

# Genetic determinism of horn status in the Noire du Velay sheep breed

Job Type:

Stage Master 2

## PROJECT

You will be welcomed into the [GenPhySE](#) laboratory (Génétique, Physiologie, et Systèmes d'élevages), a Joint Research Unit (UMR) INRAE-Toulouse University-ENVT, located in the Toulouse Area in France. GenPhySE brings together more than 150 people working on livestock species (pig, sheep, goats, rabbit, quail, bee). You will be more particularly integrated into the [GenROC](#) team (Génomique des Ruminants Ovins et Caprins), which works on the identification of genes and their polymorphisms determining quantitative traits and genetic defects in sheep and goats and on the understanding of related molecular mechanisms.

As part of the [PRESAGE](#) : « Préparer la création d'un observatoire des Anomalies Génétiques en Petits Ruminants », the GenROC team is studying horn status in the Noire du Velay sheep breed. Indeed, the polledness phenotype is part of the breed standard, but since the introduction of scrapie resistance selection, the number of "horned" rams in individual control stations has increased dramatically and polledness males are currently rare.

Within the project, horn status has also been studied in the Manech Tête Rousse breed, with an interaction with the cryptorchidism phenotype. However, initial results in the Noire du Velay breed suggest that the genetic determinism is not similar and therefore remains to be determined.

## YOU WILL BE IN CHARGE OF:

- Analysis of the transmission of the phenotype using parentage data
- Phenotype association analysis with high density genotypes (50 to 600K SNP chips) by case/control approaches
- Whole genome sequence analysis

## REQUIREMENTS

- Recommended training: Biology, molecular and/or quantitative genetics, statistics
- Desired skills: Bioinformatics, data analysis with R software
- Experience appreciated: Experience in an analysis language devoted to genetics and data science (R, Python, Julia), communication skills (writing and speaking) to present results

## TERMS AND CONDITIONS OF EXERCISE

The internship will be on site (no remote work allowed), on the INRAE Occitanie-Toulouse campus in Auzeville, south of Toulouse. The campus is reachable by public transportation from Toulouse. It is located near the Canal du Midi, which allows easy biking.

- Duration of the contract: 5 to 7 months
- Starting: early 2023
- Allowance: 3€90 per hour (~590€/month)

- The selection process is starting now and will be continued until October 1st 2022 or until the position is filled.

Contact:

**Gwenola TOSSER-KLOPP or Stéphane FABRE**

email:

Gwenola dot Tosser at inrae dot fr; Stephane dot Fabre at inrae dot fr

Phone:

0561285114/0561285201

**Techniques to be used:**

Data analysis

- Data analysis : R software
- Sequence analysis: IGV software, CLC softawre, vcf tools suite...
- Statistics (Excel, SAS)

Molecular Genetics

- DNA/RNA/Protein extraction
- PCR, RT-qPCR
- Sequencing
- Genotyping (RFLP, allele-specific PACE)

**References:**

1. Allais-Bonnet A, Grohs C, Medugorac I, Krebs S, Djari A, Graf A, et al. Novel Insights into the Bovine Polled Phenotype and Horn Ontogenesis in Bovidae. Yue J, editor. PLoS ONE. 2013; 8:e63512.
2. Wiedemar N, Drögemüller C. A 1.8-kb insertion in the 3'-UTR of *RXFP2* is associated with polledness in sheep. Anim Genet. 2015; 46:457–61.
3. Ben Braiek M, Fabre S, Hozé C, Astruc J-M, Moreno-Romieux C. Identification of homozygous haplotypes carrying putative recessive lethal mutations that compromise fertility traits in French Lacaune dairy sheep. Genet Sel Evol. 2021;5 3:41.
4. Ben Braiek M, Moreno-Romieux C, Allain C, Bardou P, Bordes A, Debat F, et al. A Nonsense Variant in *CCDC65* Gene Causes Respiratory Failure Associated with Increased Lamb Mortality in French Lacaune Dairy Sheep. Genes 2022; 13: 45.

# Déterminisme génétique du cornage dans la race ovine Noire du Velay

Job Type:

Stage Master 2

## VOTRE MISSION ET VOS ACTIVITÉS

Vous serez accueilli-e au sein de l'unité [GenPhySE](#) (Génétique, Physiologie, et Systèmes d'élevages), une Unité Mixte de Recherche (UMR) INRAE-Université de Toulouse-ENVT située au sud de Toulouse. GenPhySE regroupe plus de 150 personnes travaillant sur des espèces animales d'élevages (porc, mouton, chèvre, lapin, caille, abeille). Vous serez plus particulièrement intégré à l'équipe [GenROC](#) (Génomique des Ruminants Ovins et Caprins), qui travaille à l'identification de gènes et de leurs polymorphismes influençant des caractères quantitatifs et des anomalies génétiques chez le mouton et la chèvre et à la compréhension des mécanismes moléculaires afférents.

Dans le cadre du projet [PRESAGE](#) : « Préparer la création d'un observatoire des Anomalies Génétiques en Petits Ruminants », l'équipe GenROC étudie le cornage dans la race ovine Noire du Velay. En effet, l'absence de cornes fait partie du standard de la race, mais depuis la mise en place de la sélection sur la résistance à la tremblante, le nombre de béliers « cornus » en station de contrôle individuel s'est fortement accru, au point où il devient difficile de trouver des mâles sans cornes.

Au sein du projet, le cornage a également été étudié dans la race Manech Tête Rousse, avec une interaction cette fois avec le phénotype de cryptorchidie. Cependant, des premiers résultats en race Noire du Velay suggèrent que le déterminisme génétique n'est pas similaire et il reste donc à le déterminer.

### Vous serez plus particulièrement en charge de :

- L'analyse de la transmission du phénotype à l'aide de données de filiation
- L'analyse d'association du phénotype avec des génotypes haute densité (50 à 600K SNP) par des approches cas/contrôle
- L'analyse de séquences de génomes complets

## LE PROFIL QUE NOUS RECHERCHONS

- Formation recommandée : Biologie, Génétique moléculaire et/ou quantitative, statistiques
- Connaissances souhaitées : Bio-informatique, analyses de données dans R
- Expérience appréciée : Expérience dans un langage d'analyse adapté à la génétique et la science des données (R, Python, Julia), aisance à communiquer les résultats à l'écrit et à l'oral

## MODALITES ET CONDITIONS D'EXERCICE

Le stage devra se faire uniquement sur site (pas de télétravail possible), dans le campus INRAE Occitanie-Toulouse d'Auzeville, au sud de Toulouse. Le campus est accessible en transport en commun depuis Toulouse. Il est situé à proximité du canal du midi, permettant un accès vélo privilégié.

- Durée du contrat : 5 à 7 mois
- Date d'entrée en fonction : début 2023
- Rémunération : 3€90 par heure (~590€/mois)
- Date limite pour postuler : au fil de l'eau jusqu'au 1er octobre 2022, jusqu'à ce que le stage soit pourvu

Contact:

## **Gwenola TOSSER-KLOPP ou Stéphane FABRE**

email:

Gwenola dot Tosser at inrae dot fr; Stephane dot Fabre at inrae dot fr

Phone:

0561285114/0561285201

### **Techniques utilisées relatives au sujet :**

Analyse de données

- Analyses de données : R
- Analyse de séquence : logiciel IGV, logiciel CLC, vcf tools...
- Statistiques (Excel, SAS)

Méthode de génétique moléculaire

- Extraction ADN/ARN/Protéines
- PCR, RT-qPCR
- Séquençage
- Typages de polymorphisme (RFLP, allèle-spécifique PACE)

### **Publications relatives au sujet :**

1. Allais-Bonnet A, Grohs C, Medugorac I, Krebs S, Djari A, Graf A, et al. Novel Insights into the Bovine Polled Phenotype and Horn Ontogenesis in Bovidae. Yue J, editor. PLoS ONE. 2013; 8:e63512.
2. Wiedemar N, Drögemüller C. A 1.8-kb insertion in the 3'-UTR of *RXFP2* is associated with polledness in sheep. Anim Genet. 2015; 46:457–61.
3. Ben Braiek M, Fabre S, Hozé C, Astruc J-M, Moreno-Romieux C. Identification of homozygous haplotypes carrying putative recessive lethal mutations that compromise fertility traits in French Lacaune dairy sheep. Genet Sel Evol. 2021;5 3:41.
4. Ben Braiek M, Moreno-Romieux C, Allain C, Bardou P, Bordes A, Debat F, et al. A Nonsense Variant in *CCDC65* Gene Causes Respiratory Failure Associated with Increased Lamb Mortality in French Lacaune Dairy Sheep. Genes 2022; 13: 45.