

## Proposition de stage de Master 2, année 2021-2022

### Reconstitution de la chronologie des événements d'un processus de domestication à partir de génomes contemporains : l'exemple de la chèvre

#### Domaines de compétence :

Biologie Evolutive, Bioinformatique/Biostatistiques (Unix, R), Génomique

**Sujet :** La domestication est un phénomène majeur dans l'évolution des modes de vie humains. La chèvre et le mouton ont été les premiers animaux d'élevage domestiqués au Moyen-Orient il y a environ 10 500 ans, et ont depuis colonisé les 5 continents. Notre équipe travaille sur l'évolution des génomes des petits ruminants domestiques et de leurs ancêtres sauvages. Nous retraçons les processus démographiques (migrations, effets fondateurs,...) et adaptatifs (gènes et voies métaboliques sélectionnés) qui ont eu lieu aux étapes initiales de la domestication, lors de l'adaptation de populations traditionnelles à des environnements diversifiés, ou plus récemment lors de la formation de races d'intérêt agronomique. Dans le cadre d'une thèse, nous venons de développer l'application de méthodes de datation des événements de mutation et de sélection sur les génomes des petits ruminants. En utilisant ces méthodes, l'étudiant.e de Master conduira des analyses bioinformatiques et statistiques sur des génomes de chèvres issues du monde entier, afin de dater l'apparition et la diffusion spatiale des variants génomiques et reconstituer la chronologie des événements de sélection.

La cohérence des résultats avec les scénarios produits à partir de données d'ADN ancien sera regardée. Les résultats permettront notamment de tester des hypothèses sur (1) l'impact des grandes crises de l'humanité (e.g., effondrement de l'âge du bronze) sur la démographie de cette espèce domestique, et (2) les changements des caractères ciblés par la sélection selon les régions géographiques ou périodes depuis le néolithique, ainsi que. La comparaison avec les résultats récents obtenus chez le mouton permettra d'identifier les convergences et singularités de ces deux processus de domestication ayant ciblé indépendamment des espèces proches.

**Gratification :** ~ 585 € / mois

**Laboratoire d'accueil :** Laboratoire d'Ecologie Alpine <https://leca.osug.fr/>

**Encadrement :** François Pompanon (prof., Univ. Grenoble Alpes), Charlotte Her (doctorante)

**Contact :** [francois.pompanon@univ-grenoble-alpes.fr](mailto:francois.pompanon@univ-grenoble-alpes.fr)

#### Références récentes de l'équipe en lien avec le sujet

- [1] F. J. Alberto, F. Boyer, [...], and F. Pompanon. 2018. Convergent genomic signatures of domestication in sheep and goats. *Nature Communications*, 9:813.
- [2] T. Cumer, F. Boyer, and F. Pompanon. 2021. Genome-wide detection of structural variations reveals new genomic regions associated to domestication in small ruminants. *Genome Biology and Evolution*, 13:8.
- [3] L. Denoyelle, P. de Villemereuil, [...] and F. Pompanon. 2021. Genetic variations and differential DNA methylations to face contrasted climates in small ruminants: an analysis from traditionally-managed sheep and goats. *Frontiers in genetics*, 12: 745284.
- [4] L. Denoyelle, E. Talouarn, [...] and theVargoat Consortium. 2021. Vargoats project: a 1,160 whole-genome sequence dataset to dissect *Capra hircus* global diversity. *Genetics Selection Evolution*, *in press*.
- [5] C. Her, H. R. Rezaei, [...] and F. Pompanon. *In revision*. The maternal origin of domestic sheep. *Animal Genetics*.