. m. ligustica*, *A. m. carnica* et *A. m. caucasica* séquencées

### Objectif du stage

L'objectif est double : 1) Déterminer les proportions de fond génétique provenant des trois types majeurs (sous-espèces) présents en France chez dans lignées, par comparaison des génotypes obtenus avec les 10 000 SNPs de la puce, avec les séquences des populations de référence. Représentation des distances génétiques par ACP et des proportions de types génétiques par analyse à l'aide du logiciel Admixture. 2) Détecter les remérages en comparant les génotypes obtenus avec ceux attendus d'après les pédigrés. Représentation des similarités génomiques entre toutes les colonies dont les mères sont supposées issues d'une même lignée maternelle d'après les pédigrés.

### Profil souhaité

Etudiant en génétique quantitative ou des populations, avec un intérêt marqué pour la bioanalyse et l'analyse de gros jeux de données. Une connaissance de l'environnement Linux (Bash) est souhaitable.

### Structure d'accueil et lieu du stage

UMR 1388 INRA-INPT GenPhySE, équipe Cytogene, 31326 Castanet Tolosan Cedex

### Période de stage et indemnité :

Janvier à juin 2022 (selon disponibilité de l'étudiant-e) ; Gratification contractuelle selon la réglementation en vigueur.

### Encadrants, contacts

Alain Vignal (INRAE GenPhySE, Toulouse) [alain.vignal@inra.fr](mailto:alain.vignal@inra.fr)

Florence Phocas (INRAE GABI, Jouy-en-Josas) [florence.phocas@inrae.fr](mailto:florence.phocas@inrae.fr)

### Références bibliographiques de l'unité en relation avec le sujet :

Wragg D, Techer MA, Canale-Tabet K, Basso B, Bidanel J-P, Labarthe E, et al. Autosomal and Mitochondrial Adaptation Following Admixture: A Case Study on the Honeybees of Reunion Island. *Genome Biol Evol.* 2018 Jan 1;10(1):220–38.

Wragg D, Marti-Marimon M, Basso B, Bidanel J-P, Labarthe E, Bouchez O, et al. Whole-genome resequencing of honeybee drones to detect genomic selection in a population managed for royal jelly. *Scientific Reports.* 2016 Jun 3;6(1):27168.