



**HAL**  
open science

# Intérêt et optimisation de la sélection génomique chez la truite arc-en-ciel

Jonathan D'ambrosio, Mathilde Dupont-Nivet, Florence Phocas

## ► To cite this version:

Jonathan D'ambrosio, Mathilde Dupont-Nivet, Florence Phocas. Intérêt et optimisation de la sélection génomique chez la truite arc-en-ciel. Journées Techniques Interfilières du SYSAAF, Dec 2020, Rennes, France. hal-04386533

**HAL Id: hal-04386533**

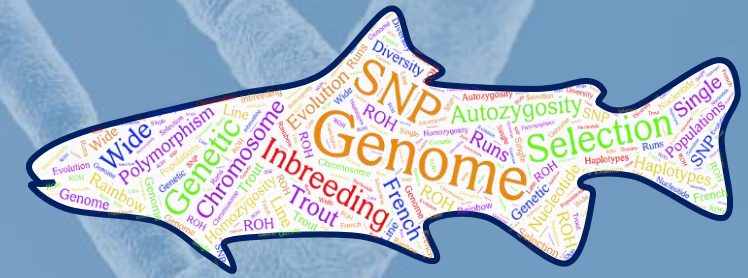
**<https://hal.inrae.fr/hal-04386533>**

Submitted on 10 Jan 2024

**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.

04 décembre 2020



# Intérêt et optimisation de la sélection génomique chez la truite arc-en-ciel

Jonathan D'Ambrosio, SYSAAF & INRAE

Sous la direction de :  
Florence Phocas  
Mathilde Dupont-Nivet

INRAE



l'Europe  
s'engage  
en France  
avec le FEAMP

anrt  
association nationale  
recherche technologie

FranceAgriMer  
BRETAGNE  
mit



VIVIERS  
DEUFS DE TRUITE

GRUPE  
aqualande

Ecole

Doctorale  
ABIES

AgroParisTech  
BOULEVARD DES AGRICULTEURS ET DES PÊCHERES  
91120 PALAISEAU CEDEX 03

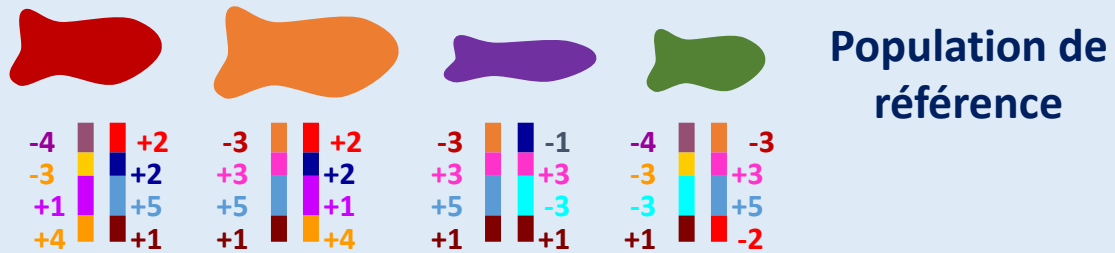
université  
PARIS-SACLAY

# Introduction : sélection génomique

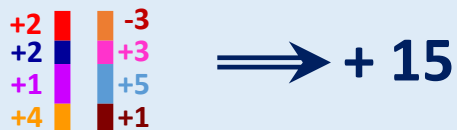


## Sélection génomique

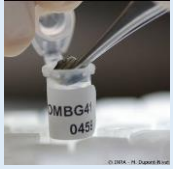
**Etape 1** : une population de référence phénotypée et génotypée pour plusieurs milliers de marqueurs -> prédiction des effets des marqueurs



**Etape 2** : Prédire la valeur génétique des candidats à la sélection génotypés avec la somme des effets estimés des marqueurs

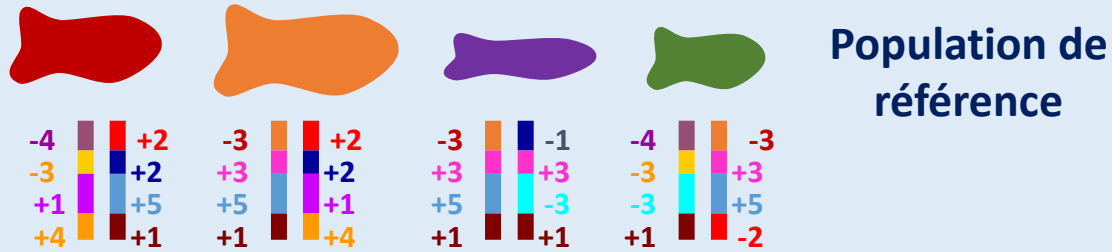


# Introduction : sélection génomique

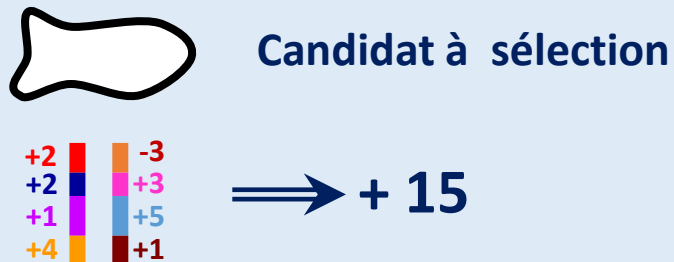


## Sélection génomique

**Etape 1** : une population de référence phénotypée et génotypée pour plusieurs milliers de marqueurs -> prédiction des effets des marqueurs

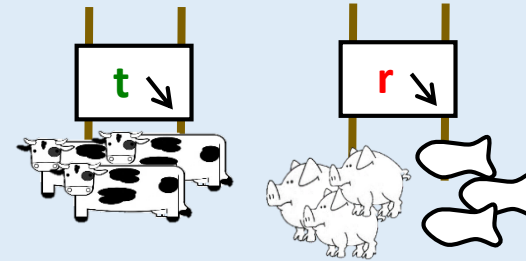


**Etape 2** : Prédire la valeur génétique des candidats à la sélection génotypés avec la somme des effets estimés des marqueurs

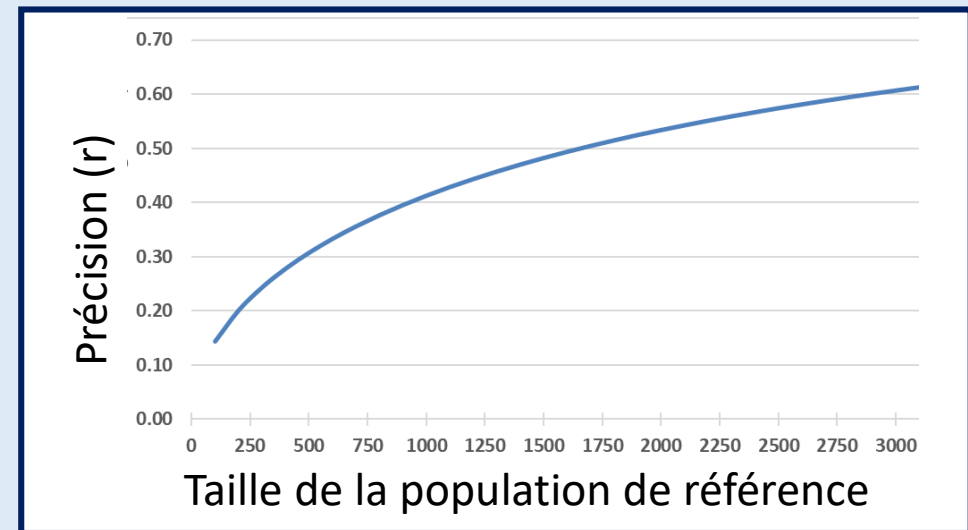


$$\Delta G = \frac{i r \sigma_a}{t}$$

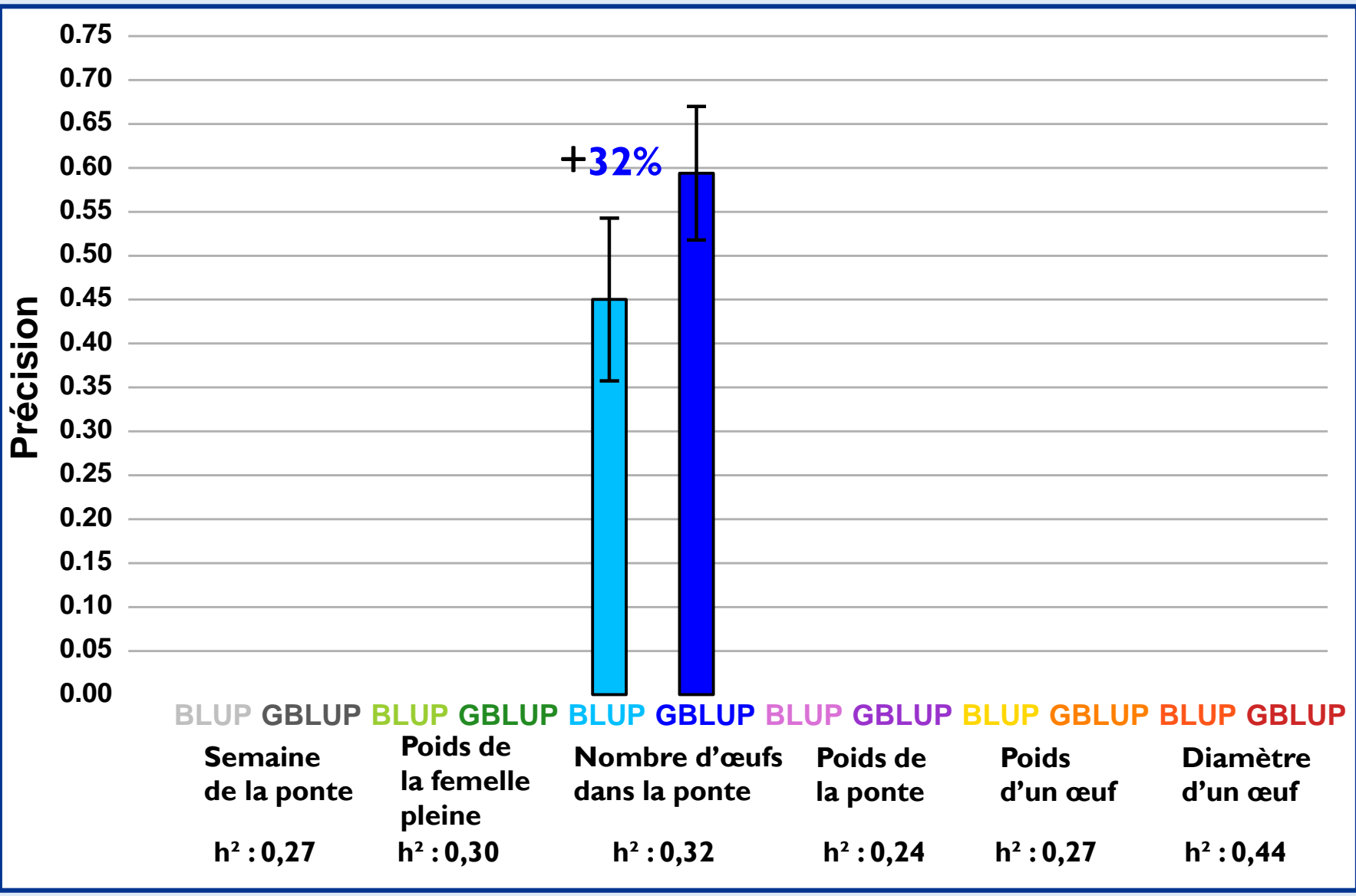
**r** : précision de la sélection  
**i** : intensité de sélection  
**t** : intervalle de génération



Accroître la précision **r** de la sélection pour les caractères non mesurés sur les candidats



# Gain de précision pour les caractères de reproduction



Nombre d'œufs dans la ponte

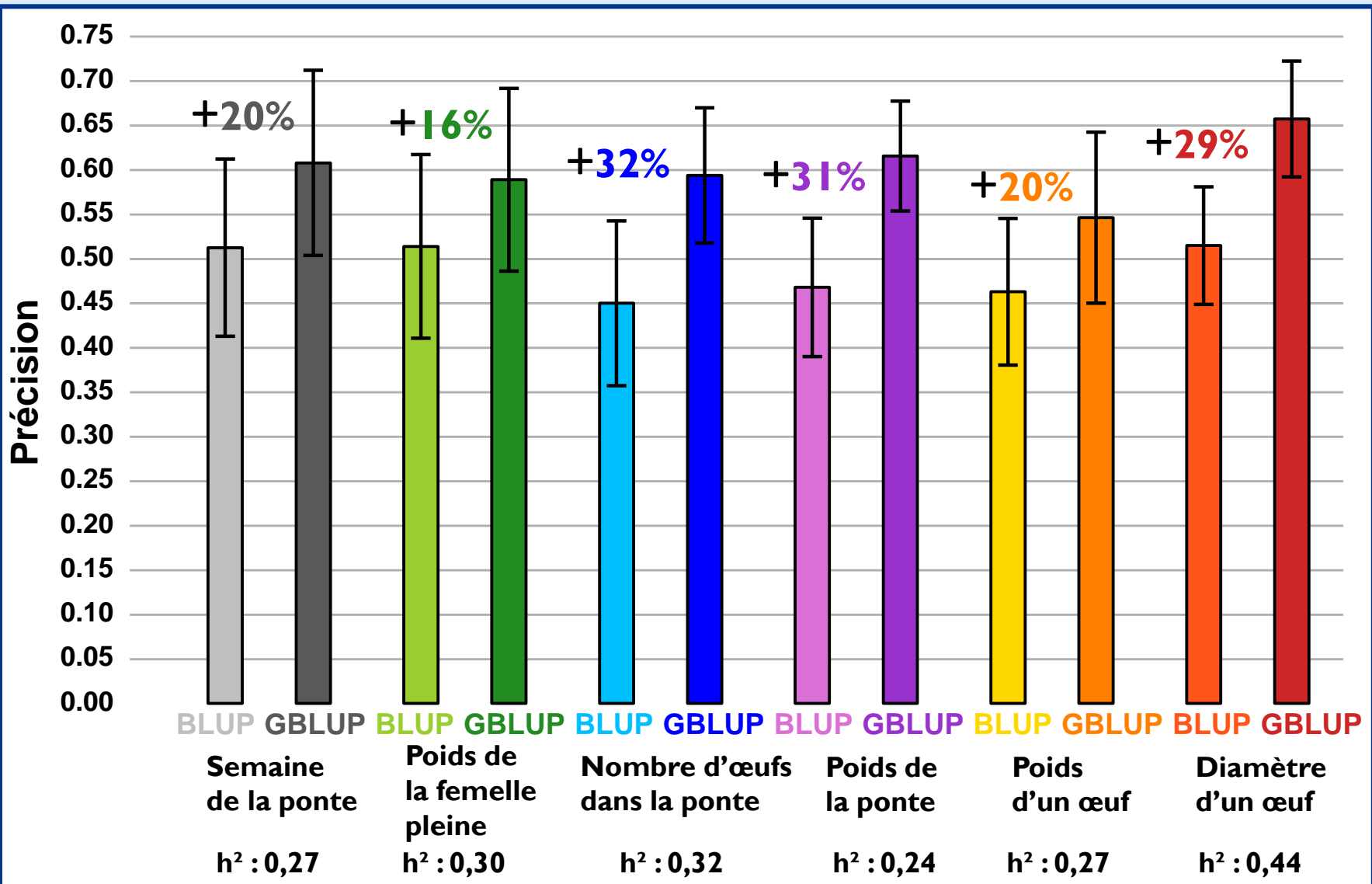
Précision :

$r_{BLUP}$  : 0,45

$r_{GBLUP}$  : 0,59

I 077 individus en population d'apprentissage

# Gain de précision pour les caractères de reproduction



Nombre d'œufs dans la ponte

Précision :  
 $r_{BLUP} : 0,45$   
 $r_{GBLUP} : 0,59$

Précision BLUP :  
 0,45 – 0,51

Précision GBLUP :  
 0,55 – 0,66

1 077 individus en population d'apprentissage

## Gain de précision avec la sélection génomique

La génomique permet d'avoir une meilleure précision qu'une sélection sur pedigree dans le schéma actuel avec environ 1000 individus dans la population de référence :

Caractères	Poids éviscéré et étêté (ajusté par le poids vif)	Poids de la ponte	Résistance à IPN
$h^2$	0,51	0,32	0,09
Précision (r) sélection pedigree	0,51	0,47	0,24
Précision (r) sélection génomique	0,66	0,62	0,27
<b>Gain de précision</b>	<b>+29%</b>	<b>+32%</b>	<b>+13%</b>

Caractères de production : 11% à 32%

Caractères de reproduction : 16% à 32%

Le gain de précision est moins important qu'attendu d'après la littérature car précision sur pedigree plus importante

**Réduction des coûts** pour la sélection génomique :

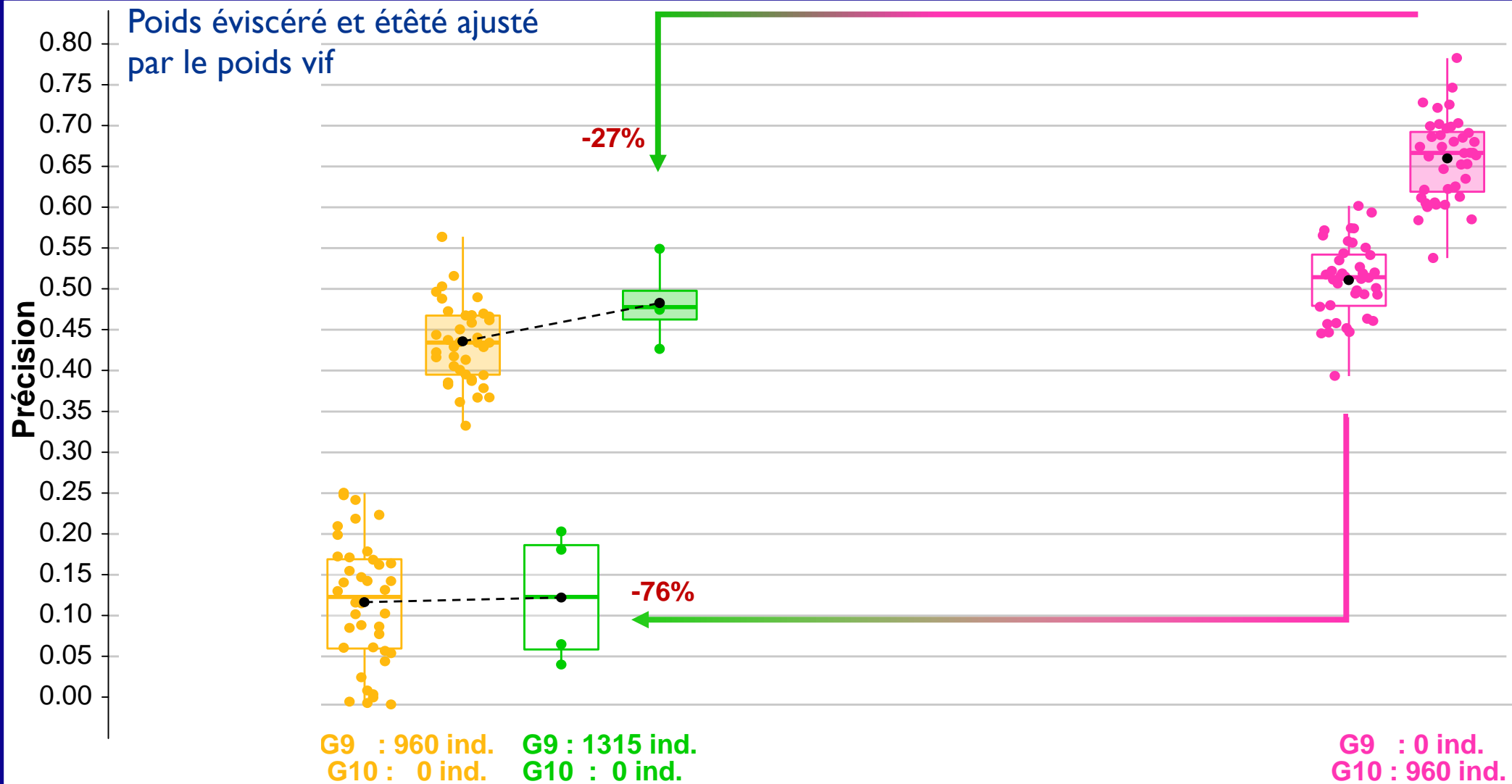
- Structuration de la population de référence :
  - taille de la population de référence
  - données multigénérationnelles
- Utilisation de puce basse densité

# Prédire uniquement avec la génération antérieure ?



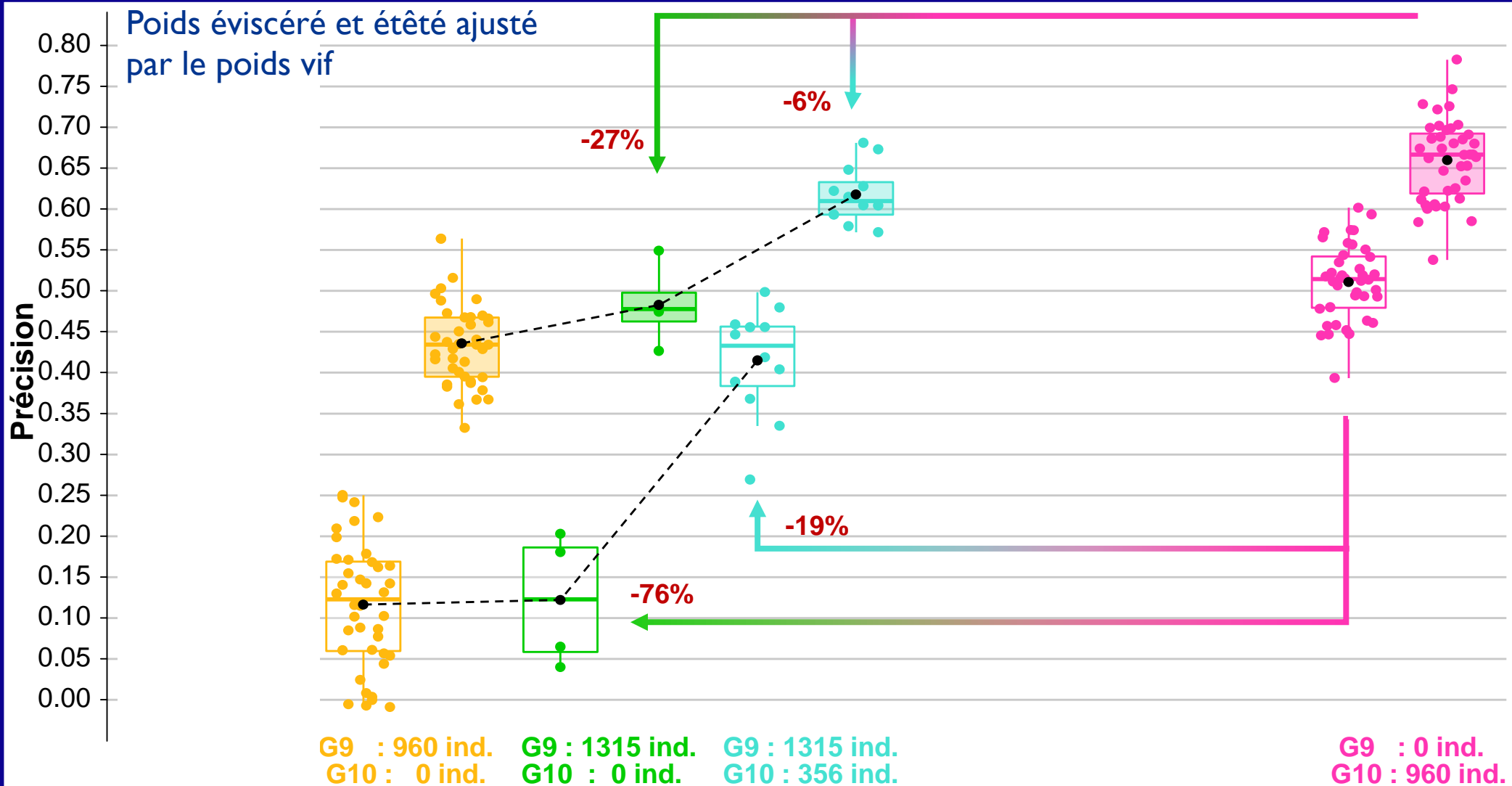


# Prédire uniquement avec la génération antérieure ?



Entre génération :  
BLUP : -76% à -48%  
GBLUP : -40% à -20%

# Combien d'individus à phénotyper et génotyper par génération ?



Entre génération :

BLUP : -76% à -48%

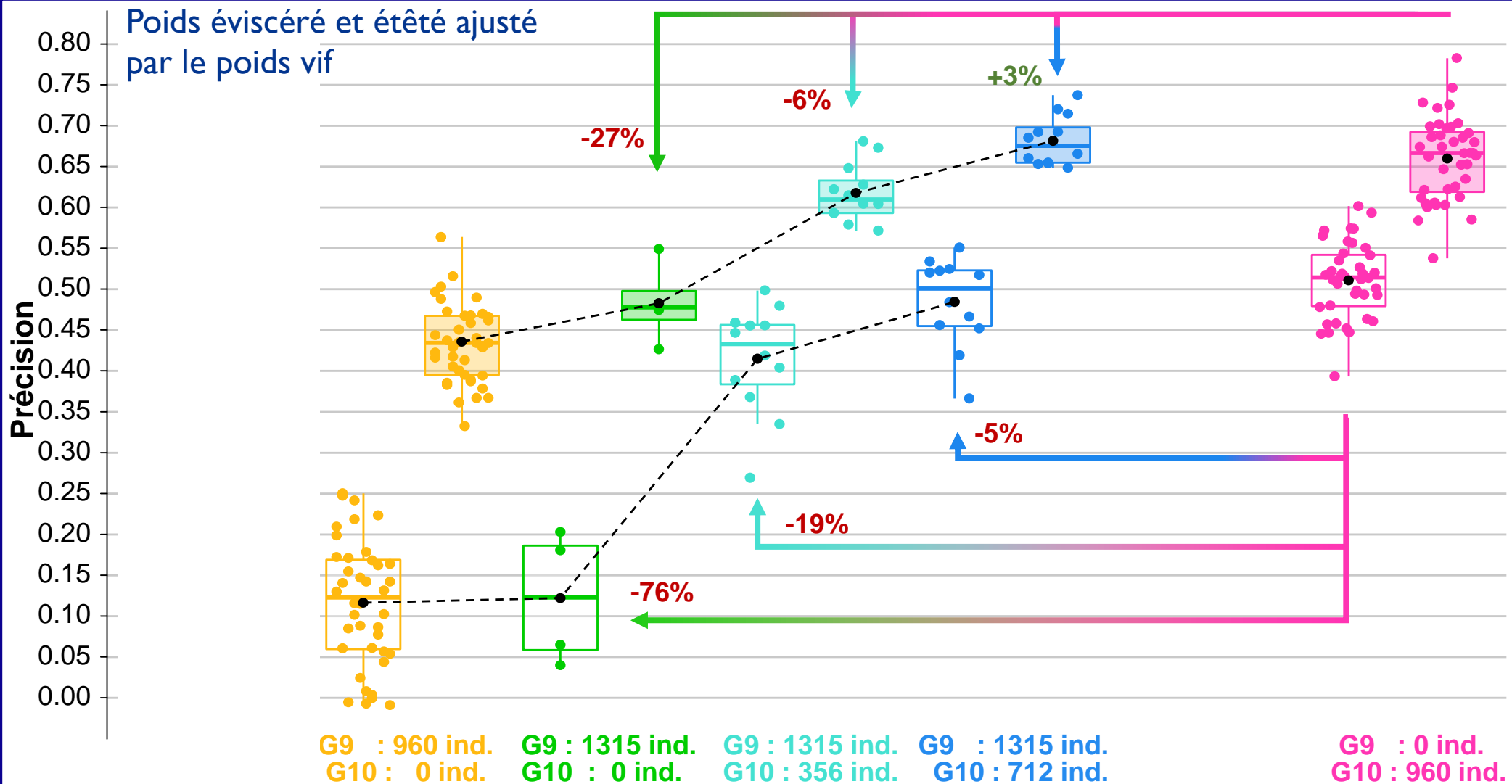
GBLUP : -40% à -20%

**G9 + G10 (356):**

BLUP : -28% à -15%

GBLUP : -17% à -2%

# Combien d'individus à phénotyper et génotyper par génération ?



Entre génération :

BLUP : -76% à -48%  
 GBLUP : -40% à -20%

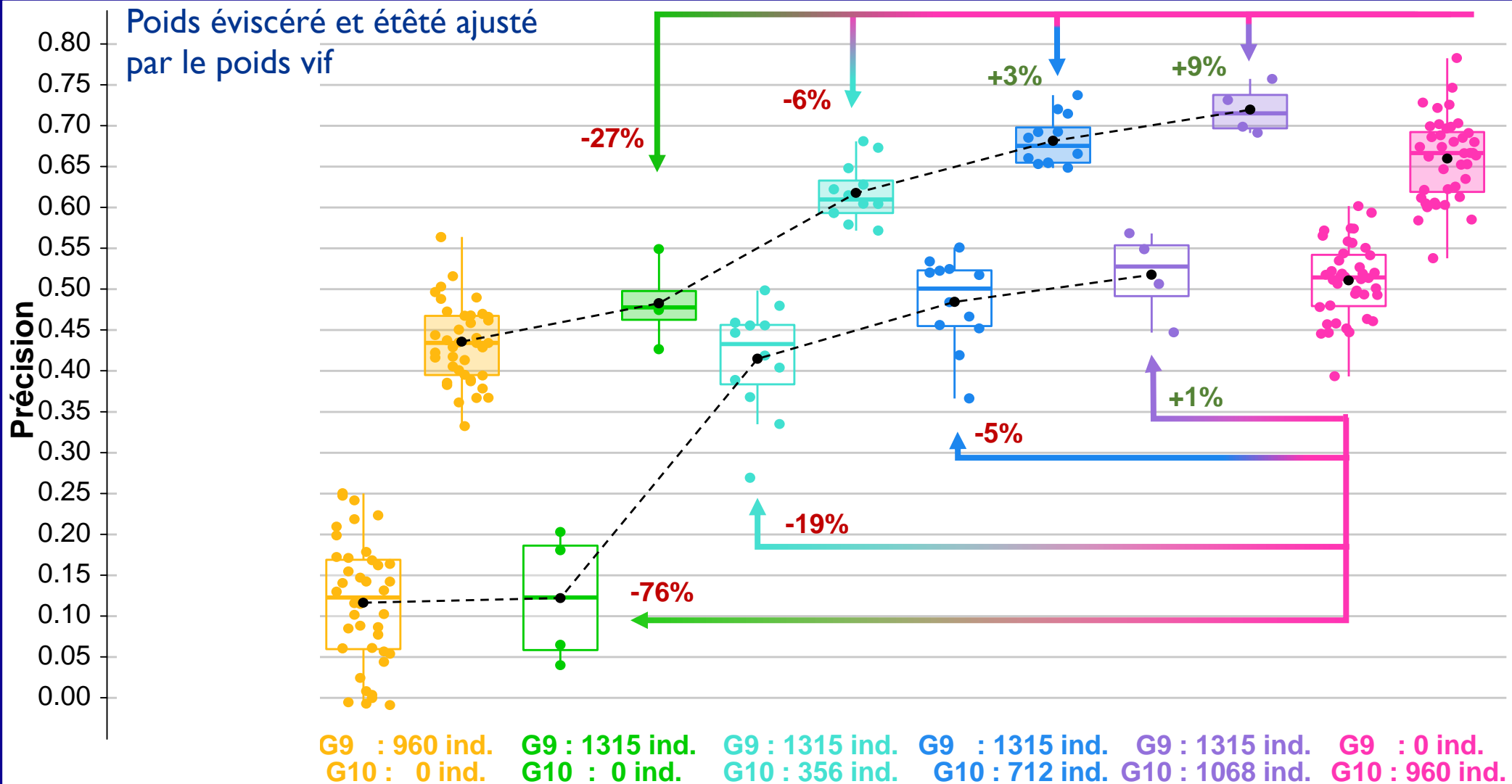
**G9 + G10 (356):**

BLUP : -28% à -15%  
 GBLUP : -17% à -2%

**G9 + G10 (712):**

BLUP : -9% à -4%  
 GBLUP : -3% à +6%

# Combien d'individus à phénotyper et génotyper par génération ?



Entre génération :

BLUP : -76% à -48%  
 GBLUP : -40% à -20%

**G9 + G10 (356):**

BLUP : -28% à -15%  
 GBLUP : -17% à -2%

**G9 + G10 (712):**

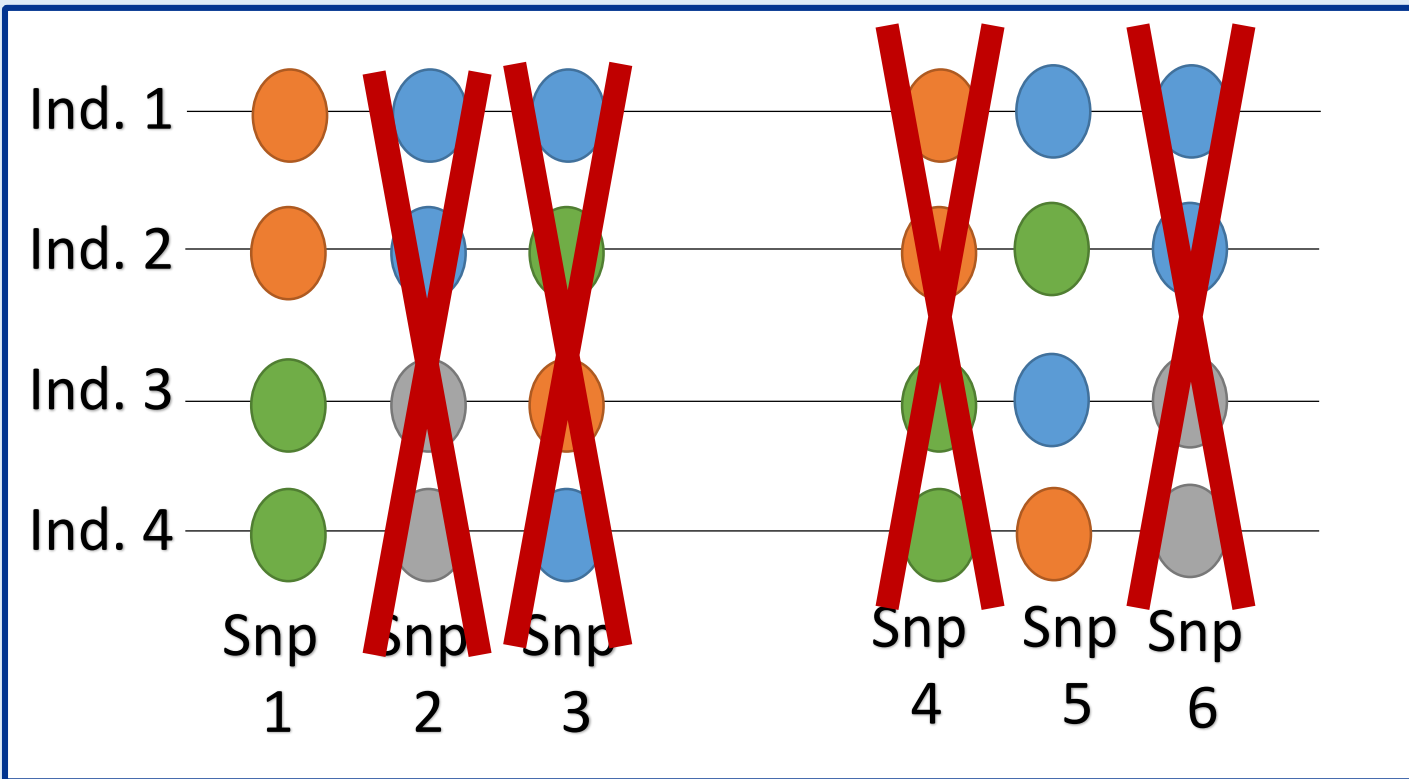
BLUP : -9% à -4%  
 GBLUP : -3% à +6%

**G9 + G10 (1068):**

BLUP : +1% à +3%  
 GBLUP : +7% à +11%

# Réduction du nombre de marqueurs

## ➤ Elimination des marqueurs les plus redondants

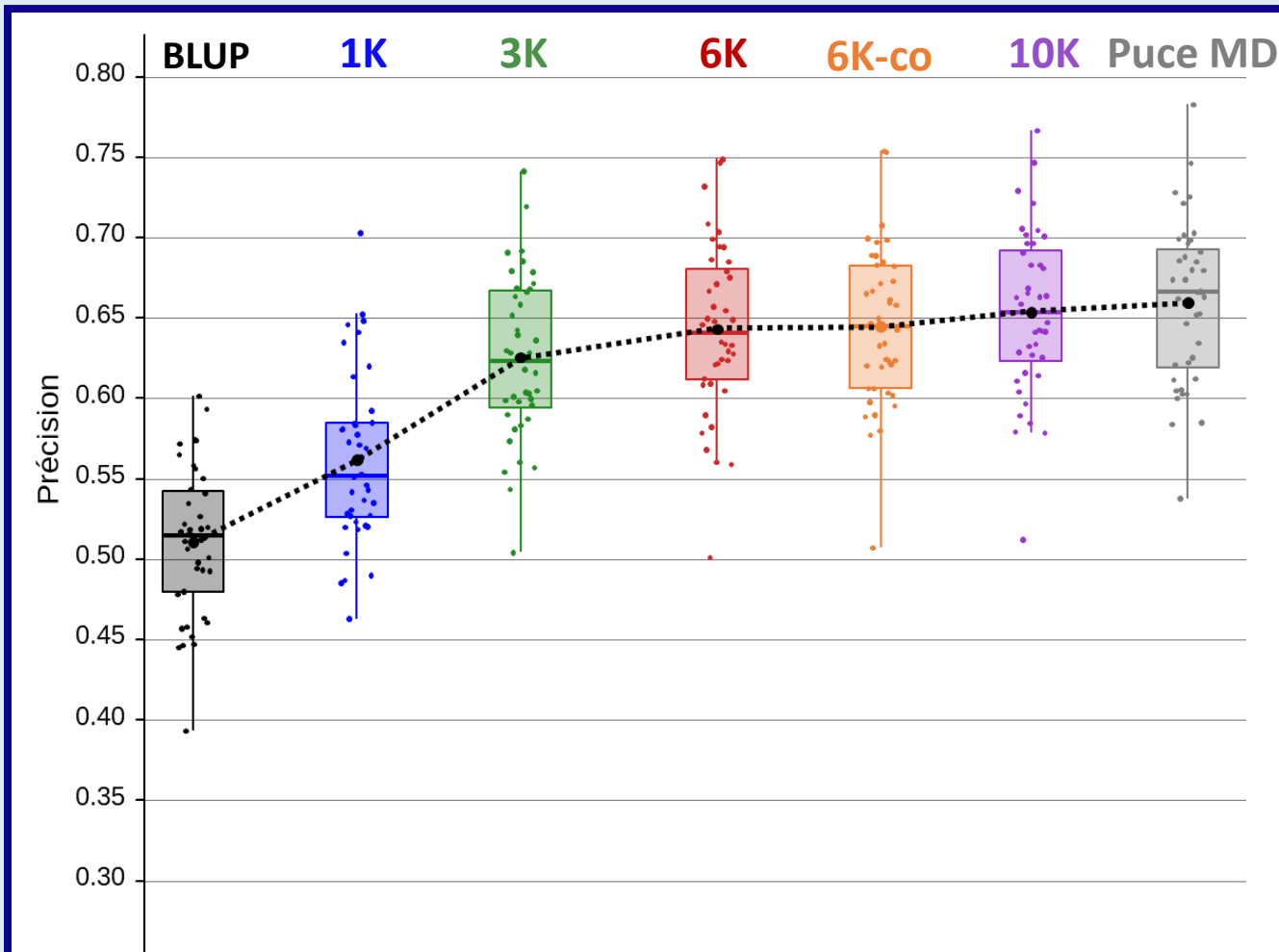


### Densité de SNPs :

- 1K : 1 000 SNPs
- 3K : 3 000 SNPs
- 6K : 6 000 SNPs
- 10K : 10 000 SNPs

# Précision avec des puces LD

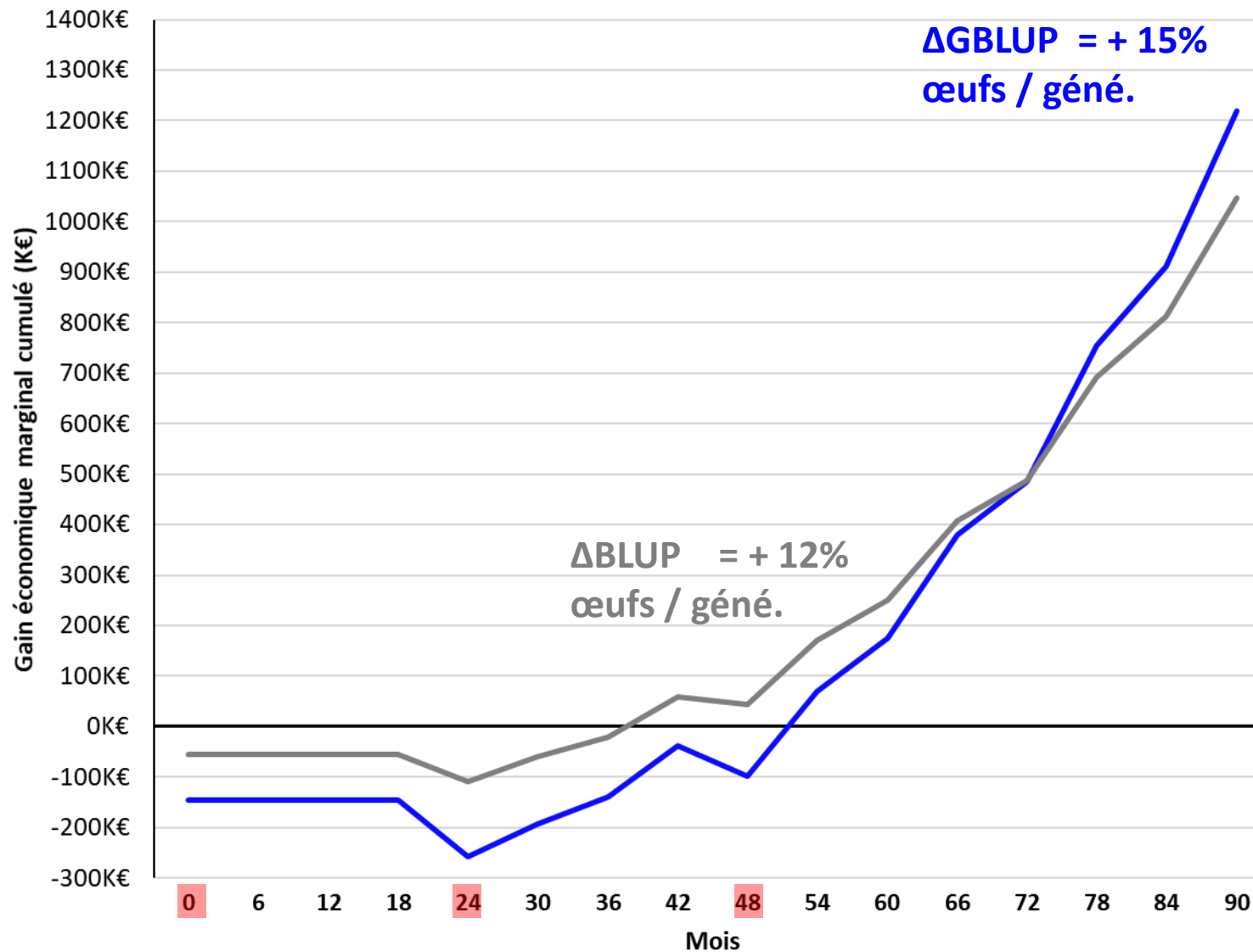
Poids éviscéré et étêté ajusté par le poids vif (génération I0)



**Gain de précision par rapport à une sélection sur pedigree d'une SG en fonction du nombre de marqueurs**

Puce	Gain de précision / BLUP
Puce MD	<b>12% à 32%</b>
Puce 10K	<b>10% à 29%</b>
Puce 6K	<b>7% à 27%</b>

# Simulation économique de l'intérêt de la sélection génomique



## Simulation sur 3 générations sur le nombre d'œufs :

Bénéfices :

- 20 000 femelles améliorées par génération

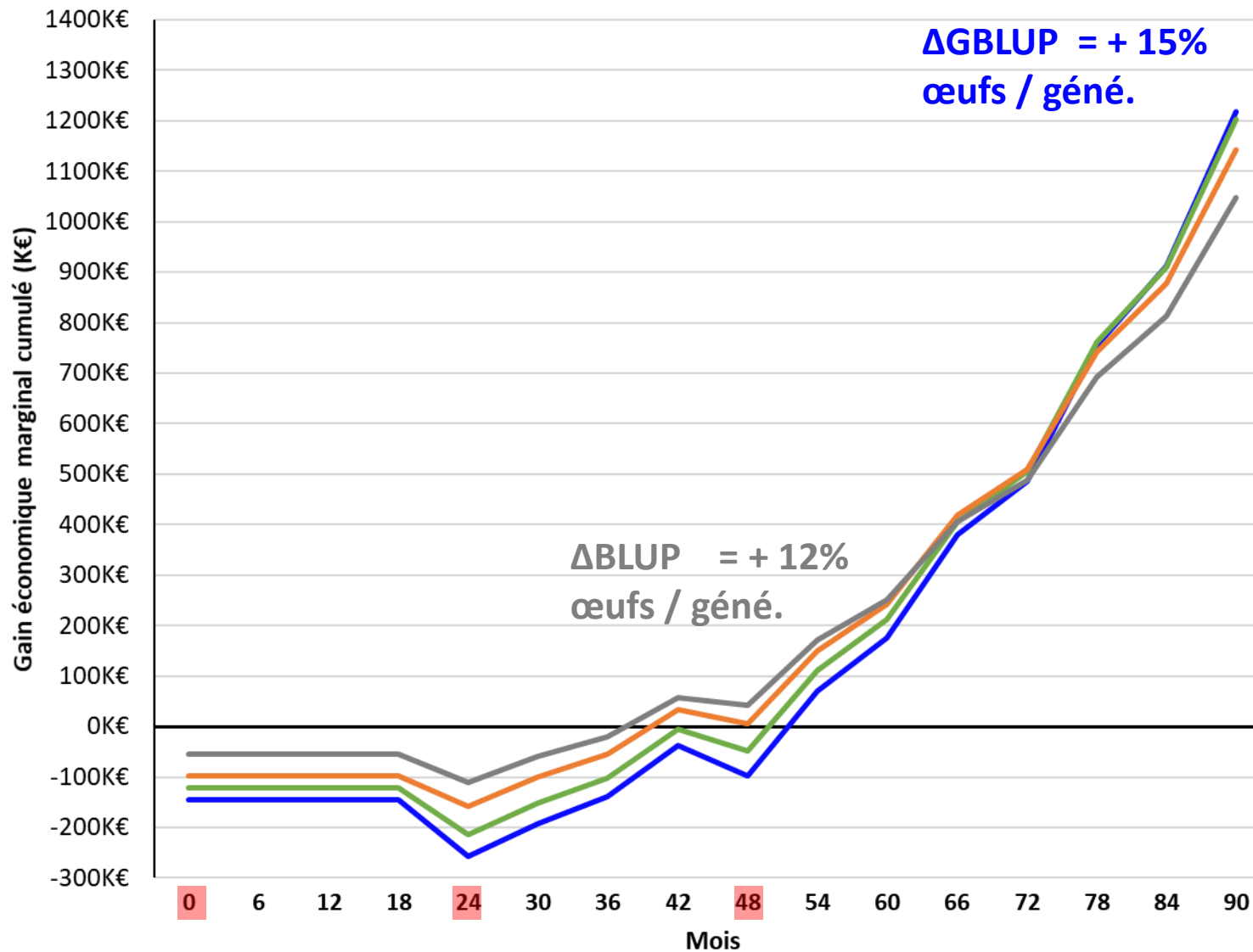
Coûts :

- Candidats à la sélection : génotypage  
2000 individus par génération
- Population de référence : génotypage + phénotypage  
1000 individus (population initiale)  
+500 individus (par génération)

Prix des génotypages :

<span style="color: blue;">—</span> MD - 40€	<span style="color: green;">—</span> LD 10K - 32€	<span style="color: orange;">—</span> LD 3K - 24€	<span style="color: grey;">—</span> BLUP - 10€
<span style="color: blue;">.....</span> MD - 20€	<span style="color: green;">.....</span> LD 10K - 16€	<span style="color: orange;">.....</span> LD 3K - 12€	<span style="color: grey;">.....</span> BLUP - 5€
100 %	80%	60%	25%

# Simulation économique de l'intérêt de la sélection génomique



## Simulation sur 3 générations sur le nombre d'œufs :

Bénéfices :

- 20 000 femelles améliorées par génération

Coûts :

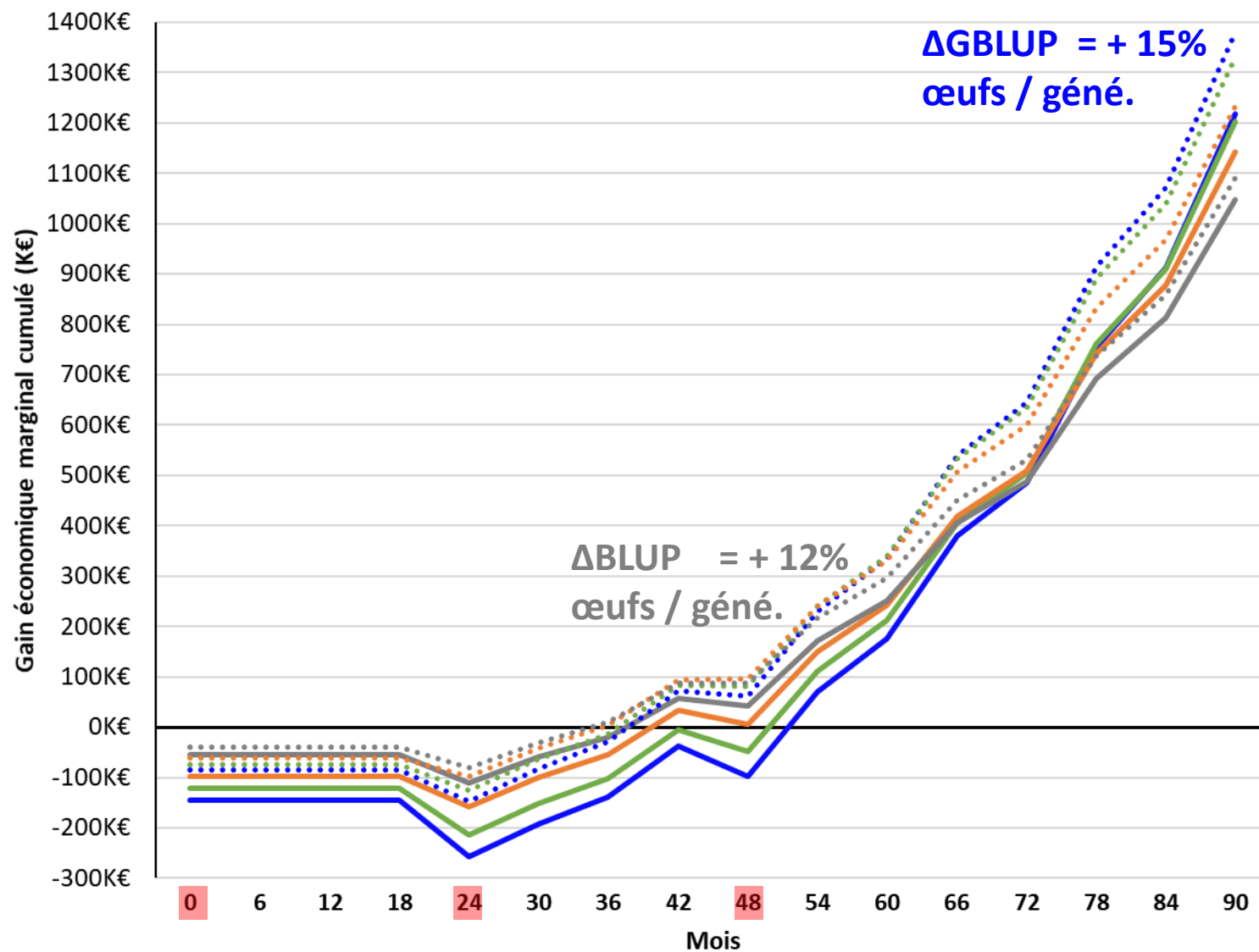
- Candidats à la sélection : génotypage  
2000 individus par génération
- Population de référence : génotypage + phénotypage  
1000 individus (population initiale)  
+500 individus (par génération)

Prix des génotypages :

— MD - 40€	— LD 10K - 32€	— LD 3K - 24€	— BLUP - 10€
•••• MD - 20€	•••• LD 10K - 16€	•••• LD 3K - 12€	•••• BLUP - 5€
100 %	80%	60%	25%



# Simulation économique de l'intérêt de la sélection génomique



## Simulation sur 3 générations sur le nombre d'œufs :

Bénéfices :

- 20 000 femelles améliorées par génération

Coûts :

- Candidats à la sélection : génotypage  
2000 individus par génération
- Population de référence : génotypage + phénotypage  
1000 individus (population initiale)  
+500 individus (par génération)

Prix des génotypages :

— MD - 40€	— LD 10K - 32€	— LD 3K - 24€	— BLUP - 10€
•••• MD - 20€	•••• LD 10K - 16€	•••• LD 3K - 12€	•••• BLUP - 5€
100 %	80%	60%	25%

## Conclusion

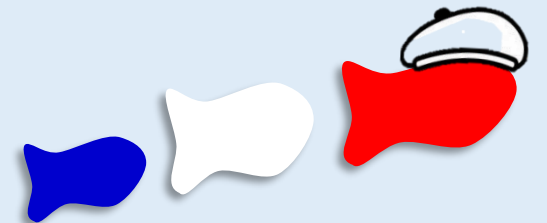
La SG est plus efficace qu'une sélection sur pedigree grâce à une meilleure précision de l'évaluation génétique : **12 à 32% de gain de précision**

L'accumulation des informations d'une génération à l'autre permet d'accroître l'efficacité de la sélection. La SG profite mieux de l'accumulation des données :

**+1 à 3% avec pedigree, +9 à 11% en génomique**

**Une puce de 6 000 à 10 000 SNPs** semble suffisante pour obtenir **la même précision** que la puce 57K pour l'ensemble des populations et caractères.

La sélection génomique semble plus rentable qu'une sélection sur pedigree à long terme



# Remerciement :

- INRA - GenAqua
- SYSAAF
- Entreprises de sélection : Aqualande, Viviers de Sarrance et Bretagne Truite

Merci pour votre attention !

## Financement :

- FEAMP (RFEA47 0016 FA 1000016) CIFRE (ANRT n° 2017/0239)
- ANR (n°2017/0239).

