



**HAL**  
open science

## Development of a genomic evaluation of natural prolificity in suckling sheep

Mathieu Arnal, Jérôme Raoul, Flavie Tortereau

► **To cite this version:**

Mathieu Arnal, Jérôme Raoul, Flavie Tortereau. Development of a genomic evaluation of natural prolificity in suckling sheep. Rencontres Recherches Ruminants, Dec 2024, Paris, France. hal-04844656

**HAL Id: hal-04844656**

**<https://hal.inrae.fr/hal-04844656v1>**

Submitted on 18 Dec 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.

ARNAL M. (1) (2), RAOUL J. (1) (2), TORTEREAU F. (1)

(1) GenPhySE, Université de Toulouse, INRAE, ENVT, 31326, Castanet Tolosan

(2) Institut de l'élevage, 31326, Castanet Tolosan



## Contexte

Sélection génomique pas encore appliquée aux ovins allaitants

Génotypages en races **Lacaune** et **Blanche du Massif central** (BMC) depuis la campagne 2020 pour les agnelles de renouvellement, les mâles entrant en station de contrôle individuel et leurs pères et grands-pères (projet OVIGEN, 2019-2023)

**Objectif : développement d'une première évaluation génomique de la prolificité naturelle**

## Conclusions

Valorisation des premiers génotypages réalisés chez les ovins allaitants

Vérification et mise à jour du pedigree utilisé pour les évaluations classiques ou génomiques

Possibilité de prendre en compte les aléas de la méiose  
→ indices de sélection plus précis

## Matériels et Méthodes

Génotypages réalisés entre 2020 et 2023 avec quatre puces de génotypages Illumina © :

- une basse densité avec environ 19 000 marqueurs (367 Mâles et 1182 femelles),
- trois moyenne densité avec plus de 50 000 marqueurs (1261 mâles et 1269 femelles)

**Vérification des parentés et corrections éventuelles** avec le logiciel seekparent de la suite BLUPF90 (Misztal et al., 2002)

**Imputation** à l'aide du logiciel FIMPUTE (Sargolzaei et al., 2014)

**Evaluation génomique** en une seule étape (SSGBLUP) de la prolificité naturelle avec le logiciel BLUPF90+

Pour comparaison, une évaluation sans l'information génomique réalisée (BLUP) identique à l'évaluation officielle

Jeu de données en BMC : 385 908 portées issues de 103 152 femelles, 129 086 animaux dans le pedigree

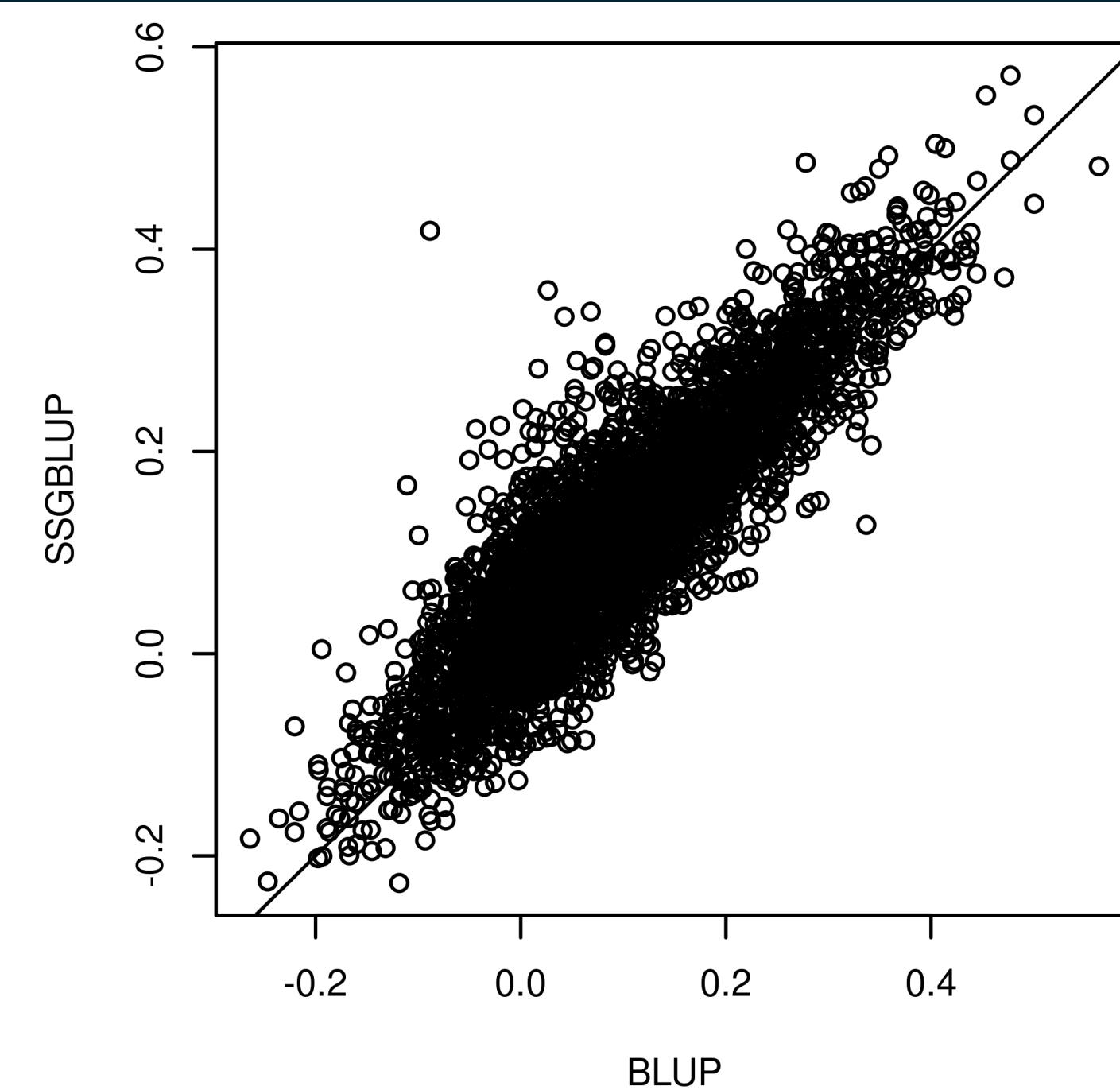
## Résultats en race BMC

### Résultats du test de parenté et assignation

	Père	Mère
Couples parent-descendant testés	3137	46
Couples invalidés	297 (9,4%)	4 (8,7%)
Parent assigné	269 (91%)	0

Pour les tests des couples père-descendant et mère-descendant, le pourcentage d'incompatibilité était d'environ 9%.

Le module d'assignation a permis d'assigner la majorité (91%) des individus dont le père déclaré était incompatible.



La figure présente les index obtenus à l'aide du SSGBLUP en fonction des index obtenus grâce au BLUP pour les jeunes animaux n'ayant pas encore de descendant et de performance.

La corrélation de Pearson est de 0,88.

## Discussion

Intérêt du génotypage pour la vérification des parentés en invalidant et en assignant au véritable ascendant → une évaluation plus précise

Différences entre les index SSGBLUP et BLUP pour les individus n'ayant pas de descendants ni de performance → l'information génomique apporte de l'information

L'acquisition de données supplémentaires est nécessaire pour réaliser une validation de l'évaluation génomique (individus génotypés ayant des descendants)

Une fois la validation effectuée, il sera possible de quantifier l'intérêt économique du génotype des différentes catégories d'animaux (génotypage femelle par exemple)

L'information génomique a été également incluse pour l'évaluation de la valeur laitière et pourra être valorisée pour d'autres caractères comme la résistance au parasitisme ou l'efficacité alimentaire

Les auteurs remercient Ovitest, le GID et ROM Sélection pour l'apport des génotypages.