



Biological Resource Centers
for Domestic Animals

3rd International Seminar of CRB-Anim Infrastructure

Domestic Animals, Biobanks and Biodiversity

November 26th, 2019

Dog10K: An international sequencing effort to advance studies of canine domestication, phenotypes, and health

Christophe HITTE

University of Rennes, CNRS, IGDR - UMR6290, F-3500 Rennes, France

Dogs are the most phenotypically diverse mammalian species, and strong artificial selection has produced approximately 450 globally recognized breeds with distinct traits related to morphology, behavioral traits. The dog species possesses as well more known heritable disorders than any other non-human mammal. Efforts to catalogue and characterize genetic variation across populations of canines is necessary to advance the understanding of their evolutionary history and genetic architecture. The Dog10K Consortium is an international collaboration of researchers who has organized an effort to sequence the world's canid populations by generating 20x whole genomes from 10,000 canids in five years. This effort will capture the genetic diversity that underlies the phenotypic and geographic variability of modern canids worldwide. Breeds, village dogs, niche populations and extended pedigrees are currently being sequenced, and *de novo* assemblies of multiple canids are being constructed. This resource will address the genetic underpinnings of domestication, breed formation, aging, behavior, and morphologic variation. More generally, this effort will advance our understanding of human and canine health.





Biological Resource Centers
for Domestic Animals

3rd International Seminar of CRB-Anim Infrastructure

Domestic Animals, Biobanks and Biodiversity

November 26th, 2019

**Dog10K: Un consortium international de séquençage pour faire progresser les études
sur la domestication, les phénotypes et la santé des chiens.**

Christophe HITTE

University of Rennes, CNRS, IGDR - UMR6290, F-3500 Rennes, France

Le chien est l'espèce de mammifère la plus diversifiée sur le plan phénotypique, et une forte sélection artificielle a produit environ 450 races reconnues dans le monde entier avec des traits distincts liés à la morphologie, aux caractéristiques comportementales. L'espèce canine présente des troubles héréditaires mieux connus que pour tout autre mammifère non humain. Des efforts pour cataloguer et caractériser la variation génétique entre les populations canines sont nécessaires pour faire progresser la compréhension de leur histoire évolutive et de leur architecture génétique. Le consortium Dog10K est une collaboration internationale de chercheurs qui ont lancé une initiative pour séquencer les populations mondiales de canidés en générant des génomes entiers (couverture 20X) de 10 000 canidés en cinq ans. Cet effort permettra de saisir la diversité génétique qui sous-tend la variabilité phénotypique et géographique des canidés modernes dans le monde entier. Des races standardisées, des chiens tout-venant, des populations de niche et des pedigrees étendus sont en cours de séquençage, et des assemblages de novo de multiples canidés sont en cours de construction. Cette ressource traitera des fondements génétiques de la domestication, de la formation des races, du vieillissement, du comportement et de la variation morphologique. Plus généralement, cet effort fera progresser notre compréhension de la santé humaine et canine.

