



### **Proposition de poste en CDD (6 mois) :**

#### **Validation d'une puce SNP haute-densité chez le canard et design d'un panel d'assignation de parenté**

Le projet CanArray, financé par les régions Pays de La Loire et Nouvelle Aquitaine, a pour objectif le développement d'une puce de génotypage SNP HD (haute densité) ThermoFisher pour les 2 espèces de canards (Commun et de Barbarie). Le projet associe des équipes de 2 unités INRA, les deux sélectionneurs français de canard, et est coordonné par le Syndicat des Sélectionneurs Avicoles et Aquicoles Français (SYSAAF). Le choix des marqueurs pour la puce HD a été réalisé à partir de données de séquences obtenues sur des lignées des sélectionneurs, des lignées expérimentales de l'INRA, des canards colverts et des canards de Rouen. Les premiers génotypages sont sur le point d'être réalisés afin de tester la puce. Les individus utilisés seront des trios père-mère-descendant.

L'objet de ce CDD, financé par AgenAvi, est l'analyse des 1<sup>ers</sup> résultats de génotypage obtenus sur la puce. Une 1<sup>ère</sup> phase de validation consistera à vérifier la qualité des résultats : résolution des clusters, taux de typage des SNP, transmission mendéliennes des allèles, respect de l'équilibre de Hardy Weinberg intra-population, informativité des SNP intra-population. La validation portera également sur l'interprétation des résultats du génotypage sur des mulards (hybrides du canard barbarie et du canard pékin), connaissant les génotypes de leurs parents.

Une 2<sup>nde</sup> phase portera sur le choix d'un nombre réduit de marqueurs SNP (de l'ordre de 100 à 200 marqueurs) afin de réaliser de l'assignation de parenté en lignée pure et chez le mulard. Cette liste de SNP sera mise à disposition des sélectionneurs Français et de l'INRA pour constituer un panel qui permettra la reconstitution des pedigrees sur la base de l'information aux marqueurs SNP. Cet outil se substituera à l'actuel panel basé sur l'utilisation d'une génération antérieure de marqueurs de l'ADN (microsatellites) insuffisamment performant en terme de taux d'assignation.

#### **Profil :**

- Ingénieur agronome ou titulaire d'un Master 2 en génétique ou en bioinformatique
- Bonnes connaissances et goût pour la programmation et les statistiques (logiciel R, environnement Linux)
- Expérience sur l'analyse de données de génotypage, et/ou connaissances en génétique animale ou végétale, et/ou aviculture appréciées

Durée et date de début : 6 mois, démarrage entre novembre 2018 et février 2019

Encadrement INRA – SYSAAF, 2 localisations potentielles :

- INRA GenPhySE (Castanet-Tolosan, à proximité de Toulouse, 31)
- SYSAAF (Nouzilly, à proximité de Tours, 37)

CV et lettre de motivation à adresser à Sophie Brard-Fudulea ([sophie.brard-fudulea@inra.fr](mailto:sophie.brard-fudulea@inra.fr) 02 47 42 76 77)