

Sujet de stage (M2 bioinformatique)

Analyse de polymorphismes chez des vaches clonées

Depuis la naissance de Dolly en 1996, il est possible d'obtenir des animaux clonés pour un grand nombre d'espèces. Par exemple le premier veau cloné est né en 1998 [1]. Cependant, l'efficacité du clonage reste faible et variable. Pour évaluer l'efficacité du clonage des bovins, nous avons séquencé le génome complet de 15 animaux clonés [2]. L'objectif du stage est de voir si le clonage permet d'obtenir une copie exacte du donneur ou bien si de nouvelles mutations (néomutations) ont été créées.

Pour cela, après alignement sur le génome de référence bovin, les séquences des 15 clones seront analysées afin d'identifier des variations génétiques. Ces variants (polymorphismes de type SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) et insertions/délétions) seront ensuite comparés avec le génome de la vache donneuse.

De bonnes connaissances en programmation (Perl/Python) sont requises. Une première expérience dans l'analyse de données génomiques (WGS) seraient également un atout. Le travail sera réalisé en collaboration avec Mathieu Charles, bioinformaticien expérimenté de l'unité.

Contact/laboratoire

Dr. Dominique ROCHA

Equipe Génétique et Génomique Bovine (G2B)

INRAE, UMR 1313, Unité Génétique Animale et Biologie Intégrative

Centre INRAE de Jouy-en-Josas, Domaine de Vilvert, Bâtiment 440, 78352 Jouy-en-Josas cedex

Tel.: 01 34 65 24 22

Email : dominique.rocha@jouy.inra.fr

Références

Kato *et al.* (1998). Eight calves cloned from somatic cells of a single adult. *Science* **282**(5396):2095-8. doi: 10.1126/science.282.5396.2095.

Montazer-Torbati *et al.* (2016). Differences during the first lactation between cows cloned by somatic cell nuclear transfer and noncloned cows. *J. Dairy Sci.* **99**(6):4778-4794. doi: 10.3168/jds.2015-10532.