



Stage de M2 en génomique des populations sur l'abeille à miel (UMR GenPhySE, INRAE Toulouse-Occitanie)

Contexte :

L'acarien *Varroa destructor* est une des principales causes de perte de colonies chez les abeilles domestiques *Apis mellifera*. Dans le but de trouver des sources de résistance, des lignées d'abeilles sont mesurées chez des apiculteurs pour des caractères liés à la résistance à ce parasite. Le suivi de ces lignées est réalisé par génotypage d'un mélange d'ADN 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") dans les colonies.

Données disponibles :

- Génotypage de 700 lignées d'abeilles à l'aide d'une puce 10 000 SNP
- Pedigrees des lignées d'abeilles
- Structure génétique des populations de référence : génomes de sous-espèces *A. m. mellifera*, *A. m. ligustica*, *A. m. carnica* et *A. m. caucasica*

Objectif du stage

L'objectif est double : 1) Déterminer chez ces lignées les proportions des différents fonds génétiques (sous-espèces) présents en France, par comparaison des génotypes obtenus avec les 10k SNPs de la puce avec les données de génomes complets des populations de référence. L'analyse de la structure génétique fera appel à différentes méthodes (ACP, logiciel Admixture, etc). 2) Estimer l'apparentement chez ces lignées d'abeilles, afin notamment de détecter les remérages en comparant les génotypes obtenus avec les résultats attendus sur la base des pedigrees.

Profil souhaité

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

Structure d'accueil et lieu du stage

INRAE Toulouse (UMR 1388 INRA-INPT GenPhySE, équipe Cytogene, 31326 Castanet Tolosan)

Période de stage et indemnité :

Janvier à juin 2024 (flexible, selon disponibilité de l'étudiant·e) ; Gratification contractuelle selon la réglementation en vigueur.

Encadrants, contacts

Alain Vignal (INRAE GenPhySE, Toulouse) alain.vignal@inrae.fr

Thibault Leroy (INRAE, GenPhySE, Toulouse) thibault.leroy@inrae.fr

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

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

Wragg D, Eynard SE, Basso B, Canale-Tabet K, Labarthe E, Bouchez O, Bienefeld K, Bienkowska M, Costa C, Gregorc A, Kryger P, Parejo M, Pinto MA, Bidanel JP, Servin B, Le Conte Y, Vignal A. Complex population structure and haplotype patterns in the Western European honey bee from sequencing a large panel of haploid drones. *Molecular Ecology Resources*. 2022 Nov;22(8):3068-3086.

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 Biology and Evolution*. 2018 Jan 1;10(1):220-38.