

CASCAD

Etude des variations de structure (SV) à l'échelle du génome bovin: de leur identification à partir de séquences génomiques à leur impact sur des caractères complexes

Objectif

Identifier les variants structuraux du génome bovin qui impactent les caractères complexes



BOVINS



Début : janv. 2024
Fin : déc. 2025



GÉNÉTIQUE &
REPRODUCTION



Contexte

Les progrès récents des technologies de séquençage améliorent la détection des variants structuraux à l'échelle du génome.

Ces variations de plus de 50 paires de bases pourraient expliquer la part de la variabilité des caractères qui n'est pas expliquée par les polymorphismes ponctuels (SNP).

Pour vérifier cette hypothèse, ce projet s'appuiera sur des données de séquences à lecture courte et longue de 1400 bovins ainsi que sur les données du consortium 1000 Génomes Bovins (5100 génomes).

Perspectives de valorisation

Les résultats de ce projet permettront de mieux comprendre le déterminisme des caractères mendéliens et complexes des bovins, ouvrant ainsi de nouvelles perspectives pour l'amélioration génétique. Dans le cadre de l'UMT eBis avec Eliance et Idele, l'équipe G2B d'INRAE dispose des outils et savoir-faire nécessaires pour transférer rapidement les résultats de ce projet dans des applications pratiques, comme elle l'a fait pour la sélection génomique.

Porteurs



Mekki BOUSSAHA

Ingénieur de Recherche
Hors Classe
UMR GABI, INRAE

—
mekki.boussaha@inrae.fr



Marie-Pierre, SANCHEZ

Ingénieur de Recherche
UMR GABI, INRAE

—
marie-pierre.sanchez@inrae.fr

Partenaires

