



RAGEMO: estimer la santé génétique des races caprines en direct

Gwendal RESTOUX (INRAe), Bertrand SERVIN (INRAe), Isabelle PALHIÈRE (INRAe), Coralie DANCHIN (Idele), Léopold Denonfoux (ADDCP), Pierre Martin (CAGPENES)

Les données moléculaires obtenues à partir des génotypes sont utilisées principalement pour réaliser une évaluation génétique plus performante. Or c'est également un support très intéressant pour calculer des indicateurs de variabilité génétique (consanguinité...) et de croisement avec des populations exogènes.

Races locales = petits effectifs

- + susceptibles dérive génétique
- Augmentation rapide consanguinité
=> effets néfastes associés

Nécessité gestion collective de la variabilité génétique

Comment obtenir des indicateurs de variabilité ?

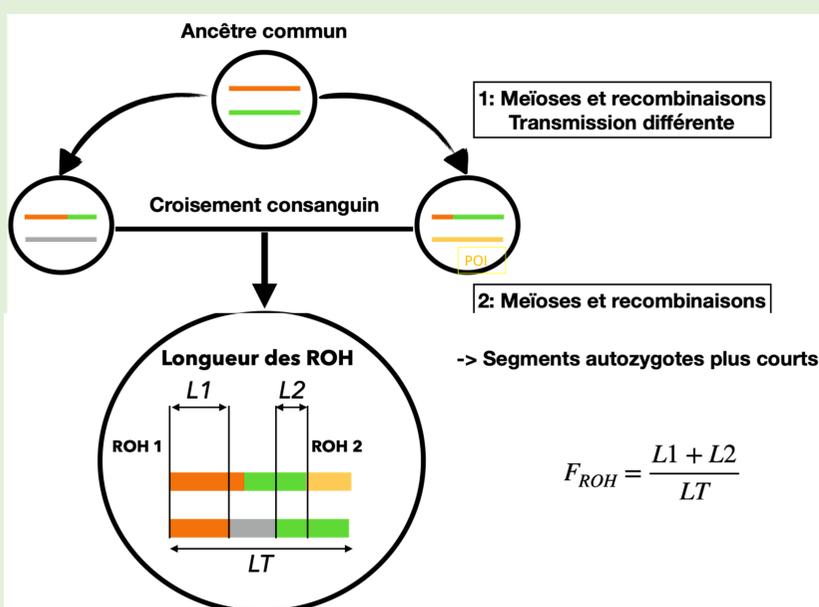
A partir de généalogies => observatoire VARUME (IDELE)
Mais peu de généalogies dans certaines races: Corse, Rove...
=> données moléculaires en relais

Objectif projet: choix et calcul d'indicateurs moléculaires puis construction d'une chaîne de calcul automatisée

Estimation de la variabilité génétique

Méthode des îlots de consanguinité ou « Runs Of Homozygosity » dits ROH

Pour chaque génotypage, définition d'une fenêtre coulissante sur le génome pour repérer les zones homozygotes. Le nombre et la taille des zones homozygotes sont utilisés pour calculer la consanguinité de l'animal.

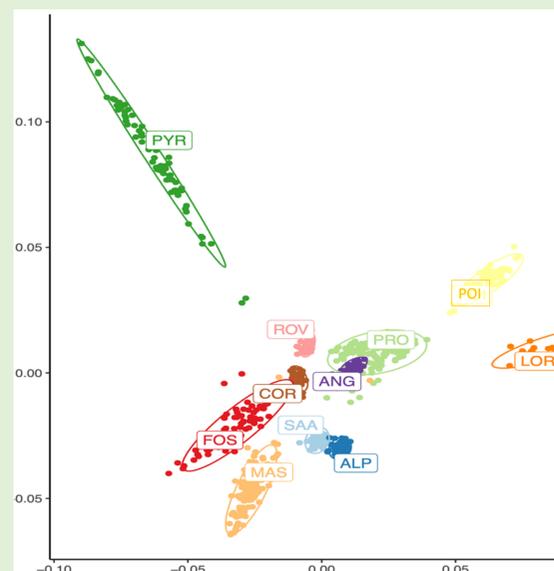


Les couleurs représentent des variants le long du génome. L1 et L2 correspondent à la longueur des ROH 1 et 2 respectivement, LT correspond à la longueur totale du génome considéré.

Différentes méthodes de calcul permettent également le calcul de la **parenté génomique** entre 2 animaux.

Proximité des races et croisement

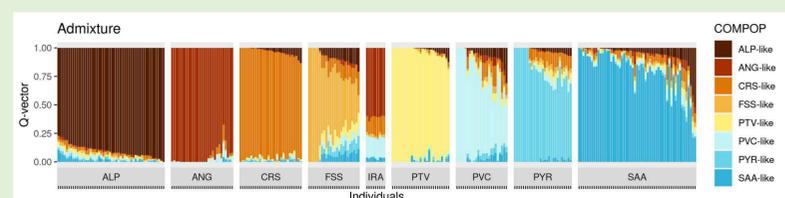
Analyse en composante principale de races caprines à partir du calcul des parentés génomiques. Les individus se regroupent par race (cf. figure) même si intra population, certains individus paraissent génétiquement éloignés (exemple de la Pyrénées).



ALP: Alpine
ANG: Angora
COR: Corse
LOR: Lorraine
MAS: Massif Central
POI: Poitevine
PRO: Provençale
PYR: Pyrénées
ROV: Rove
SAA: Saanen

Analyse de races caprines avec le logiciel Admixture

L'homogénéité des groupes est très variable suivant les races, certaines partageant plus de marqueurs avec les autres. Pour améliorer les résultats, des races de pays frontaliers seront ajoutées dans la chaîne à développer.



Une barre verticale = un individu
Une couleur = un groupe

Les attendus en fin de projet

Construction d'une chaîne d'évaluation de la variabilité génétique à partir de données de génotypes avec :

- Production de rapports individuels à l'animal transmis à CAGPENES et l'association de race concernés;
- Stockage des données pour réalisation de bilans raciaux de variabilité génétique par IDELE.

A plus longue échéance: **duplication** de la chaîne dans d'autres filières pour édition de rapports individuels et raciaux.

Partenaires du projet:

