



HAL
open science

Identification et caractérisation de traces de sélection dans des lignées commerciales de poulets de chair et de poules pondeuses

Frédéric Herault, Adel Fodil-Chérif, Romain Philippe, Sophie Brard-fudulea,
Christian Diot

► To cite this version:

Frédéric Herault, Adel Fodil-Chérif, Romain Philippe, Sophie Brard-fudulea, Christian Diot. Identification et caractérisation de traces de sélection dans des lignées commerciales de poulets de chair et de poules pondeuses. 6. Journées Techniques Interfilères du SYSAAF, Oct 2023, Rennes, France. hal-04251732

HAL Id: hal-04251732

<https://hal.inrae.fr/hal-04251732>

Submitted on 20 Oct 2023

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 4.0 International License

➤ Identification et caractérisation de traces de sélection dans des lignées commerciales de poulets de chair et de poules pondeuses

11 Octobre 2023

Frédéric Hérault, Adel Fodil-Chérif, Romain Philippe,
Sophie Brard-Fudulea, Christian Diot

Contexte



INRAE

Identification et caractérisation de traces de sélection dans des lignées commerciales de poulets de chair et de poules pondeuses
11/10/2023 / ROH - Trace de sélection / Hérault

➤ La sélection dans les filières avicoles

Une spécialisation des lignées

Lignées ponte

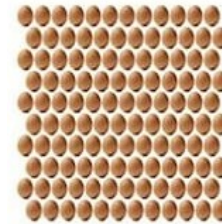
Red junglefowl

10 à 12 œufs / an

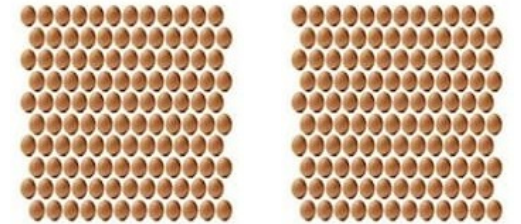


20 semaines -> 0,9 kg

Années 1900
120 œufs / an



Années 2000
300 œufs / an



Lignées chair



Années 50
8 semaines -> 0,9 kg



Années 2000
5 semaines -> 1,9 kg

> Des conséquences

Pratiques d'élevage

Lignées ponte

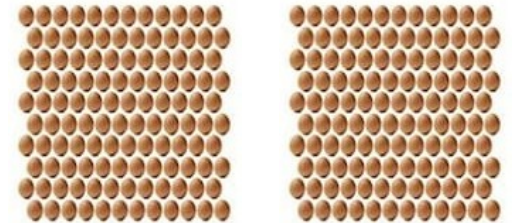
Faible développement musculaire
Dévalorisation de la carcasse

20 semaines -> ~1,6 kg
70 semaines -> ~2 kg



**Élimination des
poussins mâles**

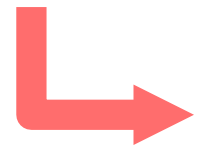
Années 2000
300 œufs / an



Lignées chair

Moindre capacité reproductive
Croissance très rapide

~ 160 -170 œufs / an



**Restriction alimentaire
des reproducteurs**



Années 2000
5 semaines -> 1,9 kg

➤ Traces de sélection

Un appauvrissement de la variabilité génétique

- Fixation de formes géniques dans une population
 - Pression de sélection / Amélioration de caractère / sélection d'une forme génique
 - Dérive génétique / nombre restreint de reproducteurs
- ROH : Runs of homozygosity
 - Segments homozygotes (+ ou - longs) générés par la transmission de segments identiques par les géniteurs
 - Pression de sélection favorise l'émergence de ROH par la sélection à chaque génération des mêmes formes géniques favorables aux caractères d'intérêts



➤ ROH : Traces de sélection ou dérive génétique ?

Co-occurrence des régions identifiées dans plusieurs populations

- Hypothèse de travail

- Les traces de sélection ne sont pas réparties aléatoirement sur le génome.
- L'utilisation de données génétiques provenant de différents noyaux de sélection pour un même caractère (ponte ou chair) devrait permettre de caractériser les îlots de fixation spécifiques au caractère sélectionné, voire d'identifier des haplotypes favorables au caractère d'intérêt



> Identification et caractérisation de ROH

Quelles régions semblent importantes pour la réponse fonctionnelle de différentes lignées commerciales à la sélection ?

- Objectif

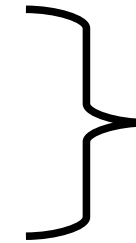
- Identifier les régions génétiques ayant répondu à la pression de sélection pour favoriser l'expression des caractères liés à la production d'œufs et de viande chez les poules
- Définir leur caractéristiques fonctionnelles
- Améliorer notre compréhension des mécanismes biologiques impliqués dans la réponse à la sélection.



➤ Matériel et méthode

- Séquences génomiques :

- 40 individus
 - 10 individus / 2 lignées de chair
 - 10 individus / White Leghorn et Rhodes Island
- Alignement sur génome de référence : GRCg7b



Qanbari *et al.* 2019

- Identification de ROH :

- PLINK 1.9

- Annotation fonctionnelle :

- Base de donnée Ensembl
- Animal QTL Database Release 50

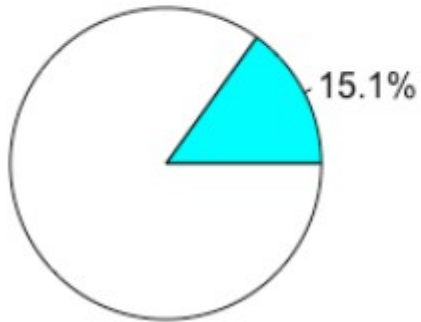
Résultats



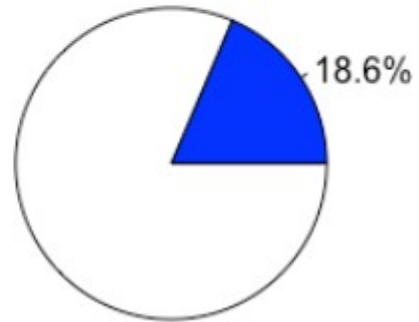
> Couverture génomique des ROH

Filière chair

Lignée américaine

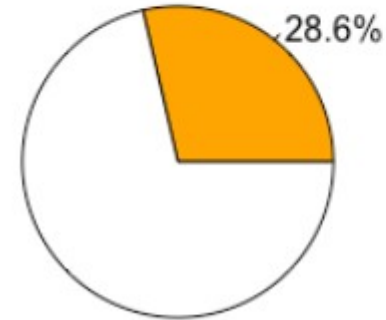


Lignée française

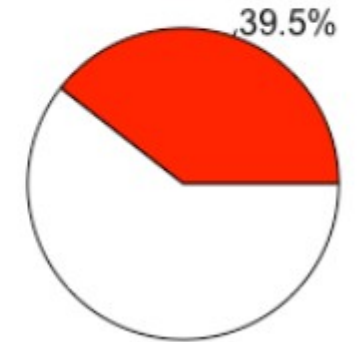


Filière ponte

Rhode Island

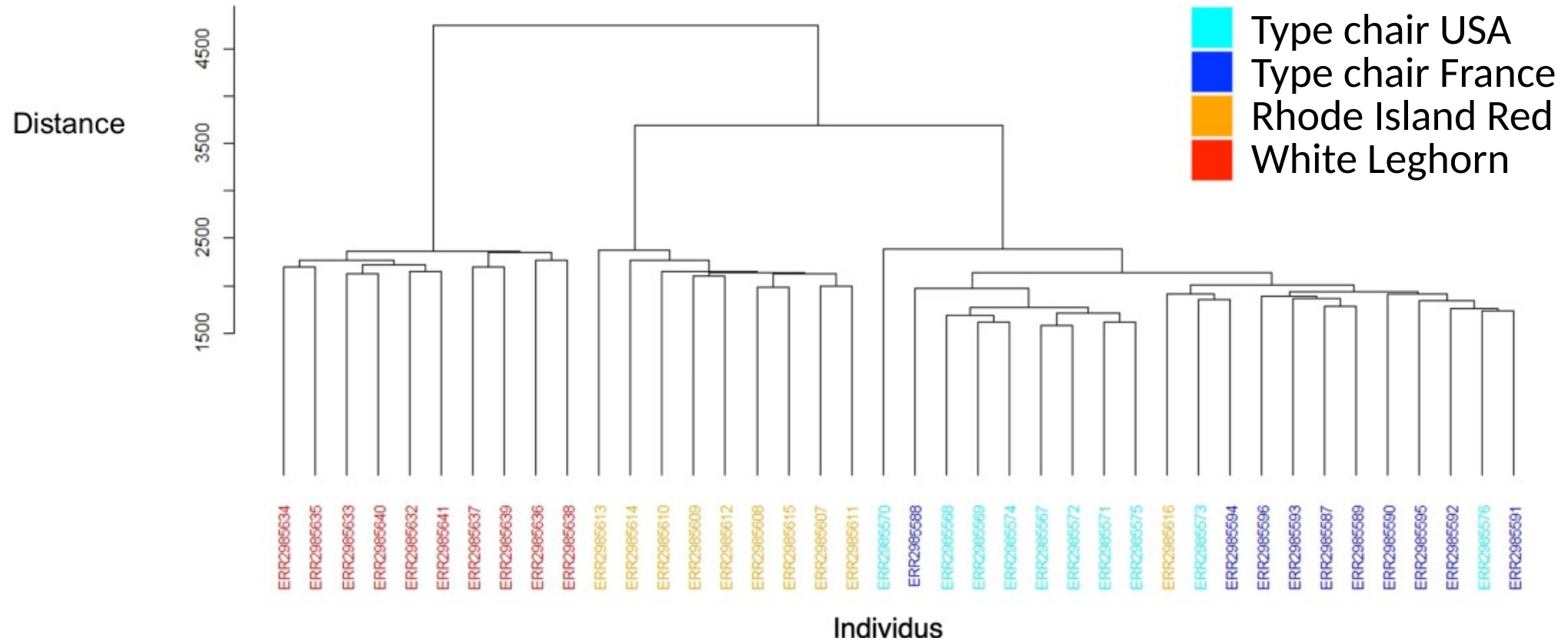


White Leghorn



Moins de variabilité génétique dans la filière ponte

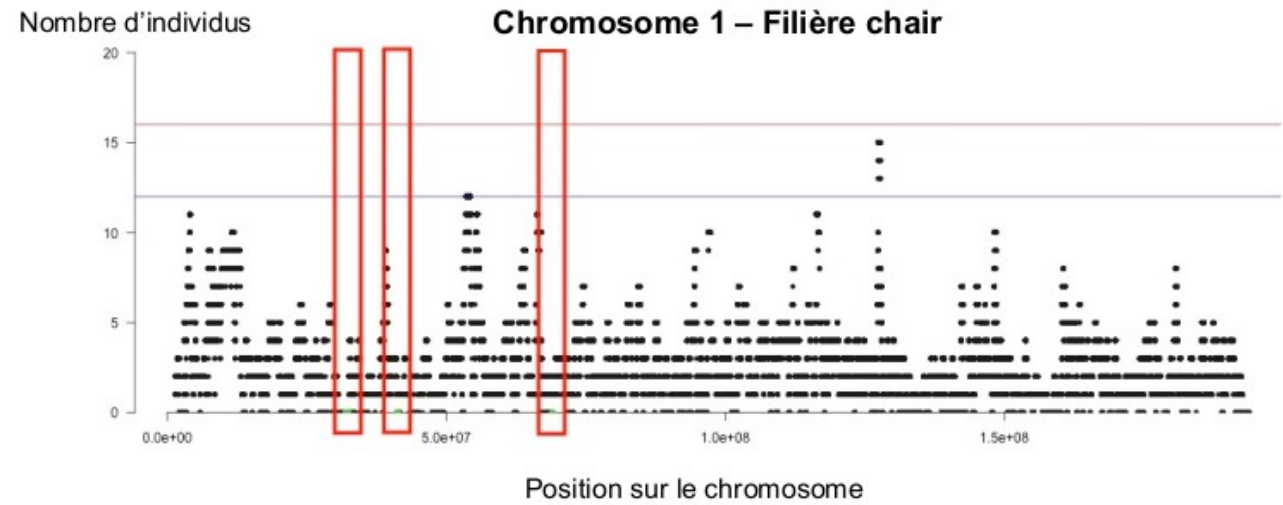
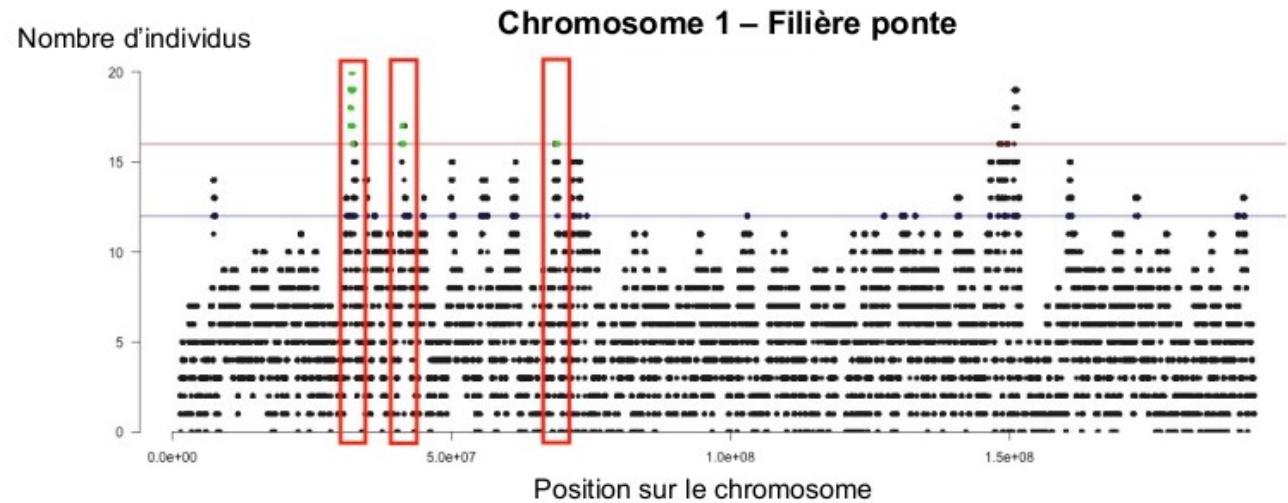
➤ Proximité génétique



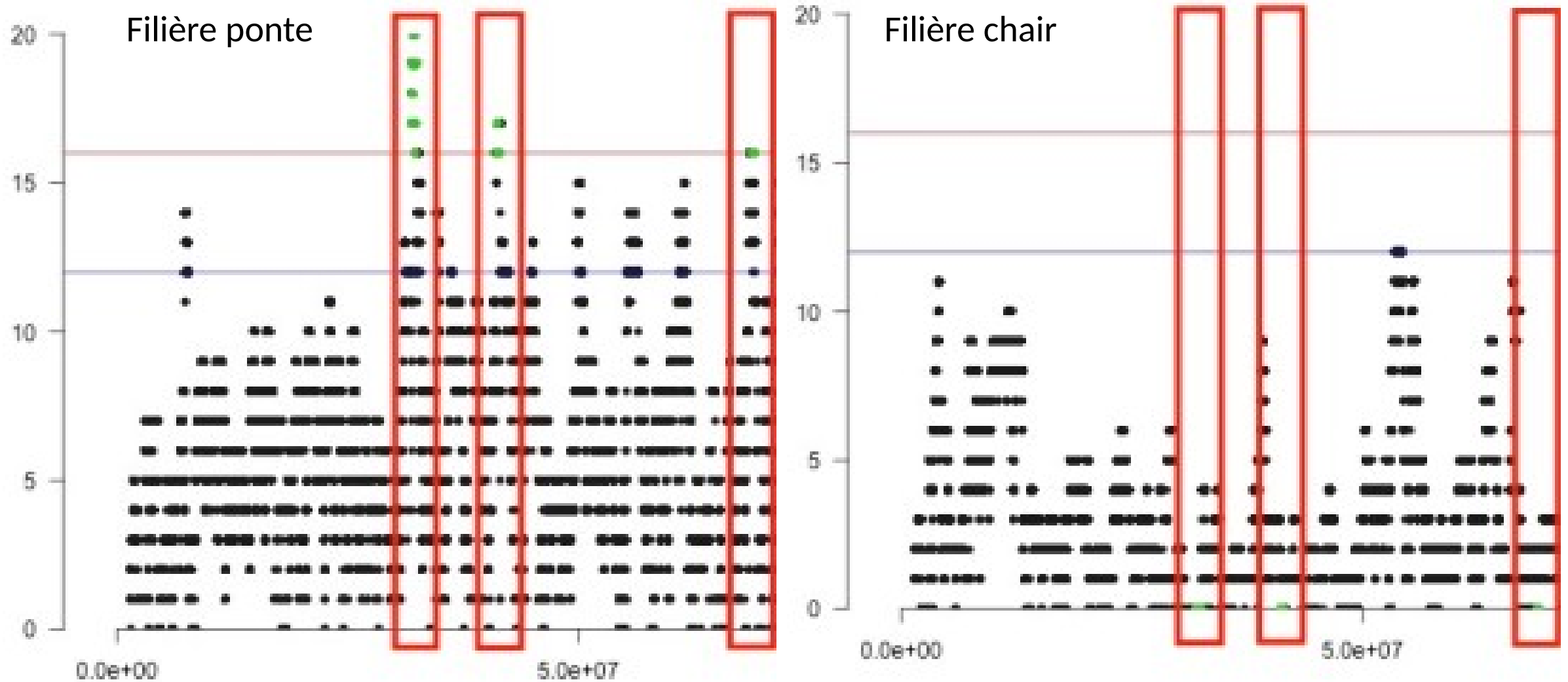
Trois clusters distincts : White Leghorn, Rhode Island, Type chair

➤ Signature de sélection ?

- **Manhattan plot chromosome 1 :**
 - Abscisse : position du SNP
 - Ordonnée : nombre de fois où le SNP est associé à une région homozygote



➤ Signature de sélection ?



> Caractérisation fonctionnelle

CHROMOSOME	NOMBRE DE REGIONS	NOMBRE DE GENES	GENES ANNOTES
1	4	16	LRIG3, SLC16A7
2	1	1	ICA1
3	2	10	BCKDHB, TTK, ELOVL4, SH3BGRL2
4	2	5	SEC24D, METTL14
Z	1	6	UNC13B, ATP8B4, RUSC2

Gènes présents dans les régions spécifiques à la filière ponte

- TTK : Participation à la méiose féminine.
- ELOVL4 : Biosynthèse des acides gras.



> Conclusion

De premiers résultats encourageants

- Différence de structure génomique entre les filières de ponte et de chair
- Identification de régions ROH spécifiques à la filière ponte
- Perspectives :
 - Élargissement du jeu de données à plus d'individus / de différents noyaux de sélection
 - Application d'autres méthodologies d'identification de signatures de sélection (hapFLK, FST...)



> Merci de votre attention



➤ Nombre de SNP associé à ROH chez au moins un individu

Total de SNP dans les ROH

Filière CHAIR	10 188 253
Lignée américaine	5 567 047
Lignée française	6 289 184

Filière PONTE	12 667 046
Rhode Island	9 198 306
White Leghorn	10 959 026

➤ Caractéristique des régions ROH identifiées

		Nombre de ROH par taille			Total ROH ¹	Taille maximale ²	Taille moyenne ³	Couverture moyenne ⁴
		300-500 kb	500-1000 kb	>1000 kb				
Filière CHAIR	Lignée américaine	1 256	922	313	2 491	5 094,53	637,45 (414,17)	15,07 %
	Lignée française	1 595	1 206	360	3 161	3 470,54	619,39 (364,76)	18,59 %
Filière PONTE	Rhode Island	2 671	1 974	477	5 122	3 761,02	588,35 (318,66)	28,61 %
	White Leghorn	2924	2442	947	6313	4269,74	658,28 (401,56)	39,45 %

¹Total ROH : nombre total de régions d'homozygotie (ROH) détectées pour chaque lignée ;

²Taille maximale : taille maximale d'un segment ROH, en kilobases (kb), parmi tous les segments ROH détectés pour chaque lignée ;

³Taille moyenne : taille moyenne de tous les segments ROH détectés pour chaque lignée, exprimée en kilobases (kb) suivie de l'écart-type entre parenthèses ;

⁴Couverture moyenne : en pourcentage, le niveau moyen de couverture du génome par les ROH pour chaque lignée.

➤ Région spécifique par lignées

Région	Chr.	Début	Fin	Nombre de SNP	Nombre de gènes	Gènes annotés
Filière PONTE						
1a	1	31922417	32399666	4726	13	LRIG3, SLC16A7
1b	1	41158474	41202840	513	1	-
1c	1	41507811	41507811	1	1	-
1d	1	68973852	68983033	162	1	-
2	2	24908638	24908656	4	1	ICA1
3a	3	64097437	64162905	650	2	-
3b	3	78818705	79096277	5839	8	BCKDHB, TTK, ELOVL4, SH3BGRL2
4a	4	28107949	28219360	900	2	-
4b	4	54435183	54502726	1008	3	SEC24D, METTL14
Z	Z	9338225	9557728	2344	6	UNC13B, ATP8B4, RUSC2
Filière CHAIR						
5	5	31 574 973	31 636 840	500	1	DPH6
Z	Z	59 691 744	59 692 498	19	0	-