

Stage Ingénieur ou Master 2

Analyse de la diversité génétique et des traces de sélection dans les filières avicoles chair et œuf

Contexte et problématique :

Dans la filière avicole, les objectifs de production de viandes ou d'œufs ont conduit à la sélection de lignées spécialisées et hautement productives pour la croissance musculaire ou pour l'intensité du processus reproductif (production d'œuf). Cette hyperspécialisation s'est accompagnée d'une diminution de capacité reproductrice dans les lignées chair et d'une dévalorisation de la carcasse dans les lignées ponte, aboutissant *in fine* au développement de pratiques qui ne sont plus acceptées par les citoyens, tel que l'élimination de plus de 7 milliards de poussins mâles par an dans la filière ponte (Krautwald-Junghanns et al., 2018). Pour des raisons évidentes d'éthique et de bien-être animal, cette pratique a été interdite en Allemagne au début de l'année 2022 et le sera en France au 31 décembre 2022. Pour faire face à ces modifications de pratiques, diverses alternatives sont proposées, parmi lesquelles l'utilisation de lignées à double finalité chair et ponte. Cependant, les performances de croissance ou l'efficacité alimentaire des lignées commerciales actuellement affichées double finalité sont encore inférieures à celles des lignées commerciales de type « chair » (Tiemann et al., 2020; Baldinger and Bussemas, 2021). De même, ces lignées à double finalité pondent moins d'œufs et des œufs de plus petit calibre et consomment plus sur une période de ponte donnée que les lignées commerciales de type « ponte » (Gangnat et al., 2020; Baldinger and Bussemas, 2021).

L'identification de régions génomiques soumises à la sélection est un élément clé pour une meilleure compréhension des mécanismes biologiques ayant conduit à la spécialisation des lignées. Ces traces de sélection pourraient s'avérer utiles pour le développement de lignées à double finalité globalement plus efficaces et correspondant à la demande sociétale de développement d'une agriculture durable plus respectueuse de l'éthique et du bien-être animal.

Objectifs généraux du stage / Résultats attendus :

En s'appuyant sur des données de séquençage ou de génotypage haut débit disponibles dans les bases de données et provenant de lignées sélectionnées pour la ponte ou pour la chair, l'objectif du stage est : i) d'identifier des régions du génome soumises à la sélection (analyses de fréquences haplotypiques ou de ROH) dans les deux types de lignées (chair / ponte), ii) d'identifier des haplotypes favorables pour ces deux types de production et, iii) en s'appuyant sur l'annotation des génomes et sur les bases de connaissances fonctionnelles, de les caractériser fonctionnellement.

Le principal résultat attendu est l'identification d'haplotypes spécifiques et favorables à la production d'œufs ou de viande. Ces connaissances devraient permettre, à terme, le développement ou l'amélioration génétique de lignées à double fin.

Projet dans lequel s'insère le stage :

Ce stage permettra de fournir un ensemble de résultats préliminaires permettant de proposer un projet de plus grande ampleur pour analyser les traces de sélection. Ces travaux seront menés dans le cadre d'une thèse portant sur l'étude de la diversité génétique de races locales françaises. L'objectif sera de caractériser le fond génétique de ces races locales vis-à-vis d'un objectif de double finalité permettant de valoriser la production d'œufs et la production de viande au sein d'une même population.

ACTIVITES DOMINANTES CONFIEES AU STAGIAIRE :

- Génotypage par séquençage : alignement de séquences génomiques et identification de polymorphismes ;
- Identification de régions sous sélection : run of homozygosity, différenciation haplotypique ;
- Caractérisation fonctionnelle des régions : exploitation des bases de connaissances fonctionnelles et des régions QTL enregistrées dans la base de données des QTL (QTLdb).

PROFIL REQUIS :

- Connaissances : Génétique, Bio-informatique
- Compétences opérationnelles : utilisation de logiciels en ligne de commande, connaissance de R

- Langues : Français, Anglais
- Permis de conduire (le cas échéant) :

AVANTAGES PROPOSES (le cas échéant) :

- logement : /
- restauration : Sur place
- transport : /

CO-ENCADREMENT SCIENTIFIQUE ET TECHNIQUE

Partenaire 1 : INRAE

Frédéric Hérault Ingénieur d'étude ;
Romain Philippe Chargé de Recherche
Christian Diot Directeur de Recherche

Partenaire 2 : SYSAAF

Sophie Brard-Fudulea Chef de Projets Génomique

Partenaire 3 :

CONTACT DU RESPONSABLE SCIENTIFIQUE :

Nom et fonction du responsable scientifique à contacter : Hérault Frédéric Ingénieur d'étude

Adresse : UMR PEGASE, 16 le Clos, 35590 Saint Gilles

Tél. :

Site web (équipe et/ou projet) : <https://www6.rennes.inrae.fr/pegase/Recherche/Equipes-de-recherche/Genetique-Genomique>

Email : frederic.herault@inrae.fr

DATES DU STAGE : Du 01/01/2023 au 30/06/2023

LIEU DU STAGE :

UMR PEGASE

16 le clos

35590 Saint Gilles

Pour postuler : Envoyer CV et lettre de motivation à Frédéric Hérault – frederic.herault@inrae.fr