

Modélisation pour Pastodiv

Sophie, Pierre et Matthieu

12/12/2022

Objectifs



- ▶ Modéliser l'évolution conjointe de la composition de plusieurs troupeaux
- ▶ Prendre en compte un (ou plusieurs) réseaux d'échange d'animaux entre bergers
- ▶ Etudier l'influence de la structure de ce réseau sur la composition du troupeau (consanguinité, kinship. . .)
- ▶ *Mission:* Avoir un programme R rapide + **une application Shiny**, souple et facile à faire évoluer.

Hypothèses de travail : troupeaux



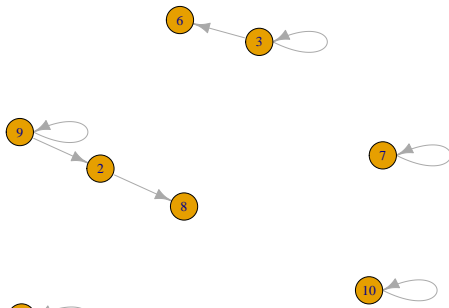
- ▶ On considère N ($= 10$?) troupeaux composés essentiellement de femelles (dans les exemples : 40 femelles pour 2 mâles)
- ▶ Les troupeaux sont de taille constante au cours du temps.

Hypothèses de travail : âges de reproduction

- ▶ Les mâles sont reproducteurs dès l'année suivant leur naissance
- ▶ Les femelles sont reproductrices au bout de “quelques” années (paramètre à régler)
- ▶ Mâles et femelles sont aptes à se reproduire jusqu'à un âge à fixer (propre aux mâles et femelles) : une fois l'âge passé, les animaux sont retirés du troupeau
- ▶ Les femelles ont entre 0 et 2 petits par an (probabilité à définir)

Hypothèses de travail : reproduction

- ▶ Les mâles passent un certain nombre d'années (max) dans un troupeau
- ▶ Au bout de ce temps ou si ils ont atteint l'âge limite, ils changent de troupeau selon un réseau d'échange de mâles
- ▶ Les mâles manquants sont remplacés par 1/ des males adultes issus des autres troupes, 2/ des agneaux males.



Hypothèses de travail : remplacement des femelles trop âgées

- ▶ Les femelles trop vieilles sont remplacées par des petites femelles nées dans le troupeau ou chez des bergers selon un autre réseau (**2ème réseau**)
- ▶ Si une année, on n'a pas produit assez de petites femelles, le manque sera compensé l'année suivante.

Autres options

- ▶ Possibilité de simuler un évènement catastrophe

Analyse génétique

- ▶ Comme on simule, on peut garder la généalogie complète
- ▶ Avant: calcul de la consanguinité inter / intra troupeau à la fin de la simulation
- ▶ Puis : calcul d'un kinship par chaque paire d'animaux présents à la fin de la simulation
- ▶ Maintenant: Simulation des gènes (nombre à fixer)
 - ▶ Pour chaque gène, biallélique :
 - ▶ $aa \rightarrow g_i = 0$
 - ▶ $aA \rightarrow g_i = 1$
 - ▶ $AA \rightarrow g_i = 2$

Analyse génétique

- ▶ Gène codant et non codant. $NbCG$: number of coding genes
- ▶ La génétique permet de définir une valeur reproductive des mâles

$$Val(male) = \sum_{i=1}^{NbCG} g_i^4 w_i + 1$$

with $w_i = i^2$

- ▶ Les mâles avec forte valeur reproductive ont une proba plus grande d'avoir des petits.

Que faire après

- ▶ Choisir des scénarios typiques.
- ▶ Imaginer des conditions
- ▶ Fixer le plus de paramètres possibles et faire varier
- ▶ Regarder d'autres indices (-> en cours avec l'aide de généticiens)
- ▶ Nous : on s'occupe des simulations (=calibrer le nombre de fois où répéter l'expérience pour avoir un signal, choisir les outils de comparaisons)