

Identification des déterminants génétique du sexe chez un rongeur

Sujet

Chez certaines espèces sexuées, les mécanismes moléculaires qui déterminent le sexe d'un individu au cours de son développement et de son existence sont mal connus. Il peut s'agir d'espèces dont les chromosomes sexuels ont été identifiés mais sont difficiles à assembler à partir des données de séquençage actuelles, ou d'espèces sans chromosome sexuel connu. La recherche d'un déterminisme génétique nécessite alors d'identifier des variants (SNPs, indels ou variants structuraux) dont la présence dans le génome est associée statistiquement avec le sexe, c'est à dire qui sont plus souvent présents chez les individus d'un sexe que chez ceux de l'autre.

Le ou la stagiaire utilisera DBGWAS [Jaillard et al., 2018] pour identifier des déterminants génétiques du sexe à partir de génomes d'*Ellobius*, séquencés par la technologie Illumina. Ce rongeur a un chromosome X présent chez le mâle comme chez la femelle. Il a perdu son chromosome Y au cours de l'évolution tout en conservant une reproduction sexuée [Mulugeta et al., 2016]. DBGWAS permet de chercher des séquences présentes en proportions différentes dans deux classes d'échantillons sans nécessiter un assemblage complet des génomes. La méthode, développée récemment au LBBE, mobilise des outils de théorie des graphes (graphes de De Bruijn) et de statistique inférentielle (modèles mixtes, tests d'hypothèse) dont le stage permettra une meilleure appropriation. Les résultats seront analysés avec l'aide d'un chercheur du laboratoire spécialiste du déterminisme génétique du sexe, et le stage sera également l'occasion de se former sur ce sujet.

Environnement, durée et supervision

Le stage pourra durer entre 2 et 4 mois, au choix du ou de la stagiaire. Il aura lieu au LBBE (Laboratoire de Biométrie et de Biologie Évolutive, UMR5558). Il sera co-supervisé par Laurent Jacob, chercheur en biologie computationnelle, et Gabriel Marais, chercheur en évolution moléculaire.

Contact : laurent.jacob@univ-lyon1.fr

References

Magali Jaillard, Leandro Lima, Maud Tournoud, Pierre Mahé, Alex van Belkum, Vincent Lacroix, and Laurent Jacob. A fast and agnostic method for bacterial genome-wide association studies: bridging the gap between kmers and genetic events. *bioRxiv*, 2018. doi: 10.1101/297754. URL <https://www.biorxiv.org/content/early/2018/04/09/297754>.

E. Mulugeta et al. Genomes of ellobius species provide insight into the evolutionary dynamics of mammalian sex chromosomes. *Genome Research*, 2016.