



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

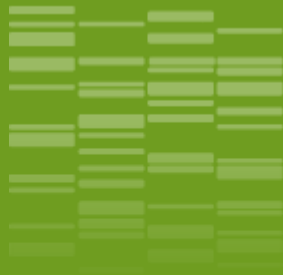
HAL Id: hal-01193985

<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.



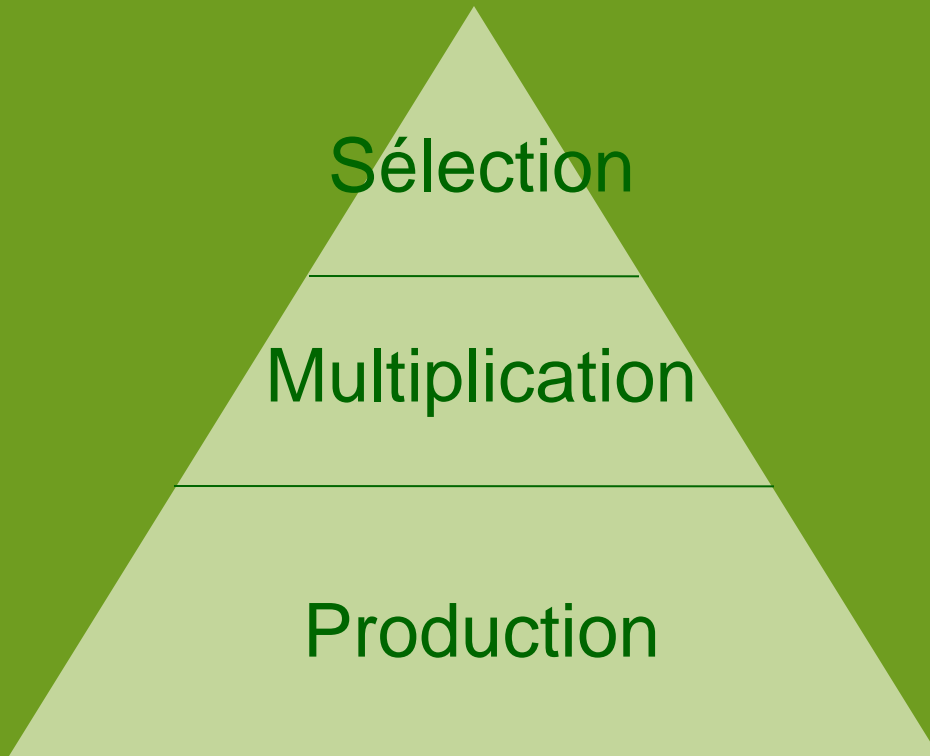
INRA
SCIENCE & IMPACT

UtOplGe

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

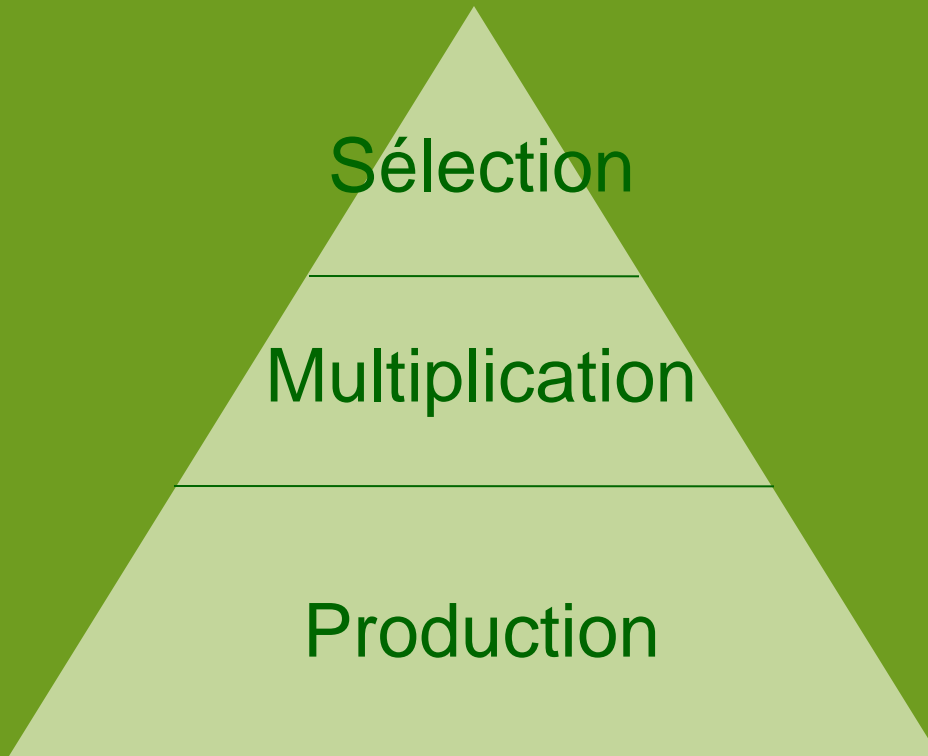


SCHÉMAS PYRAMIDAUX (1)



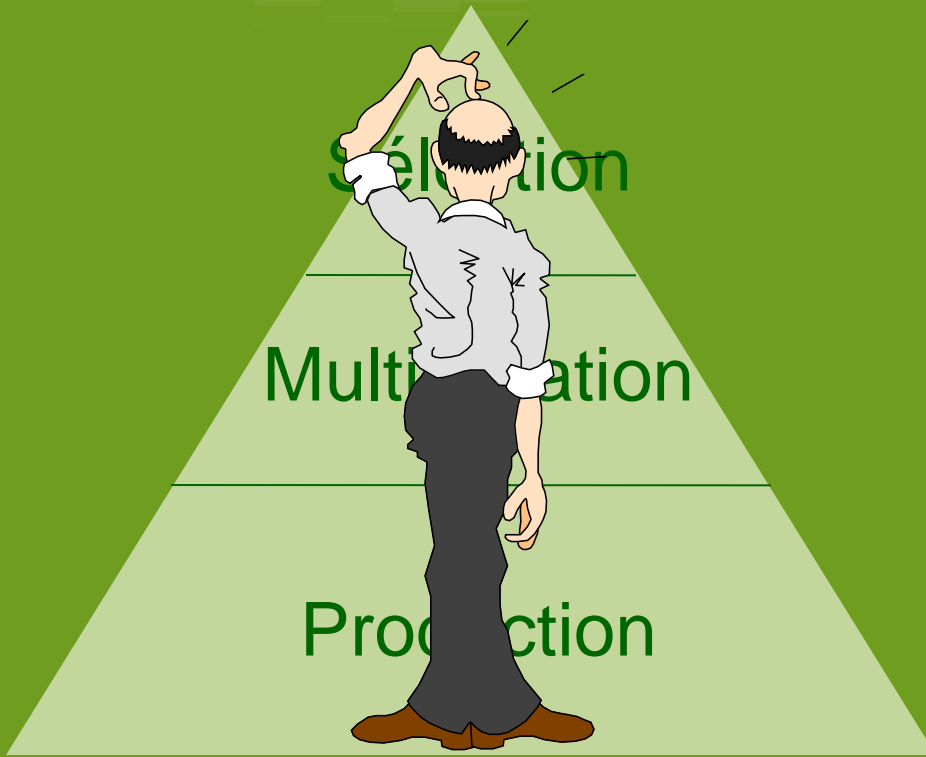
Sélection en
race/lignée pure
pour améliorer les
caractères
exprimés par des
animaux croisés

SCHÉMAS PYRAMIDAUX (2)



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

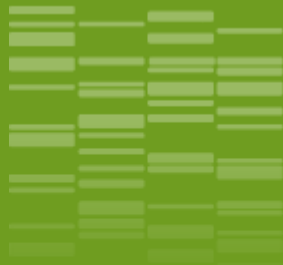
CONTEXTE



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



Apports de la sélection génomique ?



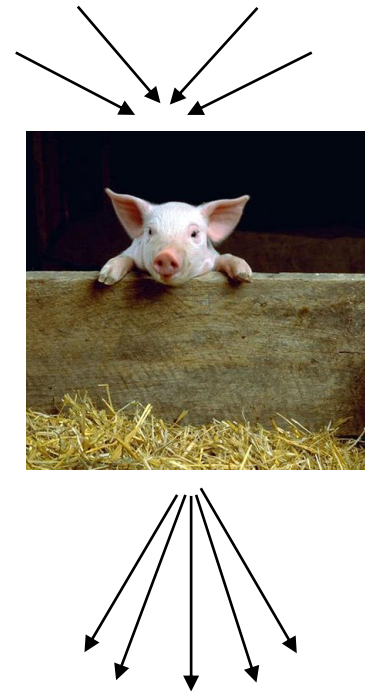
Principe de la SG

L'évaluation « classique »

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

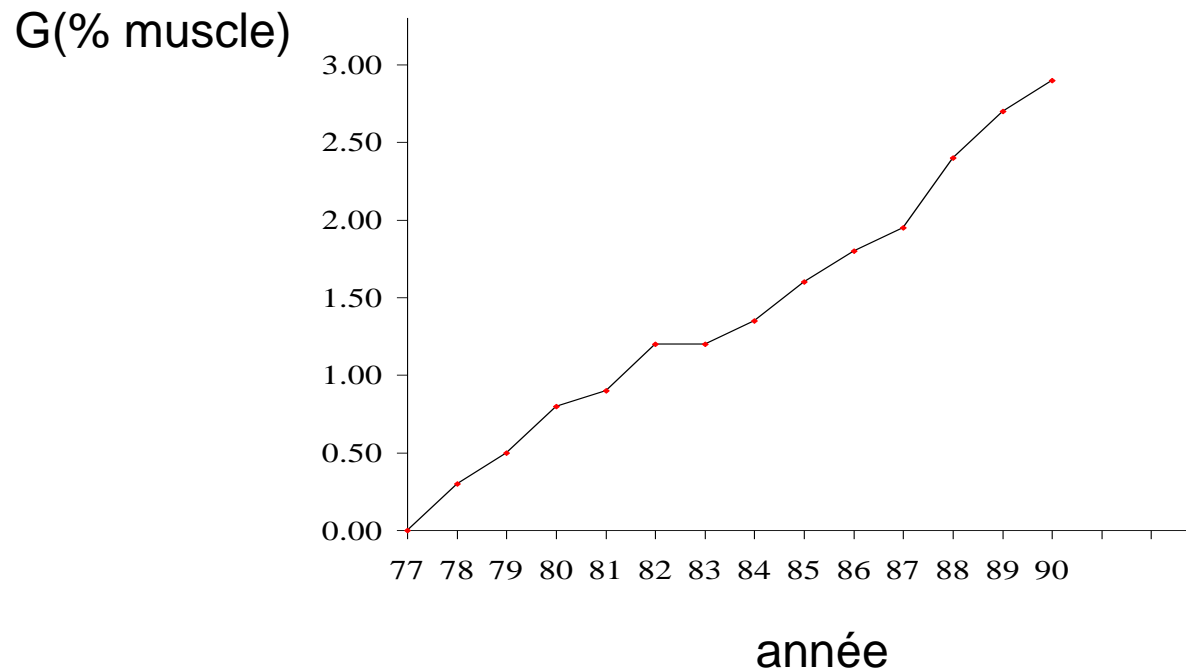
Génome

Génétique = 1/2



La sélection a été très efficace

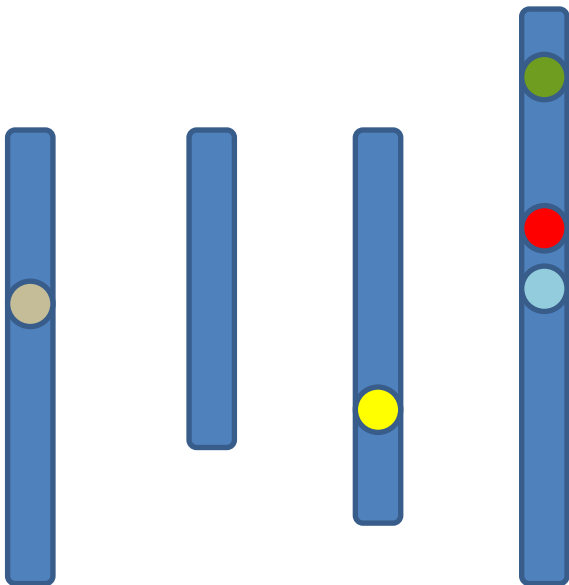
Exemple : Evolution du taux de muscle
(race Landrace Français)



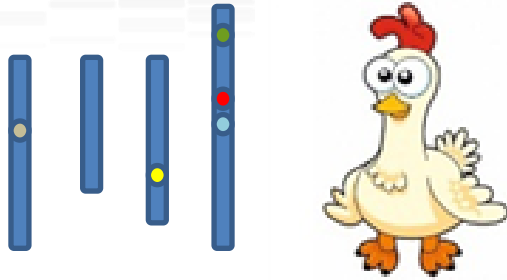
D'après Ducos, 1994

L'évaluation « génomique »

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



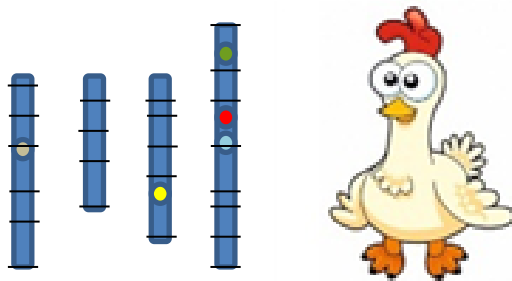
Pister tout le génome



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

On ne connaît pas les gènes qui affectent le caractère

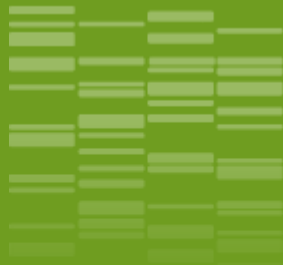
→ On trace **tOUS** les segments du génome
grâce à des marqueurs génétiques



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

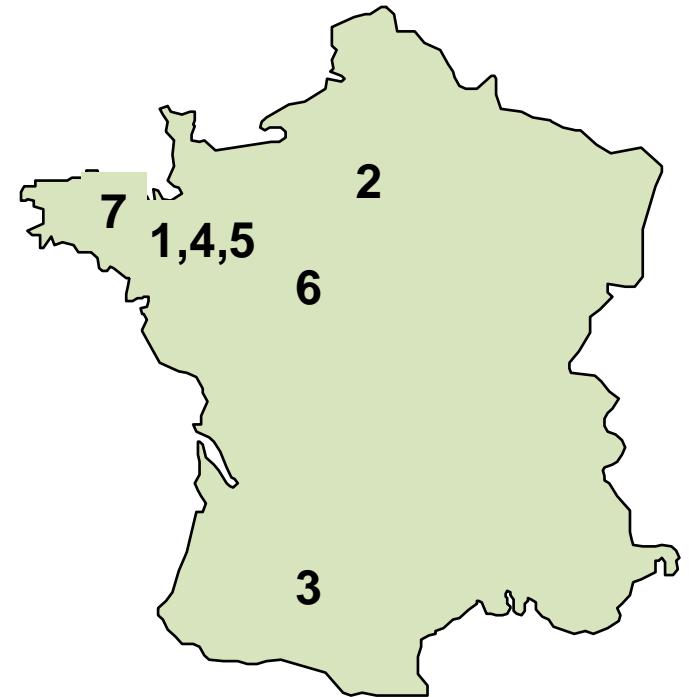
vers une
Utilisation Optimale
de l'Information Génomique
dans les schémas pyramidaux

*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 »

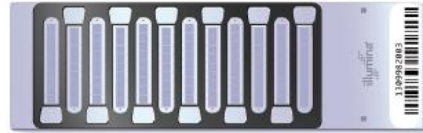
½ Régime alimentaire
« Basse Energie »



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 :

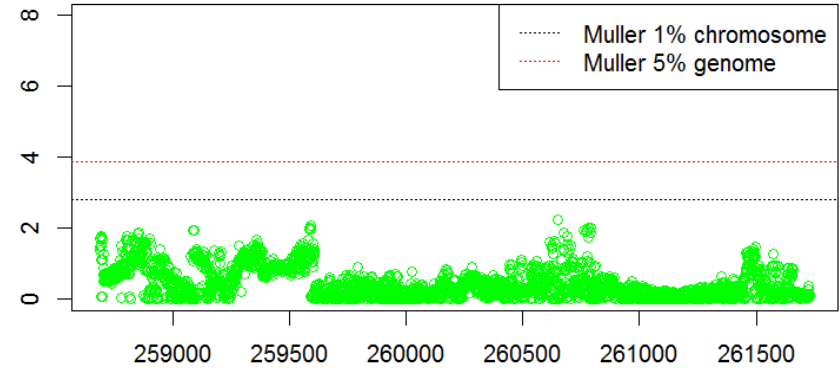
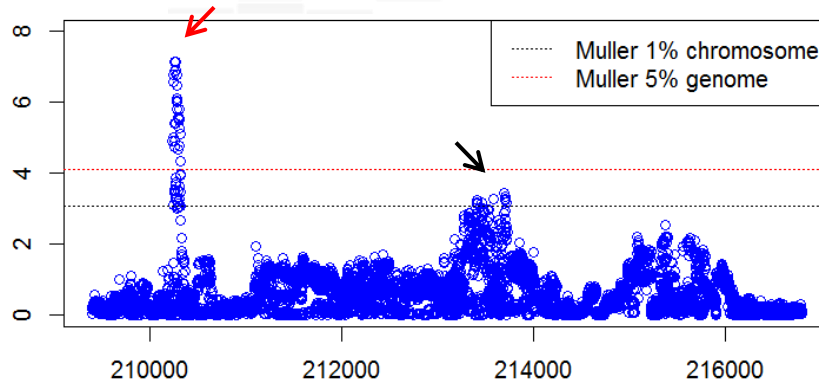
- taux de testostérone
- comportement
- aplombs
- taux androsténone et scatol
- tomographie
(tissus gras, maigre, osseux)



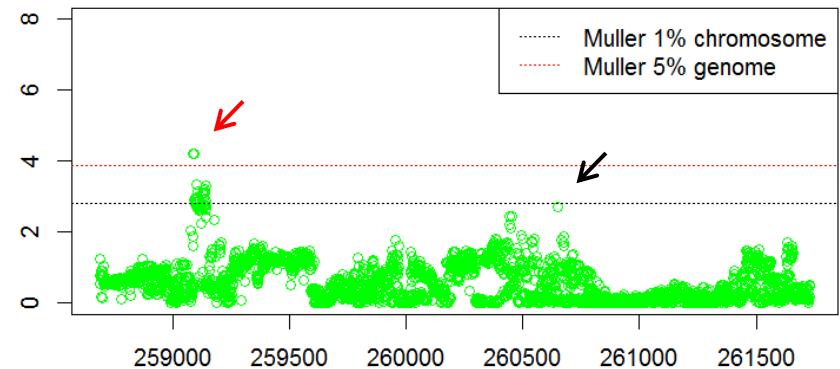
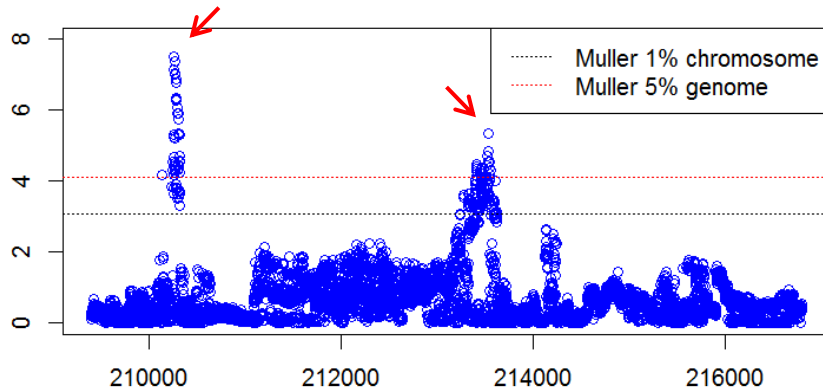
Résultats préliminaires

Exemple : couleur des œufs

Régime alimentaire « Haute énergie »



Régime alimentaire « Basse énergie »



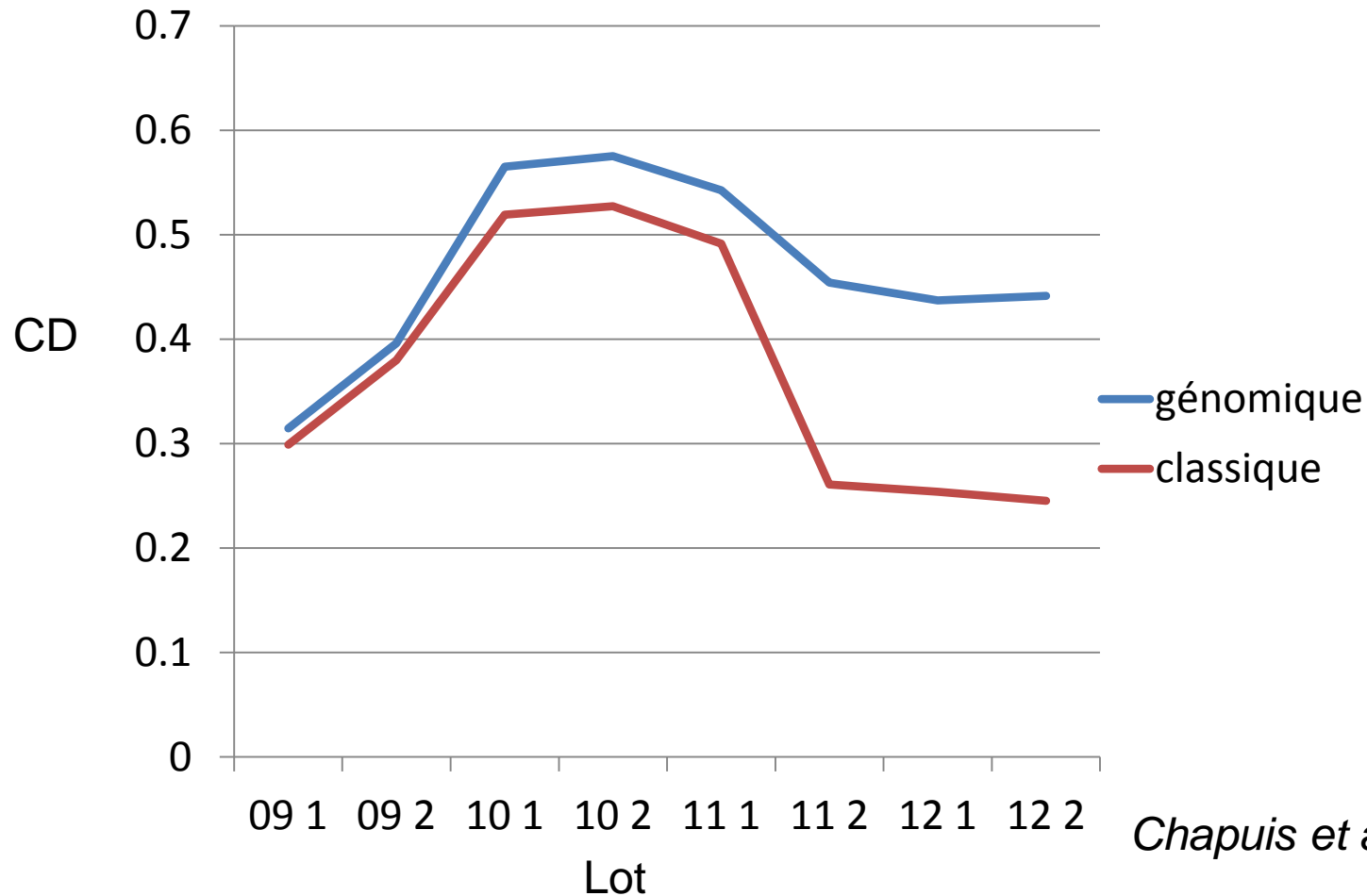
Chromosome 12

Chromosome 23

Romé et al. (2014)

Exemple : poule pondeuse

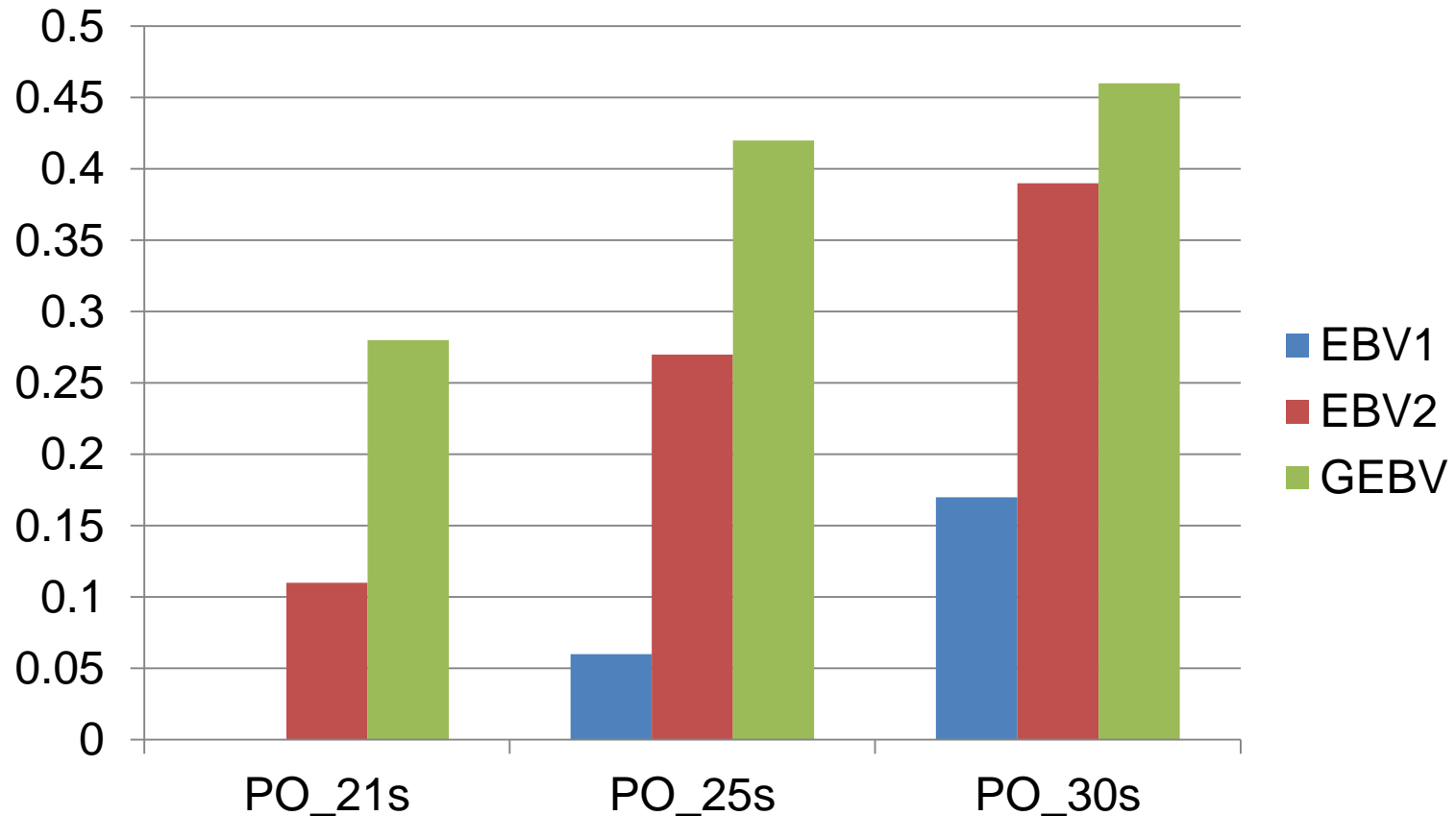
CD des indices des coqs pour le poids d'œuf



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

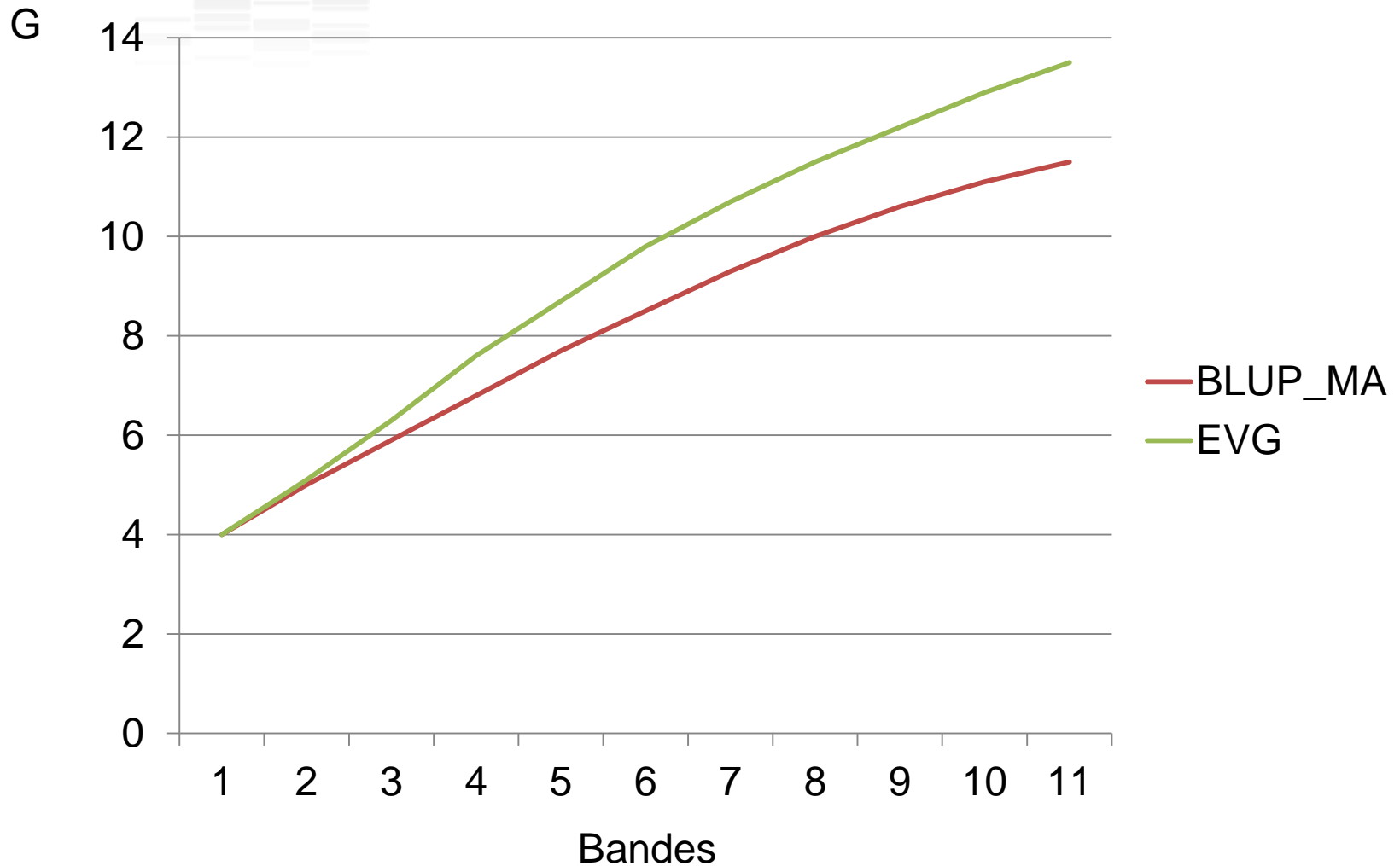
Exploitation : G6-G10

2 scénarios :

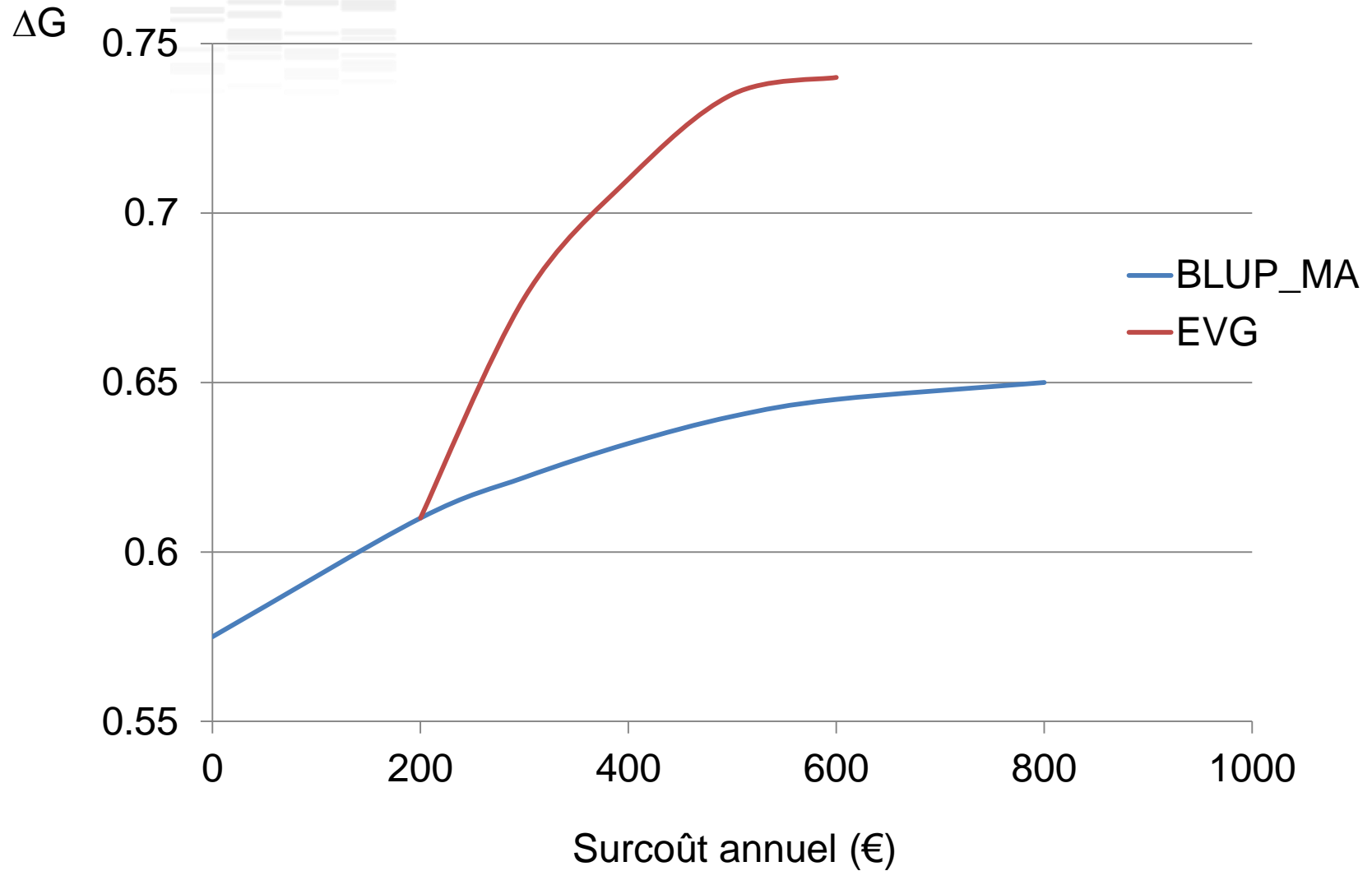
- Evaluation BLUP-MA
- Evaluation Génomique

Tribout et al., 2012

Gain potentiel : 28% de ΔG



Avec un surcoût



CONCLUSIONS

Les résultats préliminaires d'UtOpIGe :

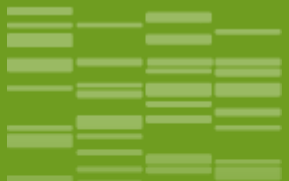
Sur données réelles (poule)

- 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

