



HAL
open science

Utilisation de la transmissibilité en sélection, utopie ou réalité?

Ingrid David, Laurianne Canario, Sylvie Combes, Julie Demars, Hervé Garreau, Hélène Gilbert, Catherine Larzul, Frédérique Pitel, Anne Ricard

► To cite this version:

Ingrid David, Laurianne Canario, Sylvie Combes, Julie Demars, Hervé Garreau, et al.. Utilisation de la transmissibilité en sélection, utopie ou réalité?. Journées scientifiques du département de génétique animale, INRAE, département GA, 2022, Bordeaux, France. hal-04574488

HAL Id: hal-04574488

<https://hal.inrae.fr/hal-04574488v1>

Submitted on 14 May 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.



➤ Utilisation de la transmissibilité en sélection Utopie ou réalité?

Ingrid David, Laurianne Canario, Sylvie Combes, Julie Demars, Hervé Garreau, Hélène Gilbert, Catherine Larzul, Frédérique Pitel, Anne Ricard

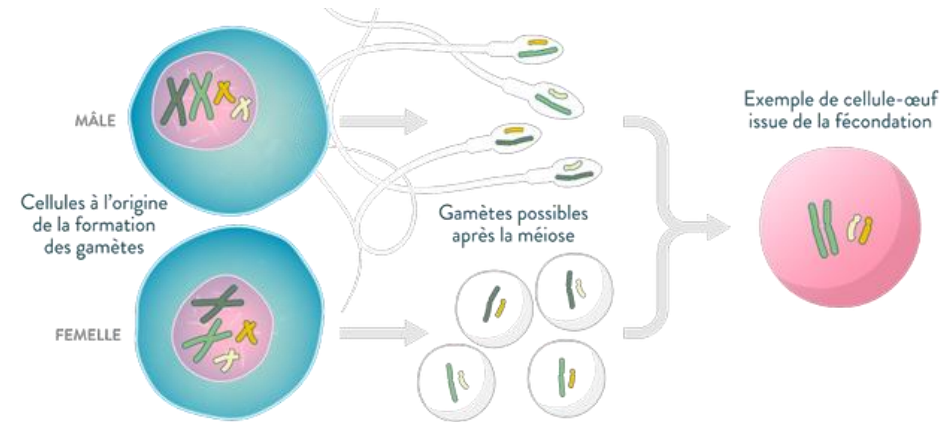
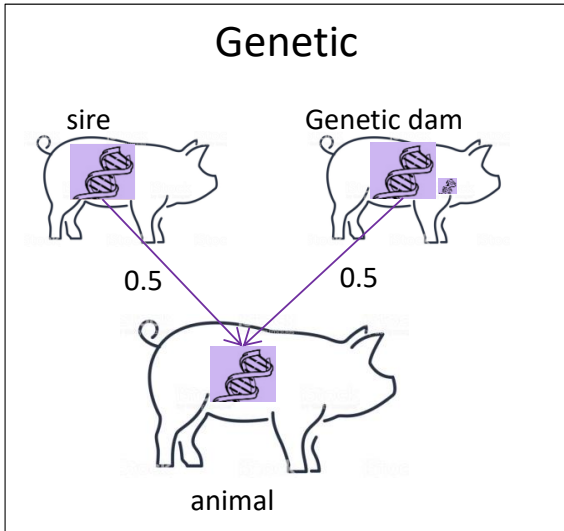
Une sélection des futurs reproducteurs sera efficace si et seulement si elle est réalisée sur une source d'information qui

- est transmise d'une génération à la suivante
- a un effet sur le phénotype

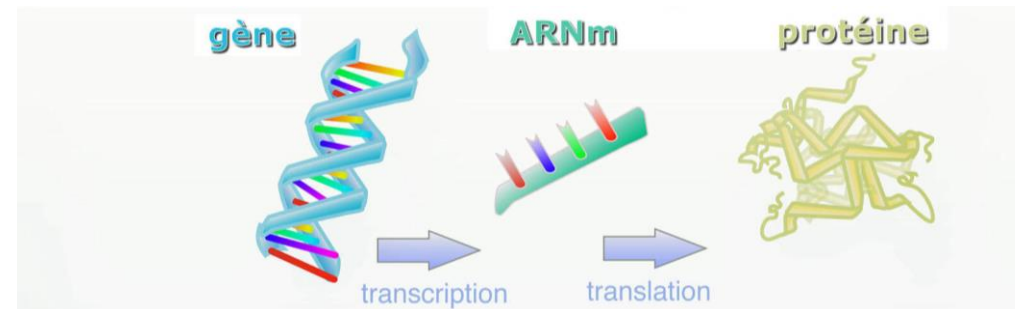
Mameli, Brit. J. Phil. Sci. 55 (2004)

➤ La transmission transgénérationnelle des caractères

➤ Transmission de l'information génétique au cours de la reproduction



➤ Effet sur le phénotype



➤ La transmission transgénérationnelle des caractères

D'autres sources d'information que la génétique se transmettent de génération en génération et sont des éléments clés de l'évolution et l'adaptation

The collage features several scientific publications and book covers:

- Journal of Animal Science and Biotechnology**: Epigenetics and transgenerational inheritance in domesticated farm animals. Darwin review. Author: J. Skinner.
- Cell**: Transgenerational Epigenetic Inheritance: Mechanisms. Volume 157, Issue 1, 27 March 2014, Pages 95-109.
- nature reviews genetics**: Beyond DNA: integrating inheritance and extended theory of evolution. Authors: Étienne Danchin, Anne Charmantier, and Jean Blanchet.
- Animal Behaviour**: Transgenerational effects of impaired maternal care on behaviour of offspring and grandoffspring. Volume 75, Issue 4, April 2008, Pages 1551-1561. Authors: J.P. Curley, F.A. Champagne, P. Bateson, and E.B. Keverne.
- Evolution in Four Dimensions**: Genetic, Epigenetic, Behavioral, and Symbolic Variation in the History of Life. Authors: Eva Jablonka and Marion J. Lamb.
- Report**: Models of multifactorial inheritance: I, multivariate formulations and basic convergence results. Elsevier.
- ANNALS OF HUMAN BIOLOGY**: Models for cultural inheritance: a general linear model. 1975, VOL. 2, NO. 3, 215-226. Authors: Marcus W. Feldman and L. L. Cavalli-Sforza.
- APA PsycNet**: Acquisition of innovative cultural behaviors in nonhuman primates: A case study of stone handling, a socially transmitted behavior in Japanese macaques. Author: Michael A. Huffman.
- Journal of Theoretical Biology**: Importance of cultural inheritance. Author: J. Peedicayil.
- Medical Hypotheses**: Environmental effects of inherited... Authors: Benoit Pujol and Simon.

➤ La transmission transgénérationnelle des caractères

➤ Transmission verticale

OPEN ACCESS Freely available online



Investigations on Transgenerational Epigenetic Response Down the Male Line in F2 Pigs

Martin Braunschweig^{1*}, Vidhya Jagannathan¹, Andreas Gutzwiller², Giuseppe Bee²

Brun et al. *BMC Genetics* (2015) 16:145
DOI 10.1186/s12863-015-0303-z

RESEARCH ARTICLE

BMC Genetics
Open Access



Influence of grand-mother diet on offspring performances through the male line in Muscovy duck

Jean-Michel Brun^{1,2,3}, Marie-Dominique Bernadet⁴, Alexis Cornuez⁴, Sophie Leroux^{1,2,3}, Loys Bodin^{1,2,3}, Benjamin Basso^{1,2,3,8,9}, Stéphane Davail⁵, Mathilde Jaglin⁵, Michel Lessire⁶, Xavier Martin⁴, Nadine Sellier⁷, Mireille Morisson^{1,2,3} and Frédérique Pitel^{1,2,3*}

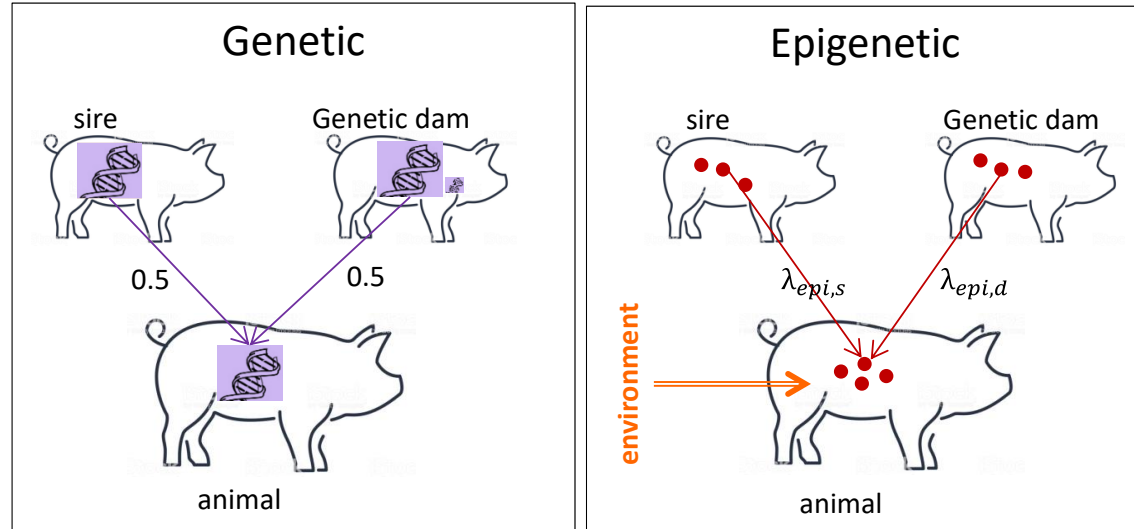
Leroux et al. *Genet Sel Evol* (2017) 49:14
DOI 10.1186/s12711-017-0292-7

RESEARCH ARTICLE

Open Access

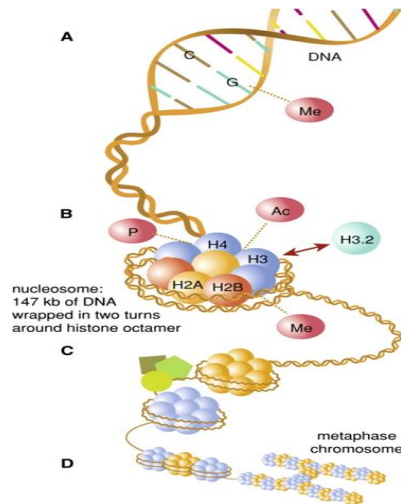
Embryonic environment and transgenerational effects in quail

Sophie Leroux¹, David Gourichon², Christine Leterrier^{3,4,5,6}, Yann Labrune¹, Vincent Coustham⁷, Sandrine Rivière², Tatiana Zerjal⁸, Jean-Luc Coville⁸, Mireille Morisson¹, Francis Minville⁸ and Frédérique Pitel^{1*}



➤ Effet sur le phénotype

DNA methylation
Histone modifications
Non-coding RNAs



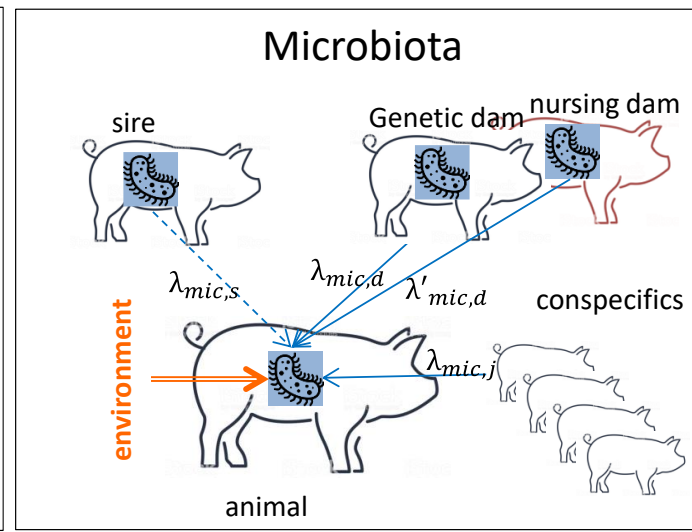
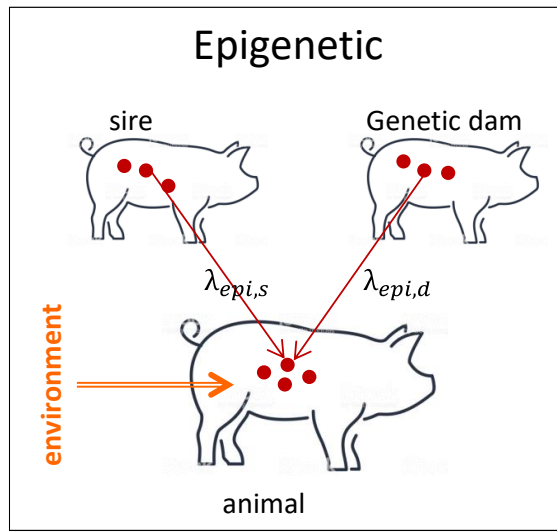
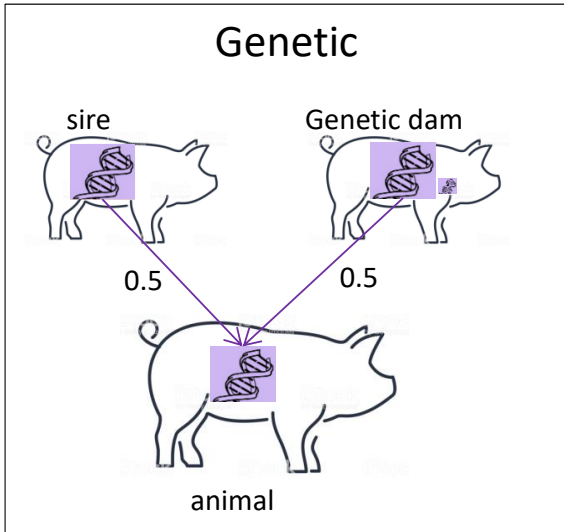
Denk and McMahon (2012) *Neuron*, 73: 435-444



Journées Scientifiques Département Génétique animale 2022

La transmissibilité / David

➤ La transmission transgénérationnelle des caractères



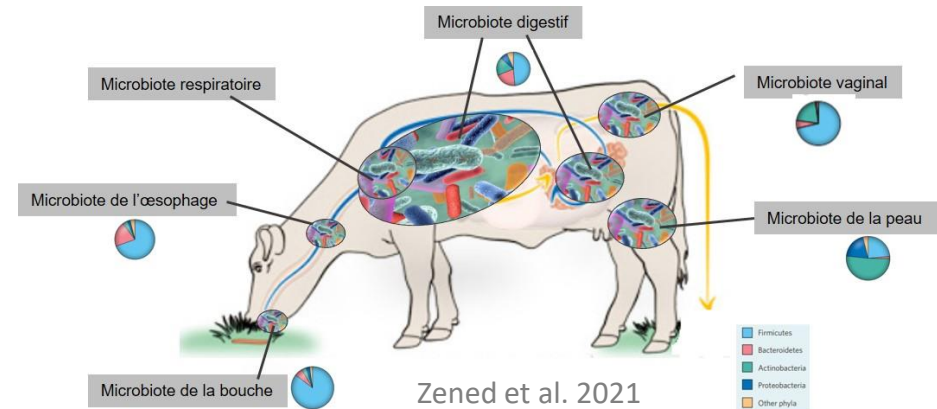
➤ Effet sur le phénotype

Santé
Efficacité alimentaire
CH₄
...

➤ Transmission verticale



Sylvie Combes



Zened et al. 2021

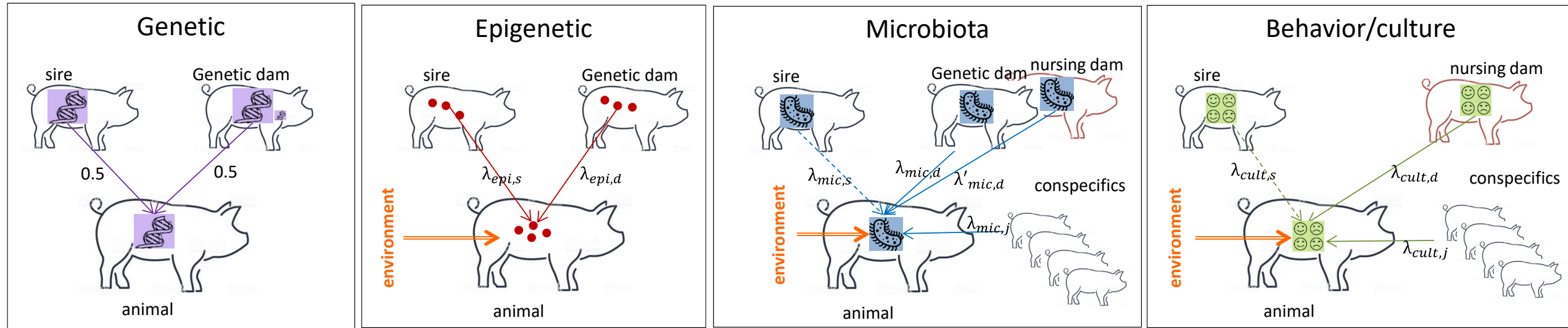


INRAE

➤ La transmission transgénérationnelle des caractères

Transmission via un support physique

Transmission par apprentissage



Nongenomic Transmission Across Generations of Maternal Behavior and Stress Responses in the Rat

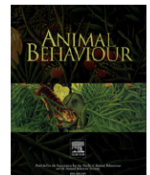
Darlene Francis, Josie Diorio, Dong Liu, Michael J. Meaney*



Contents lists available at ScienceDirect

Animal Behaviour

journal homepage: www.elsevier.com/locate/anbehav



Transmission of self-medicative behaviour from mother to offspring in sheep

Udita Sanga, Frederick D. Provenza, Juan J. Villalba*



Of browse, goats, and men: Contribution to the debate on animal traditions and cultures

S.Y. Landau^{a,*}, F.D. Provenza^b



INRAE

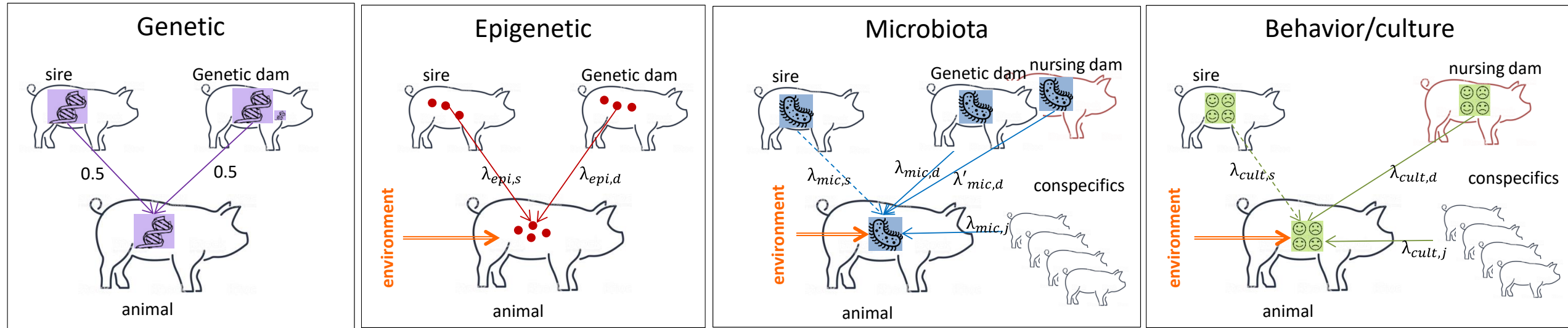
Journées Scientifiques Département Génétique animale 2022

La transmissibilité / David

➤ La transmission transgénérationnelle des caractères

Transmission via un support physique

Transmission par apprentissage



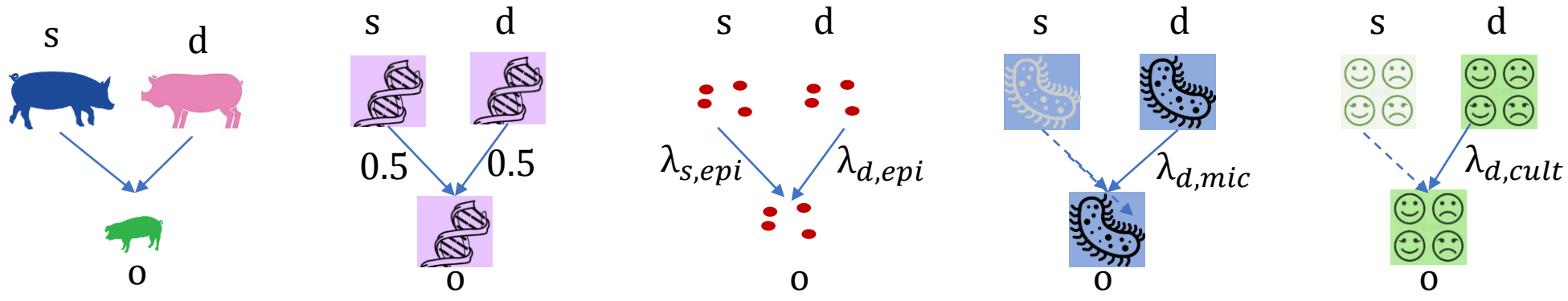
Genetic inheritance

Non-genetic inheritance

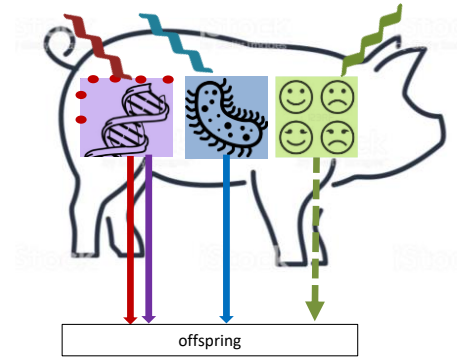
Inclusive inheritance



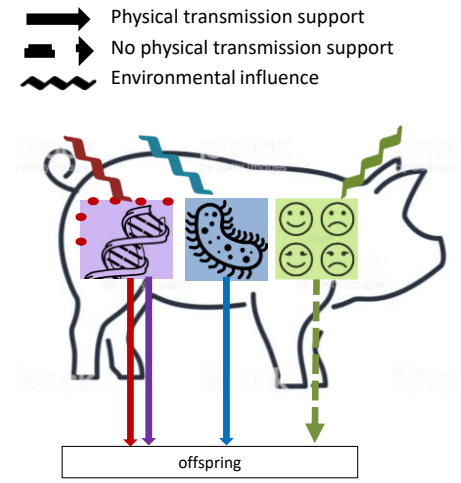
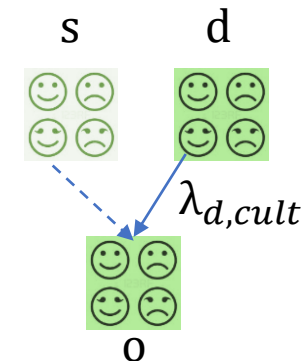
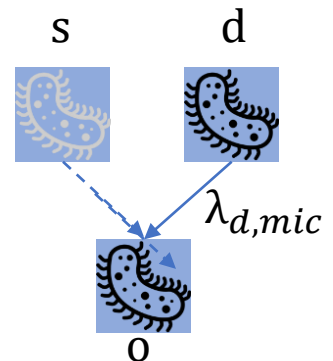
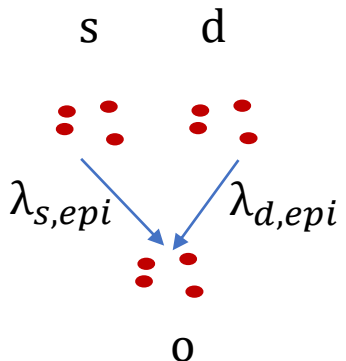
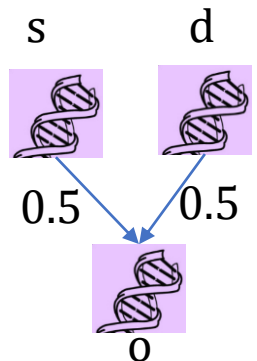
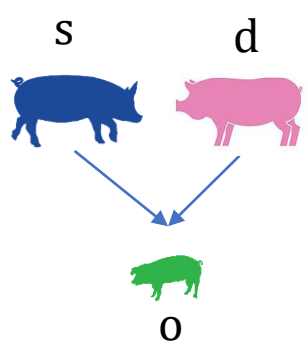
➤ Modéliser la transmission verticale des caractères



- ➡ Physical transmission support
- ➡ No physical transmission support
- ⚡ Environmental influence



➤ Modéliser la transmission verticale des caractères



Matrices de transmissibilité

$$\mathbf{A}$$

Modèle mixte




$$\sigma_u^2, \sigma_\varepsilon^2$$

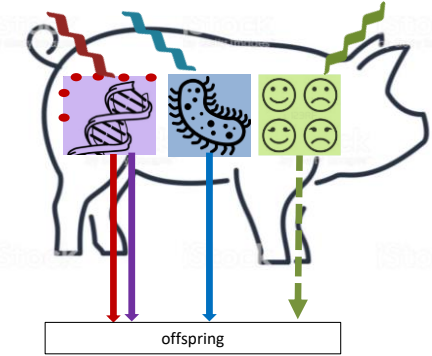
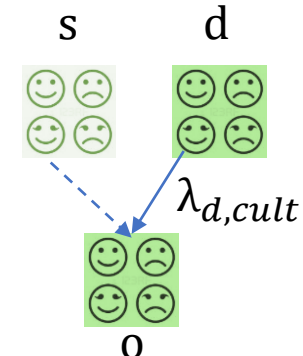
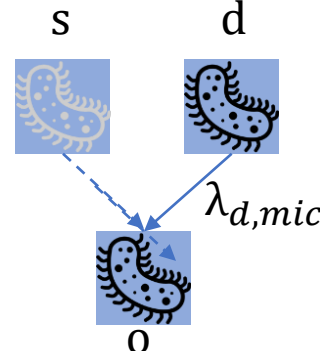
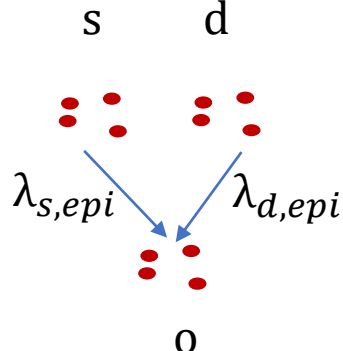
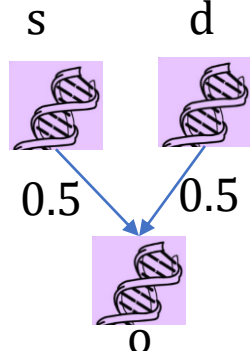
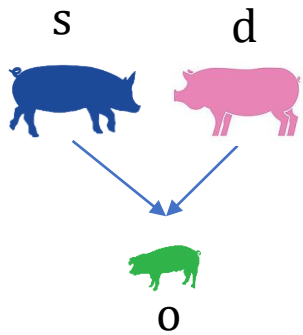
$$h^2$$



INRAE

➤ Modéliser la transmission verticale des caractères

-  Physical transmission support
-  No physical transmission support
-  Environmental influence



Matrices de transmissibilité

A

Modèle mixte

$$\sigma_u^2, \sigma_\varepsilon^2$$

$$h^2$$

Les coefficients de transmission verticale des effets non-génétiques ne sont pas connus

Pas estimables en pratique sans information supplémentaire sur les effets non-génétiques

Le modèle de transmissibilité

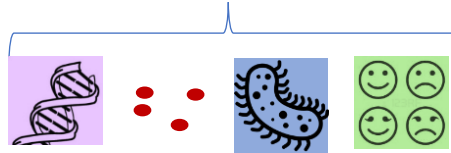


➤ Le modèle de transmissibilité

- ✓ Prédire un potentiel transmissible global t :

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{t} + \mathbf{e}$$

$$\mathbf{t} \sim MVN(0, \mathbf{B}_t \sigma_t^2)$$



Modèle de transmission: $t_o = \gamma_s t_s + \gamma_d t_d + \varepsilon_{o,t}$, $\varepsilon_{o,t} \sim N(0, (1 - \gamma_s^2 - \gamma_d^2) \sigma_t^2)$

avec $0 \leq \gamma_s \leq 1$, $0 \leq \gamma_d \leq 1$, $0 \leq \gamma_d + \gamma_s \leq 1$

Coefficients de transmission flexibles (γ_s, γ_d)

Estimation des paramètres avec ASReml et notre programme Fortran disponible en ligne

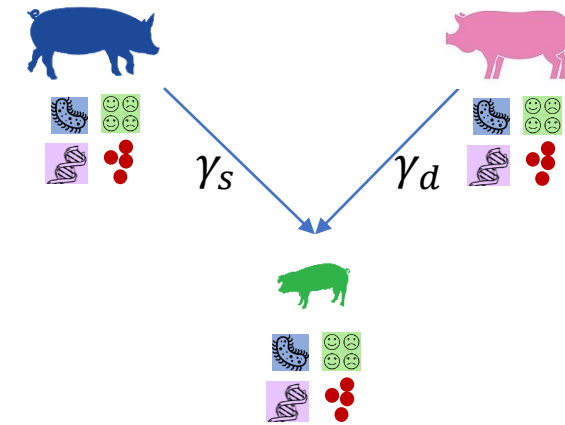
David 2018 <https://doi.org/10.5281/zenodo.1487869>

➤ Validation du modèle de transmissibilité

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{t} + \mathbf{e} \quad \mathbf{t} \sim MVN(0, \mathbf{B}_t \sigma_t^2)$$

➤ Les paramètres sont identifiables en pratique dans la plupart des situations

- Par étude de la Profile likelihood



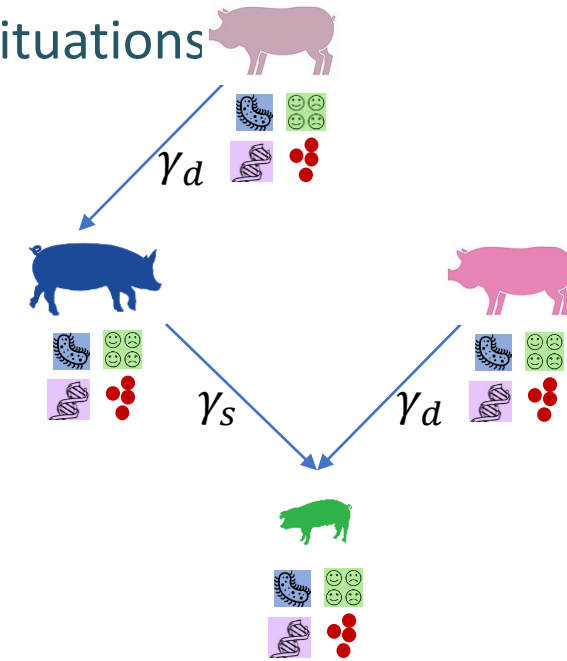
$$t_o = \gamma_s t_s + \gamma_d t_d + \varepsilon_{o,t}$$

➤ Validation du modèle de transmissibilité

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{t} + \mathbf{e} \quad t \sim MVN(0, \mathbf{B}_t \sigma_t^2)$$

➤ Les paramètres sont identifiables en pratique dans la plupart des situations

- Par étude de la Profile likelihood



$$t_o = \gamma_s t_s + \gamma_d t_d + \varepsilon_{o,t}$$

➤ Validation du modèle de transmissibilité

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{t} + \mathbf{e} \quad t \sim MVN(0, \mathbf{B}_t \sigma_t^2)$$

➤ Les paramètres sont identifiables en pratique dans la plupart des situations

- Par étude de la Profile likelihood

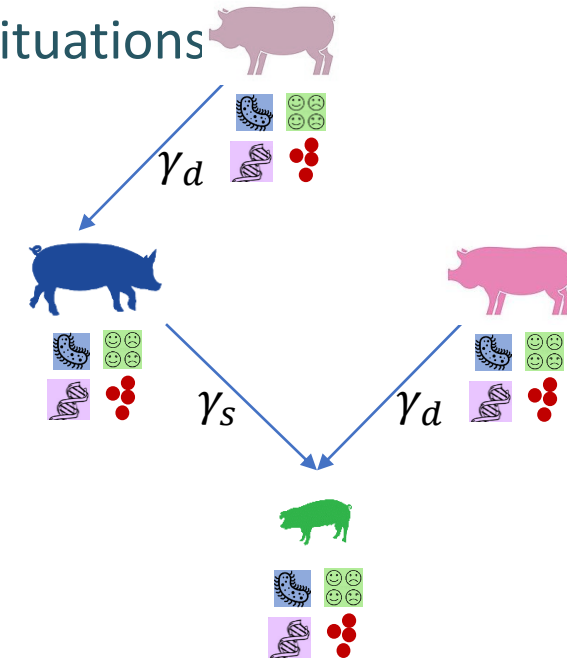
$$\widehat{\gamma}_s, \widehat{\gamma}_d, \widehat{\sigma}_t^2, \widehat{\sigma}_e^2 \quad \text{BLUP: } t$$

$$\text{Part de variance transmissible } \tau^2 = \frac{\sigma_t^2}{\sigma_t^2 + \sigma_e^2}$$

$$\text{Transmissibilité père : } \gamma_s \tau^2$$

$$\text{Transmissibilité mère : } \gamma_d \tau^2$$

$$\text{Réponse à la sélection: } R = S_m \gamma_s \tau^2 + S_f \gamma_d \tau^2$$



$$t_o = \gamma_s t_s + \gamma_d t_d + \varepsilon_{o,t}$$

➤ Validation du modèle de transmissibilité

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{t} + \mathbf{e} \quad \mathbf{t} \sim MVN(0, \mathbf{B}_t \sigma_t^2)$$

- Les paramètres sont identifiables en pratique dans la plupart des situations
 - Par étude de la Profile likelihood

- Le modèle de transmissibilité est puissant pour détecter de la transmission non-génétique
 - Utilisation du test du rapport de vraisemblance (Puissance augmente avec : la taille du pedigree, la proportion de variance transmise, la part relative des effets non-génétiques, la différence entre les coefficients de transmission père et mère)

Modèle animal \subset Modèle de transmissibilité

$$H_0: \gamma_s = \gamma_d = 0,5$$



➤ Validation du modèle de transmissibilité

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{t} + \mathbf{e} \quad t \sim MVN(0, \mathbf{B}_t \sigma_t^2)$$

- Les paramètres sont identifiables en pratique dans la plupart des situations
 - Par étude de la Profile likelihood
- Le modèle de transmissibilité est puissant pour détecter de la transmission non-génétique
 - Utilisation du test du rapport de vraisemblance (Puissance augmente avec : la taille du pedigree, la proportion de variance transmise, la part relative des effets non-génétiques, la différence entre les coefficients de transmission père et mère)
- Application sur les données réelles (RFI en porc Large White)
 $\hat{\gamma}_s = 0.39, \hat{\gamma}_d = 0.44$ ➔ des phénomènes autre que la génétique participent à la transmissibilité de la RFI (microbiote, épigénétique?)

➤ Validation du modèle de transmissibilité

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{t} + \mathbf{e} \quad \mathbf{t} \sim MVN(0, \mathbf{B}_t \sigma_t^2)$$

- Les paramètres sont identifiables en pratique dans la plupart des situations
 - Par étude de la Profile likelihood
- Le modèle de transmissibilité est puissant pour détecter de la transmission non-génétique
 - Utilisation du test du rapport de vraisemblance (Puissance augmente avec : la taille du pedigree, la proportion de variance transmise, la part relative des effets non-génétiques, la différence entre les coefficients de transmission père et mère)
- Application sur les données réelles (RFI en porc Large White)
 $\widehat{\gamma}_s = 0.39, \widehat{\gamma}_d = 0.44$ ➔ des phénomènes autre que la génétique participent à la transmissibilité de la RFI (microbiote, épigénétique?)

!!!Essayer le modèle de transmissibilité sur vos phénotypes !!!



➤ Validation du modèle de transmissibilité

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{t} + \mathbf{e} \quad \mathbf{t} \sim MVN(0, \mathbf{B}_t \sigma_t^2)$$

- Les paramètres sont identifiables en pratique dans la plupart des situations
 - Par étude de la Profile likelihood
- Le modèle de transmissibilité est puissant pour détecter de la transmission non-génétique
 - Utilisation du test du rapport de vraisemblance (Puissance augmente avec : la taille du pedigree, la proportion de variance transmise, la part relative des effets non-génétiques, la différence entre les coefficients de transmission père et mère)
- Application sur les données réelles (RFI en porc Large White)
 $\hat{\gamma}_s = 0.39, \hat{\gamma}_d = 0.44$ ➔ des phénomènes autre que la génétique participent à la transmissibilité de la RFI (microbiote, épigénétique?)

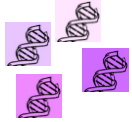
!!!Essayez le modèle de transmissibilité sur vos phénotypes !!!

SSD GA 2021-2025 « *L'intérêt du modèle de transmissibilité pour la prédiction des valeurs génétiques et la sélection, développé dans un cadre théorique, sera éprouvé sur données réelles* »



➤ Nouvelles informations => dissocier les différentes sources de transmission

Génotypage



GBS-Medip



16S, 18S



Vidéos, IA

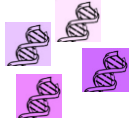


Matrices de similarité **B**



➤ Nouvelles informations => dissocier les différentes sources de transmission

Génotypage



GBS-Medip



16S, 18S



Vidéos, IA



Matrices de similarité **B**



Produit croisé : $\mathbf{B} = \mathbf{X}\mathbf{X}'/n$

➤ Nouvelles informations => dissocier les différentes sources de transmission

Génotypage



GBS-Medip



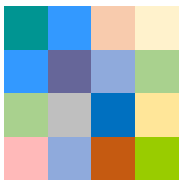
16S, 18S



Vidéos, IA



Matrices de similarité **B**

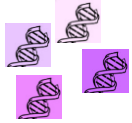


Produit croisé : $\mathbf{B} = \mathbf{X}\mathbf{X}'/n$

Modèle pour données de comptage → PLN model
digit-bio *behind the count'her*, Bertrand Servin

➤ Nouvelles informations => dissocier les différentes sources de transmission

Génotypage



GBS-Medip



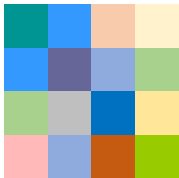
16S, 18S



Vidéos, IA



Matrices de similarité **B**



Modèle mixte

$$y = X\beta + u + \text{epi} + \text{mic} + \text{cult} + e$$

↓
Microbiability

$$\begin{aligned} u &\sim N(0, A\sigma_u^2) \\ \text{epi} &\sim N(0, B_{\text{epi}}\sigma_{\text{epi}}^2) \\ \text{mic} &\sim N(0, B_{\text{mic}}\sigma_{\text{mic}}^2) \\ \text{cult} &\sim N(0, B_{\text{cult}}\sigma_{\text{cult}}^2) \end{aligned}$$

➤ Nouvelles informations => dissocier les différentes sources de transmission

Génotypage



GBS-Medip



16S, 18S



Vidéos, IA



Matrices de similarité **B**



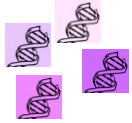
Modèle mixte

$$y = X\beta + u + \text{epi} + \text{mic} + \text{cult} + e$$

$$\begin{aligned} u &\sim N(0, A\sigma_u^2) \\ \text{epi} &\sim N(0, \mathbf{B}_{t,\text{epi}}\sigma_{\text{epi}}^2) \\ \text{mic} &\sim N(0, \mathbf{B}_{t,\text{mic}}\sigma_{\text{mic}}^2) \\ \text{cult} &\sim N(0, \mathbf{B}_{t,\text{cult}}\sigma_{\text{cult}}^2) \end{aligned}$$

➤ Nouvelles informations => dissocier les différentes sources de transmission

Génotypage



GBS-Medip



16S, 18S

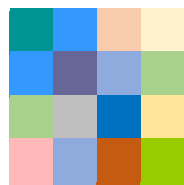


Vidéos, IA

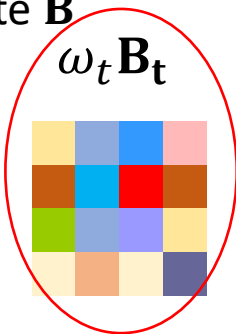


Matrices de similarité **B**

B =



=

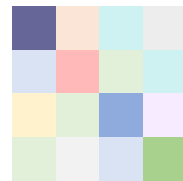


Matrice de transmissibilité

+

$\omega_e \mathbf{B}_e$

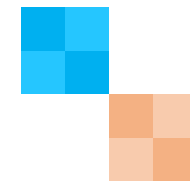
+



Variabilité autour de l'espérance

+

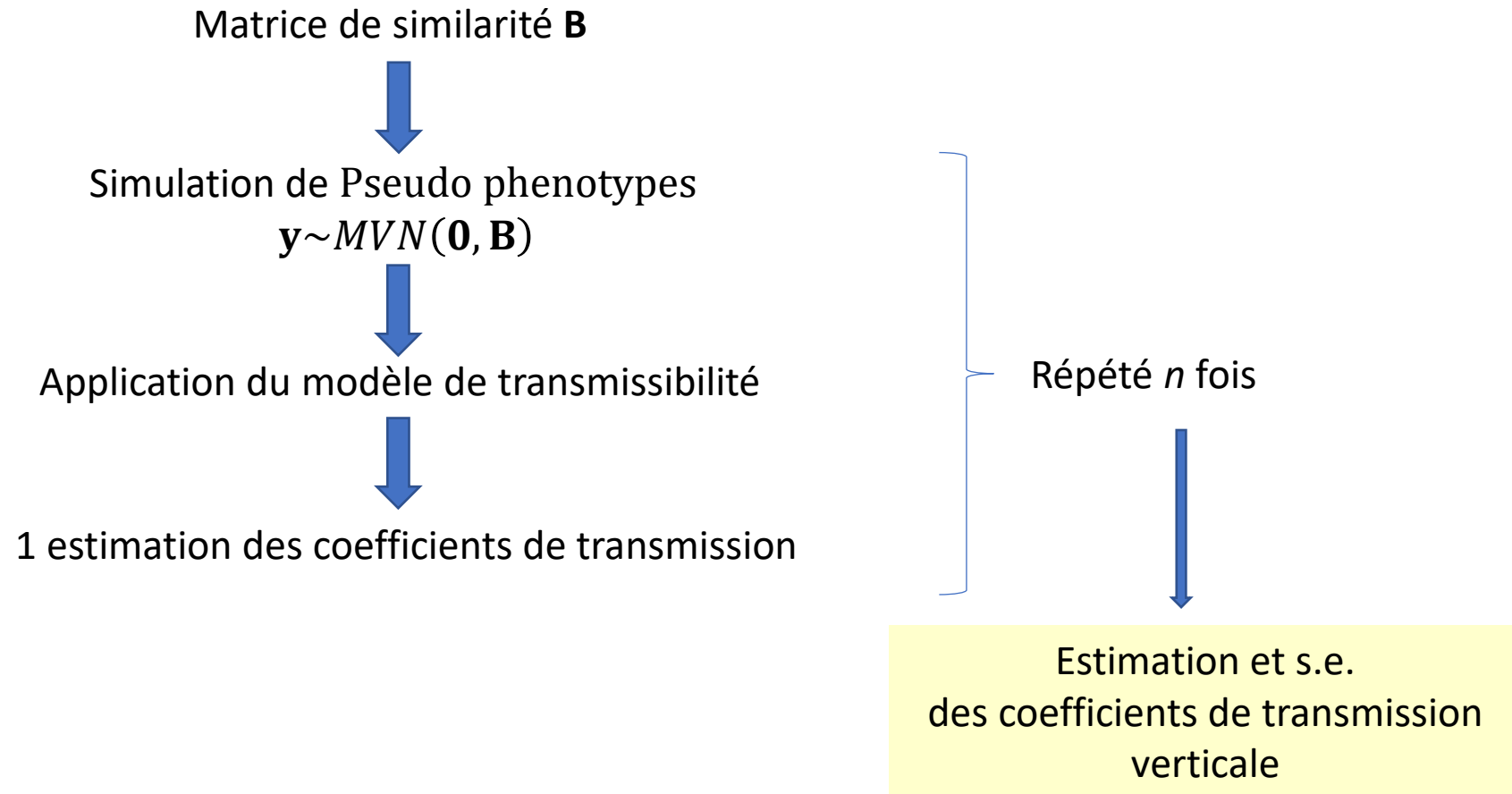
$\omega_E \mathbf{B}_E$



Environnement partagé

Comment estimer les coefficients de transmission à partir de la matrice de similarité ?

➤ Solution pour estimer les coefficients de transmission

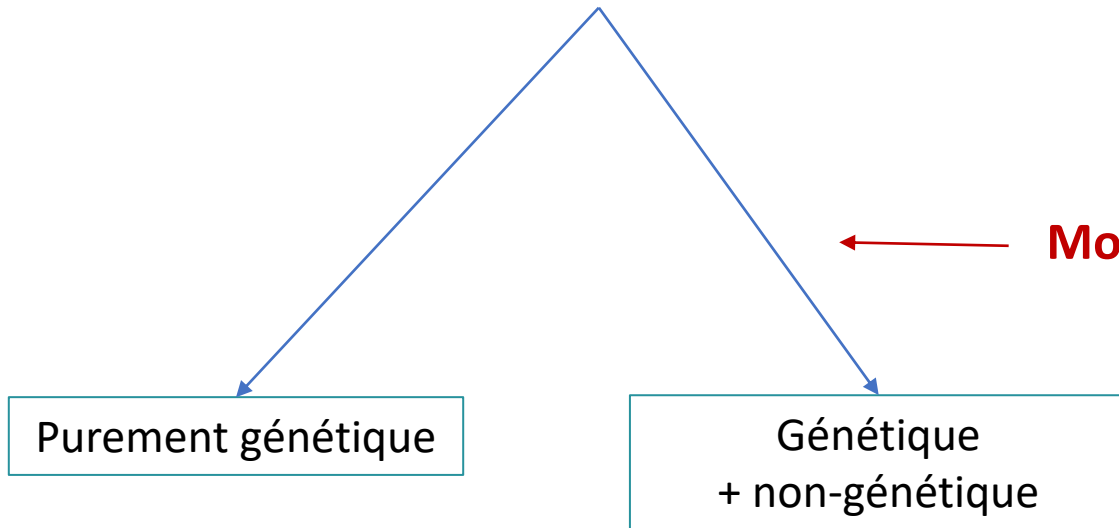


➤ Application

	Coefficients de transmission attendus		Coefficients de transmission estimés	
	Père	Mère	Père	Mère
B simulée	0.56	0.30	0.56 (0.04)	0.30 (0.03)
$\mathbf{B} = 0.5\mathbf{B}_t + 0.04\mathbf{I} + 0.5\mathbf{B}_E$	0.40	0.40	0.40 (0.03)	0.41 (0.03)
	0.25	0.50	0.26 (0.03)	0.50 (0.03)
Génomique	0.50	0.50	0.49 (0.03)	0.49 (0.03)
Microbiote	Père < Mère		0.34 (0.21)	0.48 (0.19)

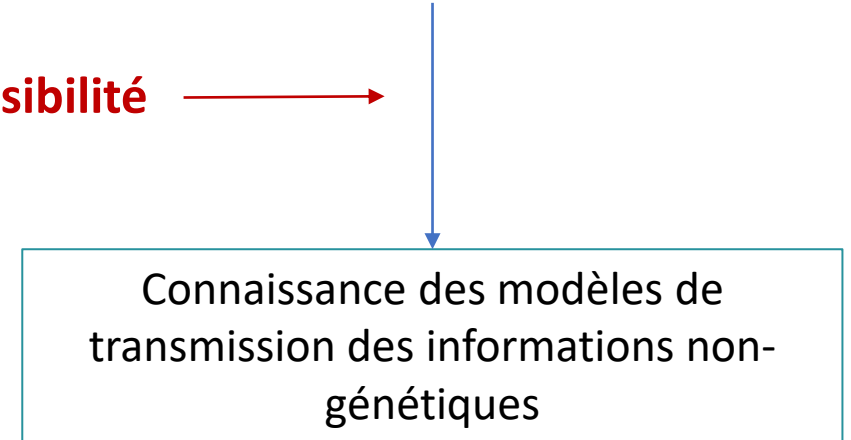
➤ Et ensuite?

Transmission verticale du phénotype



Modèle de transmissibilité

Mesures des informations non-génétiques



Pour la sélection ?

➤ Différents modèles pour la sélection

Modèle animal

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{u} + \mathbf{e}$$



B = matrice de similarité
B_t = matrice de transmissibilité

$$\mathbf{u} \sim N(0, \mathbf{A}\sigma_t^2)$$

➤ Différents modèles pour la sélection

Modèle animal

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{u} + \mathbf{e}$$



Modèle de transmissibilité

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{t} + \mathbf{e}$$



B = matrice de similarité
B_t = matrice de transmissibilité

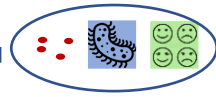
$$\mathbf{u} \sim N(0, \mathbf{A}\sigma_t^2)$$

$$\mathbf{t} \sim N(0, \mathbf{B}_t\sigma_t^2)$$

➤ Différents modèles pour la sélection

Modèle animal

$$y = X\beta + u + e$$



Modèle de transmissibilité

$$y = X\beta + t + e$$



B = matrice de similarité
B_t = matrice de transmissibilité

$$u \sim N(0, A\sigma_u^2)$$

$$t \sim N(0, B_t\sigma_t^2)$$

➤ Différents modèles pour la sélection

Modèle animal

$$y = X\beta + u + e$$



B = matrice de similarité
B_t = matrice de transmissibilité

$$u \sim N(0, A\sigma_u^2)$$

Modèle de transmissibilité

$$y = X\beta + t + e$$



$$t \sim N(0, B_t\sigma_t^2)$$

Modèle mixte
« simple »

$$y = X\beta + u + t_{epi} + t_{mic} + t_{cult} + e$$

$$u \sim N(0, A\sigma_u^2)$$

$$t_{epi} \sim N(0, B_{t,epi}\sigma_{epi}^2)$$

$$t_{mic} \sim N(0, B_{t,mic}\sigma_{mic}^2)$$

$$t_{cult} \sim N(0, B_{t,cult}\sigma_{cult}^2)$$

➤ Différents modèles pour la sélection

B = matrice de similarité
B_t = matrice de transmissibilité

Modèle animal

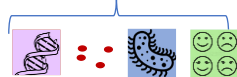
$$y = X\beta + u + e$$



$$u \sim N(0, A\sigma_u^2)$$

Modèle de transmissibilité

$$y = X\beta + t + e$$



$$t \sim N(0, B_t\sigma_t^2)$$

Modèle mixte
« simple »

$$y = X\beta + u + t_{epi} + t_{mic} + t_{cult} + e$$



$$u \sim N(0, A\sigma_u^2)$$

$$t_{epi} \sim N(0, B_{t,epi}\sigma_{epi}^2)$$

$$t_{mic} \sim N(0, B_{t,mic}\sigma_{mic}^2)$$

$$t_{cult} \sim N(0, B_{t,cult}\sigma_{cult}^2)$$

Modèle mixte
récurusif

$$y = X\beta + u + epi + mic + cult + e$$

$$\widehat{epi} = \mu_{epi} + t_{epi} + e_{epi}$$

$$\widehat{mic} = \mu_{mic} + t_{mic} + e_{mic}$$

$$\widehat{cult} = \mu_{cult} + t_{cult} + e_{cult}$$



$$u \sim N(0, A\sigma_u^2)$$

$$epi \sim N(0, B_{epi}\sigma_{epi}^2)$$

$$mic \sim N(0, B_{mic}\sigma_{mic}^2)$$

$$cult \sim N(0, B_{cult}\sigma_{cult}^2)$$

$$t_{epi} \sim N(0, B_{t,epi}\sigma_{epi}^2)$$

$$t_{mic} \sim N(0, B_{t,mic}\sigma_{mic}^2)$$

$$t_{cult} \sim N(0, B_{t,cult}\sigma_{cult}^2)$$



➤ Différents modèles pour la sélection

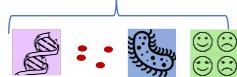
Modèle animal

$$y = X\beta + u + e$$



Modèle de transmissibilité

$$y = X\beta + t + e$$



Modèle mixte
« simple »

$$y = X\beta + u + t_{epi} + t_{mic} + t_{cult} + e$$



Modèle mixte
récuratif

$$y = X\beta + u + epi + mic + cult + e$$



$$\widehat{epi} = \mu_{epi} + t_{epi} + e_{epi}$$

$$\widehat{mic} = \mu_{mic} + t_{mic} + e_{mic}$$

$$\widehat{cult} = \mu_{cult} + t_{cult} + e_{cult}$$

B = matrice de similarité
B_t = matrice de transmissibilité

$$u \sim N(0, A\sigma_u^2)$$

$$t \sim N(0, B_t\sigma_t^2)$$

$$u \sim N(0, A\sigma_u^2)$$

$$t_{epi} \sim N(0, B_{t,epi}\sigma_{epi}^2)$$

$$t_{mic} \sim N(0, B_{t,mic}\sigma_{mic}^2)$$

$$t_{cult} \sim N(0, B_{t,cult}\sigma_{cult}^2)$$

$$u \sim N(0, A\sigma_u^2)$$

$$epi \sim N(0, B_{epi}\sigma_{epi}^2)$$

$$mic \sim N(0, B_{mic}\sigma_{mic}^2)$$

$$cult \sim N(0, B_{cult}\sigma_{cult}^2)$$

$$t_{epi} \sim N(0, B_{t,epi}\sigma_{epi}^2)$$

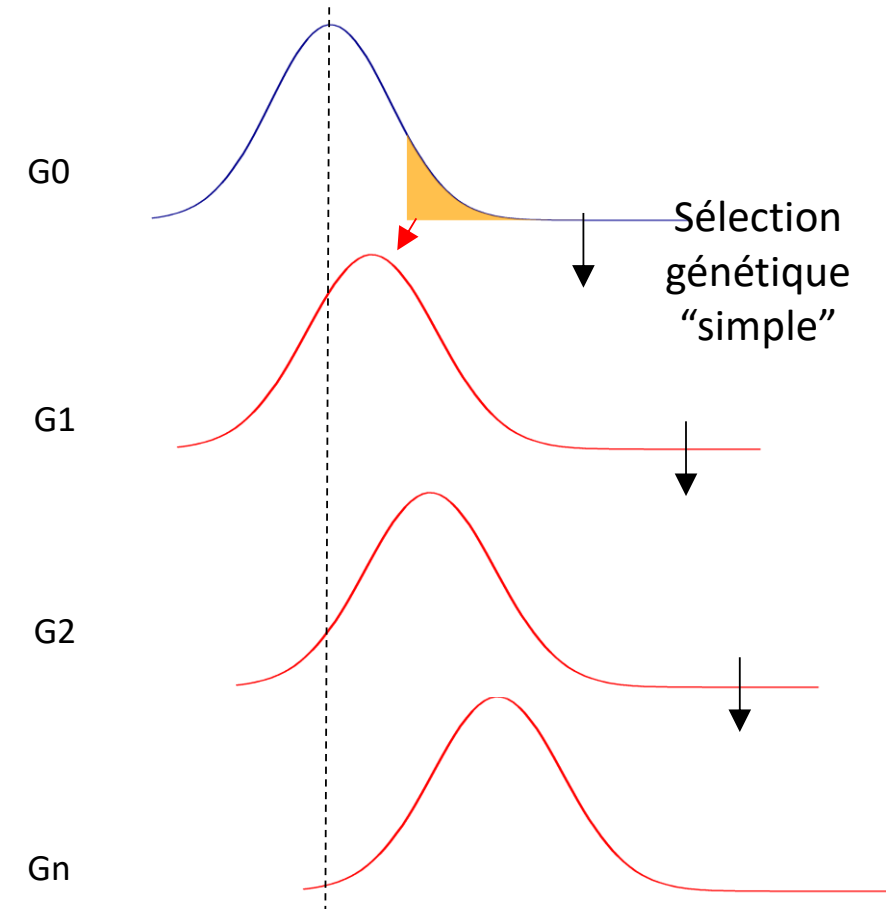
$$t_{mic} \sim N(0, B_{t,mic}\sigma_{mic}^2)$$

$$t_{cult} \sim N(0, B_{t,cult}\sigma_{cult}^2)$$

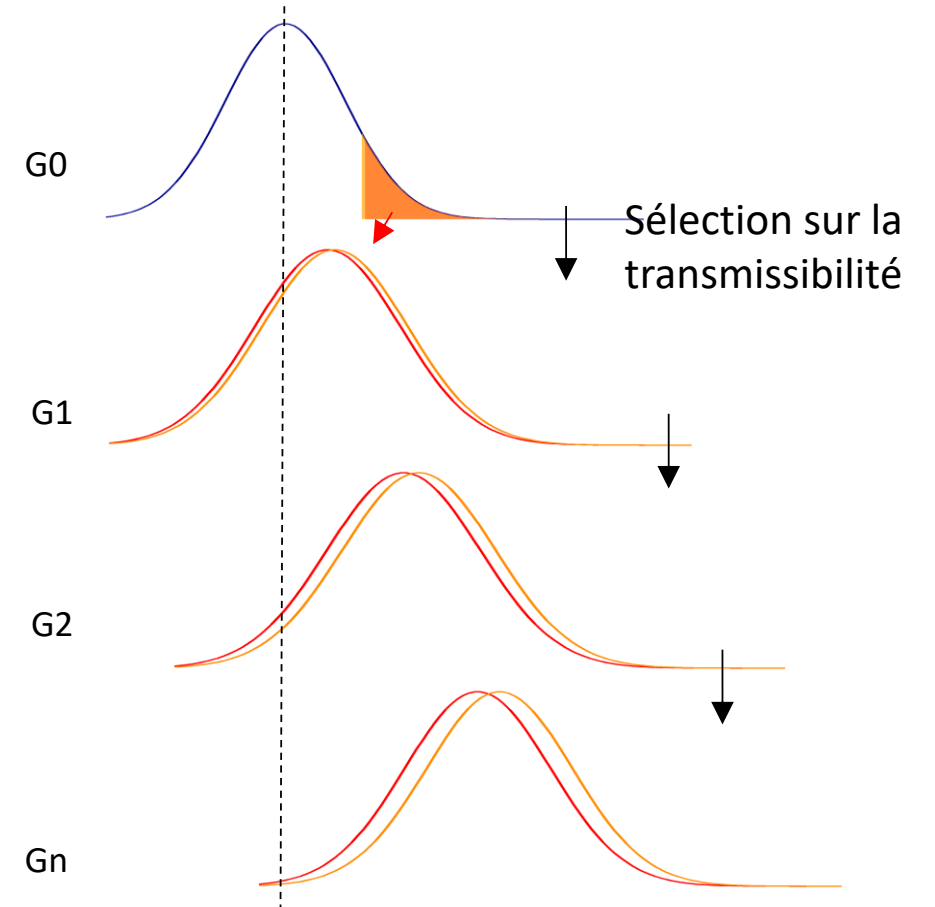
GERONMO

Holobionts

➤ Bénéfice en sélection?



➤ Bénéfice en sélection?



➤ Est ce suffisant?

systemes d'élevage actuels

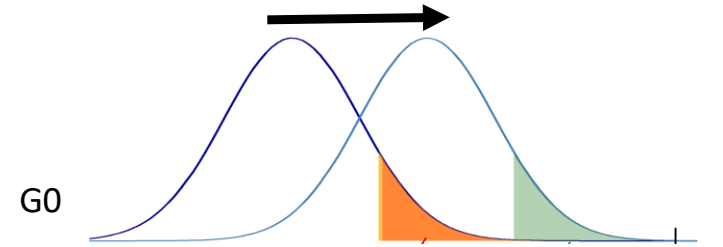
crise environnementale, sociétale et économique



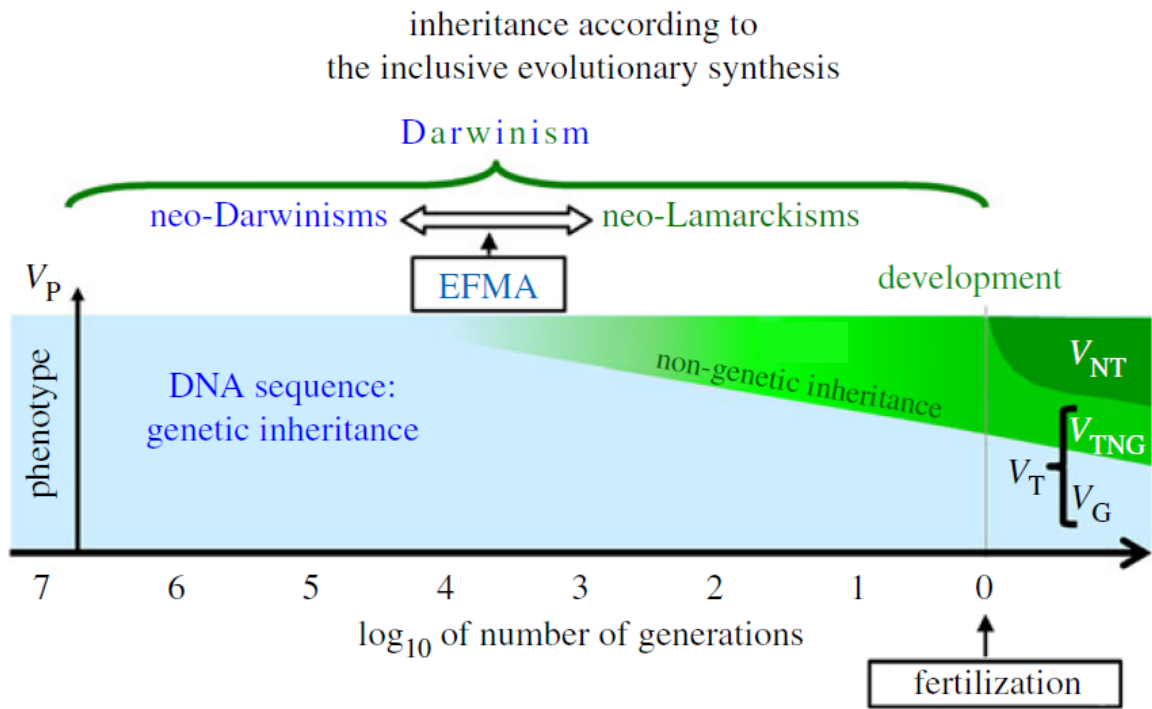
favoriser la « transition vers des élevages agroécologiques, économes en intrants, résilients face aux aléas, ayant un impact environnemental réduit et répondant aux aspirations de l'éleveur, du consommateur et du citoyen ».

➤ Oui mais....

Amélioration par l'environnement
des informations non-génétiques
transmissibles

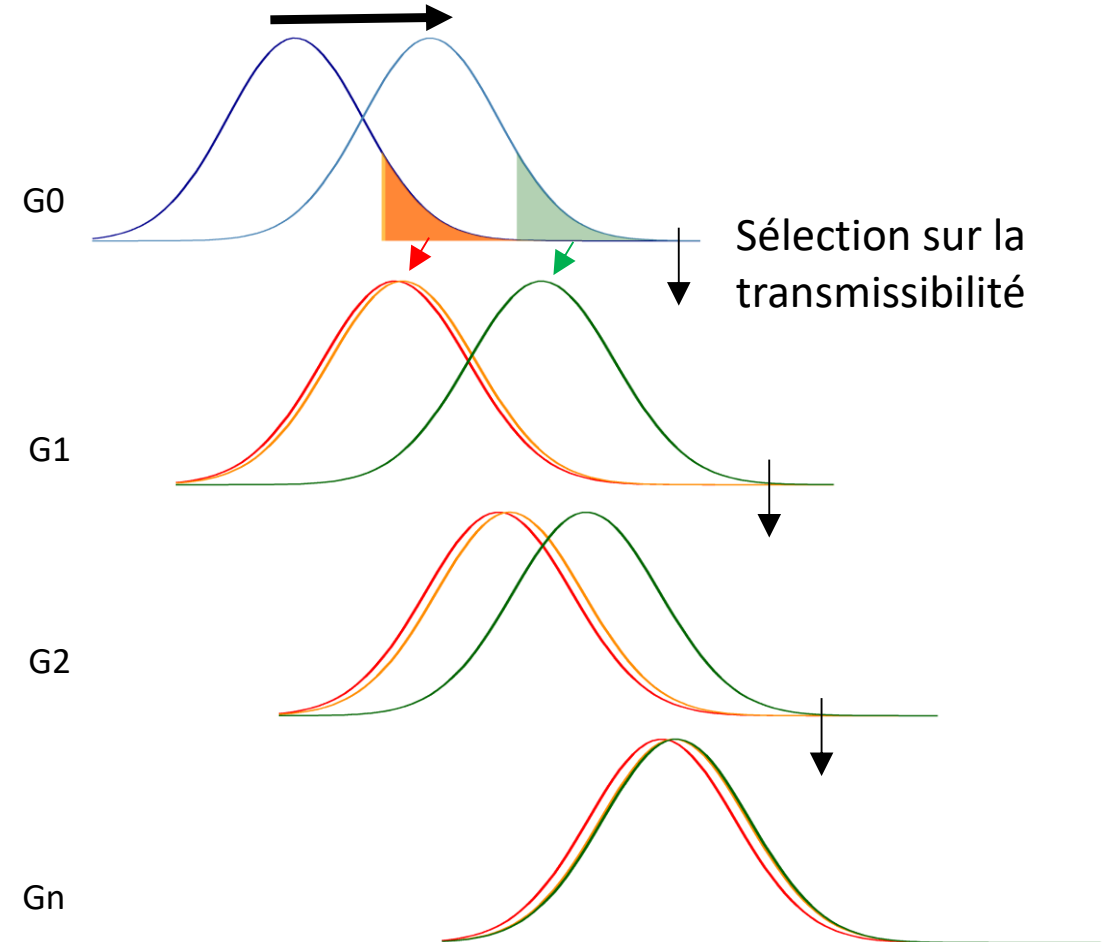


➤ Oui mais....



Danchin et al. 2019

Amélioration par l'environnement des informations non-génétiques transmissibles



➤ Re-conception de la sélection

De la sélection génétique à la sélection sur la transmissibilité

Utopie ou réalité ?

