



HAL
open science

Création d'une puce basse-densité pour la sélection génomique en poule pondeuse

Florian Herry, Frédéric Herault, Amandine Varenne, Thierry Burlot, Pascale Le Roy, Sophie Allais

► To cite this version:

Florian Herry, Frédéric Herault, Amandine Varenne, Thierry Burlot, Pascale Le Roy, et al.. Création d'une puce basse-densité pour la sélection génomique en poule pondeuse. 12. Journées de la Recherche Avicole et des Palmipèdes à Foie Gras, Apr 2017, Tours, France. ITAVI - Institut Technique de l'Aviculture, Journées de la Recherche Avicole et des Palmipèdes à Foie Gras, 2017, Journées de la Recherche Avicole et des Palmipèdes à Foie Gras. hal-01606008

HAL Id: hal-01606008

<https://hal.science/hal-01606008v1>

Submitted on 2 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.



Distributed under a Creative Commons Attribution - ShareAlike 4.0 International License

CRÉATION D'UNE PUCE BASSE-DENSITÉ POUR LA SÉLECTION GÉNOMIQUE EN POULE PONDEUSE

Herry Florian^{1,2}, Hérault Frédéric², Varenne Amandine¹, Burlot Thierry¹, Le Roy Pascale² et Allais Sophie²

¹NOVOGEN, 22800 Le Foeil, ²PEGASE, INRA, Agrocampus Ouest, 35590 Saint-Gilles

INTRODUCTION

Depuis 2013, une puce commerciale de génotypages à haute densité (HD) de 600 000 SNP pour l'espèce poule est disponible et permet la mise en place de la sélection génomique dans cette espèce. Toutefois, les coûts de génotypages avec cette puce restant élevés, seuls les reproducteurs peuvent être génotypés en routine sur cette puce. Un génotypage sur puce basse densité (BD), à coût réduit, doit être envisagé sur les candidats à la sélection qui sont très nombreux. Si les marqueurs sont bien choisis, l'imputation permet ensuite de déduire les génotypes manquants sur puce HD.

L'objectif de cette étude est de choisir la stratégie de génotypages basse densité la mieux adaptée à la lignée de poule pondeuse considérée, afin d'optimiser à la fois précision des évaluations génomiques des candidats et coût du schéma de sélection.

MATÉRIELS ET MÉTHODES

Population d'étude :

Étude de deux générations de coqs d'une lignée de poules pondeuses de la société Novogen du groupe Grimaud, génotypés sur puce HD (Figure 1). Après contrôle qualité, 282 928 SNP sont retenus et répartis sur les macro-chromosomes (1 à 5), les chromosomes intermédiaires (6 à 10), les micro-chromosomes (11 à 33) et le chromosome Z.

Puce basse densité :

Simulation de 8 puces basse densité (Tableau 1) selon deux méthodologies intra-chromosomes.

- Méthodologie « équidistante » : Sélection de SNP à intervalles réguliers.
- Méthodologie « DL » : Sélection de SNP en fonction du DL entre SNP, par clustering hiérarchique.

Stratégies d'imputation : utilisation du logiciel Fimpute (Sargolzaei et al., 2014)

À partir des puces, étude de l'effet de la densité des SNP sur puces BD, du seuil de DL utilisé pour construire les puces, et de la méthodologie utilisée sur le taux d'erreur génotypique.

Évaluations génomiques : utilisation de la méthode du BLUP Single Step (Legarra et al., 2009)

- Évaluations génomiques des candidats sur trois caractères bien distincts : intensité de ponte, poids d'œuf et couleur de la coquille des œufs (Lab).
- Comparaison des classements des 150 meilleurs individus obtenus avec les génotypages HD et les génotypages imputés.

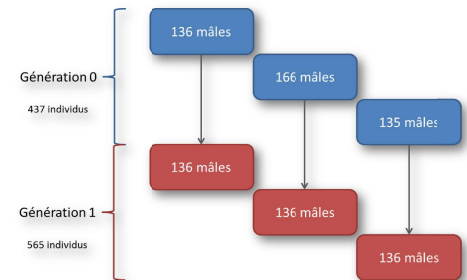


Figure 1 : Structure de la population d'étude

Méthodologie	Puce	Nombre de SNP
Équidistante	20Kequi	18 196
	10Kequi	9 352
	3Kequi	3 337
Déséquilibre de liaison (DL)	DL 0.8	18 359
	DL 0.5	9 820
	DL 0.2	5 224
	DL 0.1	3 988
	DL 0.05	3 357

Tableau 1 : Récapitulatif des puces étudiées

RÉSULTATS ET DISCUSSION

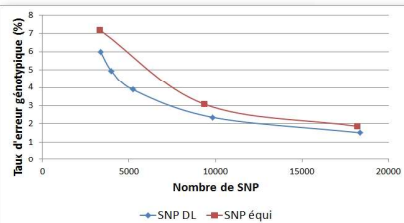


Figure 2 : Évolution du taux d'erreur génotypique en fonction du nombre de SNP sur puces BD

Influence de la densité de marqueurs :

- Diminution du taux d'erreur génotypique avec une augmentation du nombre de SNP (Figure 2).
- Valable pour les deux méthodologies.

Influence du seuil de déséquilibre de liaison :

- Diminution du taux d'erreur génotypique avec une augmentation du seuil de DL (Figure 3).
- En augmentant le seuil de DL, le nombre de SNP sur puce BD augmente. L'augmentation du seuil de DL permet également de choisir un SNP encore plus représentatif de son groupe.

Choix de la méthodologie :

- Méthodologie équidistante : nombre de SNP retenus sur puce LD proportionnel à la taille du chromosome (Figure 4).
- Méthodologie DL : Prise en compte de la structure particulière du DL de l'espèce poule et de la persistance du DL plus faible sur les micro-chromosomes que sur les macro-chromosomes.
 - Un plus grand nombre de SNP est nécessaire sur les micro-chromosomes pour couvrir tout le chromosome (Figure 4).
- Méthodologie DL qui semble la plus adaptée pour obtenir des bonnes imputations.

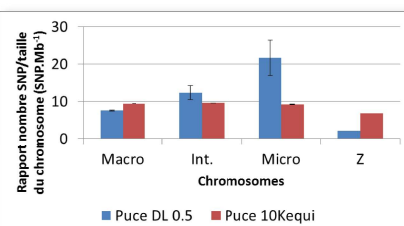


Figure 4 : Évolution du rapport Nombre de SNP/Taille du chromosome en fonction du type de chromosome pour les puces DL 0.5 et 10Kequi

Impact sur les évaluations génomiques :

- Le but de l'évaluation génomique est de classer les individus les uns par rapport aux autres.
- Pour les trois caractères étudiés, diminution significative des corrélations avec une diminution du nombre de SNP sur puces BD ainsi qu'avec une diminution du seuil de DL.
- À densité de SNP équivalente, résultats meilleurs significativement pour la puce 10Kequi comparée à la puce DL 0.5 pour la couleur de coquille (0.9695 contre 0.9460) et le poids d'œuf (0.9855 contre 0.9741).
- De même, résultats significativement meilleurs pour la couleur de coquille avec la puce 3Kequi (par rapport à la puce DL 0.05).

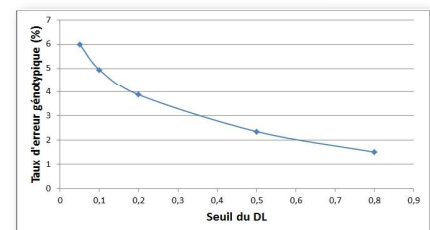


Figure 3 : Évolution du taux d'erreur génotypique en fonction du seuil de DL

- Meilleurs résultats d'imputation obtenus avec les puces DL.
- Résultats des évaluations génomiques, à densité de SNP équivalente, meilleurs pour certains caractères avec les puces équidistantes.
- Nécessité d'étudier l'influence de la méthodologie d'évaluation sur ces résultats.