



HAL
open science

Quelques résultats du programme VarGoats : “ 1000 génomes caprins ”

L Denoyelle, M Amills, Philippe Bardou, Maxime Ben Braiek, Thomas Faraut, F Pompanon, Gwenola Tosser-Klopp

► **To cite this version:**

L Denoyelle, M Amills, Philippe Bardou, Maxime Ben Braiek, Thomas Faraut, et al.. Quelques résultats du programme VarGoats : “ 1000 génomes caprins ”. Journées Scientifiques du Département de Génétique Animale, Sep 2022, Bordeaux, France. hal-03812438

HAL Id: hal-03812438

<https://hal.inrae.fr/hal-03812438>

Submitted on 12 Oct 2022

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Quelques résultats du programme VarGoats : « 1000 génomes caprins »

L Denoyelle¹, M. Amills², P Bardou³, M Ben Braiek³, T Faraut³, F Pompanon¹, G Tosser-Klopp³ et le Consortium VarGoats

¹ UMR UGA-USMB-CNRS 5553, LECA, Grenoble, ² Centre for Research in Agricultural Genomics (CRAG), CSIC-IRTA-UAB-UB, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193, Bellaterra, Spain

³ INRAE, UMR 1388 GenPhySE, Castanet-Tolosan

CONTEXTE, OBJECTIFS & ORGANISATION

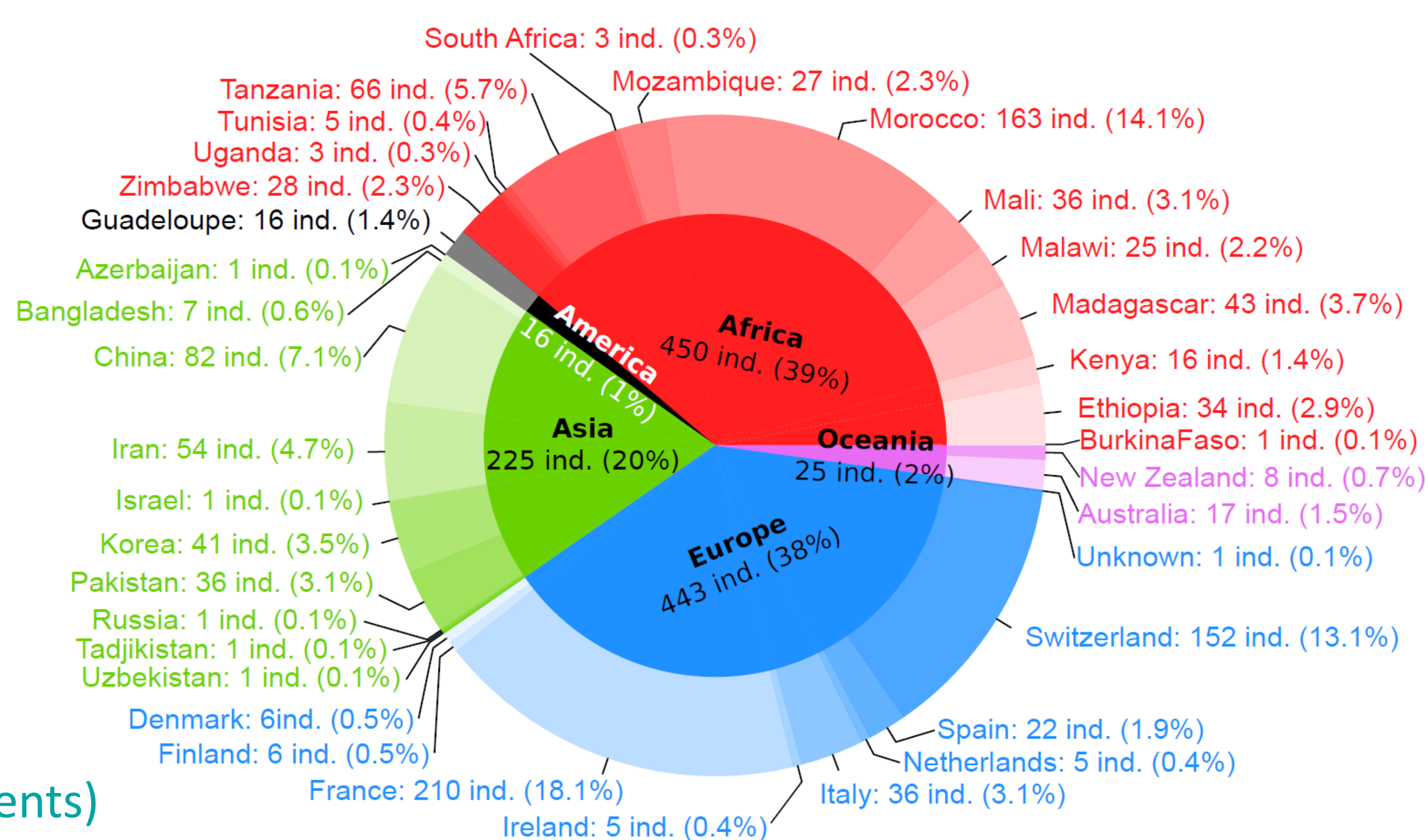
Le projet **VarGoats** (<http://www.goatgenome.org/vargoats.html>) est un projet de reséquençage de génomes caprins. Nos objectifs sont multiples : caractériser la diversité génétique internationale, mais aussi caractériser finement les races françaises et africaines, détecter des traces de sélection pour identifier les voies métaboliques impliquées dans l'expression des traits zootechniques sélectionnés et les mécanismes d'adaptation, identifier des mutations « perte de fonction » ayant un fort impact sur l'expression des phénotypes à l'aide de l'étude de variants de type SNP, INDELS, CNV ou variants de structure. Les analyses sont effectuées au sein de groupes de travail internationaux.

DONNEES

- 1159 animaux : *Capra hircus* (1124, 136 races) + autres *Capra* (35, 8 espèces), data paper ¹
- L'échantillonnage s'appuie sur les résultats du projet **ADAPTmap** (puces 50K)
- 652 séquences du projet (Génoscope, Roslin Institute) et 507 séquences publiques (**NextGen, AGIN...**)
- 74,274,427 SNPs et 13,607,850 INDELS (assemblage ARS1)

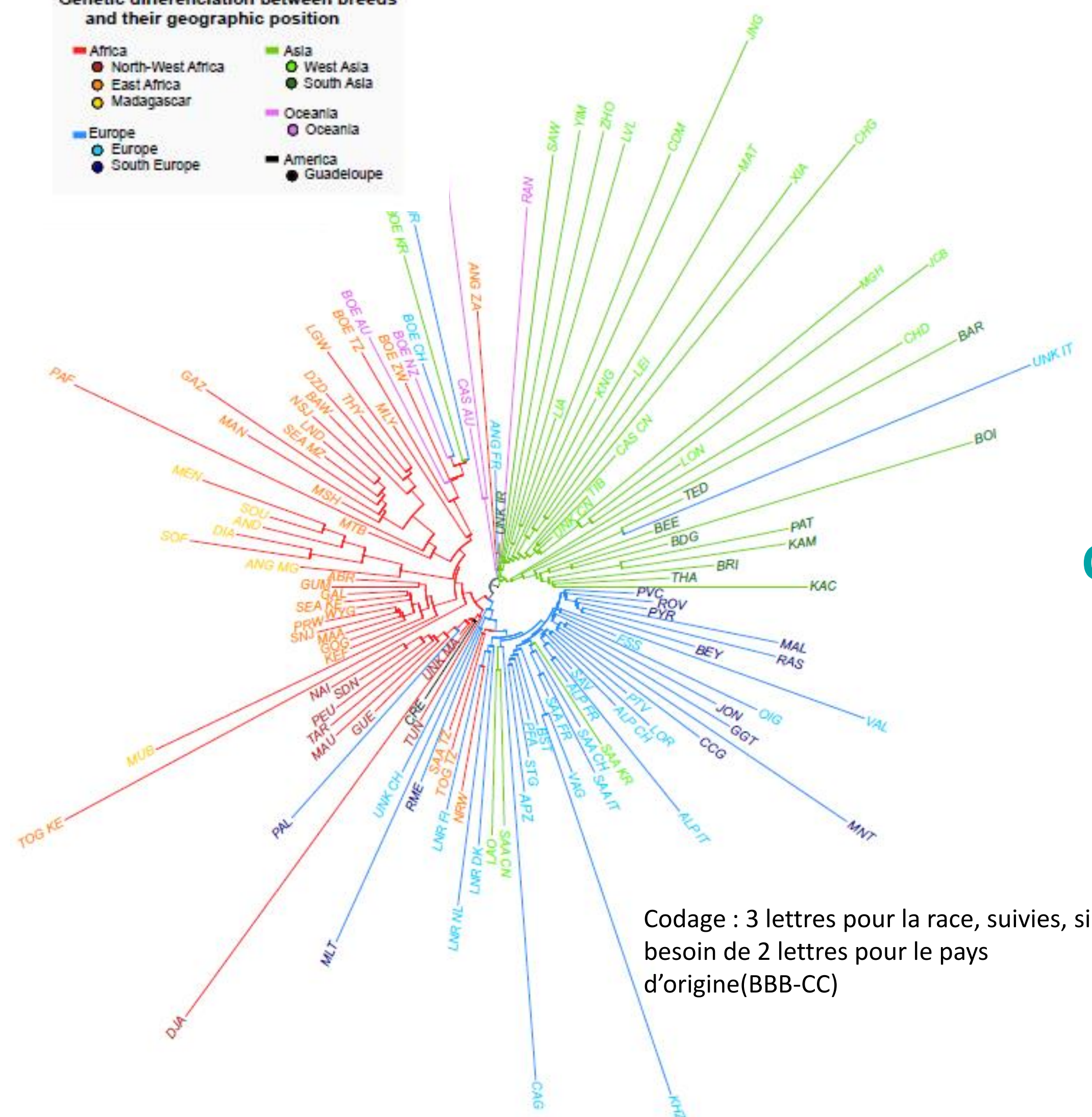
Autres jeux de données :

- Jeu de 1372 animaux (enrichi en animaux asiatiques)
- Jeu de 1 million de SNPs représentatifs (pour accélérer les traitements)
- Fichiers bam, jeux non filtrés

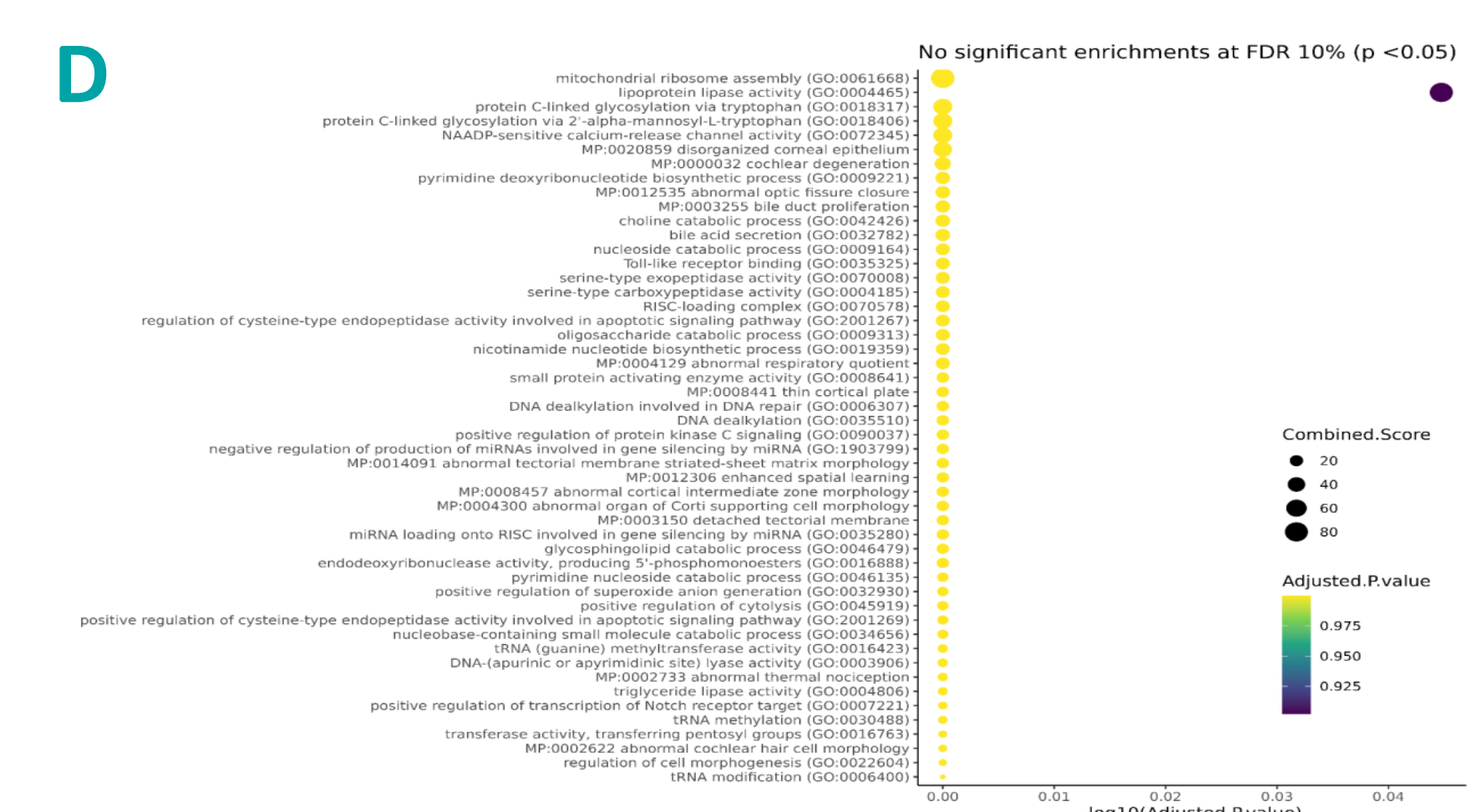
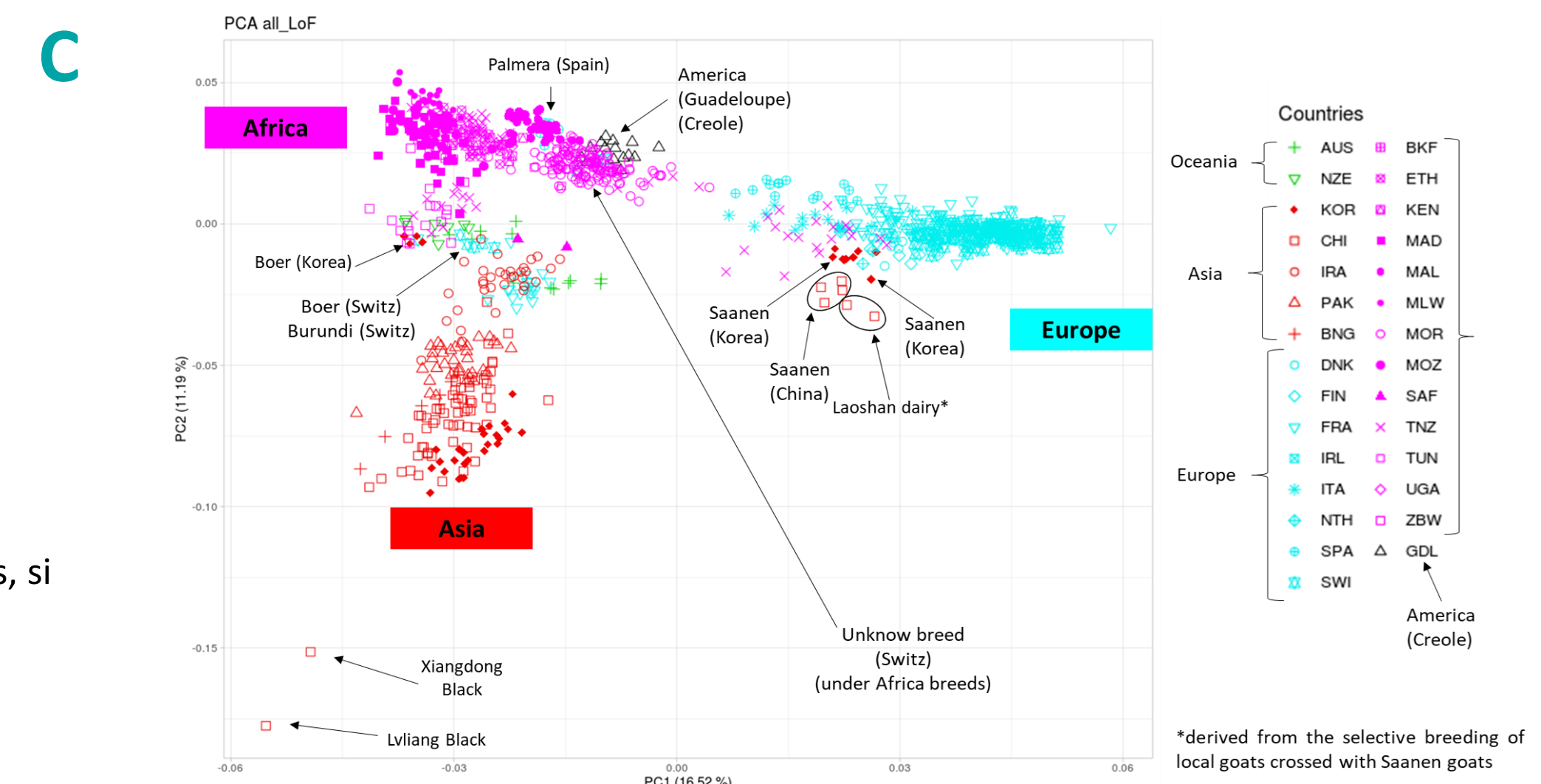
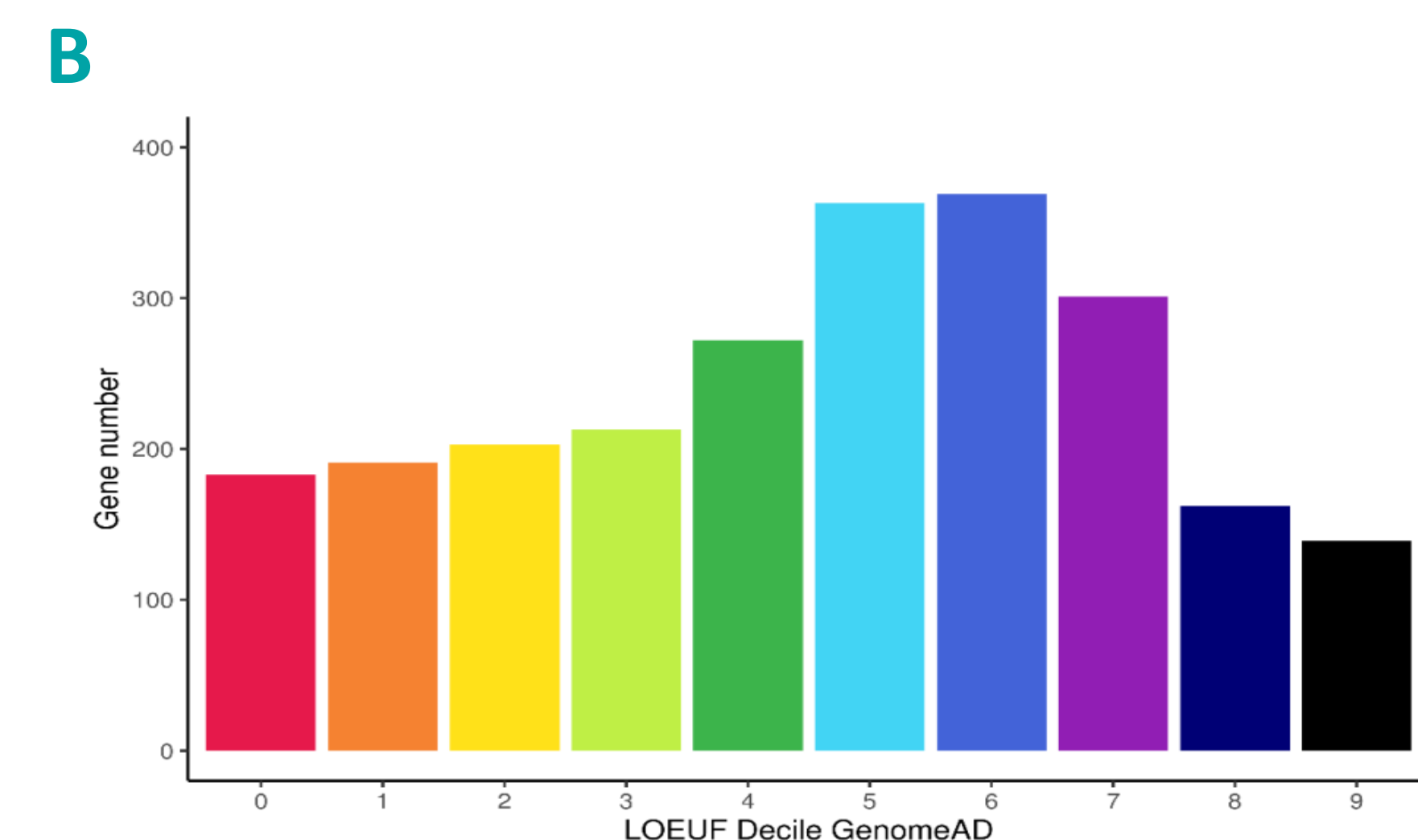


PREMIERS RESULTATS

Genetic differentiation between breeds and their geographic position



Mutation type	Whole VARGOATS population (n=1159), 74,274,427 SNPs					Elimination 100 individuals --max-missing 0.9 Capra hircus (n=1059)
	snpEFF	snpEFF + VEP	Compensatory mutations (eliminated)	Pseudogenes (eliminated)	Total	
Stop Gained	4245	3392	199	107	3086	2578
Stop Lost	528	371		16	355	275
Start Lost	490	461		17	444	334
Splice Acceptor	1229	971		23	948	712
Splice Donor	1617	1311		33	1278	973
TOTAL	8109	6506	199	196	6111	4872



groupes selon l'origine géographique (Neighbor-joining tree, 10⁶ SNP)

- (A) Détection des mutations perte de fonction (LoF) et (B) leur répartition en fonction de "l'essentialité" du gène-hôte (LOEUF score bas= gene indispensable)
- (C) Analyse en composantes principale à l'aide des LoF
- (D) Analyse d'enrichissement des processus biologiques en LoF

Le développement de premiers pipelines d'analyse montre la capacité de notre Consortium à analyser les données de séquence caprine [2-5]. L'analyse approfondie des 1372 génomes devrait nous permettre de générer des résultats originaux à l'échelle internationale.

- Denoyelle L, Talouarn E, Bardou P, Colli L, Alberti A, Danchin C, et al. VarGoats project: a dataset of 1159 whole-genome sequences to dissect *Capra hircus* global diversity. *Genet Sel Evol.* 2021;53:86.
- The VarGoats Consortium, Talouarn E, Bardou P, Palhière I, Oget C, Clément V, et al. Genome wide association analysis on semen volume and milk yield using different strategies of imputation to whole genome sequence in French dairy goats. *BMC Genet.* 2020;21:19.
- The VarGoats Consortium, Nandolo W, Mészáros G, Würzinger M, Banda LJ, Gondwe TN, et al. Detection of copy number variants in African goats using whole genome sequence data. *BMC Genomics.* 2021;22:398.
- VarGoats Consortium, Nijman IJ, Rosen BD, Bardou P, Faraut T, Cumer T, et al. Geographical contrasts of Y-chromosomal haplogroups from wild and domestic goats reveal ancient migrations and recent introgressions. *Molecular Ecology.* 2022;31:4364-80.
- Signer-Hasler H, Henkel J, Bangerter E, Bulut Z, The VarGoats Consortium, Drögemüller C, et al. Runs of homozygosity in Swiss goats reveal genetic changes associated with domestication and modern selection. *Genet Sel Evol.* 2022;54:6.