



HAL
open science

Les recherches menées dans le cadre du projet DevOCGen : Estimer l’histoire récente et locale des populations à partir de données génomiques

Simon Boitard, Raphaël Leblois

► To cite this version:

Simon Boitard, Raphaël Leblois. Les recherches menées dans le cadre du projet DevOCGen : Estimer l’histoire récente et locale des populations à partir de données génomiques. Journées “ Recherche et gestion de la biodiversité en temps de crises écologiques ”, Dec 2024, Montpellier, France. hal-04832738

HAL Id: hal-04832738

<https://hal.inrae.fr/hal-04832738v1>

Submitted on 12 Dec 2024

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.



Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial - NoDerivatives 4.0
International License

Estimer l'histoire récente et locale des populations à partir de données génomiques

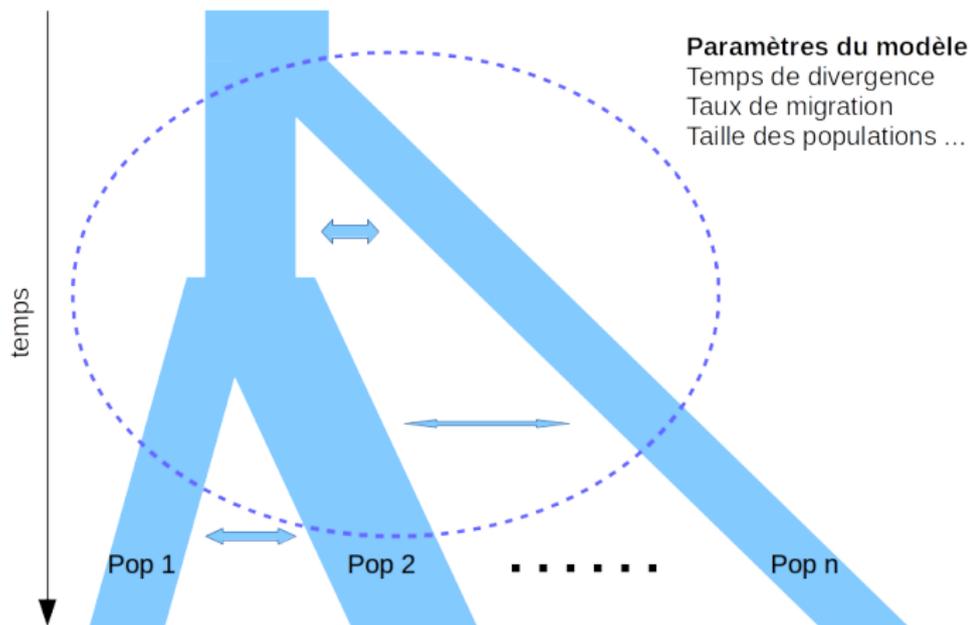
Simon Boitard, Raphaël Lebois

INRAE, Centre de Biologie pour la Gestion des Populations (CBGP)

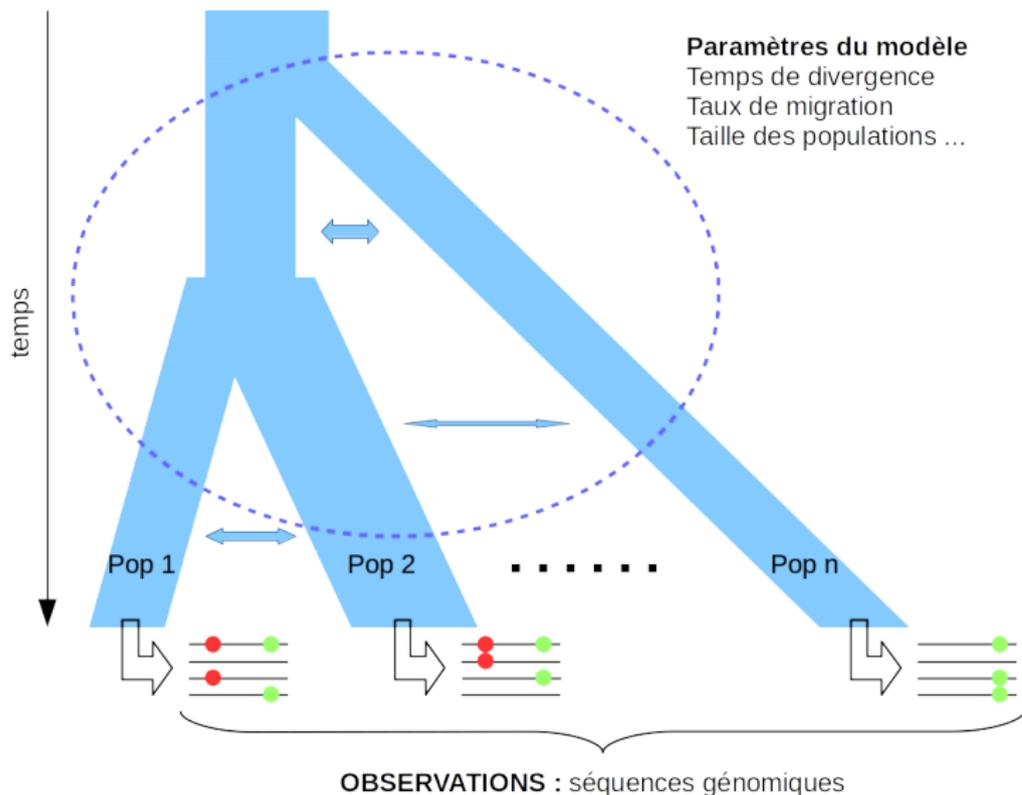
Journées Biodivoc / adNatura, 10 décembre 2024
Améliorer le suivi des populations à l'aide de données
génomiques : opportunités et limites

- Besoin de mesures ciblées de protection ou de **gestion des populations menacées**.
- Connaissance de leur **dynamique démographique actuelle** à une **échelle locale**.
 - Tailles de populations
 - Dispersion, structuration
 - Evolution temporelle récente?
- Approche **démographique** (directe): suivi régulier, abondances, capture-marquage-recapture ...
- Approche **génétique** (indirecte): estimation à partir de la diversité génétique observée au sein des populations.

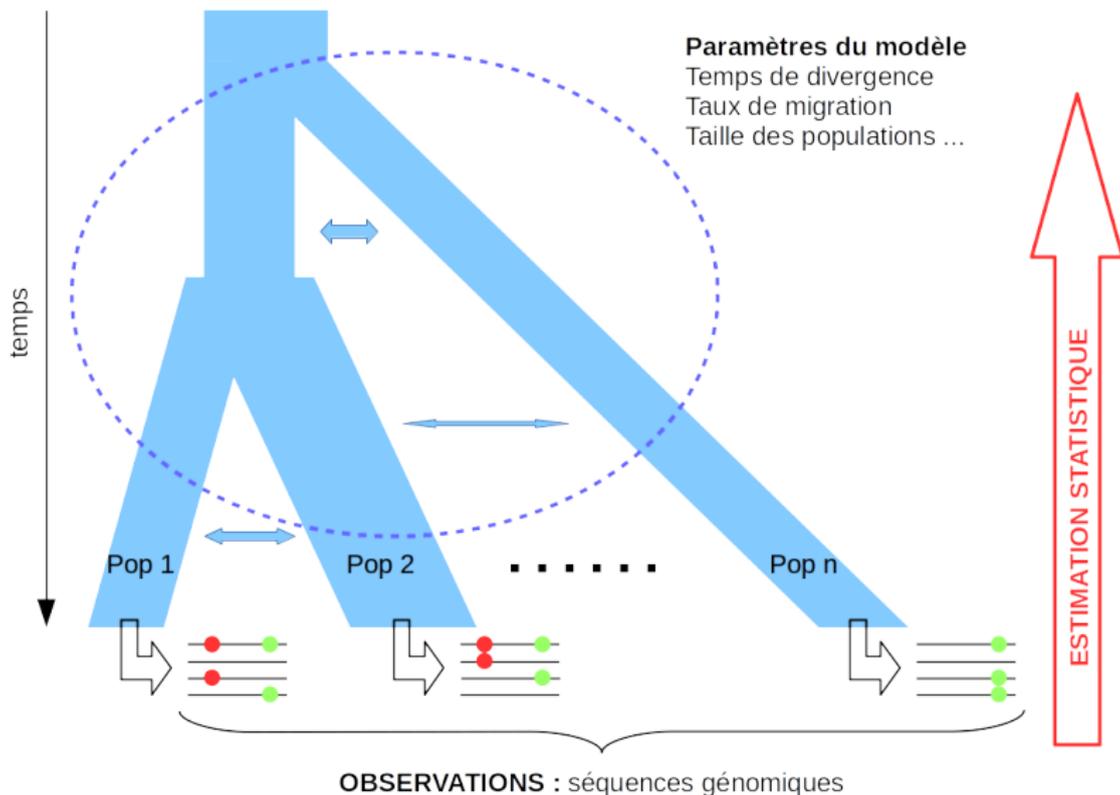
Estimation en génétique des populations



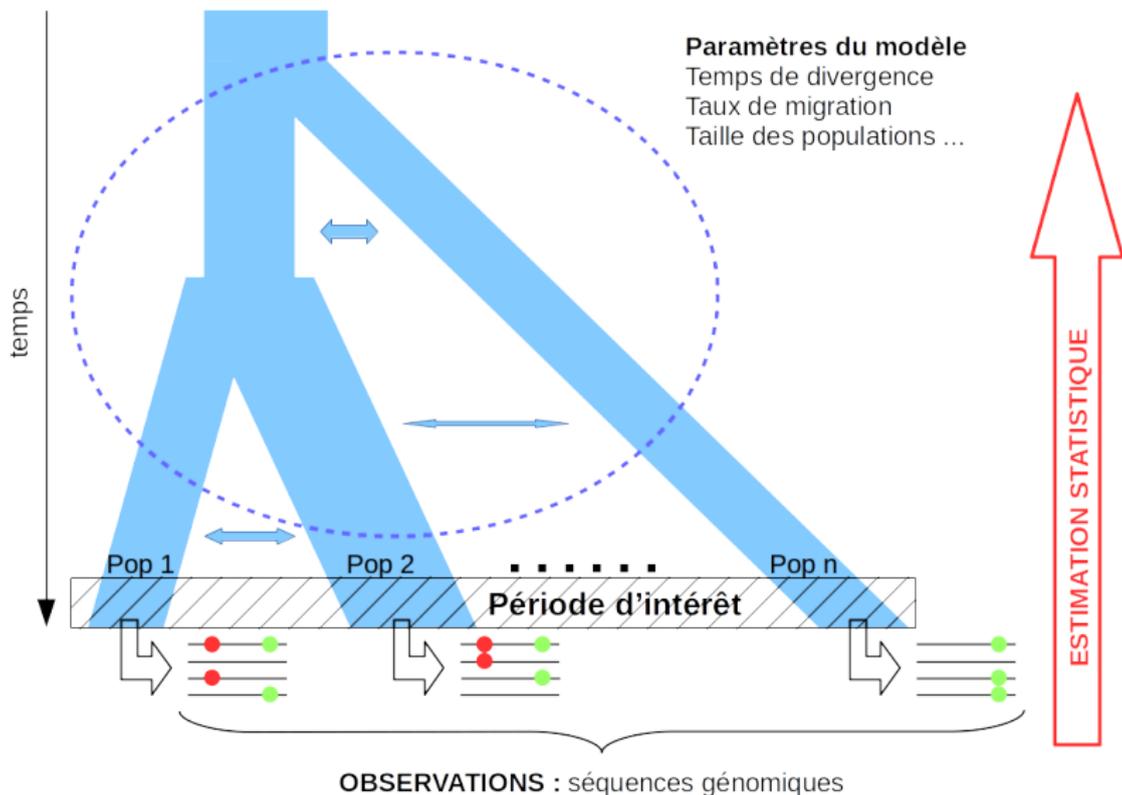
Estimation en génétique des populations



Estimation en génétique des populations

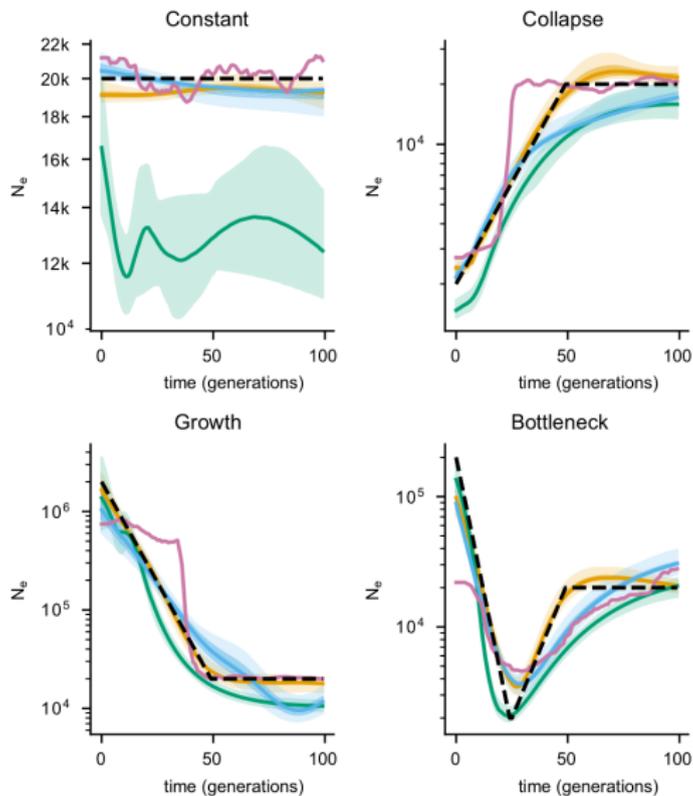


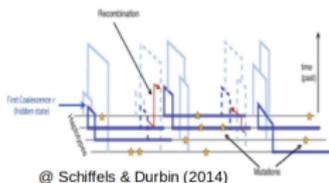
Estimation en génétique des populations



- Exploiter plus efficacement l'information génomique via de **nouvelles méthodes statistiques**.
- Analyse conjointe de plusieurs marqueurs : **déséquilibre de liaison, segments IBD**.
- Séquencer **plus d'individus**.
- Echantillons **locaux**, individus geo-référencés.
- Séquencer **plusieurs générations**.

Exemple : Fournier *et al* 2023 (256 individus)



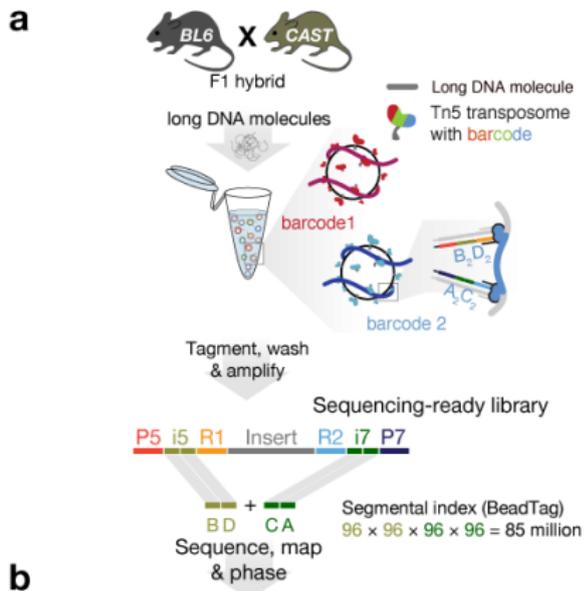


DevOCGen

Développement et applications de nouveaux outils pour la gestion et la conservation des populations naturelles à partir de données génomiques



Développement de l'haplotagging (Meier et al, 2021)



- Marquage moléculaire.
- Séquençage classique à **faible profondeur** (2-4X).
- Libraires \approx 10 euros/individ.
- **Grands échantillons à faible coût** (400 individus pour 23,000 euros).
- Plateforme GenSeq + diffusion.

Cas d'études : espèces patrimoniales et / ou menacées



Hippocampe moucheté
de Thau



Ophrys d'Aymonin



Centaurée
de la Clape



Gougeon occitan



Lézard vivipare
du Mont Lozère



Lézard montagnard
Pyrénéen