

Diversité et traces de sélection dans des loci en lien avec la production et la qualité des oeufs.

Hérault F.¹, Philippe R.¹, Le Roy P.¹, Diot C.¹
¹ UMR PEGASE - INRAE - France

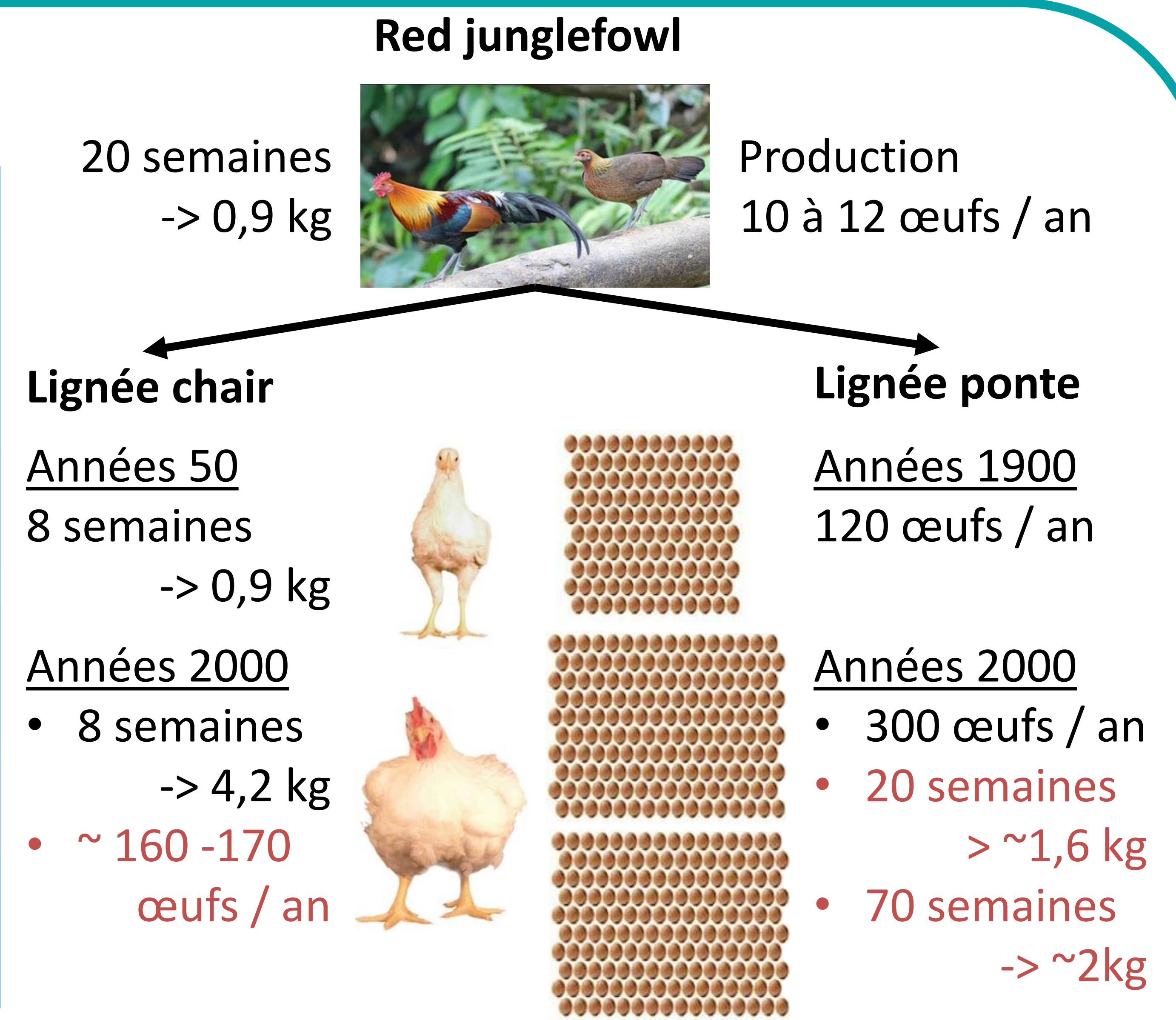
Contexte

L'optimisation économique des systèmes de productions animales a conduit à la création de filières spécialisées. Ainsi, chez la poule, les objectifs de production de viande ou d'oeuf ont conduit à la sélection de lignées spécifiques, axées soit sur la croissance musculaire (poulet de chair), soit sur la ponte (poule pondeuse).

Cette spécialisation a également conduit à des capacités reproductives faibles dans les lignées chair et à un faible développement musculaire dans les lignées ponte.

Ces spécificités ont abouti au développement de pratiques d'élevage allant à l'encontre du **bien être animal** :

- Restriction alimentaire des reproducteurs chair
- Élimination des poussins mâles en filières ponte



Résultats préliminaires

En s'appuyant sur les séquences du projet 1000 génomes Gallus, concernant des individus de types génétiques variés (sauvages, races locales, lignées commerciales chair ou ponte), ainsi que sur des données de séquençages ciblés (QTL, gènes candidats) réalisés sur 480 poules issues de 8 lignées de pondeuses (Rhode-Island et Leghorn), les travaux menés dans le cadre du projet CACAO, ont mis en évidence des régions possédant des haplotypes spécifiques de lignées.

Haplotype	Rhode-Island		Leghorn	
	Lignée A	Lignée B	Lignée A	Lignée B
0000	0,99	0,7		0,24
0100	0,01	0,1	1	0,71
0001		0,07		
0010				0,05
1001		0,13		

Exemple de fréquences haplotypiques spécifiques des lignées Rhode-Island ou Leghorn

Objectif

En nous appuyant sur des données de séquençage ou de génotypage haut débit disponibles dans les bases de données et provenant de différentes populations sélectionnées pour la ponte ou pour la chair, notre objectif est : i) d'identifier des régions du génome soumises à la sélection (analyses de fréquences haplotypiques ou de ROH) dans les deux types de lignée (chair / ponte), ii) d'identifier des haplotypes favorables pour ces deux types de production et, iii) en s'appuyant sur l'annotation des génomes et sur les bases de connaissances fonctionnelles, de les caractériser fonctionnellement.

L'utilisation de données provenant de plusieurs populations en sélection et la co-localisation des régions identifiées avec des gènes candidats ou des QTL connus pour les caractères de croissance ou de ponte devrait nous permettre de faire la différence entre sélection et dérive génétique.

L'identification de ces traces de sélection est un élément clé pour une meilleure compréhension des mécanismes biologiques sous-jacents ayant conduit à la spécialisation des lignées. Ces connaissances pourraient, à terme, faciliter le développement de lignées à double finalité.