

# Développement et applications de nouveaux outils pour la gestion et la conservation des populations naturelles à partir de données génomiques (DevOCGen, 2022-2025)

Simon Boitard, Raphaël Lebois

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

Semaine de restitution, 1-4 décembre 2025



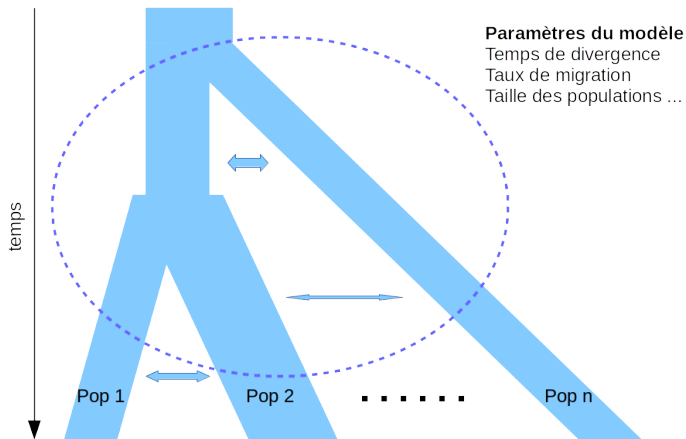
- 1 Contexte et objectifs
- 2 Principaux résultats
- 3 Conclusions et perspectives

- 1 Contexte et objectifs
- 2 Principaux résultats
- 3 Conclusions et perspectives

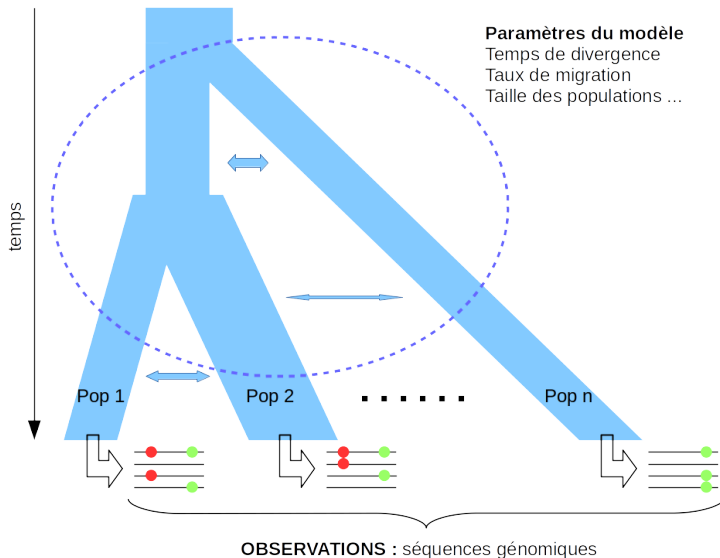
- Besoin de mesures ciblées de protection ou de **gestion des populations menacées**.
- Connaissance de leur **dynamique démographique actuelle** à une **échelle locale**.
  - Tailles de populations
  - Dispersion, structuration
  - Evolution temporelle récente?
- Approche **démographique** (directe):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



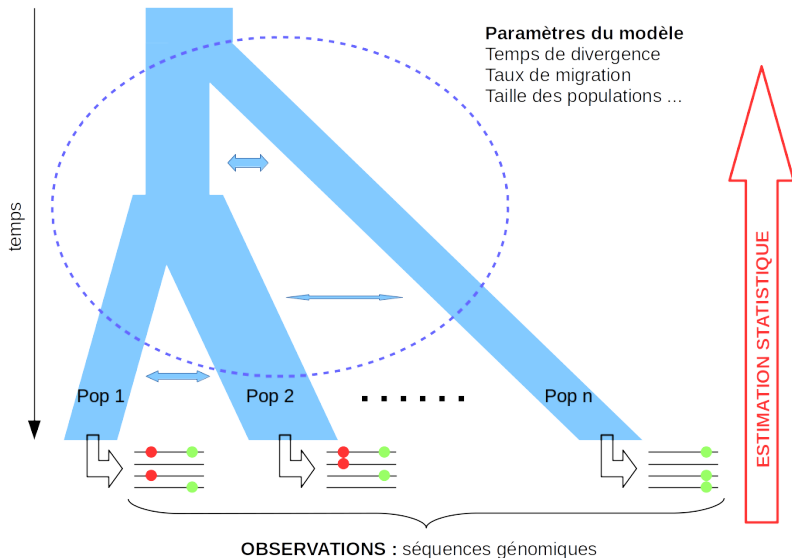
# Estimation en génétique des populations



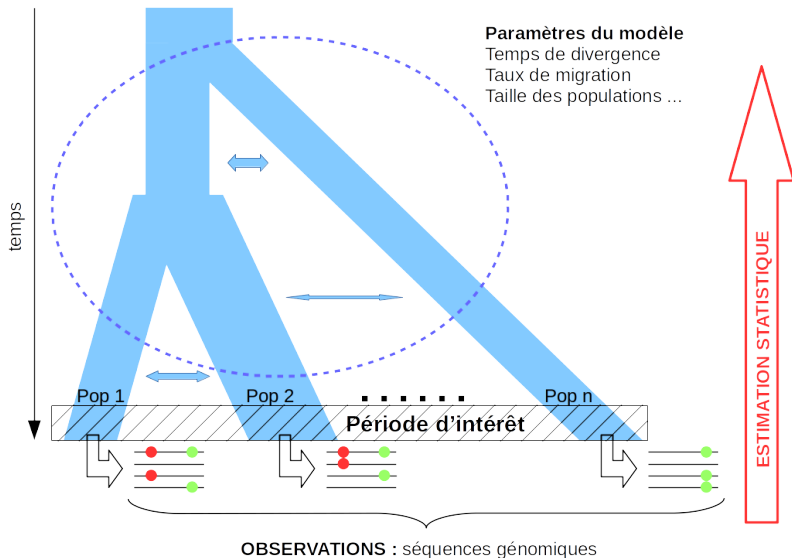
# Estimation en génétique des populations



# Estimation en génétique des populations



# Estimation en génétique des populations



# Leviers possibles

- 1 Séquencer de **nombreux individus** à l'échelle locale.
- 2 Utiliser le **déséquilibre de liaison** et les **segments identiques par descendance (IBD)**.  
→ Développements en **biologie moléculaire**.
- 3 Séquencer **plusieurs générations** récentes.
- 4 Exploiter plus efficacement cette **grande quantité d'information génomique**.  
→ Développements en **génétique des populations / statistique**.

# Leviers possibles

- 1 Séquencer de **nombreux individus** à l'échelle locale.
- 2 Utiliser le **déséquilibre de liaison** et les **segments identiques par descendance (IBD)**.  
→ Développements en **biologie moléculaire**.
- 3 Séquencer **plusieurs générations récentes**.
- 4 Exploiter plus efficacement cette **grande quantité d'information génomique**.  
→ Développements en **génétique des populations / statistique**.

# Leviers possibles

- 1 Séquencer de **nombreux individus** à l'échelle locale.
- 2 Utiliser le **déséquilibre de liaison** et les **segments identiques par descendance (IBD)**.  
→ Développements en **biologie moléculaire**.
- 3 Séquencer **plusieurs générations récentes**.
- 4 Exploiter plus efficacement cette **grande quantité d'information génomique**.  
→ Développements en **génétique des populations / statistique**.

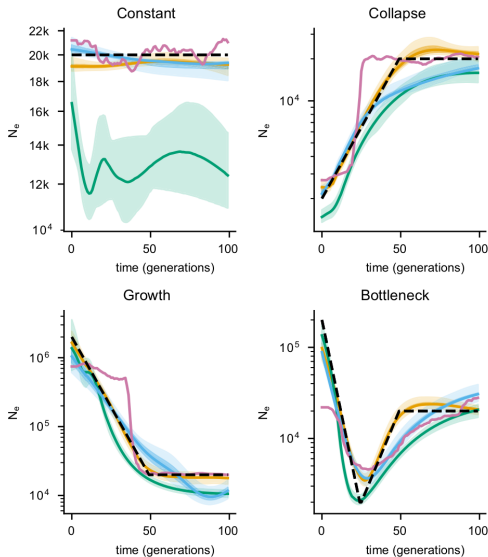
# Leviers possibles

- 1 Séquencer de **nombreux individus** à l'échelle locale.
- 2 Utiliser le **déséquilibre de liaison** et les **segments identiques par descendance (IBD)**.  
→ Développements en **biologie moléculaire**.
- 3 Séquencer **plusieurs générations récentes**.
- 4 Exploiter plus efficacement cette **grande quantité d'information génomique**.  
→ Développements en **génétique des populations / statistique**.

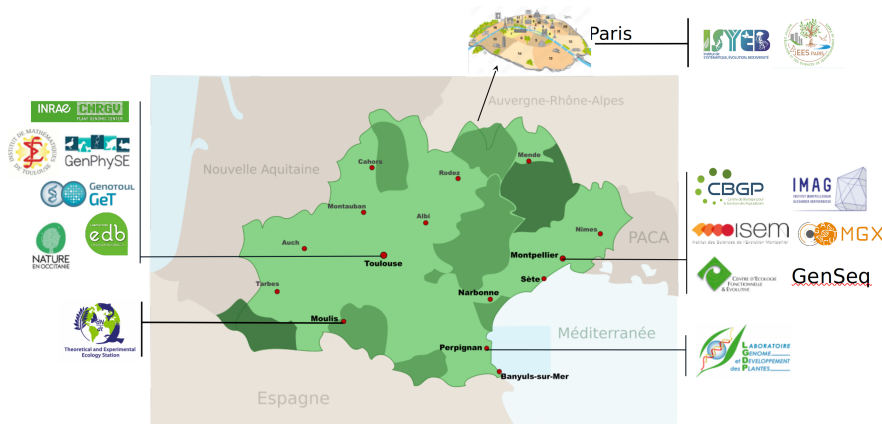
Appliquer ces différents leviers à plusieurs espèces patrimoniales et / ou menacées en Occitanie.



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



# Consortium

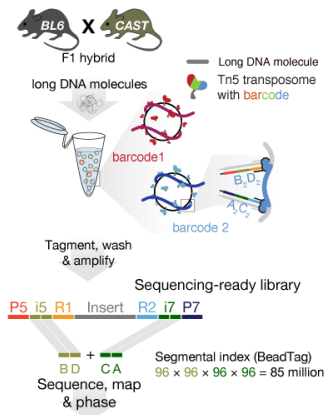


# Plan de l'exposé

- 1 Contexte et objectifs
- 2 Principaux résultats**
- 3 Conclusions et perspectives

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

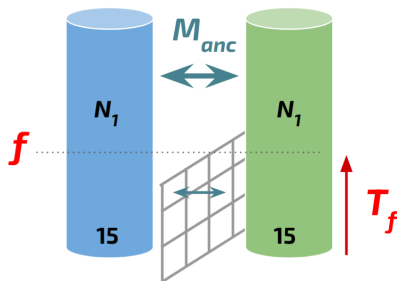
a



b

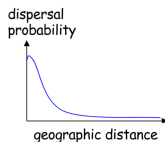
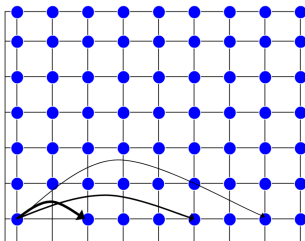
- Grands échantillons de génomes **phasés biologiquement** pour un **coût limité** ( $\approx 23,000$  euros pour 400 individus).
- Protocole maîtrisé sur la plateforme à GenSeq.
- **Résultats** : exposé de P.-A. Gagnaire et C. Liautard-Haag (10h) + atelier jeudi après midi.

# Inférence de la fragmentation entre populations



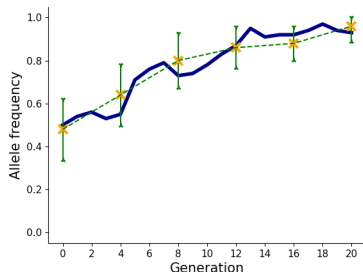
- Diminution ou arrêt récent de la connectivité entre populations?
- Exploiter l'information généalogique (dédue des séquences), notamment les segments **identiques par descendance**.
- **Résultats** : exposé de R. Tournebize (14h45), ateliers de mercredi matin et après midi.

# Inférence de la dispersion à l'échelle du paysage



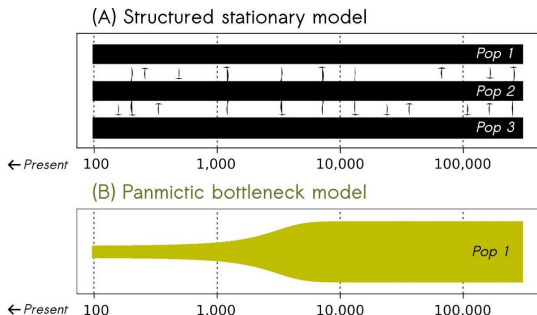
- Exploiter les patrons d'**isolement** par la **distance**.
- Inférence jointe de la **dispersion** et de la **densité** de population.
- Package R *gspace2infer*.
- **Résultats** : ~~Exposé de G. Camarata (16h) + atelier mardi après-midi.~~

# Inférence à partir de données génomiques temporelles



- Changements de diversité génétique pour une période temporelle spécifique.
- Inférence de la **taille efficace** et de l'**intensité de sélection** à chaque locus.
- Package python *SelNeTime* (Uhl et al PCI 2025).
- **Résultats** : Exposé (16h) + Atelier mardi matin.

# Robustesse des estimations issues de données génomiques



- Identifiabilité des modèles et interprétation des patrons de diversité génétique?
- Ha-Shan *et al* (2024), Jouniaux *et al* (2025).
- **Résultats** : Atelier jeudi-après midi



# Centaurée de la Clape



- **Contexte** : Espèce (micro-)endémique du massif de la Clape suivie depuis 25 ans par l'ISEM, 6 populations résiduelles fortement structurées.
- **Données produites** : 96 individus issus de 5 populations.
- **Avancement** : Inférences démographiques.
- **Résultats** : Exposé de P.-A. Gagnaire & O. Eychenne (11h).



- **Contexte** : Espèce endémique d'Occitanie suivie depuis 30 ans par l'OFB, effondrement démographique récent.
- **Données produites** : 192 individus le long d'une rivière (le Célé).
- **Avancement** : Bio-informatique et premières analyses descriptives.
- **Résultats** : Exposé de R. Tournebize (14h45).

# Lézard vivipare du Mont Lozère



- **Contexte** : Espèce modèle pour étudier l'impact du changement climatique, plusieurs populations suivies depuis  $\geq 20$  ans.
- **Données produites** : 192 individus issus de 10 populations.
- **Avancement** : Bio-informatique et premières analyses descriptives.
- **Résultats** : Exposé de E. Gay L. Cohu Puel (14h).

# Lézard montagnard Pyrénéen



- **Contexte** : Espèce menacée endémique des Pyrénées, PNA porté par Nature en Occitanie, forte structuration spatiale.
- **Données produites** : Génome de référence + 96 individus à l'échelle paysagère ( $\approx 10 \times 3$  km) autour du lac bleu.
- **Avancement** : Séquençage
- **Résultats** : Exposé de P.-A. Crochet (16h30).



- **Contexte** : Espèce endémique des Causses, genre modèle de radiation évolutive étudiée au LGDP.
- **Données produites** : 96 individus à l'échelle paysagère (transect altitudinal  $\approx 3\text{km}$ ).
- **Avancement** : Construction des librairies.
- **Résultats** : Prochaine conférence!