



**HAL**  
open science

## Les fronts de recherche en génétique porcine

Jean Pierre Bidanel

► **To cite this version:**

Jean Pierre Bidanel. Les fronts de recherche en génétique porcine. Le porc en Partage, Ambassade de France en Chine, Apr 2014, Pékin, Chine. hal-03349952

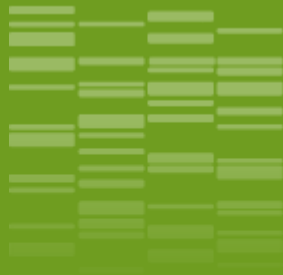
**HAL Id: hal-03349952**

**<https://hal.inrae.fr/hal-03349952>**

Submitted on 21 Sep 2021

**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

**法国农业科学院**

## **猪遗传学研究的前沿**

**Les fronts de recherche en génétique porcine**

**Jean-Pierre BIDANEL**

***INRA, département de Génétique Animale, France***





# 目录Sommaire

## 1 法国农科院与猪遗传学

### – L'INRA et la génétique porcine

## 2 基因分型和测序

### - Génotypage et séquençage

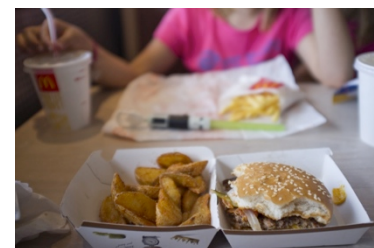
## 3 未来选育目标

### - Les objectifs de sélection du futur

# 法国农科院的一些数据

## Quelques chiffres sur l'INRA

- 研究院的科研定位：农学，环境，食品  
Institut de recherche finalisé : agronomie, environnement, alimentation
- 8500固定职位，3000合同职位，2500实习生。  
预算：8亿8千万欧元  
8 500 permanents, 3000 contractuels, 2500 stagiaires, budget de 880 M €
- 世界第二大农业研究院  
2<sup>e</sup> institut de recherche mondial en agronomie
- 13个科研部门  
13 départements de recherche





- 460个固定职位, 8个研究所, 12和实验站, 3个专题研究组  
460 permanents, 8 unités de recherche, 12 unités expérimentales, 3 plateformes
- 课题: 基因组的结构和功能, 遗传结构的特点, 群体管理
- Thématiques : structure et fonctionnement du génome, architecture génétique des caractères, gestion des populations
- 猪遗传学研究
- Les recherches sur le porc :
  - 3个研究单位 3 unités de recherche
  - 3个实验室 3 unités expérimentales, 其中一个与FGPorc 共同管理 dont une cogérée avec FGPorc
  - 与IFIP 紧密合作 Liens étroits avec l'IFIP (特别是遗传评估 notamment évaluation génétique)





# 目录Sommaire

1 – 法国农科院与猪遗传学  
L'INRA et la génétique porcine

2 – 基因分型和测序  
Génotypage et séquençage

3 – 未来选育目标  
Les objectifs de sélection du futur

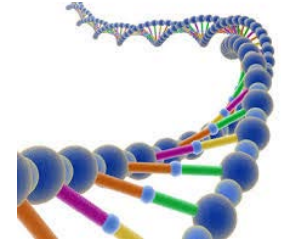
# 基因分型和测序

## Génotypage et séquençage

### 一些基本概念(1/2)

Quelques notions de base (1/2)

- 哺乳动物基因组：  $3 \cdot 10^9$  pb  
Le génome des mammifères :  $3 \cdot 10^9$  pb
- 遗传标记：基因组的可变元素相当于在基因组中定位可用于区别个体间不同特性的«标记»
- Marqueurs génétiques : éléments variables du génome équivalent de « balises » permettant de se repérer sur le génome et de caractériser les différences entre individus



- ... ACT CCT GAG GAG AAG ...
- ... ACT CCT GTG GAG AAG ...
- SNP 标记    Marqueur SNP



- 基因分型：通过所有基因标记来确定每个动物的等位基因  
Génotypage : détermination des allèles pprtés par chaque animal pour l'ensemble des marqueurs

# 基因分型和测序

## Génotypage et séquençage

### 一些基本概念(2/2)

### Quelques notions de base (2/2)

- 高通量基因分型：几千到近百万个标记（在DNA芯片上）  
Génotypage haut débit : quelques milliers à près d'un million de marqueurs (sur puces à ADN)

- 50 000 SPN : 1个标记 / 60 000 pb
- 50 000 SNP : 1 marqueur / 60 000 pb

- 测序：确定个体所携带的全部碱基对

Séquençage : détermination de l'ensemble de pb portés par un individu

- 1990 - 2000 : 人类基因组 Génome humain  $3.10^9$  \$
- 2013 : 1000 \$
- 生物学的彻底革命
- Révolutionne complètement la biologie





# 基因分型和测序

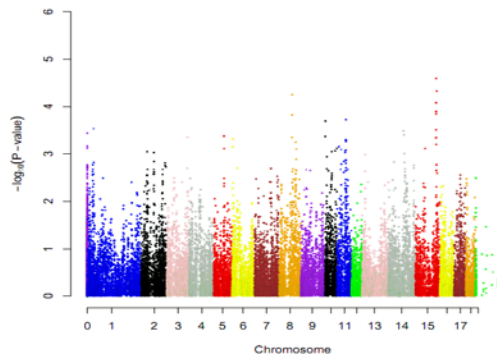
## Génotypage et séquençage

运用基因组信息

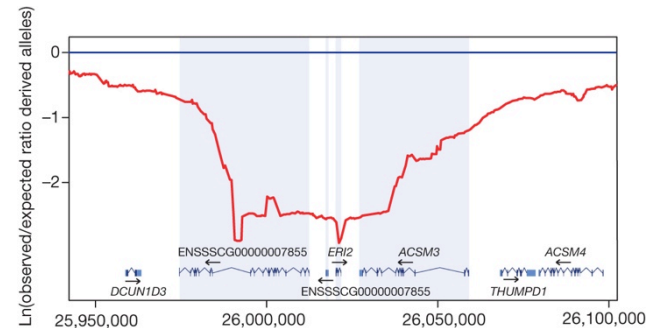
Utilisation des données de génomique

- 确定负责可变性状的基因

Vers l'identification des gènes responsables de la variabilité des caractères



Analyse d'association



Recherche de « traces » de sélection

(Groenen et al., 2012)

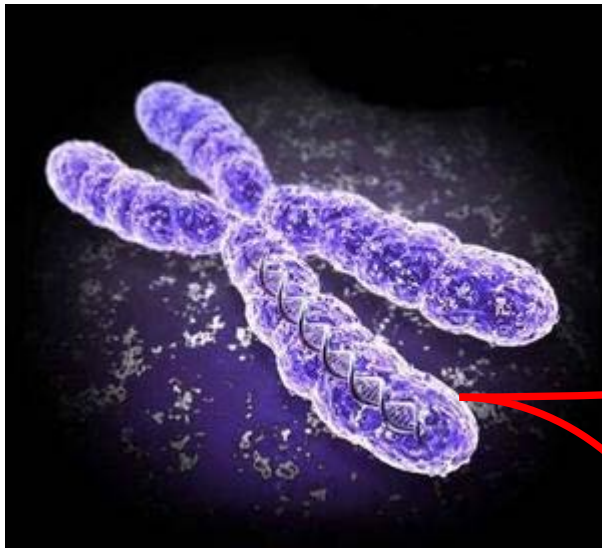
.08

# 基因分型和测序

## Génotypage et séquençage

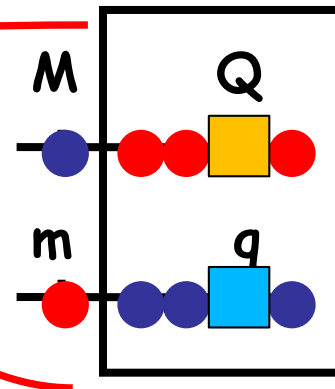
### 基因组选择：原则

#### La sélection génomique : Principe



在基因组中，通过数量性状位点（QTL）的位置，我们可以找到一个与标记接近的等位基因（●），它在QTL上与其他相关等位基因（■）几乎总是自然相连。 - 常常是未知的

Où que se trouvent les gènes d'intérêt (QTL) sur le génome, on peut trouver un marqueur assez proche pour avoir un allèle au marqueur (●) associé de façon (quasi-) systématique à l'allèle favorable au QTL (■) plus souvent inconnu

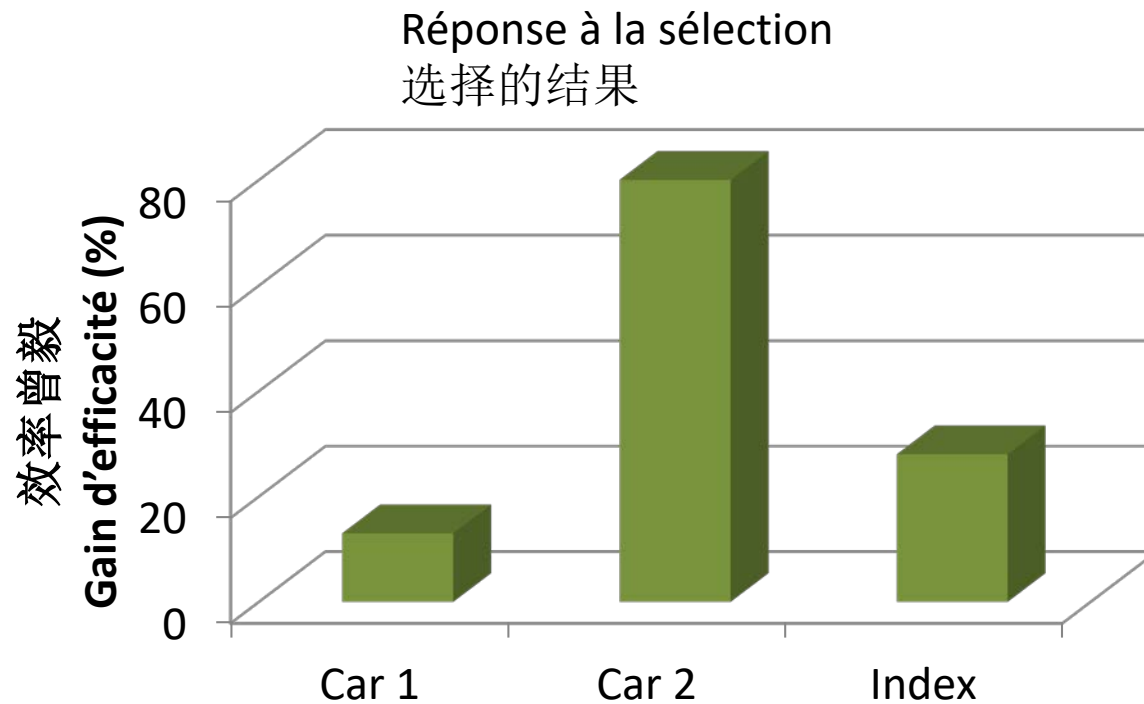


在选择●时，我们也等于间接选择了■

En sélectionnant ●, on sélectionnera également indirectement ■

# 基因组选择 La sélection génomique

公畜中的基因组选择 sélection génomique dans une ligné mâle :  
模拟研究 étude par simulation



Tribout et al (2012; 2013)



# 目录Sommaire

1 法国农科院与猪遗传学  
– L'INRA et la génétique porcine

2 基因分型和测序  
- Génotypage et séquençage

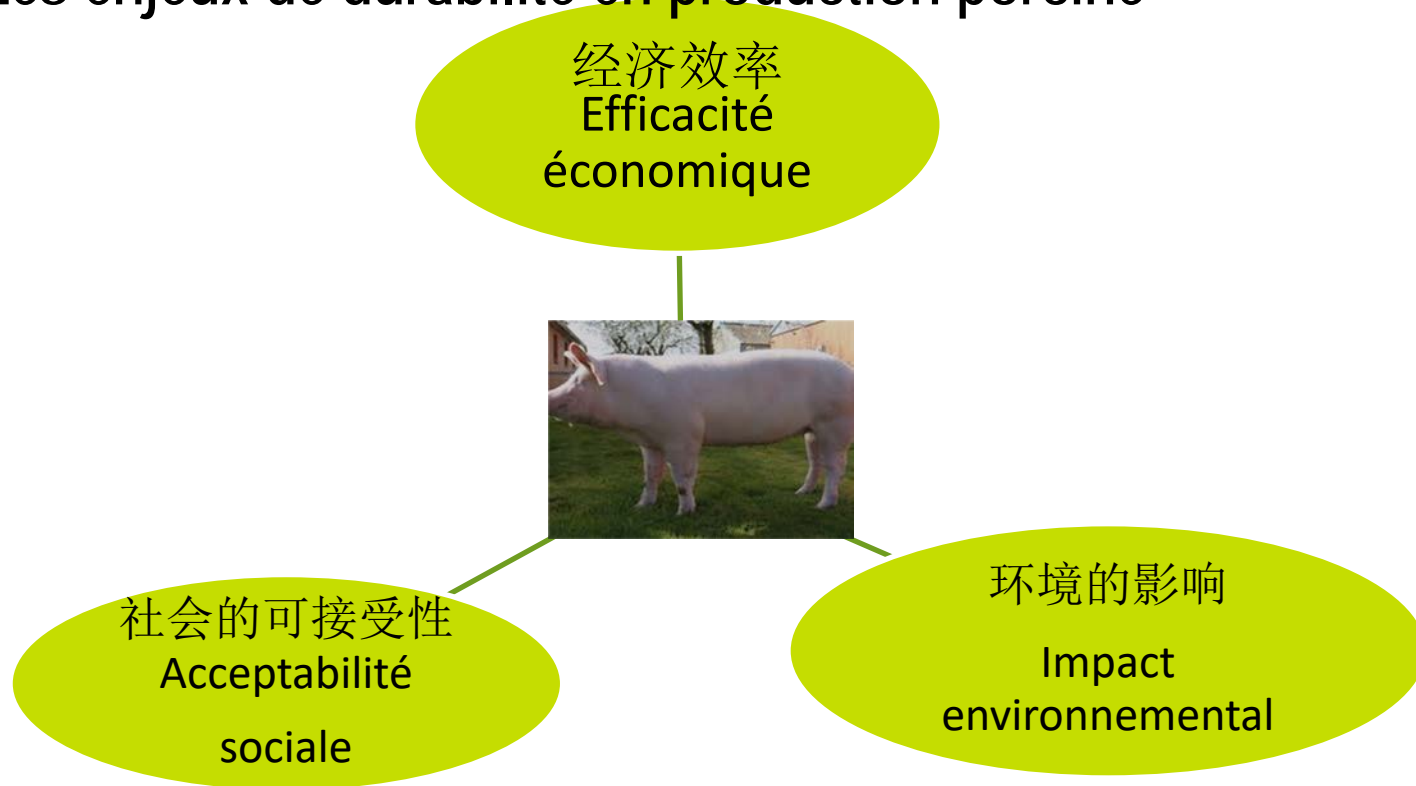
3 未来育种目标  
- Les objectifs de sélection du futur

# 未来育种方向

## Les objectifs de sélection du futur

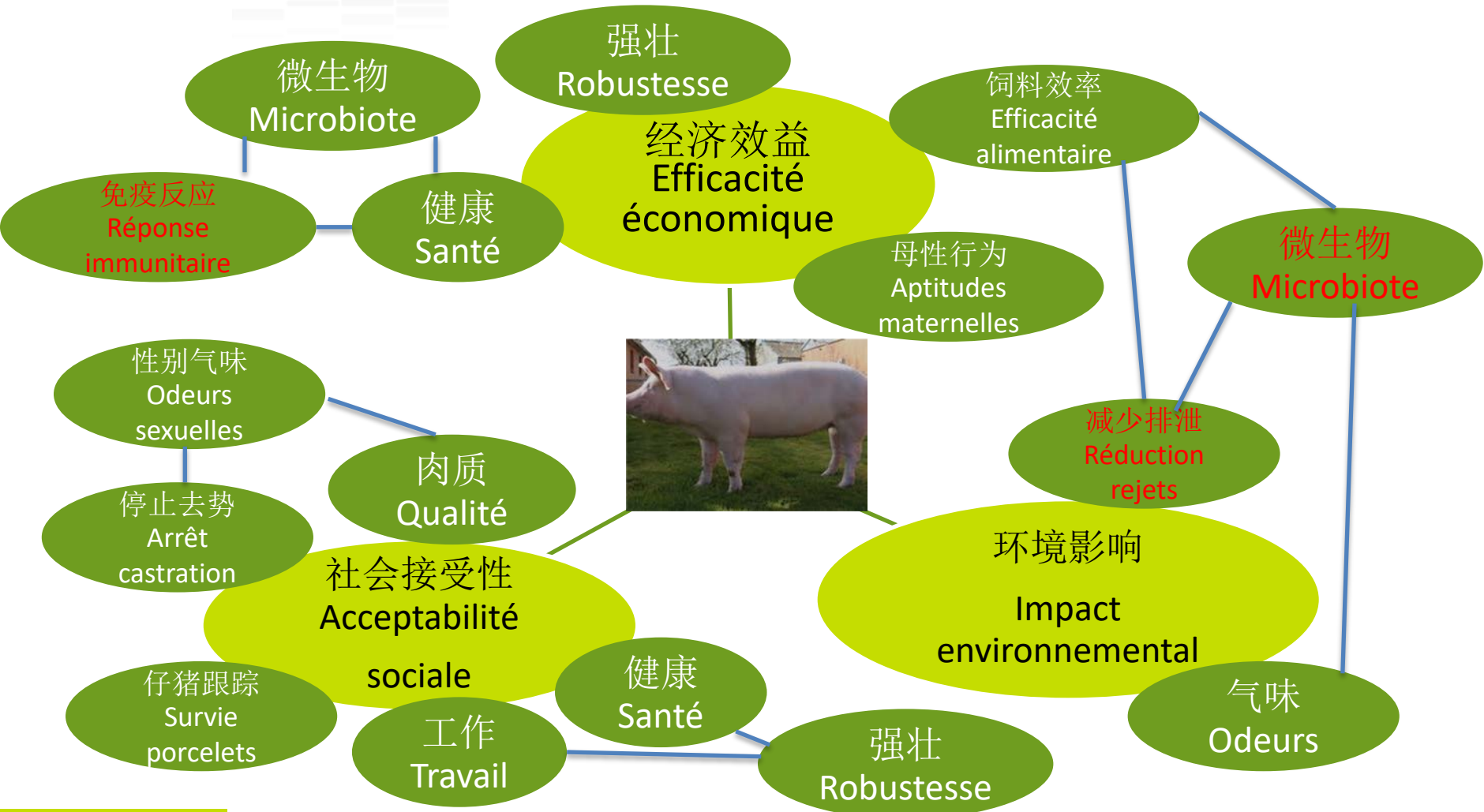
生猪生产可持续发展的关键

Les enjeux de durabilité en production porcine



# 未来育种目标 Les objectifs de sélection du futur

## 生猪生产可持续发展的关键 Les enjeux de durabilité en production porcine

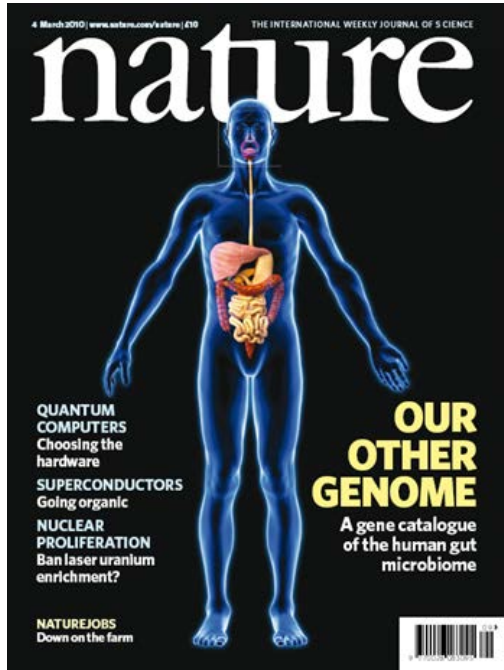


# 基因分型和测序

## Génotypage et séquençage

猪消化道的宏基因组学

Métagénomique du tube digestif du porc



*Qin et al, Nature March 2010*

人类肠道微生物

Microbiote intestinal humain :

- 超过330万个基因，(是人类基因的150倍)  
Plus de 3,3 millions de gènes (plus de 150 fois le génome humain )
- 一个含54万个细菌基因的共同“核心”
- Un “noyau” commun de 540 000 gènes bactériens
- 至少有3个主要“肠道型”
- Au moins 3 entérotypes majeurs (Arumugam et al., Nature, 2011)

*A l'INRA: Dusko Ehrlich, Joël Doré*

*Plate forme MetaGenoPolis*

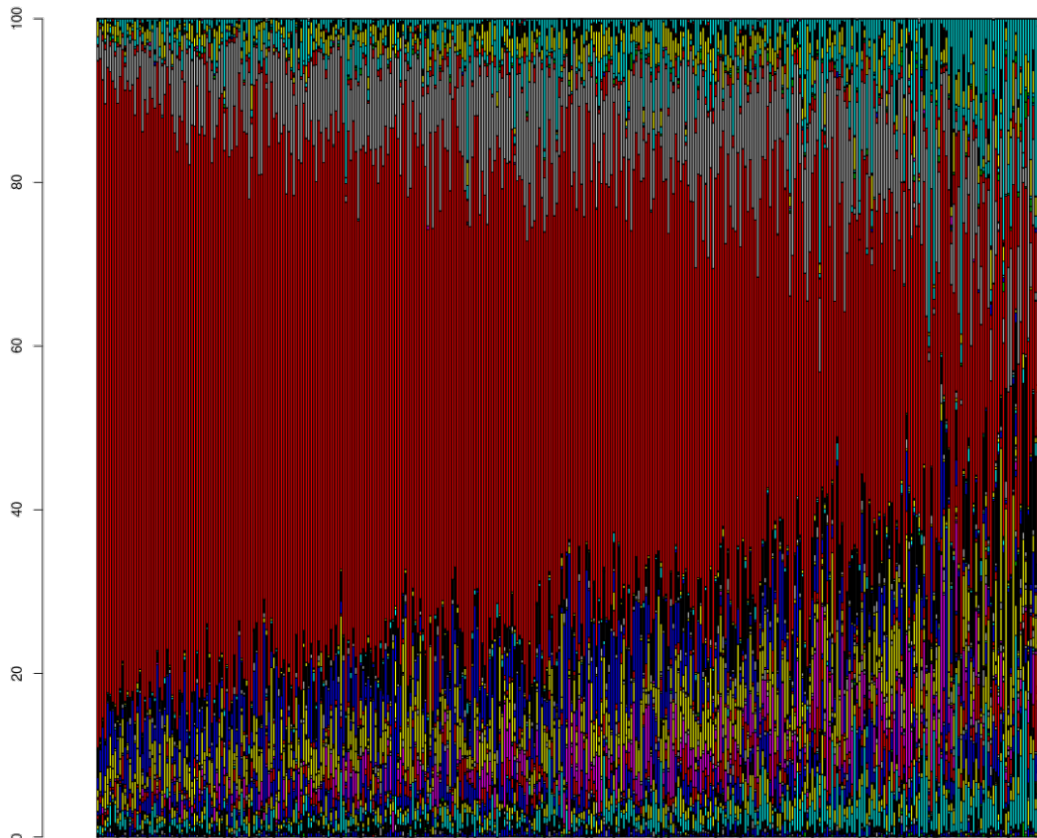
- 可能的宏基因组定量
- Métagénomique quantitative possible

# 猪的宏基因组学

## Métagénome du porc

猪的肠道细菌：基因水平的成分

Microbiote intestinal du porc : composition au niveau du genre



Weissella	Howardella
Victivalla	Holdemania
Turicobacter	Helicobacter
Treponema	Hallella
TMT_genera_incertae_sedis	Fibrobacter
Syngnathococcus	Faecalibacterium
Butlerella	Eubacterium
Succinivibrio	Ethanoligenens
Succinoclasticum	Escherichia/Shigella
Subdoligranulum	Enterorhabdus
Subdivision5_genera_incertae_sedis	Enterococcus
Streptococcus	Enhydrobacter
Staphylococcus	Dorea
Sporobacter	Dodestrgranulum
Sporosarcinigenium	Dialister
Spirochaeta	Devosia
Slackia	Desulfovibrio
Shuttleworthia	Corynebacterium
Sharpea	Coproccoccus
Selenomonas	Collinsella
Schwartzia	Clostridium
Sarcina	Cloacibacterium
Ruminococcus	Chlamydia
Rothia	Catenibacterium
Roseburia	Campylobacter
Robinsoniella	Butyrivibrio
Pyramidobacter	Butyricimonas
Pseudoramibacter	Butyricoccus
Pseudomonas	Bulidia
Pseudobutyrvibrio	Blautia
Prevotella	Bifidobacterium
Phascolarctobacterium	Barnesiella
Pepelococcus	Bacteroides
Paraprevotella	Asteroleplasma
Paraeggerthella	Anaerovorax
Parabacteroides	Anaerovibrio
Papillibacter	Anaerotruncus
Paludibacter	Anaerostipes
Oxalobacter	Anaerosporobacter
Ocilibacter	Anaeroplazma
Oribacterium	Anaerophaga
Olsenella	Anaerofilum
Mucispirillum	Anaerobiospirillum
Mogibacterium	Allobaculum
Mitsuokella	Allisonella
Methylobacterium	Alistipes
Megasphaera	Actinobacillus
Lawsonia	Actinobacter
Lactovum	Acidaminococcus
Lactobacillus	Acetivibrio
Lachnobacterium	Acetilomaculum
Hydrogenanaerobacterium	Acetanaerobacterium

**Prevotella** 普氏菌

**Dialister** 戴阿利斯特菌

**Roseburia** 罗斯氏菌

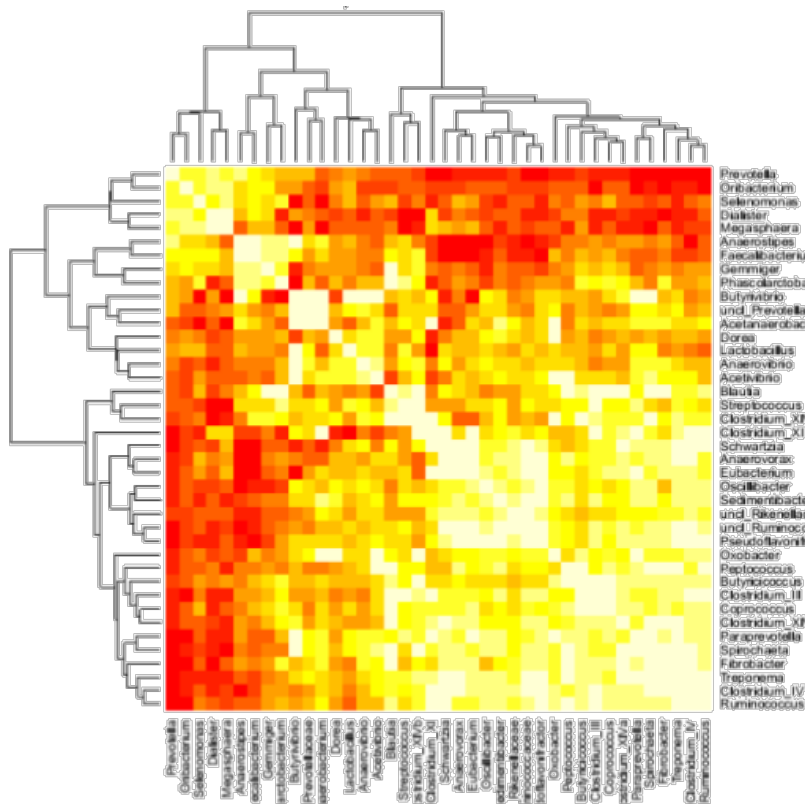
**Treponema** 螺旋体

J. Estelle et al., 2014



# 猪的宏基因组学 Métagénome du porc

## 肠道菌群组成的遗传控制 Contrôle génétique de la composition de la flore intestinale



**Table 1. Heritabilities (h<sup>2</sup>) and standard deviation (SD) estimated for the relative abundances of bacterial genera that characterize individual variability of the gut microbiota composition.**

Genus	h <sup>2</sup>	SD
<i>Gemmiger</i>	0.82	0.13
<i>uncl_Rikenellaceae</i>	0.55	0.15
<b><i>Faecalibacterium</i></b>	0.54	0.14
<i>Coprococcus</i>	0.51	0.15
<i>Clostridium_XIVa</i>	0.45	0.14
<b><i>Prevotella</i></b>	0.45	0.13
<i>Coriobacterineae</i>	0.44	0.14
<i>Oribacterium</i>	0.41	0.14
<i>Phascolarctobacterium</i>	0.39	0.13
<b><i>Lactobacillus</i></b>	0.37	0.13
<i>Dorea</i>	0.33	0.12
<i>Anaerovibrio</i>	0.31	0.52
<b><i>Mitsuokella</i></b>	0.30	0.48
<i>Treponema</i>	0.30	0.13
<i>Blautia</i>	0.25	0.12
<i>Butyricoccus</i>	0.25	0.12
<i>Streptococcus</i>	0.25	0.12
<i>Oxobacter</i>	0.24	0.52
<i>Selenomonas</i>	0.24	0.12
<i>uncl_Ruminococcaceae</i>	0.23	0.12
<b><i>Dialister</i></b>	0.22	0.37
<i>Acidaminococcus</i>	0.21	0.46
<i>Anaerovorax</i>	0.20	0.11

<sup>\*</sup>Genera identified as the most predominant are in bold letters.

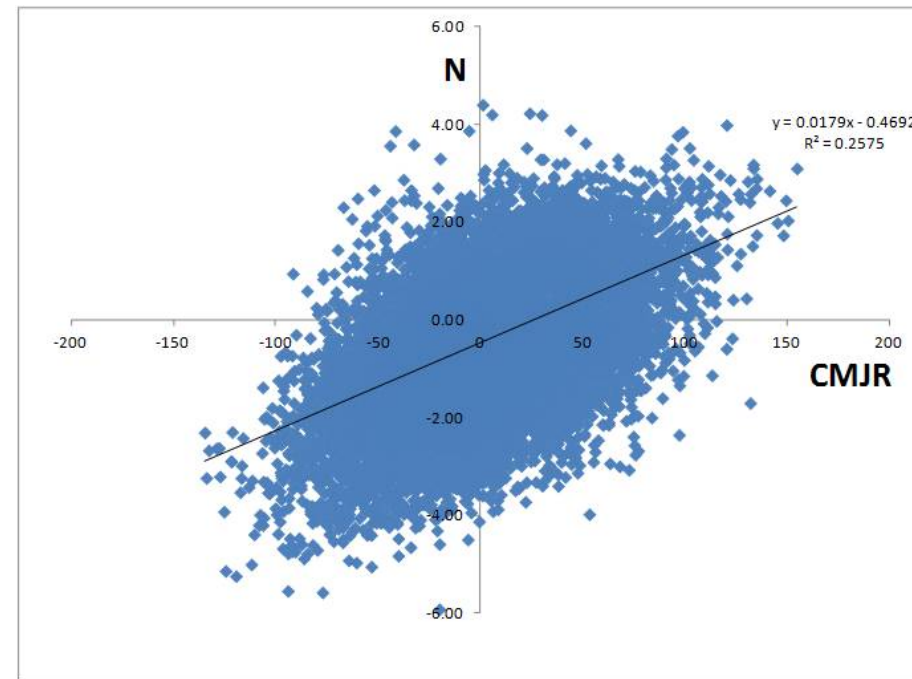
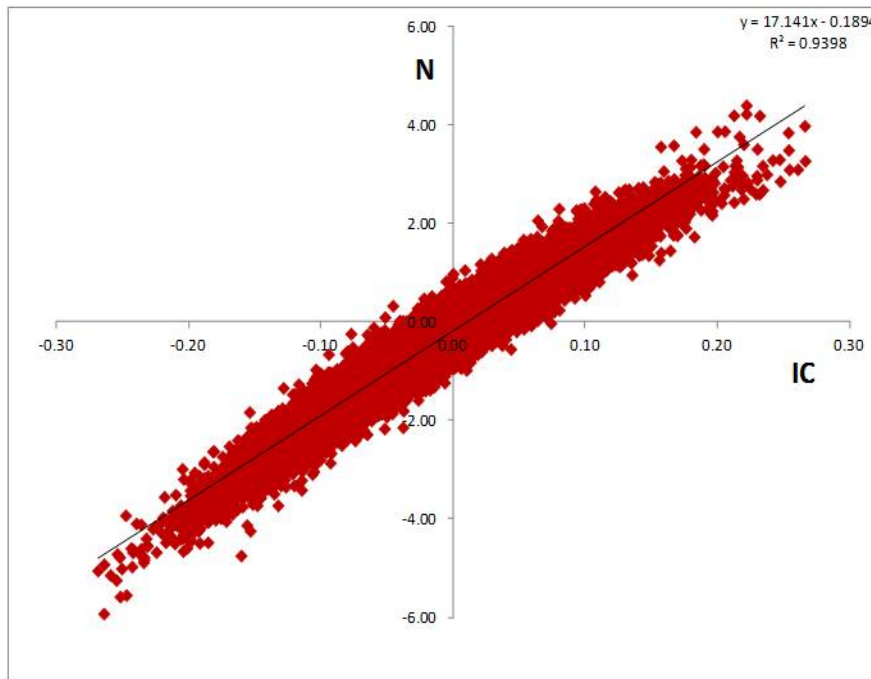
J. Estelle et al., 2014

## 未来育种目标

## Les objectifs de sélection du futur

饲料报酬, 消化残留及氮排放

Indice de consommation, consommation résiduelle et rejet d'azote



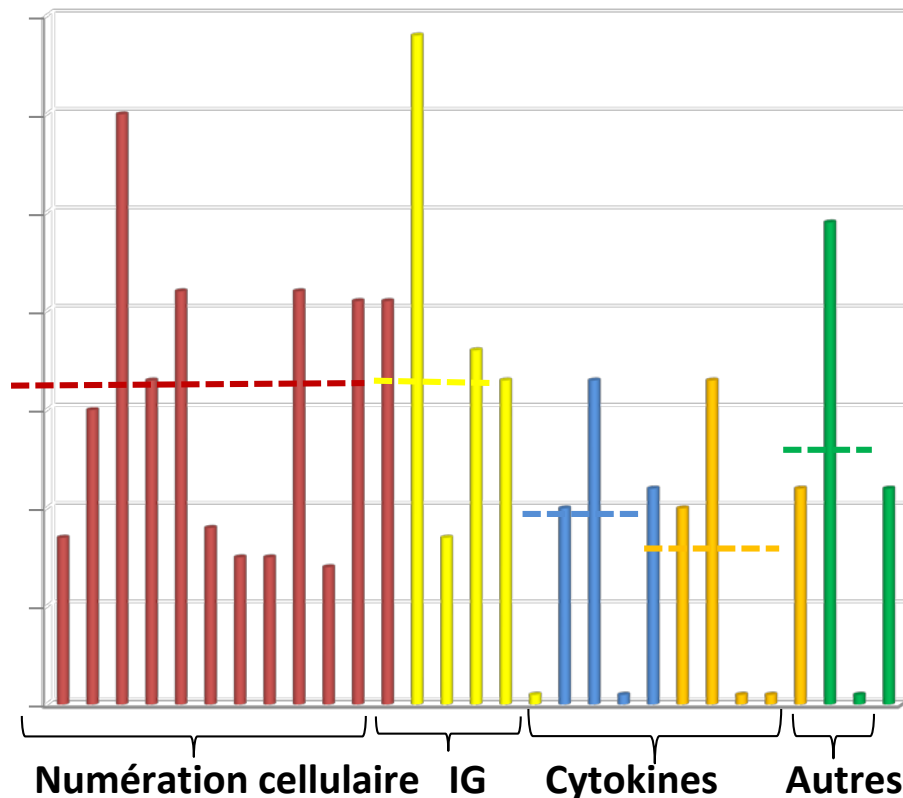
H Gilbert et al.

# 未来育种目标

## Les objectifs de sélection du futur

### 免疫力 Réponse immunitaire

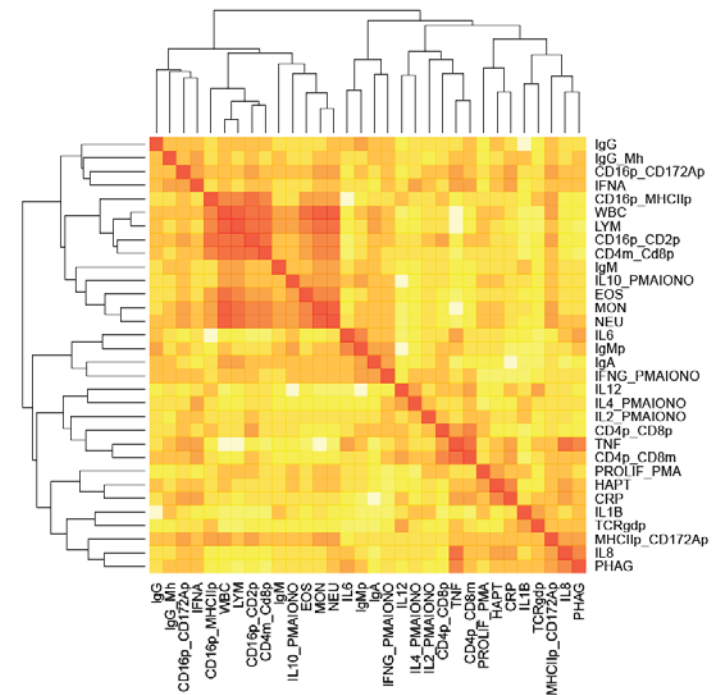
遗传力 Héritabilités



Bidanel et al., 2013

遗传相关性

Corrélations génétiques

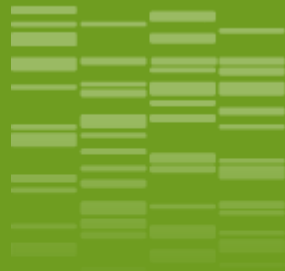


Flori et al., 2013

# 结论 Conclusion

## 猪遗传学 Génétique porcine

- 生产状况日益复杂  
Un contexte de production de plus en plus complexe
- 竞争激烈 Une compétition accrue :
  - 产业链内 Intra filière porcine
  - 更全面（包括资源 and 市场） Plus globale (pour ressources et marchés)
- 新的关键因素（环境、人类健康） De nouveaux enjeux (environnement, santé humaine...)
- 更多的技术应用 Des avancées technologiques majeures
- 通过选育提高效益 Susceptibles d'accroître l'efficacité de la sélection
- 在品种选育上 « 猪是美丽的 » => 集中了多个明星  
En sélection, « big is beautiful » => concentration des acteurs
- 与其他关键因素（保持多样性）的协调 A concilier avec autres enjeux (maintien diversité,...)



# 谢谢

## Merci pour votre attention

