**Sujet de stage Mater 2 Année 2022-2023**

**Laboratoire :** Laboratoire d’Ecologie Alpine **Directeur :** Stéphane Reynaud

**Intitulé de l'équipe :** Macroevolution, Evolutionary Ecology & Biodiversity dynamics

**Responsable :** Sébastien Lavergne

**Nom et qualité du responsable du stage :** François Pompanon, Pr.  **HDR oui x non** ☐

**Adresse :** [LECA](https://leca.osug.fr/), UMR 55532, Univ Grenoble Alpes, Domaine Universitaire Saint Martin d’Hères

**Tél :** 04 76 51 46 73 **email :** francois.pompanon@univ-grenoble-alpes.fr

**Titre du projet : Rôle des introgressions au cours d’un processus de domestication animale**

Objectifs recherchés (3 lignes max) :

Evaluer les conséquences de l’hybridation avec les espèces sauvages au cours de la domestication de la chèvre, en identifiant les régions génomiques introgressées et en évaluant l’importance relative des introgressions par rapport à la sélection (positive ou relâchée, naturelle ou dirigée par l’homme).

Résumé (10 lignes max) :

L’hybridation joue un rôle important dans la diversification et l’adaptation des espèces, les transferts de gènes induits conduisant à des changements génomiques rapides. Au cours de la domestication, ce processus a joué un rôle probablement beaucoup plus important qu’initialement prévu. Des exemples récents montrent l’importance d’allèles d’origine sauvage dans la réalisation de fonctions essentielles comme l’adaptation à l’altitude chez le yack et le mouton. Toutefois, les informations disponibles ciblent des races et des caractères adaptatifs ou zootechniques bien particuliers, et l'ampleur des phénomènes d’introgression reste inconnue. Le.la candidat.e analysera plusieurs centaines de génomes produits par le consortium international [Vargoats](http://www.goatgenome.org/vargoats.html) pour identifier les régions génomiques introgressées à partir d’aegagres et bouquetins, et évaluer leur impact sur la structuration des génomes domestiques afin de préciser l’histoire sélective (adaptation, amélioration) et démographique (migrations, fondations) de la chèvre.

Approches et matériel utilisés (3 lignes max) :

Le.la candidat.e analysera un jeu de données de plusieurs centaines de séquences génomiques par des approches bioinformatiques (approches génome complets et calcul de statistiques pour détection des régions sous sélection, des régions introgressées).

Publications pertinentes de l’équipe (3 max) :

• Alberto et al. 2018 Convergent genomic signatures of domestication in sheep and goats. Nature Communications, 9:813.

• Cumer et al. 2021 Genome-wide detection of structural variations reveals new genomic regions associated to domestication in small ruminants. Genome Biology and Evolution, 13(8).

• Denoyelle et al. 2021. Vargoats project: a 1,160 whole-genome sequence dataset to dissect *Capra hircus* global diversity. Genetics Selection Evolution, 53(86).

Domaines de compétences et d’expertise souhaités (quelques mots clefs) :

Compétence en Bioinformatique et analyse de données génomiques ; intérêt pour la biologie évolutive.