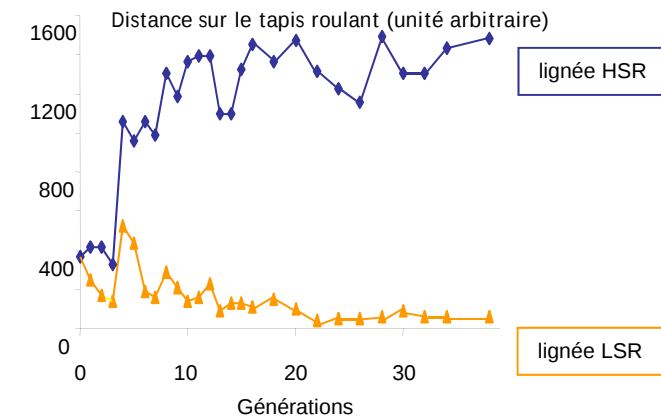




Comportement

- Bien-être animal
 - Meilleures performances (santé, comportement alimentaire...)
 - Elevage avicole : Directives Union Européenne
- Comportement social
 - Grands groupes : agressivité, picage...
- Comprendre les mécanismes, notamment génétiques, qui sous-tendent la variabilité des caractères liés au comportement social
- Caille : Animal modèle
 - ~100 grammes
 - Incubation 16-17 jours
 - Maturité sexuelle 6-8 semaines
 - Accès facile à l'embryon

Sélection sur la motivation au regroupement social



S+ = HSR : Fort regroupement social,
Forte agressivité

S- = LSR : Faible regroupement social,
Faible agressivité

Population F2

phénotypée pour des caractères de comportement, de croissance et de ponte

Hybrides caille des blés / caille japonaise

- Caille des blés (*Coturnix coturnix coturnix*) :
 - Europe entière et une grande partie de l'Asie, jusqu'aux plateaux de Sibérie centrale
 - Chasse
 - En déclin
- Caille japonaise (*Coturnix coturnix japonica*) :
 - Japon, Est de la Sibérie, Mongolie, Nord de la Chine, Corée,...
 - Elevage
- Lâchers de "cailles de tir"
 - Hybrides avérés : pas ou peu de comportement migratoire

Populations F12 japonaise / hybrides

Mutations

- Affectant les plumes
 - Curly / Rusty

Curly



Rusty



- Affectant la couleur de la coquille
 - Celadon
 - White

Familles F2 avec les mutations en ségrégation



Objectifs

- Obtention d'un set de 6000 marqueurs SNP
 - Spécifiques de lignées
 - iSelect Illumina
- Utilisation
 - Recherche des zones du génome contrôlant la motivation sociale
 - QTL (croisement F2 S+ S-)
 - Signatures de sélections
 - Localisation des mutations plumes et œufs
 - Analyse de la variation génétique et son évolution des F0 aux F12 japonaises / hybrides

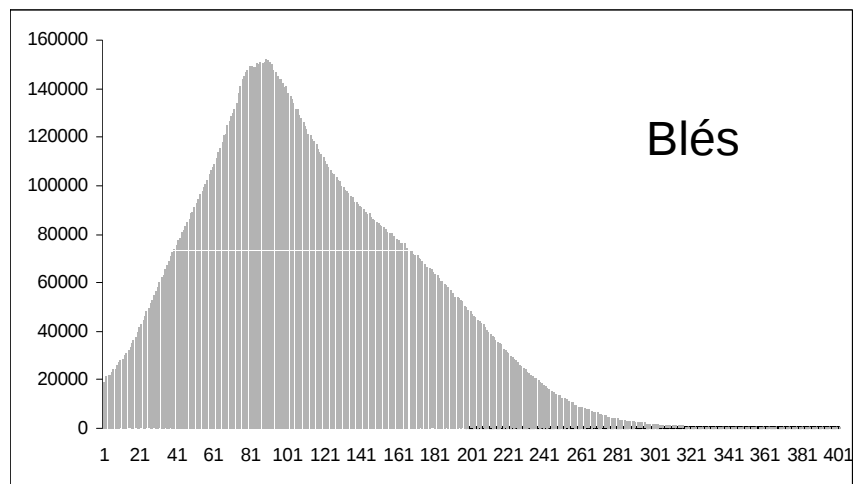
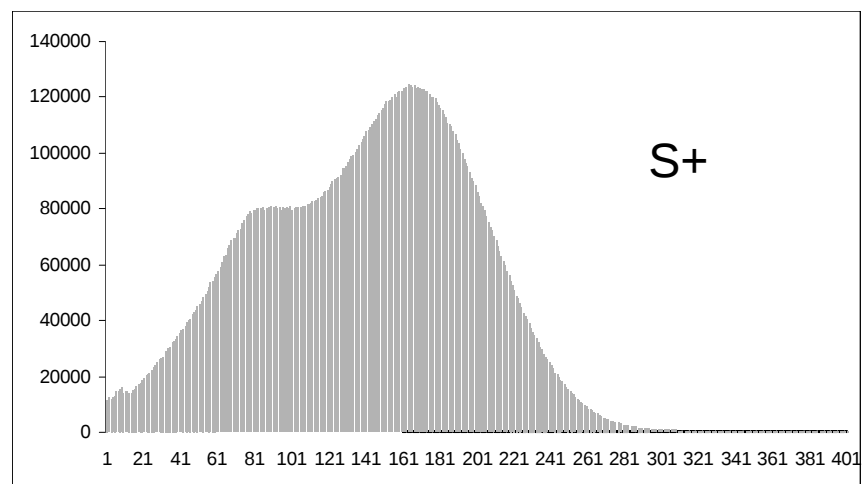
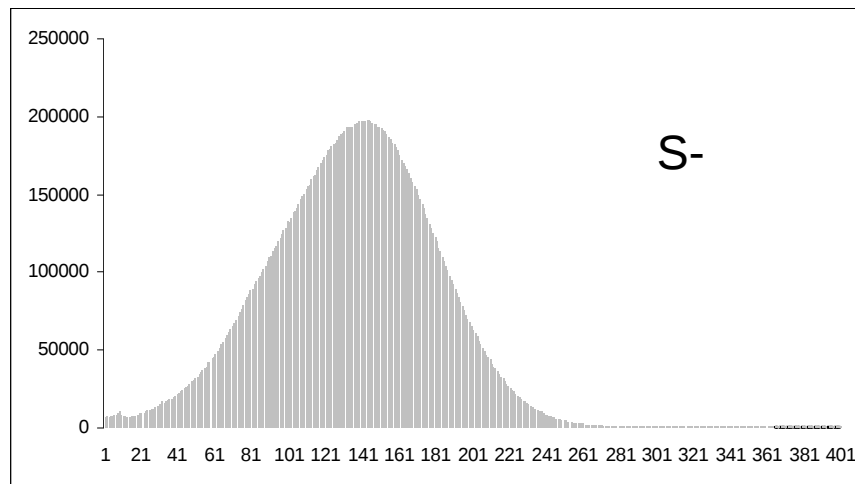


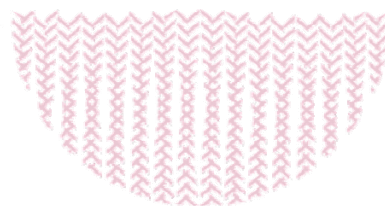
Séquençage

- Trois lignes de HiSeq, paired-ends, 100 bp
 - S+ : pool de 10 animaux
 - S- : pool de 10 animaux
 - Blés : pool de 2 animaux

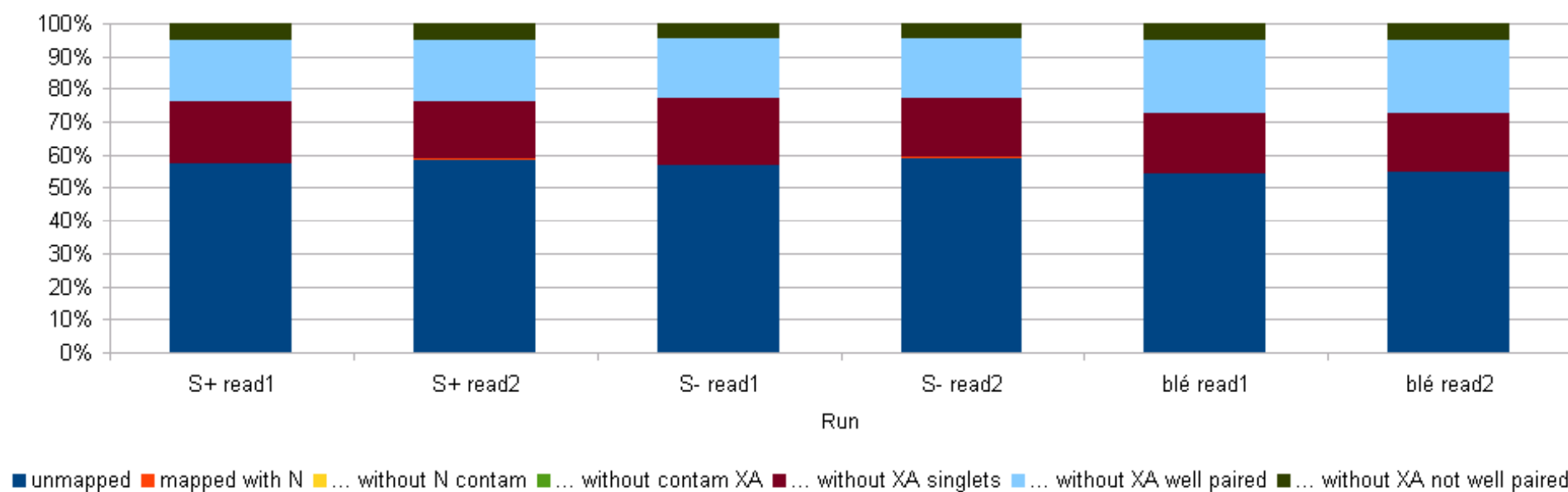
Animal	S+		S-		caille des blés	
	read1	read2	read1	read2	read1	read2
Nbr bases	19 206 067 484		23 311 378 932		17 721 519 792	
Nbr seq	190 159 084		230 805 732		175 460 592	
Raw mapped	26545363		31636999		27847370	
% Raw mapped	13.96%		13.71%		15.87%	
Raw well paired	25405990		30442382		26836332	
% Raw well paired	13.36%		13.19%		15.29%	

Taille des inserts

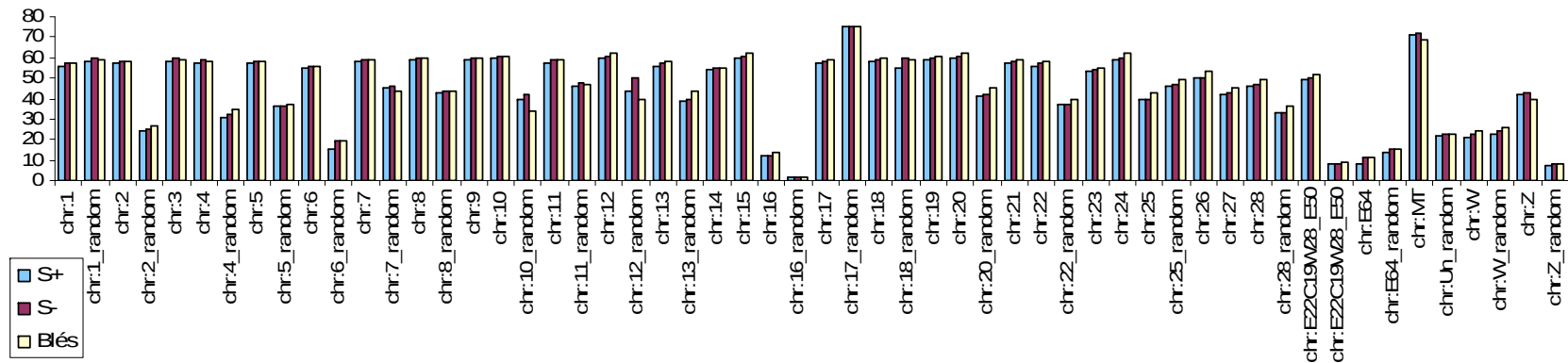




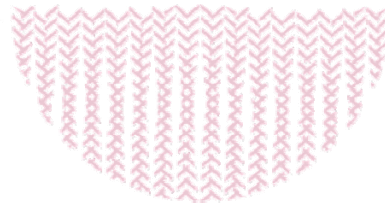
Reads repartition



Couverture



	Couverture	Profondeur
S+	44,41%	5,64
S-	45,62%	6,25
Blés	45,98%	5,96
	(+ 10)	1 à 8003



<http://www.broadinstitute.org/igv/>

AGRICULTURE

ALIMENTATION

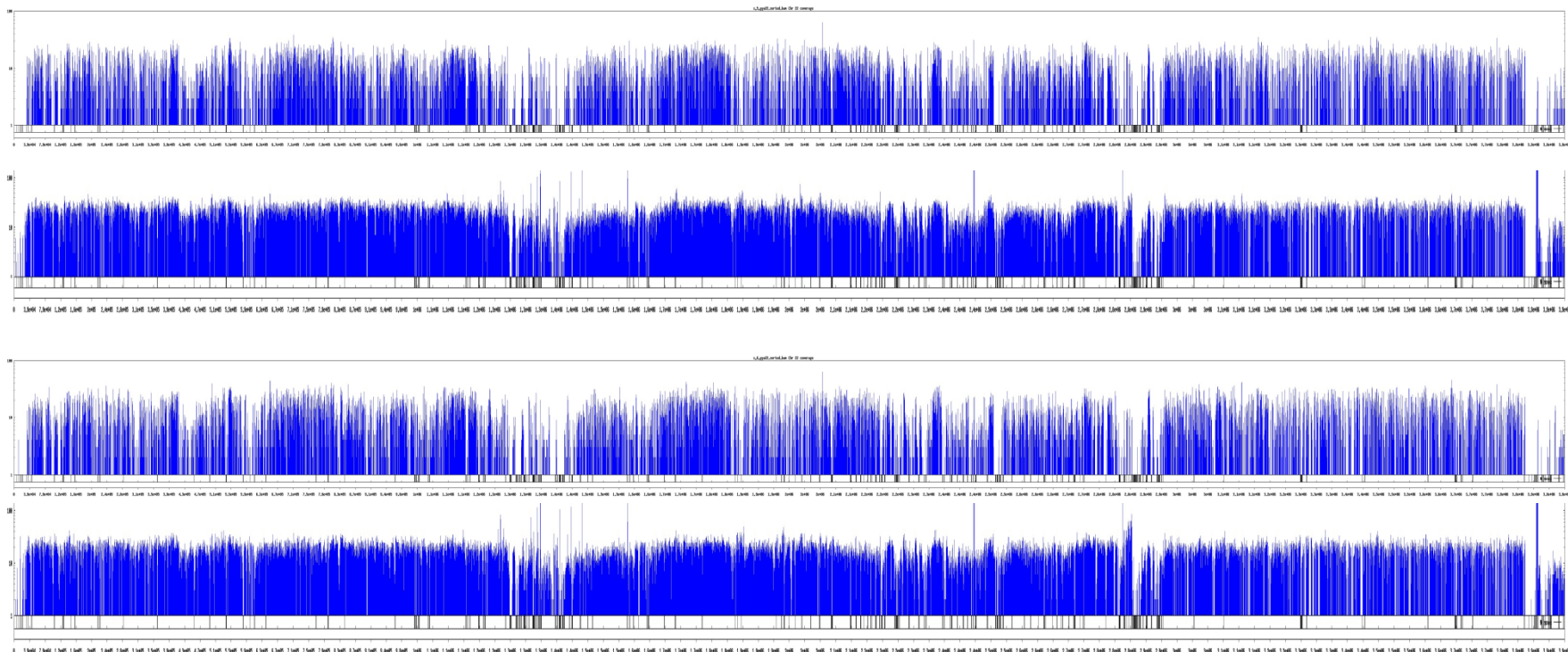
ENVIRONNEMENT

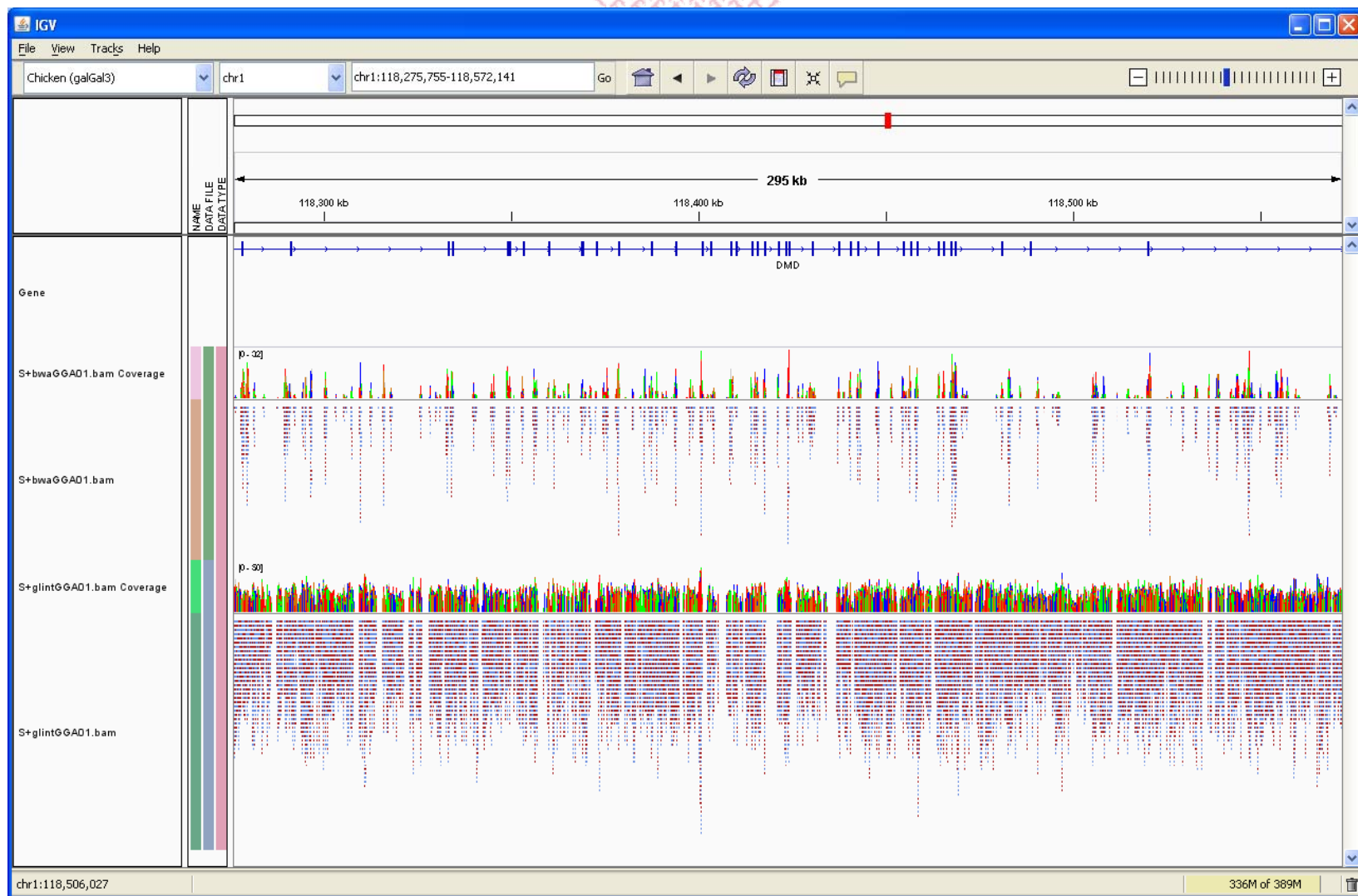


Glint

Emmanuel Courcelle, Thomas Faraut

- Logiciel de comparaison de génomes permettant l'alignement de lectures
 - semble plus sensible que bwa (73%, 12 et 14,5 x)





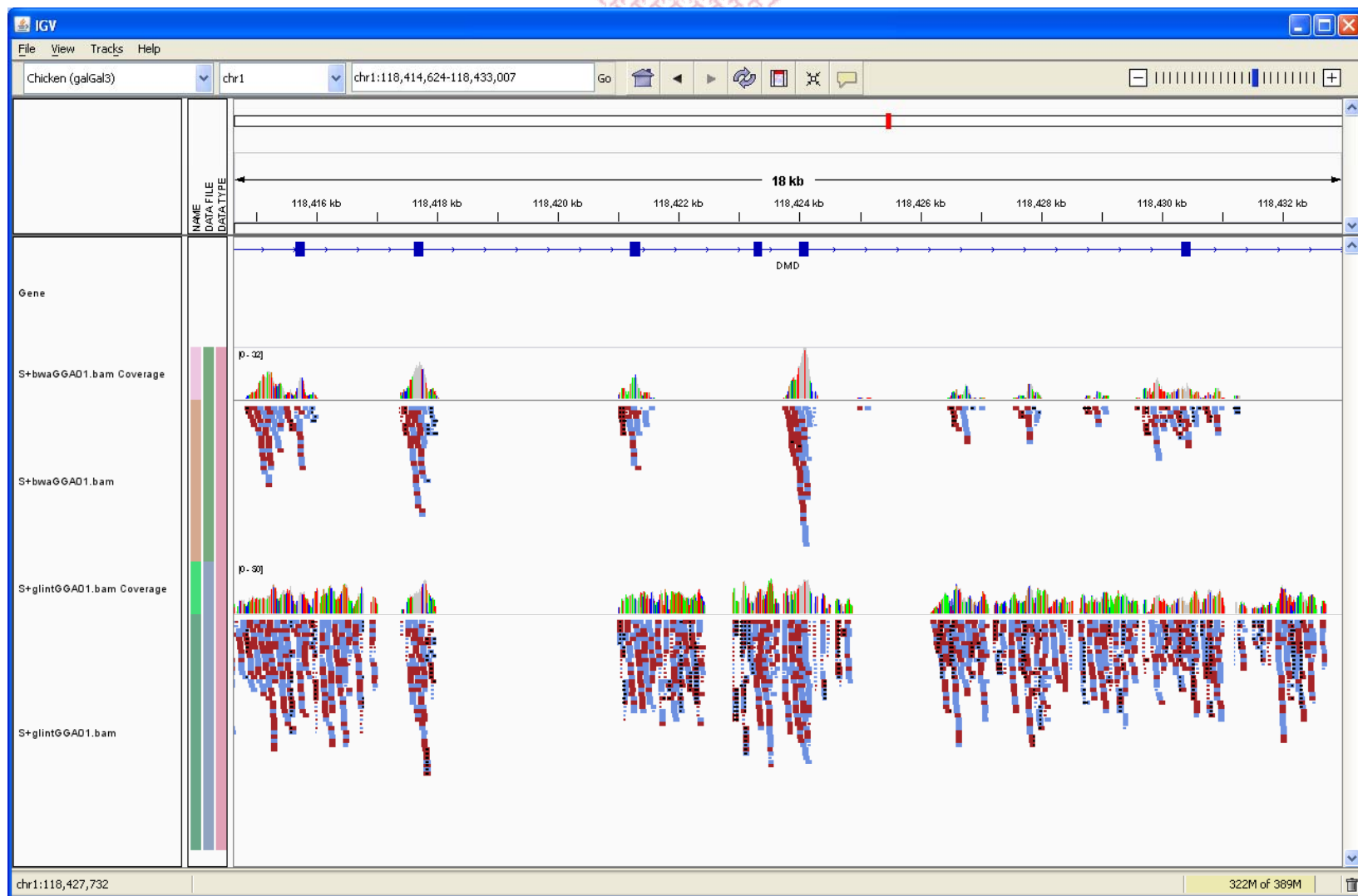
<http://www.broadinstitute.org/igv/>

AGRICULTURE

ALIMENTATION

ENVIRONNEMENT

INRA



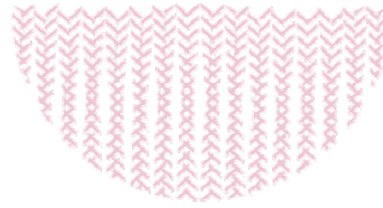
<http://www.broadinstitute.org/igv/>

AGRICULTURE

ALIMENTATION

ENVIRONNEMENT

INRA



UE PEAT

Tours

David Gourichon
Sandrine Rivière

UMR PRC

Tours

Christine Leterrier
Cécile Arnould

URA

Tours

Catherine Beaumont
Sandrine Grasteau
Elisabeth Duval

UMR GABI

Jouy en Josas

Francis Minvielle
Bertrand Bed'hom

Financements

ANR SNP-BB

*Département de
génétique animale*

LGC

Toulouse

Sophie Leroux
Alain Vignal
Frédérique Pitel

Patrice Dehais
Thomas Faraut

PlaGe

Toulouse

Olivier Bouchez
Emeline Lhuillier
Nathalie Marsaud

Gérald Salin