

Proposition de Stage M2 Année Universitaire 2025-2026

Rétrogènes et signatures de sélection chez le mouton

Intitulé et numéro de l'Unité : GenPhySE (Génétique, Physiologie, et Systèmes d'élevages) UMR 1388 INRAE, 24 chemin de Borde-Rouge, Castanet Tolosan.

Intitulé de l'équipe d'accueil : REGLISS Génomique régulationnelle pour les espèces animales.

Nom du responsable scientifique du projet : Carine Genêt carine.genet@inrae.fr

Co-encadrant du stage : Pierre Faux Equipe CHAMADE pierre.faux@inrae.fr

Description du sujet :

Au cours de l'évolution, l'acquisition de nouveaux éléments génétiques par les génomes permet de créer de la diversité fonctionnelle et phénotypique. Les « rétrocopies » proviennent d'ARNm rétro-transcrits puis insérés dans le génome sans les introns et les régions promotrices du gène parental d'origine. Issues de l'activité des rétrotransposons, ces séquences ont la potentialité d'évoluer et de générer rapidement de nouvelles fonctions voire de nouveaux gènes. Elles participent ainsi à l'innovation génomique et peuvent contribuer à la diversité phénotypique.

Lorsqu'une rétrocopie issue de gènes codants pour des protéines a perdu sa fonction (par ex. en présentant un codon stop ou des mutations changeant le cadre de lecture), elle est qualifiée de rétro-pseudogène. Dans le cas contraire, la rétro-insertion est qualifiée soit de rétro-gène si elle est présente chez l'ensemble des individus, soit de rétro-CNV si elle n'est portée que par certains individus dans une population d'étude (Casola et al. 2017).

Nous avons entrepris la caractérisation à l'échelle du génome des rétrocopies de gènes codant pour des protéines par deux approches distinctes : la première consiste à faire l'inventaire des rétro-gènes présents au sein du génome de référence ovin et de les caractériser, la seconde approche utilise les données de séquences au sein des populations animales (via des projets de type « 1000 génomes ») pour y détecter les rétro-CNVs en ségrégation.

Nous proposons dans le cadre de ce stage de caractériser l'environnement génomique, la fonctionnalité et l'histoire évolutive d'un sous ensemble de rétro-CNVs. Suite à leur caractérisation, la contribution de ces rétro-CNVs aux traces de sélection dans les populations ovines françaises sera analysée.

Le ou la stagiaire aura pour missions :

- 1) De caractériser l'environnement génomique des rétroCNVs (site d'insertion, homologie avec le gène parental, distances évolutives).
- 2) D'estimer leur fonctionnalité à partir de données RNAseq et par recherche dans les bases de données multi-omiques existantes.
- 3) De détailler la contribution des rétrocopies aux signatures de sélection au moyen d'arbres de coalescence inférés localement et par la réalisation de tests de sélection.

Ce stage sera au cœur de la collaboration entre les équipes Chamade (Caractérisation et gestion de la diversité génétique) et Regliss (Génomique régulationnelle pour les espèces animales) regroupant des compétences en Génomique des Populations et en Génomique du laboratoire GenPhySE et bénéficiera de l'infrastructure de calcul de la plateforme genotoul-bioinfo (<https://bioinfo.genotoul.fr>)

Compétences techniques recherchées : compétences de base en bioinformatique (ligne de commande bash et au moins un langage d'analyse de données – par ex. R, Python ou Matlab) et connaissances en génétique/génomique des populations.

Environnement d'accueil : Vous serez accueilli-e au sein de l'unité GenPhySE située au sud de Toulouse. GenPhySE regroupe plus de 150 personnes travaillant sur des espèces animales d'élevages (porc, mouton, chèvre, lapin, caille, abeille).

Gratification : selon les règles en vigueur

Merci d'envoyer CV et lettre de candidature à carine.genet@inrae.fr et pierre.faux@inrae.fr