

Supervision :

Surname: **Alexandre** First name: **Roulin**
e-mail : **Alexandre.Roulin@unil.ch** Funding for student:
 yes to be discussed no

Title of the research project :

La méta-analyse sur les effets du MC-1r sur les colorations mélaniques

Key words :

Mélanine, mutation

Brief description :

Le gène codant pour le récepteur de la mélanocortine 1 (MC-1R) est un gène candidat largement utilisé pour étudier la variation au niveau de la coloration des animaux. Le produit de ce gène, le MC-1R, est une protéine membranaire vital pour la régulation de la synthèse de l'eumélanine et de la phéomélanine, des pigments responsables respectivement des colorations allant du gris au noir et du brun au rouge chez les animaux. En raison de son étroite liaison avec la mélanogénèse, il a été observé que les variations au gène MC-1R sont associées à la variation de coloration dans différents taxons de vertébrés, tel que les humains et autres mammifères ou encore les oiseaux. Cependant, l'impact des mutations du MC-1R sur la coloration est très variable, avec certaines espèces où l'association entre les variantes du gène MC-1R et la coloration n'est pas complète voir même absente. Les facteurs sous-jacents de la variation de l'ampleur de l'effet du MC-1R sont encore à déterminer. Une explication possible est que les mutations se produisant dans des régions spécifiques du gène MC-1R peuvent avoir des effets plus importants sur la coloration. Les mutations dans ces régions pourraient avoir un impact plus important sur la synthèse de la protéine ou sur son affinité pour la liaison que les mutations qui se produisent dans les régions moins essentielles. Cependant, l'hypothèse que les mutations à différentes régions du gène MC-1R diffèrent dans leurs effets sur la coloration reste à démontrer.

Nous proposons de tester cette hypothèse avec une approche méta-analytique. Les méta-analyses combinent les résultats de plusieurs études pour vérifier s'il existe un soutien général pour une hypothèse. Plus important encore, elles permettent de discerner statistiquement entre les facteurs qui pourraient expliquer la variation observée sur l'ampleur des effets. Ce projet constitue une excellente opportunité pour faire une étude scientifique complète sur une question nouvelle en biologie évolutive. Il permettra également à l'étudiant d'acquérir une bonne compétence en statistiques et d'obtenir de bonne base théorique sur l'étude de la base génétique de la variation phénotypique. En outre, l'étudiant se joindra à un groupe de recherche expérimenté qui travaille sur les différents aspects génétiques, évolutifs, comportementaux et physiologiques de la

coloration chez les animaux et il pourra donc obtenir un feedback très utile pour son propre projet.

Literature (2 references):

Manceau, M., V. S. Domingues, C. R. Linnen, E. B. Rosenblum, and H. E. Hoekstra. 2010. Convergence in pigmentation at multiple levels: mutations, genes and function. *Philosophical transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological sciences* 365:2439–50.

Meunier, J., S. Figueiredo Pinto, R. Burri, and A. Roulin. 2010. Eumelanin-based coloration and fitness parameters in birds: a meta-analysis. *Behavioral Ecology and Sociobiology* 65:559–567.

Mundy, N. I. 2005. A window on the genetics of evolution: MC-1R and plumage colouration in birds. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 272:1633–1640.

Vesterinen, H. M., E. S. Sena, K. J. Egan, T. C. Hirst, L. Churolov, G. L. Currie, a Antonic, D. W. Howells, and M. R. Macleod. 2014. Meta-analysis of data from animal studies: a practical guide. *Journal of neuroscience methods* 221:92–102.

Technical aspects of the research project:

Statistics, rigour, writing a scientific report

Essential skills and abilities desired:

Statistique

Return to Professor Frank Cézilly (frank.cezilly@u-bourgogne.fr)