



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.

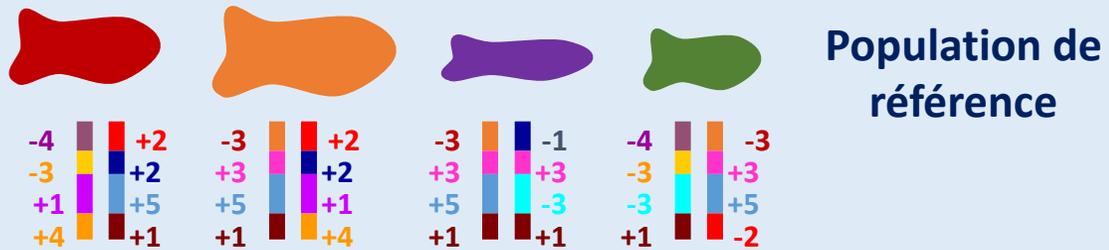
L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

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

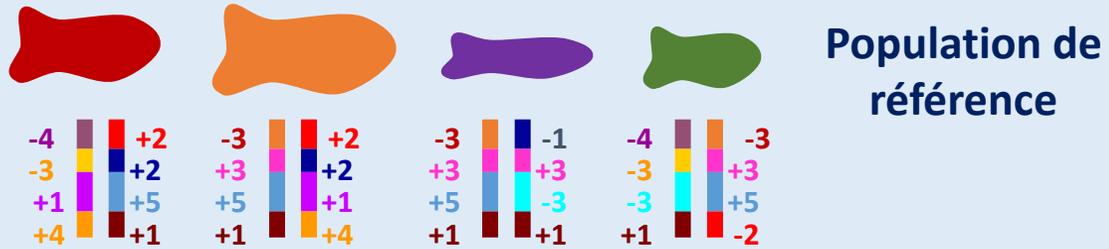


Introduction : sélection génomique



Sélection génomique

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

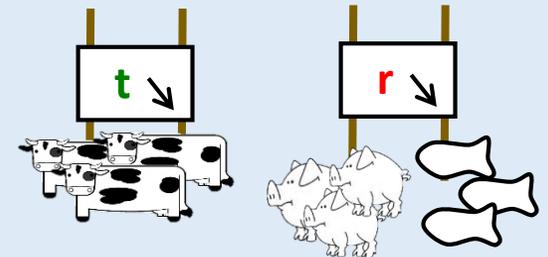


Etape 2 : Prédire la valeur génétique des candidats à la sélection génotypés avec la somme des effets estimés des marqueurs

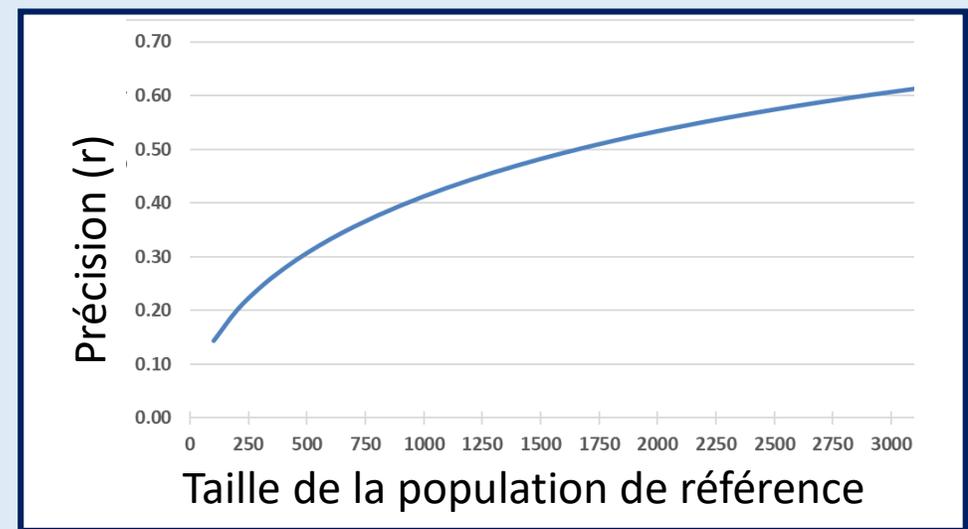


$$\Delta G = \frac{i r \sigma_a}{t}$$

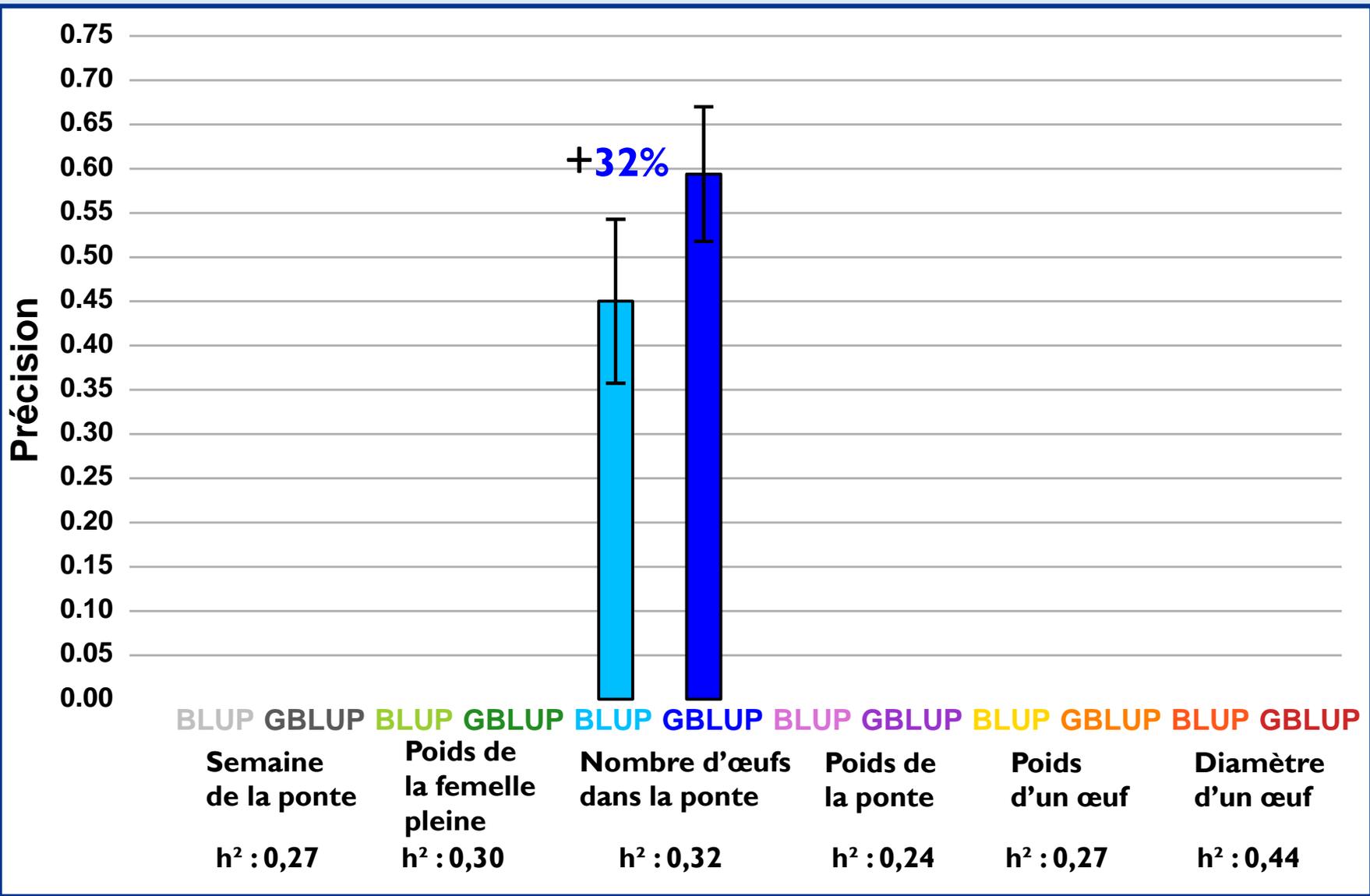
r : précision de la sélection
 i : intensité de sélection
 t : intervalle de génération



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

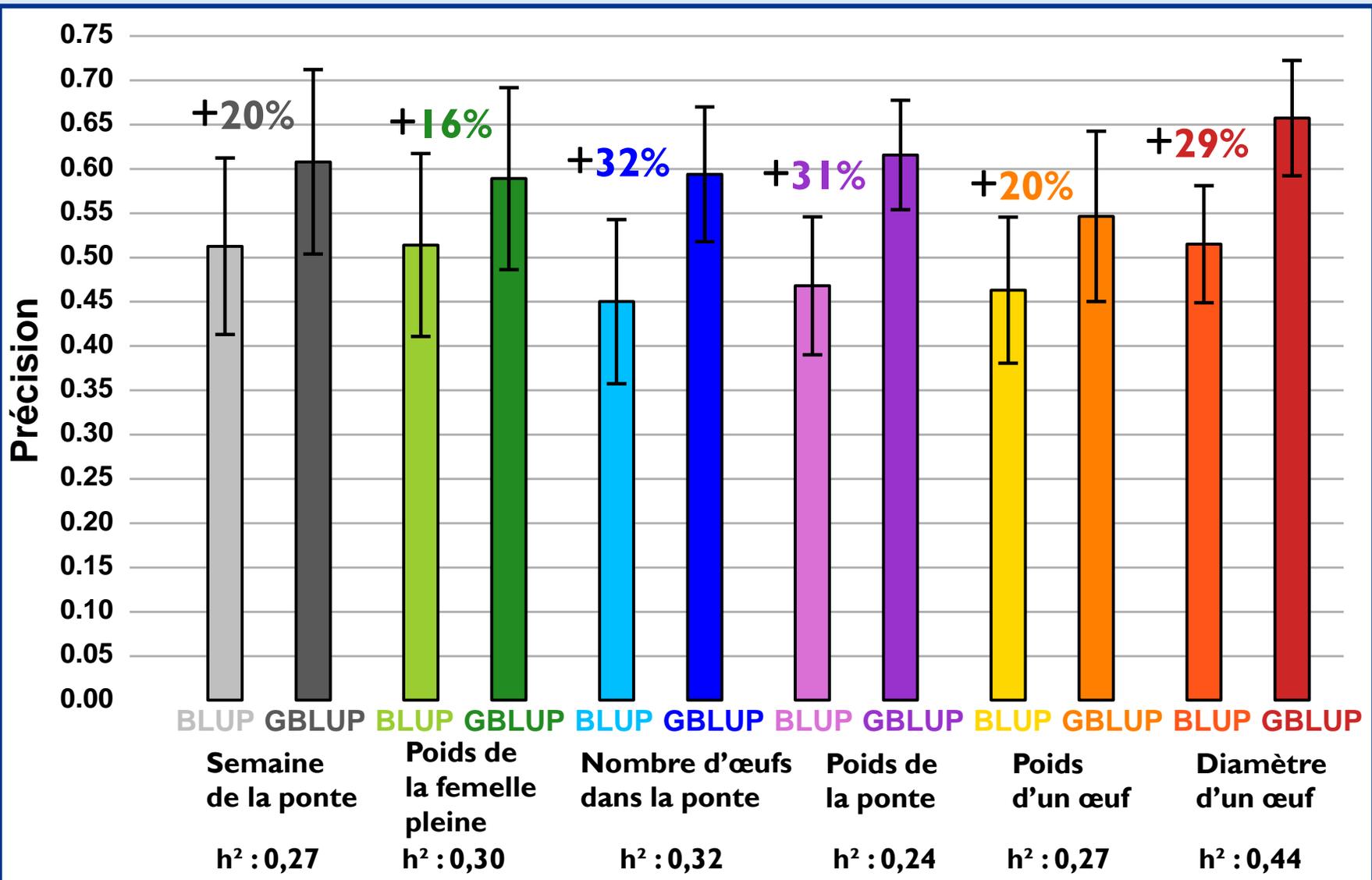
Précision :

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
Gain de précision	+29%	+32%	+13%

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

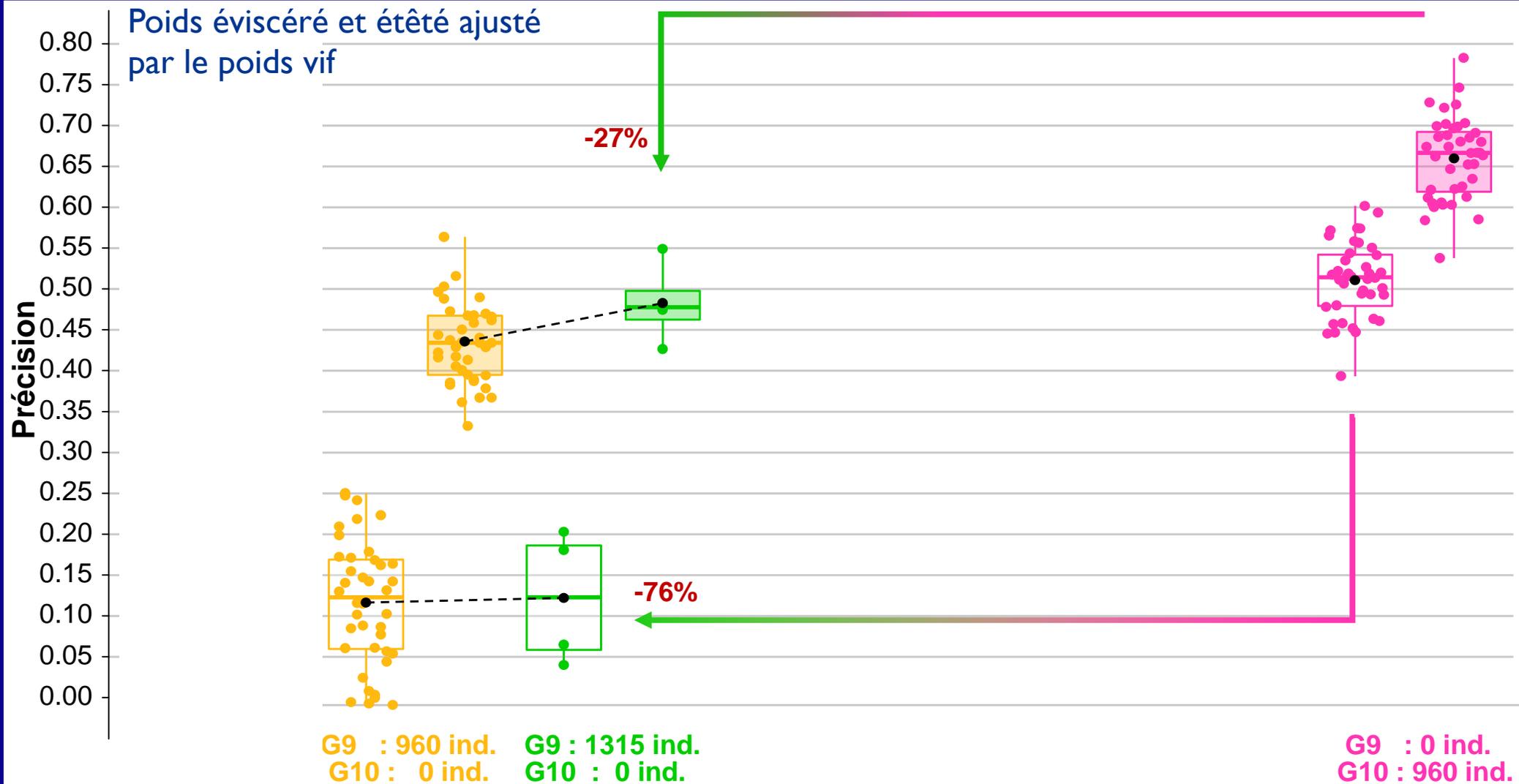
Réduction des coûts pour la sélection génomique :

- 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 ?

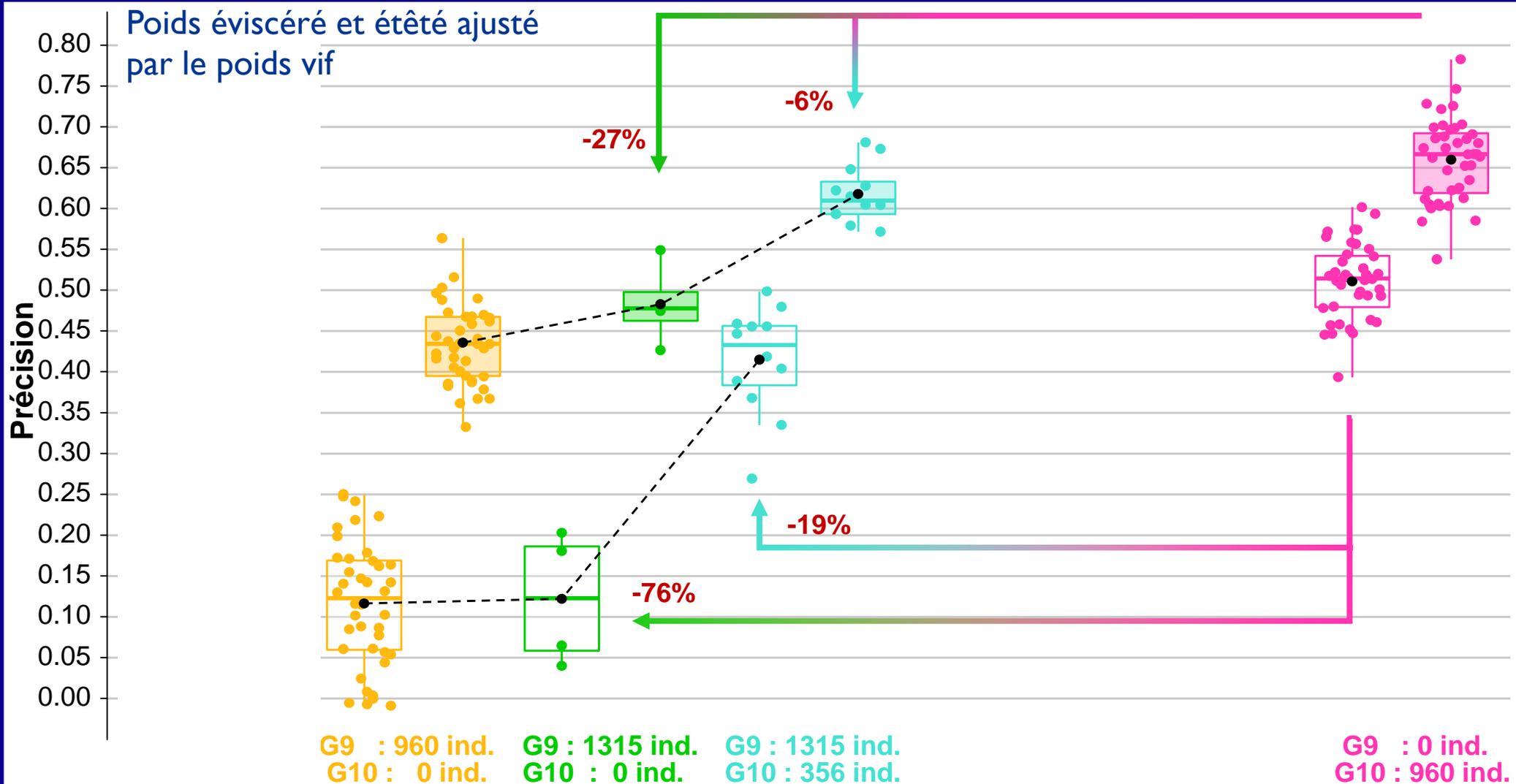


Prédire uniquement avec la génération antérieure ?



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

Combien d'individus à phénotyper et génotyper par génération ?



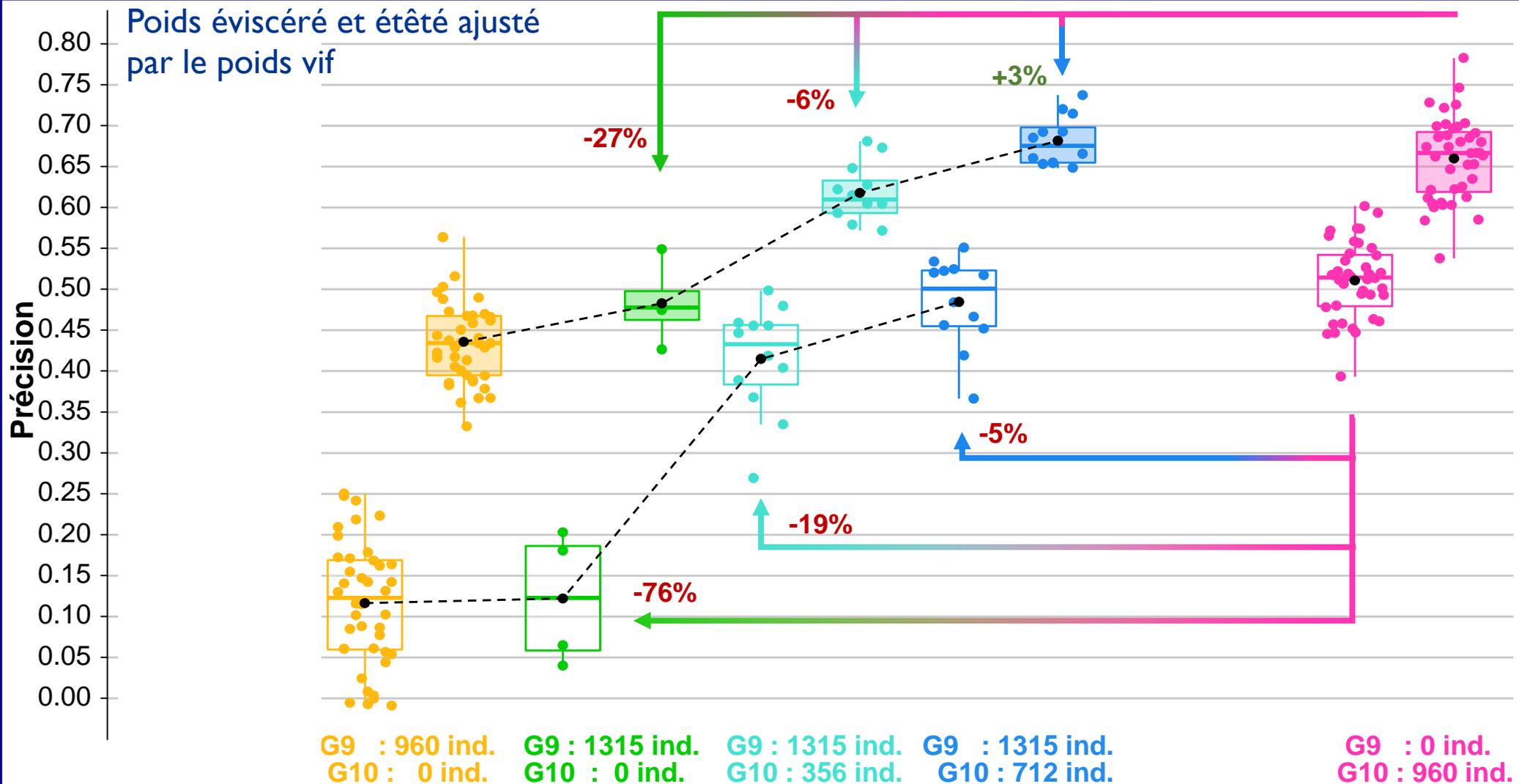
Entre génération :

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%

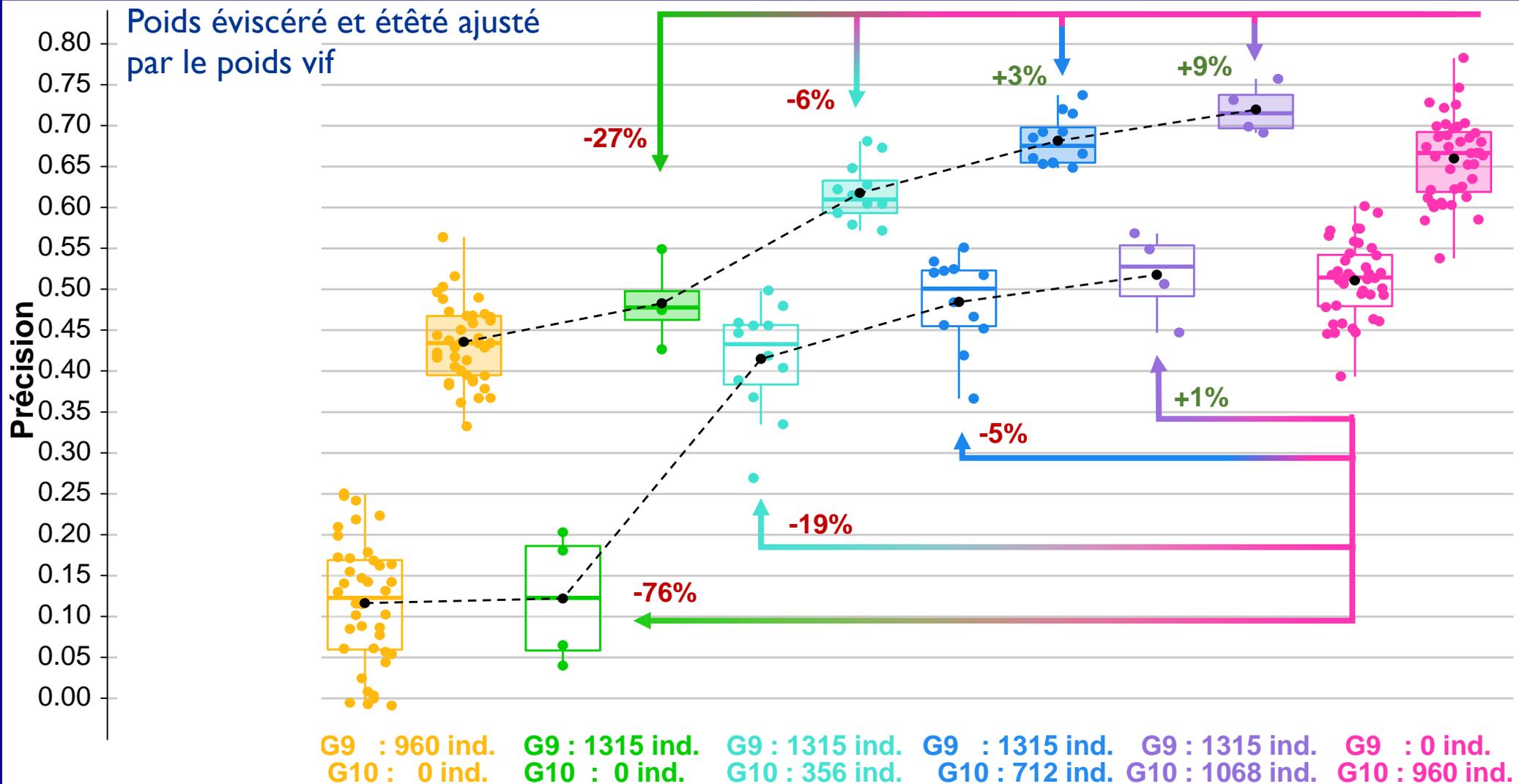
G9 + G10 (356):

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):

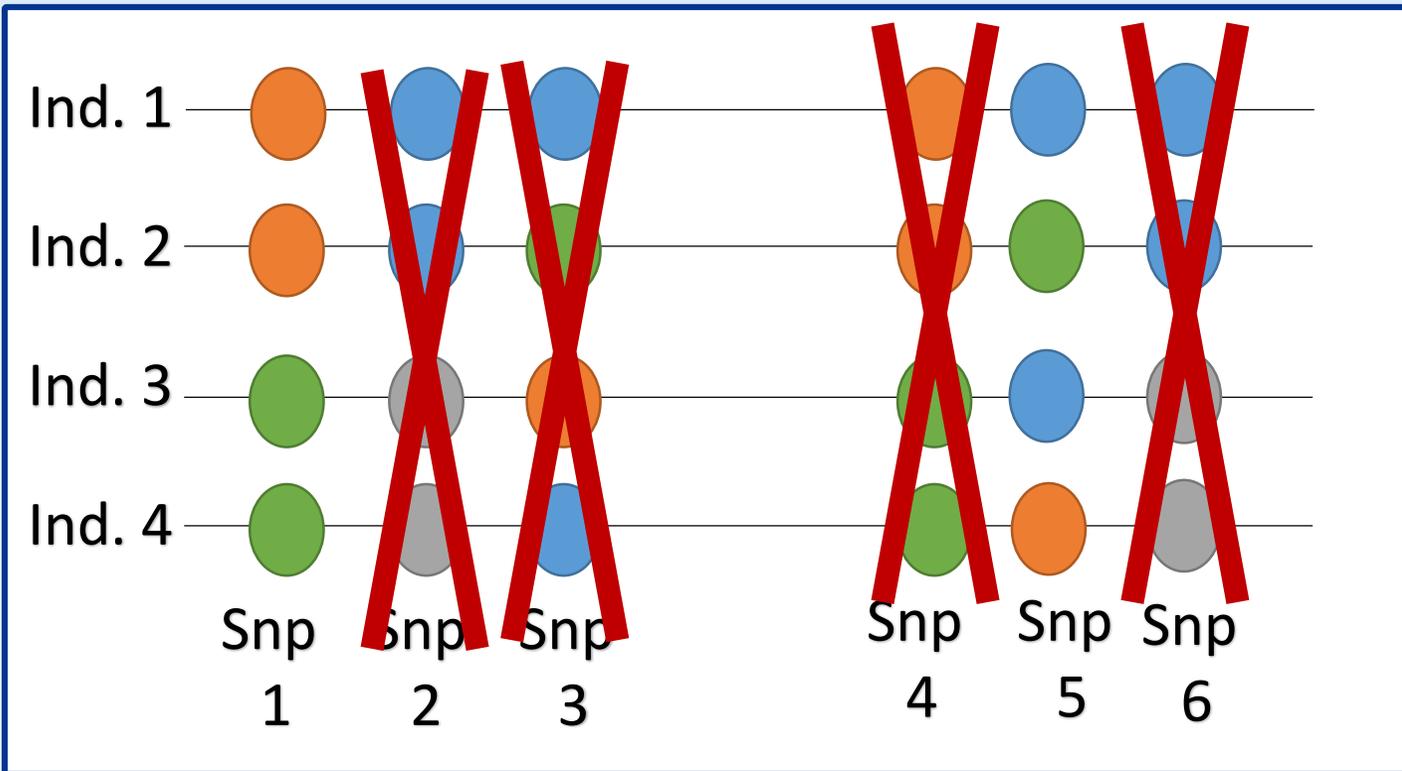
BLUP : -9% à -4%
 GBLUP : -3% à +6%

G9 + G10 (1068):

BLUP : +1% à +3%
 GBLUP : +7% à +11%

Réduction du nombre de marqueurs

➤ Elimination des marqueurs les plus redondants

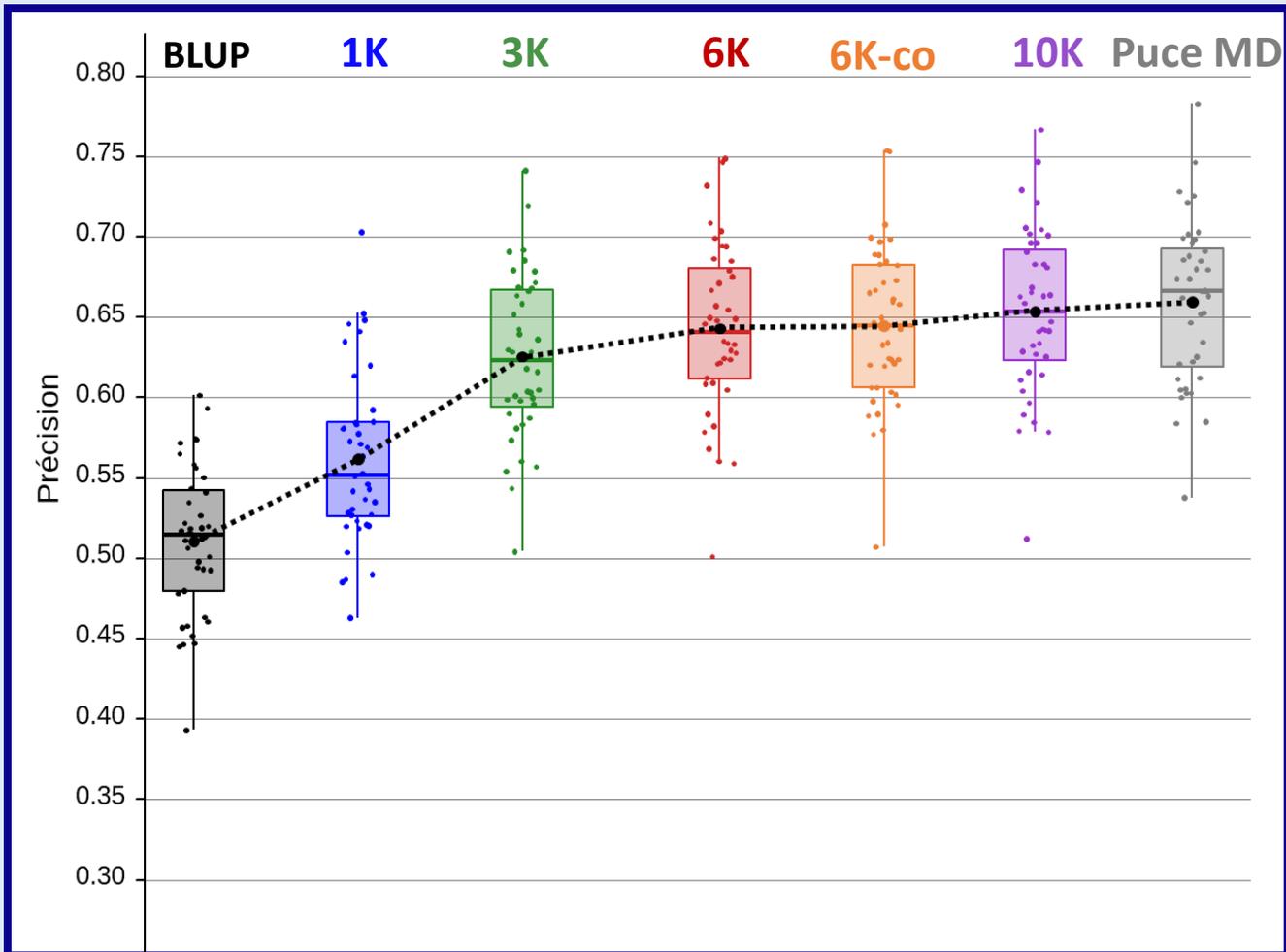


Densité de SNPs :

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

Précision avec des puces LD

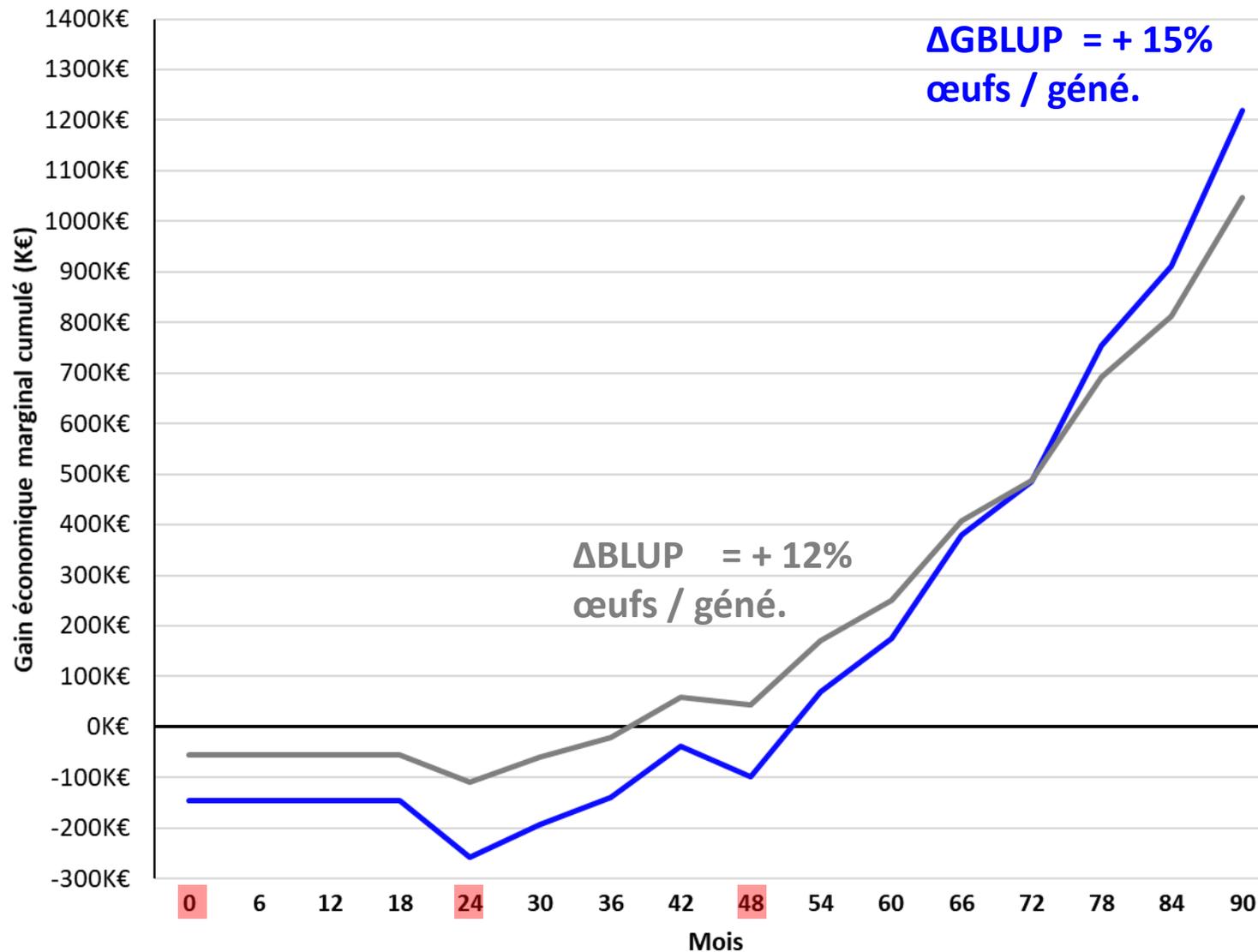
Poids éviscéré et étêté ajusté par le poids vif (génération I0)



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	12% à 32%
Puce 10K	10% à 29%
Puce 6K	7% à 27%

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

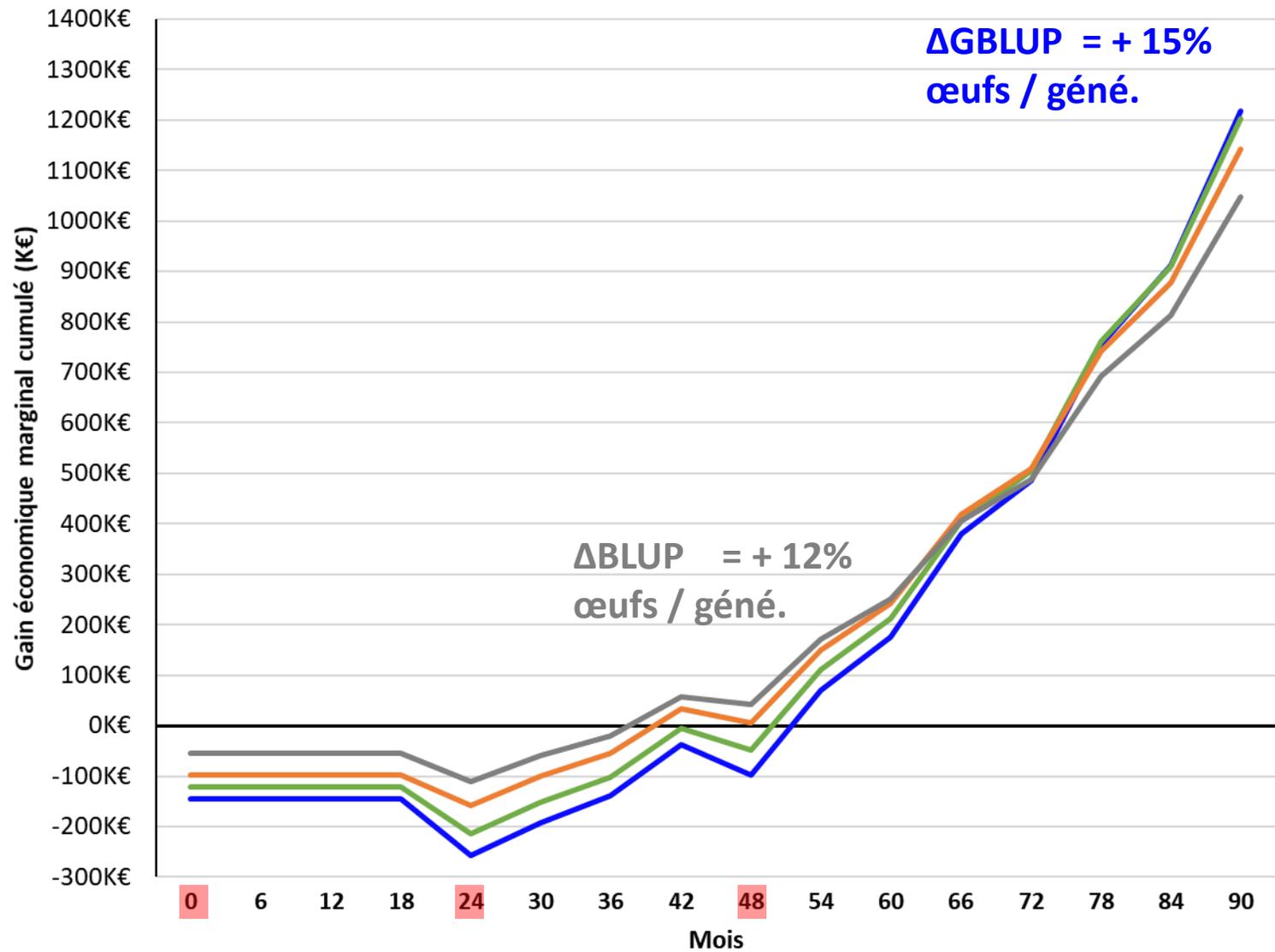
Coûts :

- 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

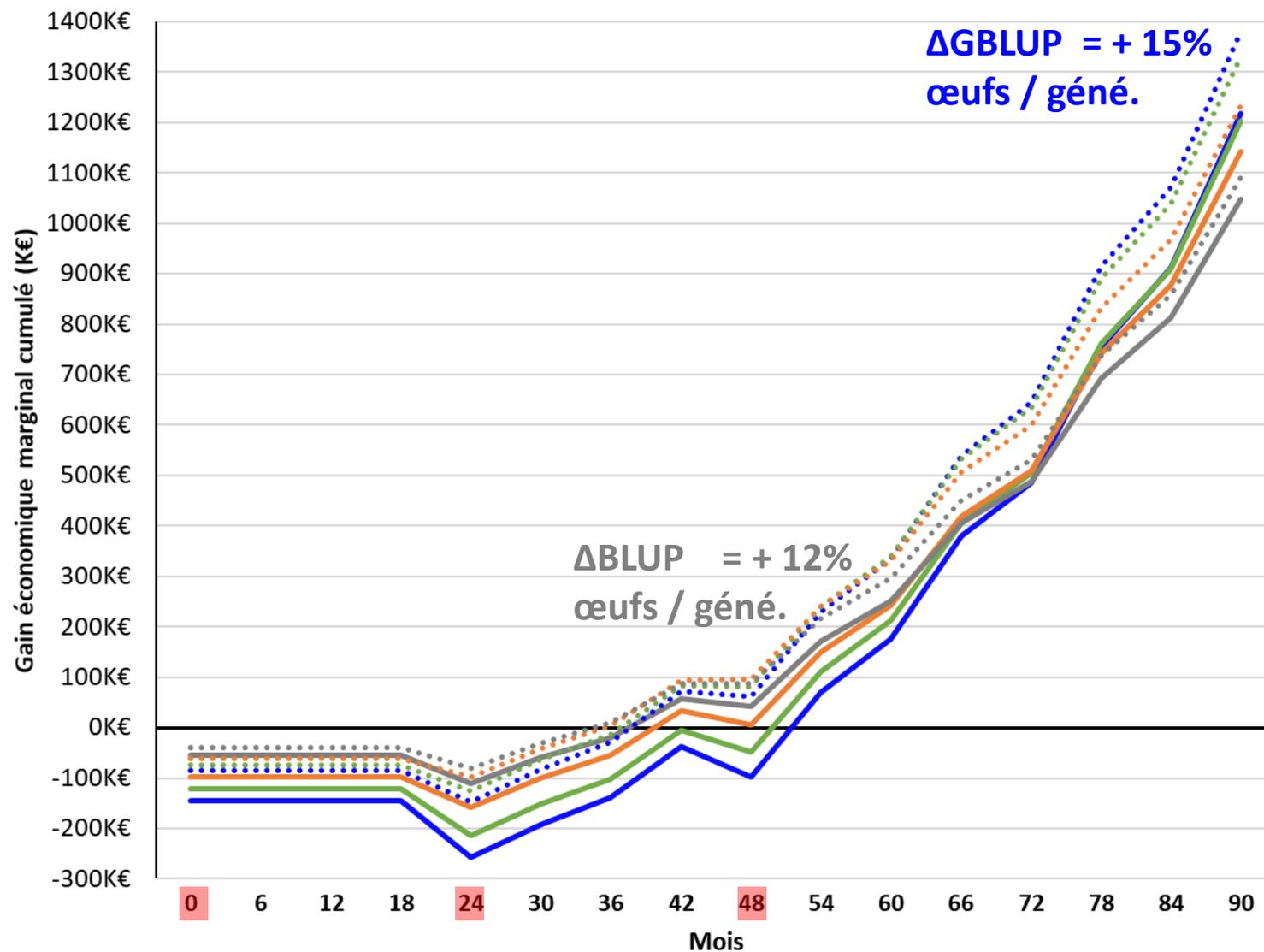
Coûts :

- 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%

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

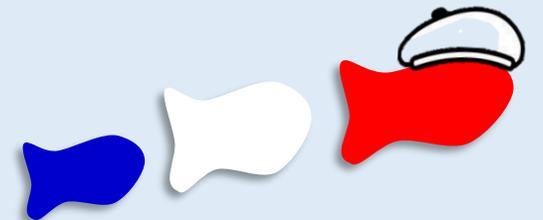
La SG est plus efficace qu'une sélection sur pedigree grâce à une meilleure précision de l'évaluation génétique : **12 à 32% de gain de précision**

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).

