



**HAL**  
open science

## Quelles perspectives pour la sélection génomique chez les espèces monogastriques ?

Pascale Le Roy, Catherine Larzul

► **To cite this version:**

Pascale Le Roy, Catherine Larzul. Quelles perspectives pour la sélection génomique chez les espèces monogastriques ?. 10. Colloque Agenae, Génétique et Génomique Animale, May 2014, Nantes, France. 2014, Xe Colloque AGENAE. hal-01193985

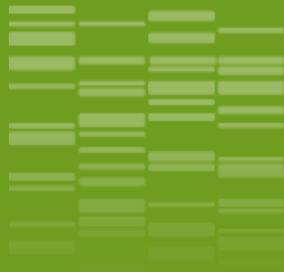
**HAL Id: hal-01193985**

**<https://hal.science/hal-01193985>**

Submitted on 3 Jun 2020

**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.



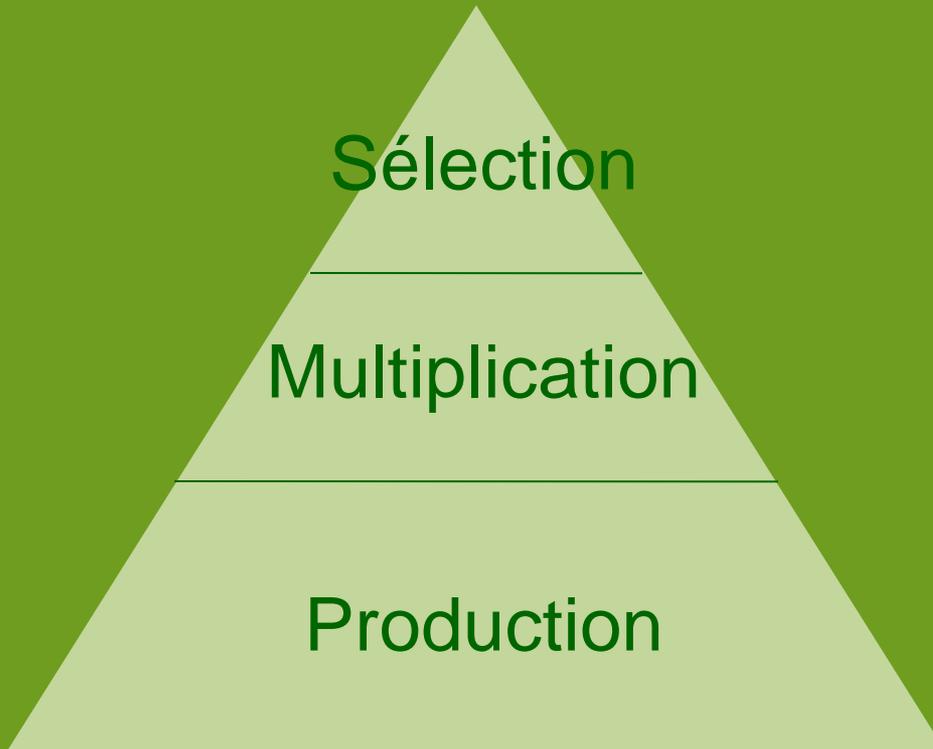
**INRA**  
SCIENCE & IMPACT

**UtOplGe**

**QUELLES PERSPECTIVES POUR LA SELECTION  
GENOMIQUE CHEZ LES ESPECES MONOGASTRIQUES ?**

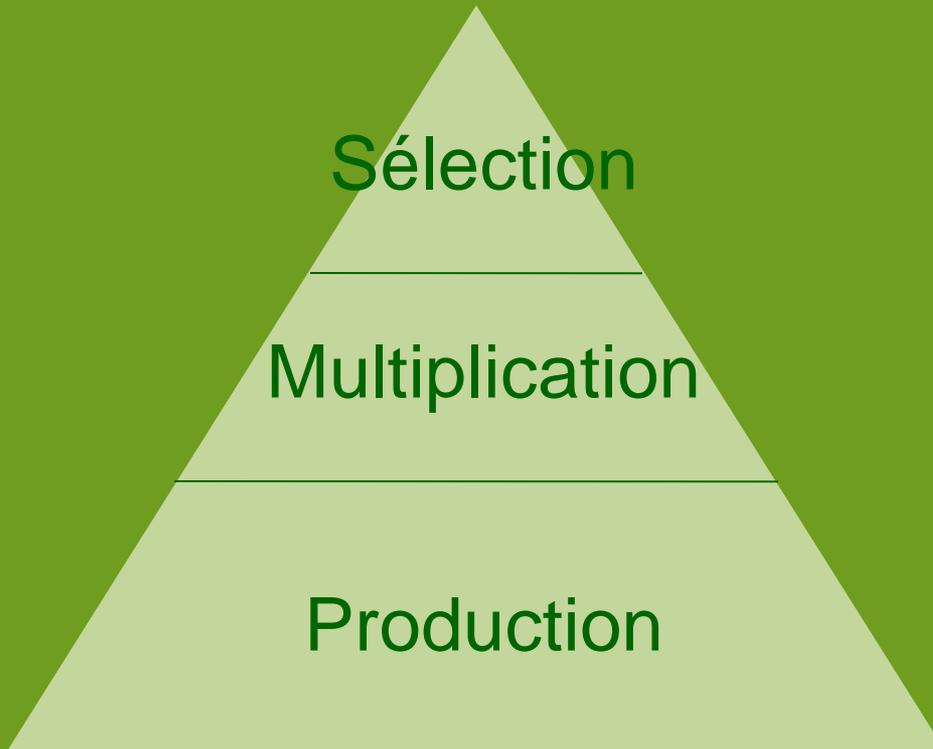


# SCHÉMAS PYRAMIDAUX (1)



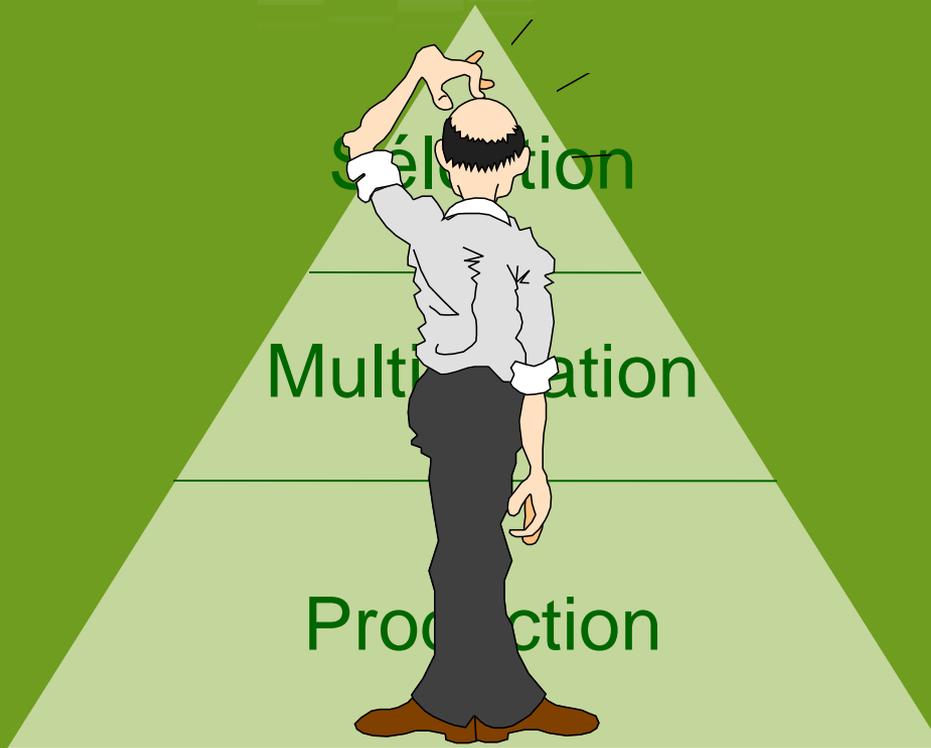
Sélection en  
race/lignée pure  
pour améliorer les  
caractères  
exprimés par des  
animaux croisés

# SCHÉMAS PYRAMIDAUX (2)



Sélection en milieu « haut niveau » pour améliorer les caractères exprimés par des animaux en milieu « niveau de base »

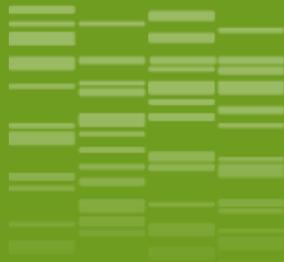
# CONTEXTE



Le progrès observé  
en production  
est inférieur  
au progrès génétique  
réalisé en sélection



## Apports de la sélection génomique ?



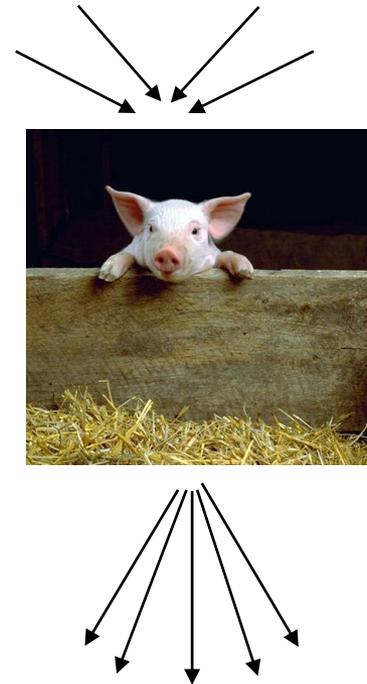
# Principe de la SG

# L'évaluation « classique »

Principe de l'évaluation « classique » :  
Estimer la valeur génétique d'un candidat à partir  
des phénotypes {apparentés}

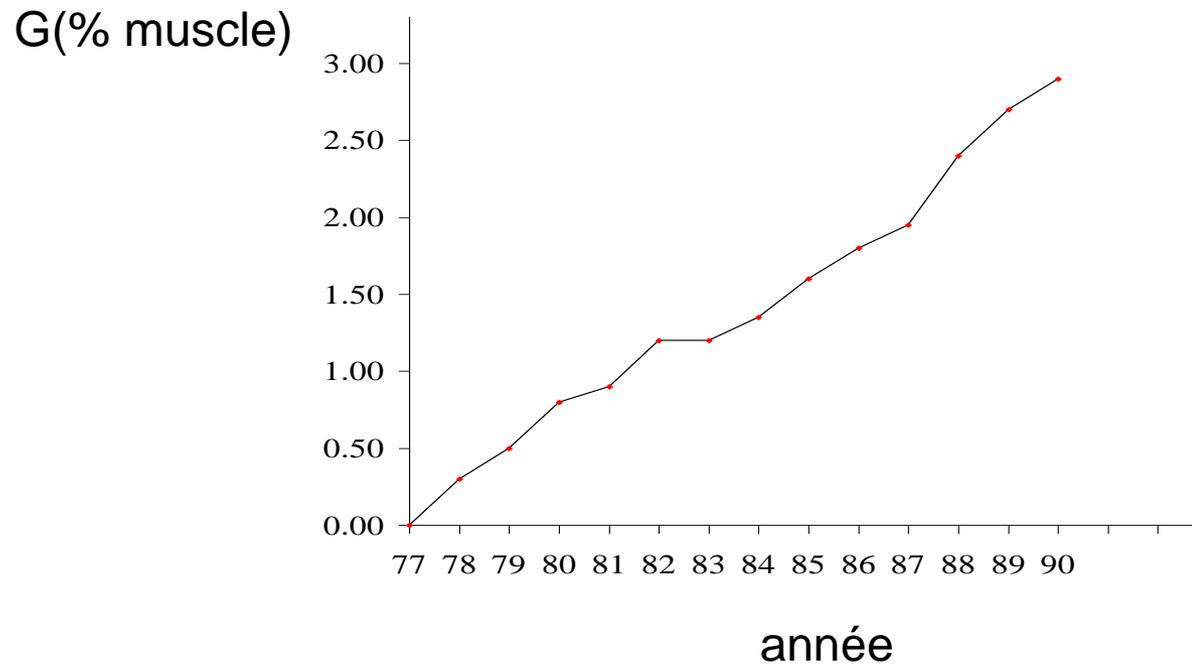
Génome

Génétique = 1/2



# La sélection a été très efficace

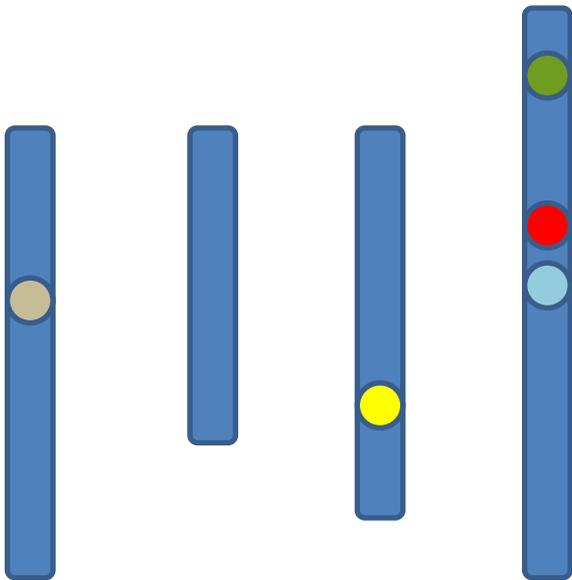
Exemple : Evolution du taux de muscle  
(race Landrace Français)



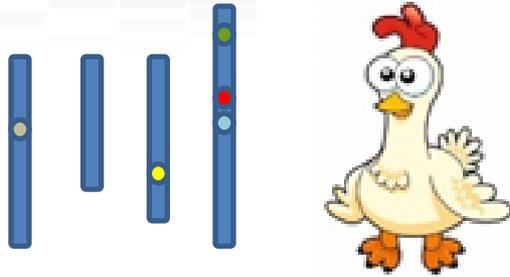
*D'après Ducos, 1994*

# L'évaluation « génomique »

Principe de l'évaluation « génomique » :  
Estimer la valeur génétique d'un candidat à partir  
des effets des gènes qu'il porte



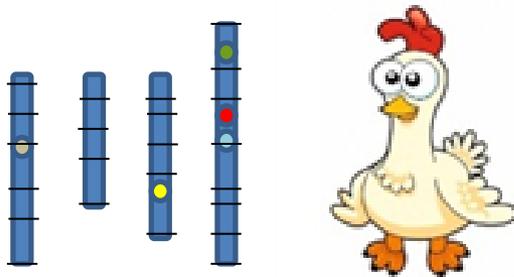
# Pister tout le génome



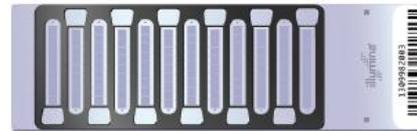
Estimer la valeur génétique  
à partir des effets des gènes  
portés par le candidat

On ne connaît pas les gènes qui affectent le caractère

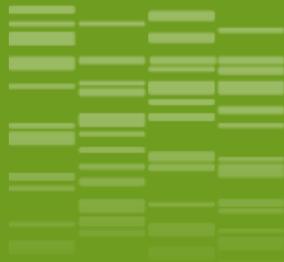
→ On trace **tOUS** les segments du génome  
grâce à des marqueurs génétiques



Exemple :



Puce 580k SNP



# Le projet UtOpIGe

# Objectif

Optimiser l'utilisation de l'information génomique dans les schémas de sélection pyramidaux



Avoir des données :

- animaux purs et croisés
- milieux « haut » et « bas »

pour proposer une optimisation « réaliste »

# Proposition

Utiliser les complémentarités  
entre porc et volailles

Porc :  
pur et divers croisés  
croissance/carcasse

Poule :  
pur et croisé  
croisés dans 2 milieux  
reproduction

Optimisation  
des schémas de sélection

Réponse  
à la sélection

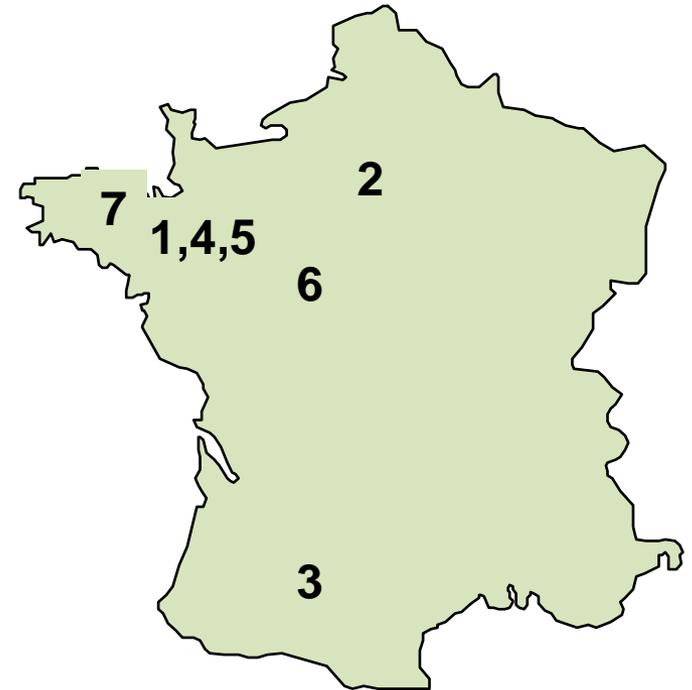
vers une  
Utilisation Optimale  
de l'Information Génomique  
dans les schémas pyramidaux

*Projet financé par l'ANR dans le cadre du programme  
Génomique et Biotechnologie Végétales  
Edition 2010 à hauteur de 970k€*

# Partenaires

INRA UMR1348 PEGASE, Rennes  
INRA UMR1313 GABI, Jouy en Josas  
INRA UMR1388, GenPhySe Toulouse  
INRA UE Testage Porcs, Rennes  
IFIP, Rennes  
SYSAAF, Tours  
Novogen, Quintin

Soutien de Bioporc et Agenavi



# Population de référence poule

438 coqs  
de lignée A



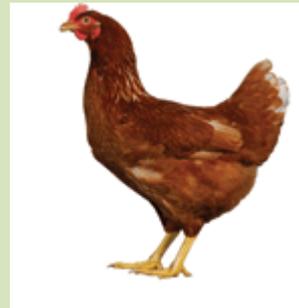
31 381 filles  
croisées AxD



Génotype  
pour 600k SNP

½ Régime alimentaire  
« Haute Energie »

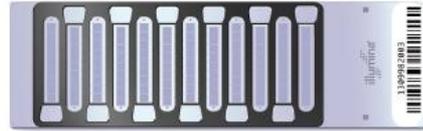
½ Régime alimentaire  
« Basse Energie »



Phénotype sur la production  
et les qualités des œufs

# Population de validation poule

600 coqs A



Génotype  
pour 600k SNP

sélection

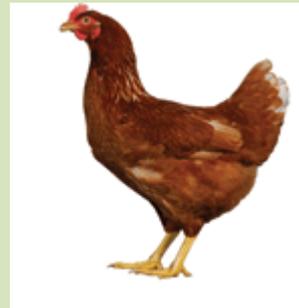
60 coqs :

15 coqs HE+  
15 coqs HE-  
15 coqs BE+  
15 coqs BE-

3 200 filles croisées AxD  
3 200 filles croisées AxB

½ Régime alimentaire  
« Haute énergie »

½ Régime alimentaire  
« Basse énergie »



Phénotype sur la production  
et les qualités des œufs

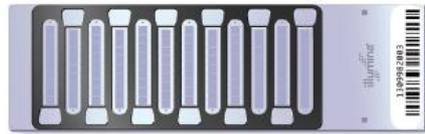
# Population de référence porc

## Estimation



100 mâles Piétrain

X



Puce 54k SNP



1000 mâles  
entiers P

1000 mâles  
entiers PxLW

## Contrôle en station :

- croissance
- carcasse
- qualité de la viande

## « Nouveaux » caractères :

- taux de testostérone
- comportement
- aplombs
- taux androsténone et scatol
- tomographie  
(tissus gras, maigre, osseux)

# Populations de validation porc



50 mâles Piétrain

X



Validation

1000 mâles  
entiers

Contrôle en station :

- croissance
- carcasse
- qualité de la viande

« Nouveaux » caractères :

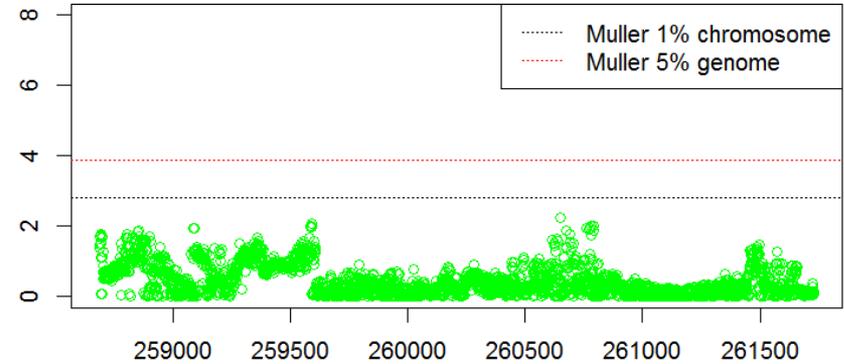
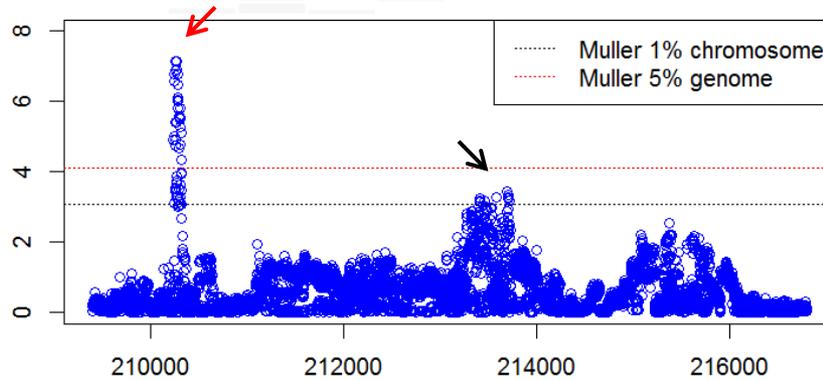
- taux de testostérone
- comportement
- aplombs
- taux androsténone et scatol
- tomographie  
(tissus gras, maigre, osseux)



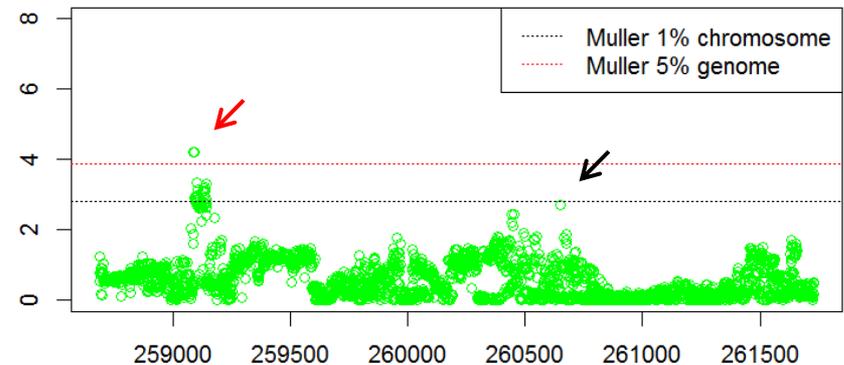
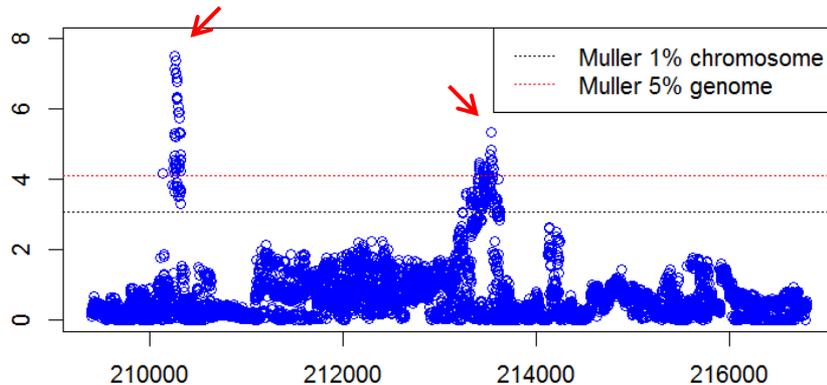
# Résultats préliminaires

# Exemple : couleur des œufs

Régime alimentaire « Haute énergie »



Régime alimentaire « Basse énergie »



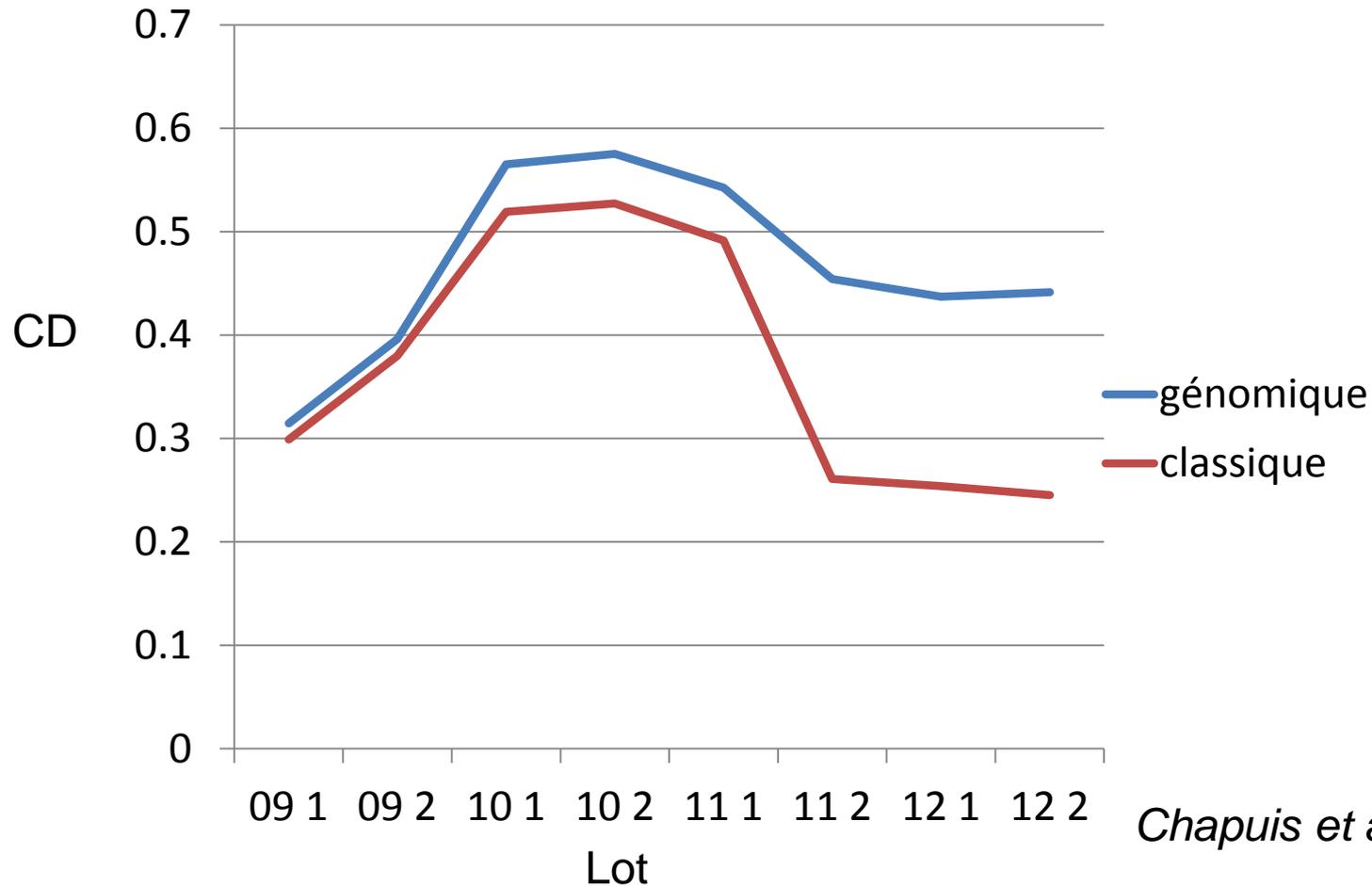
Chromosome 12

Chromosome 23

Romé et al. (2014)

# Exemple : poule pondeuse

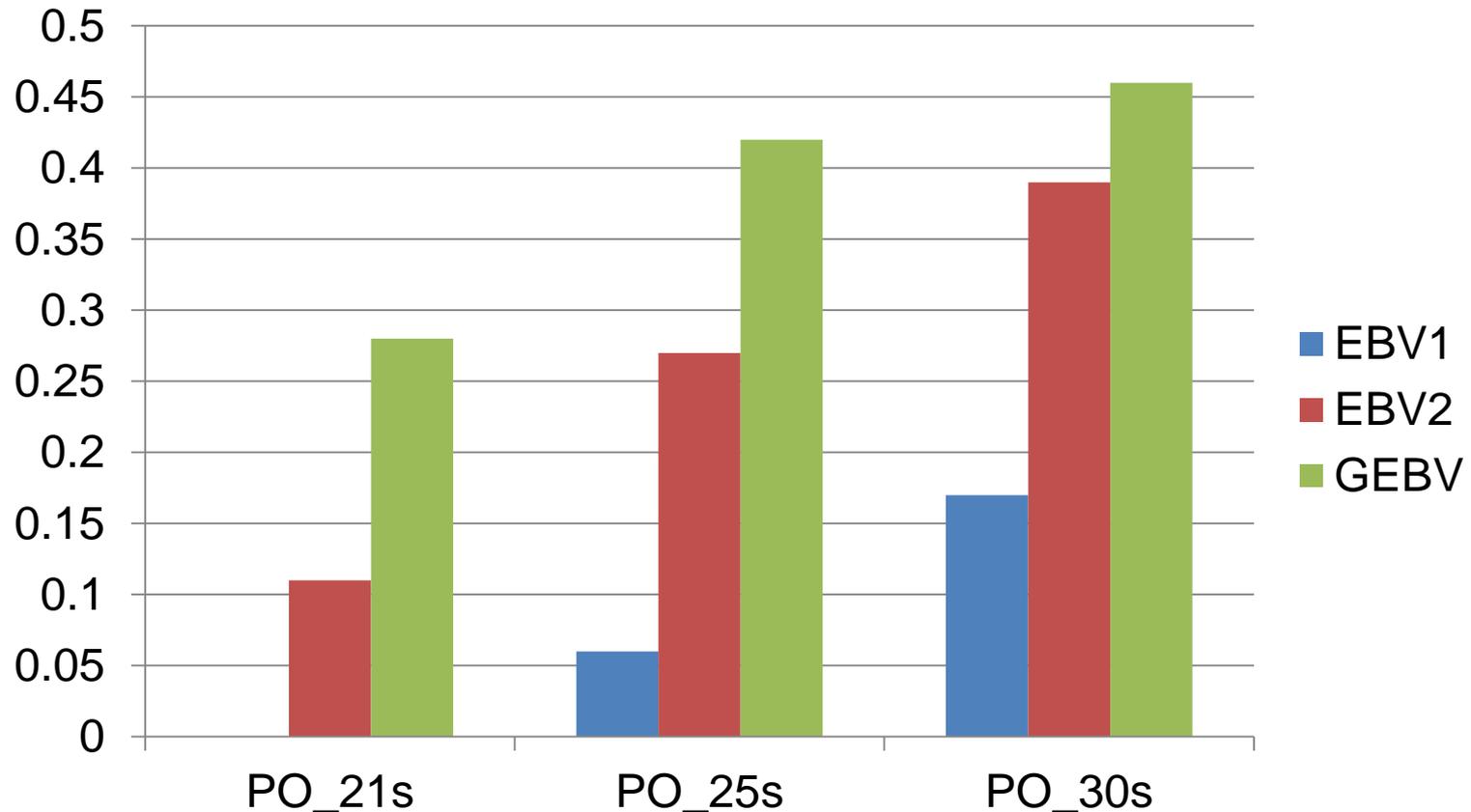
CD des indices des coqs pour le poids d'œuf



*Chapuis et al., 2014*

# Exemple : poule pondeuse

Corrélations entre indices des coqs sélectionnés et moyennes des poids d'œuf de leurs filles



# Validation sur des simulations

Exemple : lignée mâle porcine

50 mâles et 1 050 femelles/génération

Candidats en ferme pour le caractère 1 ( $h^2 = 0.4$ )

Collatéraux en station pour le caractère 2 ( $h^2 = 0.2$ )

Puce 54k SNP

Calibration : G1-G5

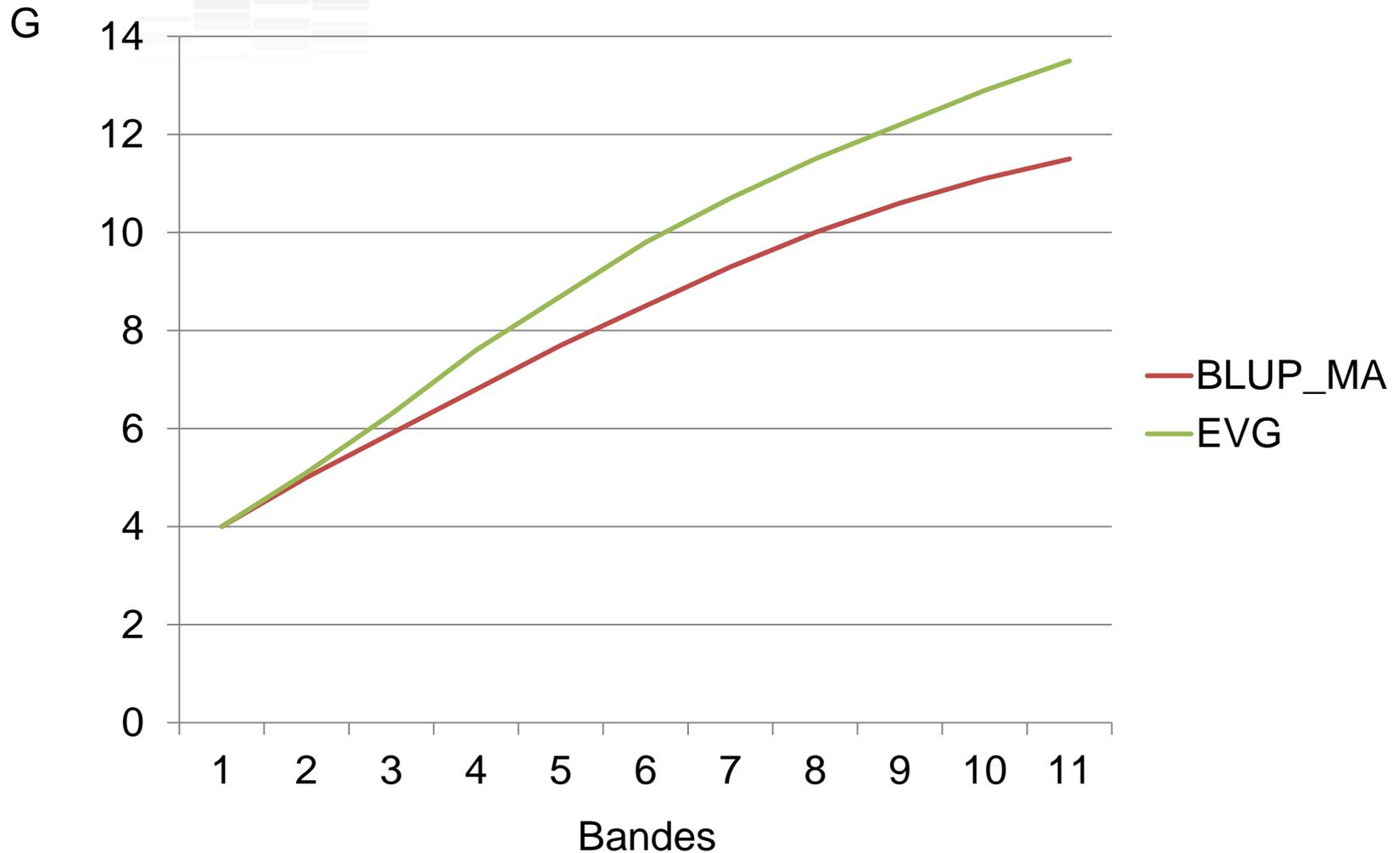
Exploitation : G6-G10

2 scénarios :

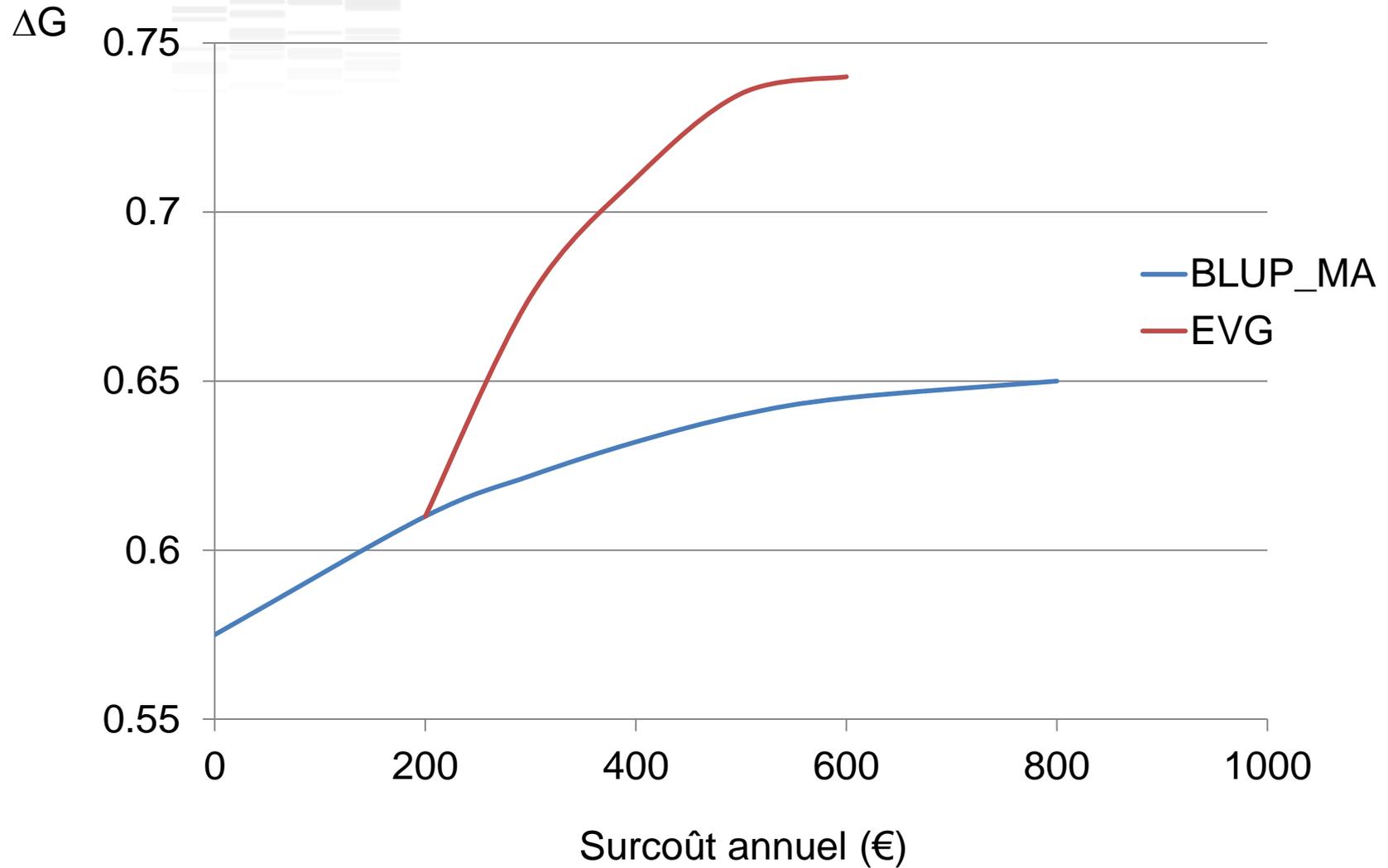
- Evaluation BLUP-MA
- Evaluation Génomique

*Tribout et al., 2012*

# Gain potentiel : 28% de $\Delta G$



# Avec un surcoût



# CONCLUSIONS

Les résultats préliminaires d'UtOpIGe :

Sur données réelles (poule)

- Précision de l'évaluation génomique
- L'existence d'interactions GxE

Sur données simulées (porc)

- Le gain génétique et économique potentiel

L'ensemble des données sera disponible  
début 2015



Merci  
de votre attention

