



HAL
open science

Sélection génomique : principes et cas d'application

Céline Carillier-Jacquin, Hélène Larroque

► **To cite this version:**

Céline Carillier-Jacquin, Hélène Larroque. Sélection génomique : principes et cas d'application. École d'ingénieur. Purpan, France. 2022. hal-04868537

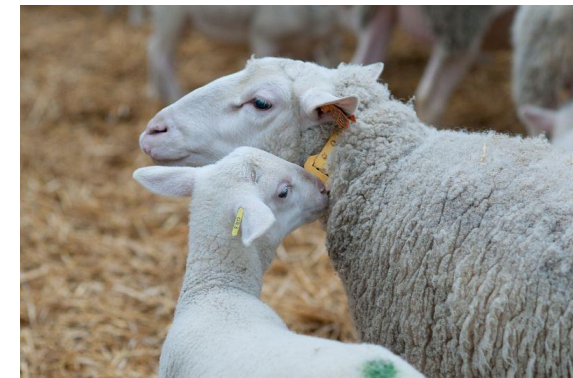
HAL Id: hal-04868537

<https://hal.inrae.fr/hal-04868537v1>

Submitted on 6 Jan 2025

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.



➤ Sélection génomique : principes et cas d'application



➤ Sommaire

I. Contexte de la sélection génétique classique

II. Principe de la sélection génomique

III. Conséquence sur l'organisation de la sélection



➤ Sommaire

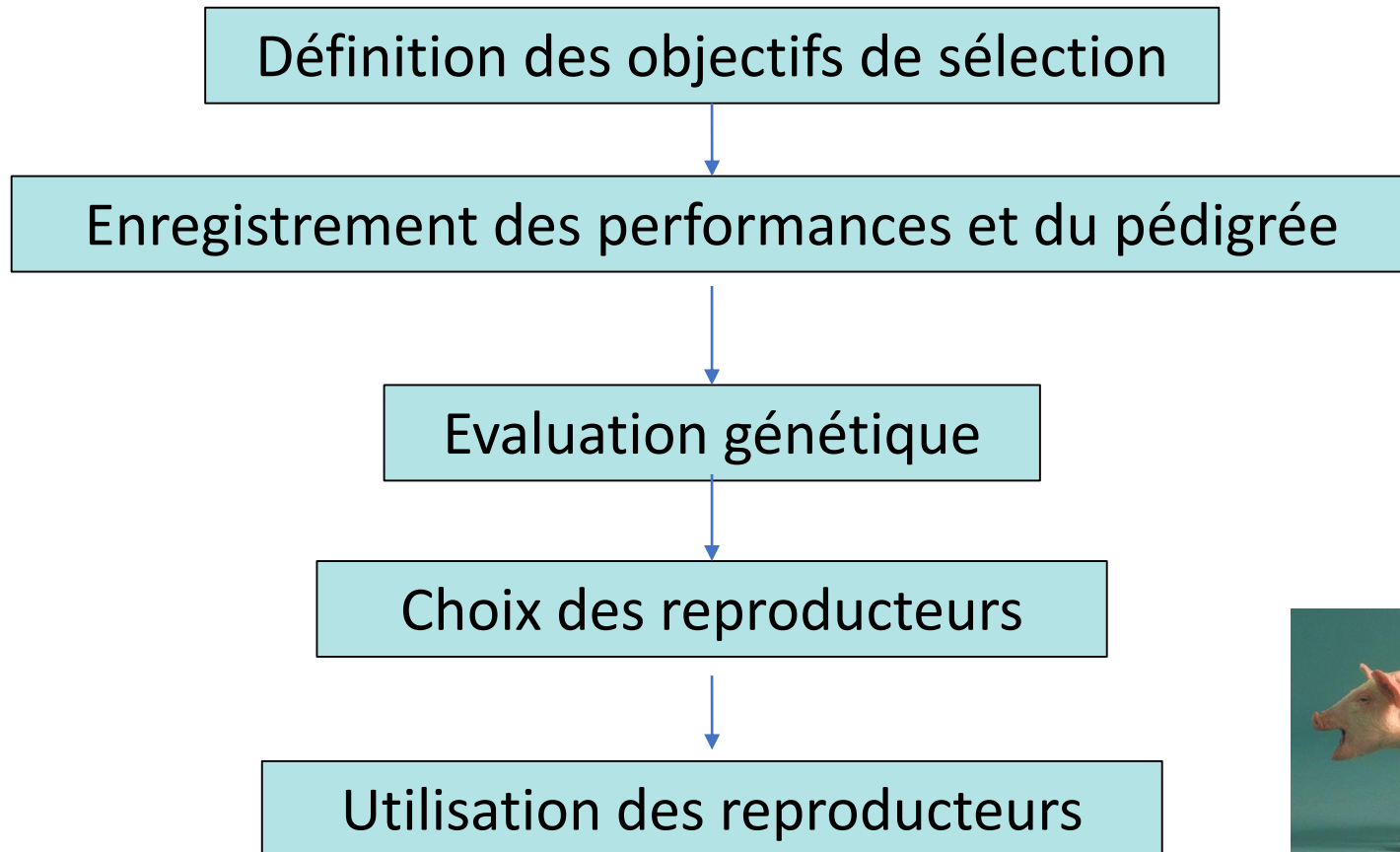
I. Contexte de la sélection génétique classique

II. Principes de la sélection génomique

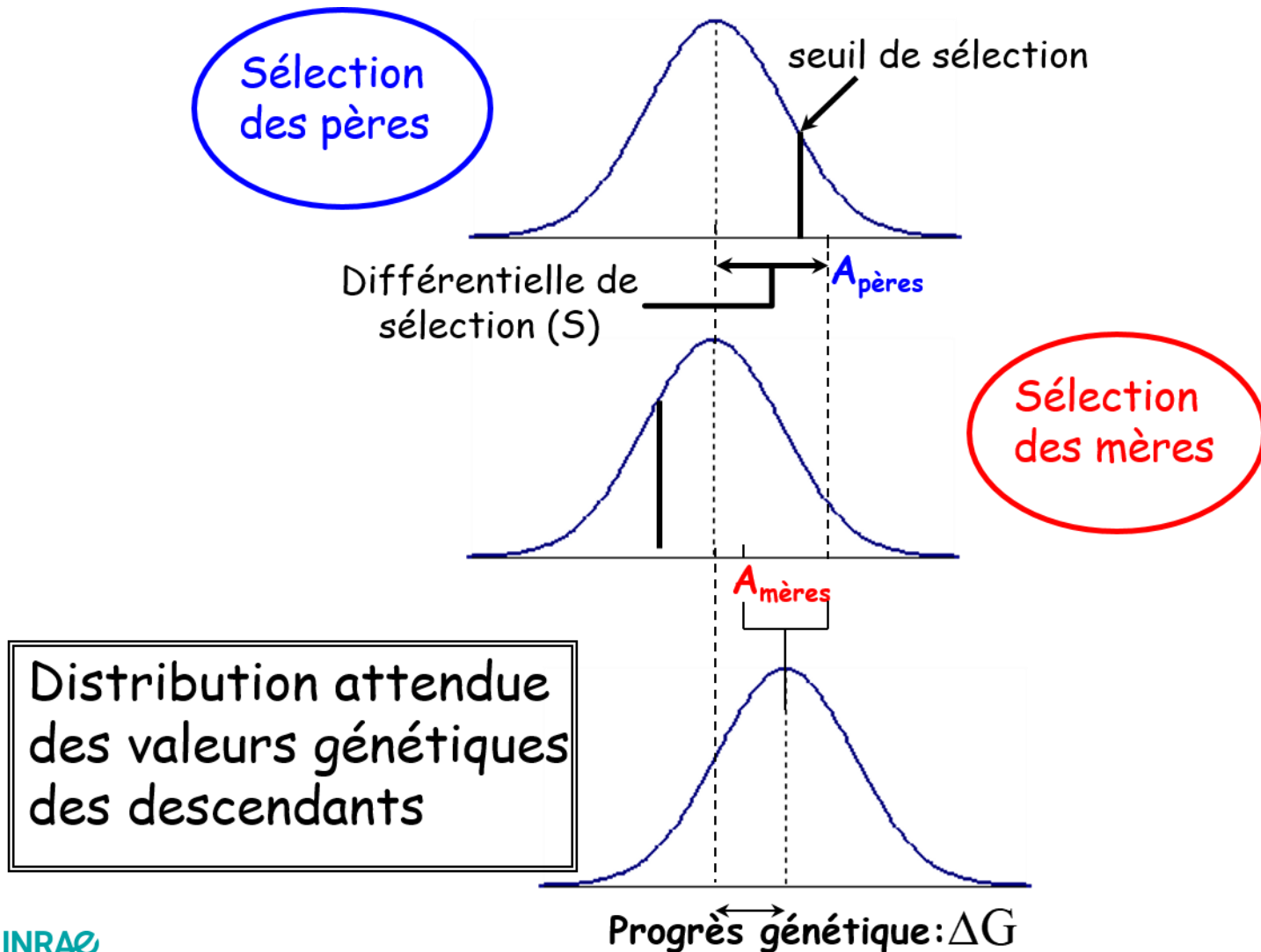
III. Conséquence sur l'organisation de la sélection



➤ I. Sélection génétique : Étapes d'un programme de sélection



➤ I. Sélection génétique : la création du progrès génétique



➤ I. Sélection génétique : le progrès génétique

Intensité de sélection

précision

Écart-type génétique (variabilité)

Progrès génétique annuel : $\Delta G = \frac{iR\sigma_g}{T}$

Intervalle de génération

Pour maximiser le progrès :

- ↗ i = baisse du % d'animaux retenus
- ↗ CD = augmenter la qté et qlté des infos dispo
- ↗ $\sigma_g = ??$
- ↘ T = limité utilisation des reprod dans le temps
- Obj selection, taille pop, effectifs renouv
- Heritabilité du caractère
- Ouverture de population
- Biologie de l'espèce, biotechnologie repro

➤ I. Sélection génétique : En porcs

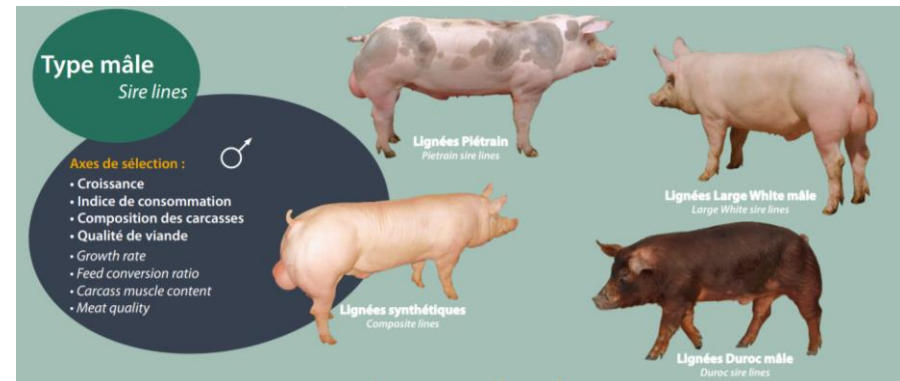
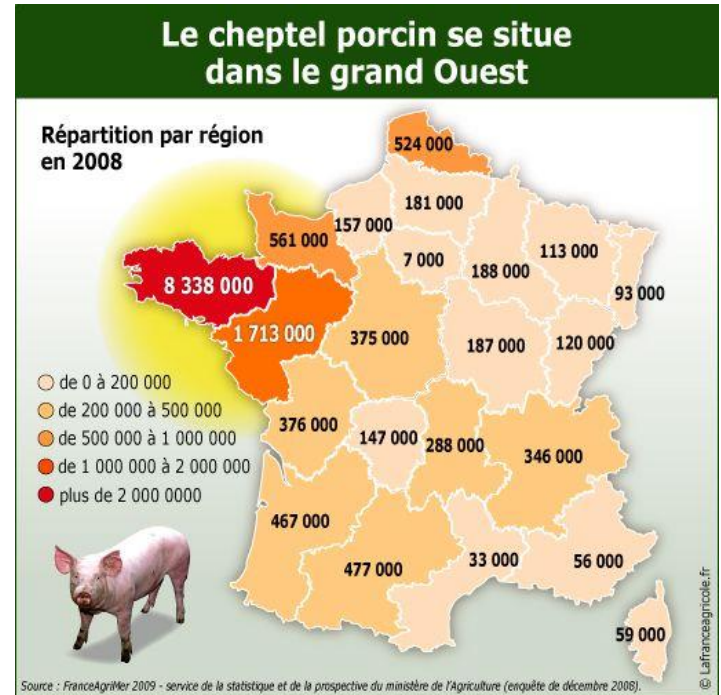


I. Sélection génétique :

En porcs

La production :

- $\frac{3}{4}$ de la production dans le Grand Ouest
- En 2018, en France :
 - 14 000 élevages
 - 125 truies /élevage en moyenne
 - 13 millions de tête
 - 23 millions de porcs abattus/an
 - 2,2 millions de tonnes de viande



➤ I. Sélection génétique : En porcs

Les objectifs de sélection :

- ✓ Plus de muscle
- ✓ Moins de gras (Ep lard dorsal)
- ✓ Croissance plus rapide (gain moyen quotidien)
- ✓ Bonne efficacité alimentaire (conso moy journ)
- ✓ Bonne qualité de viande (pH, indice de qualité de viande)

→ Abatte les animaux

→ mesures sur collatéraux

- ✓ Prolificité élevée
- ✓ Qualités maternelles

Caractères antagonistes aux précédents

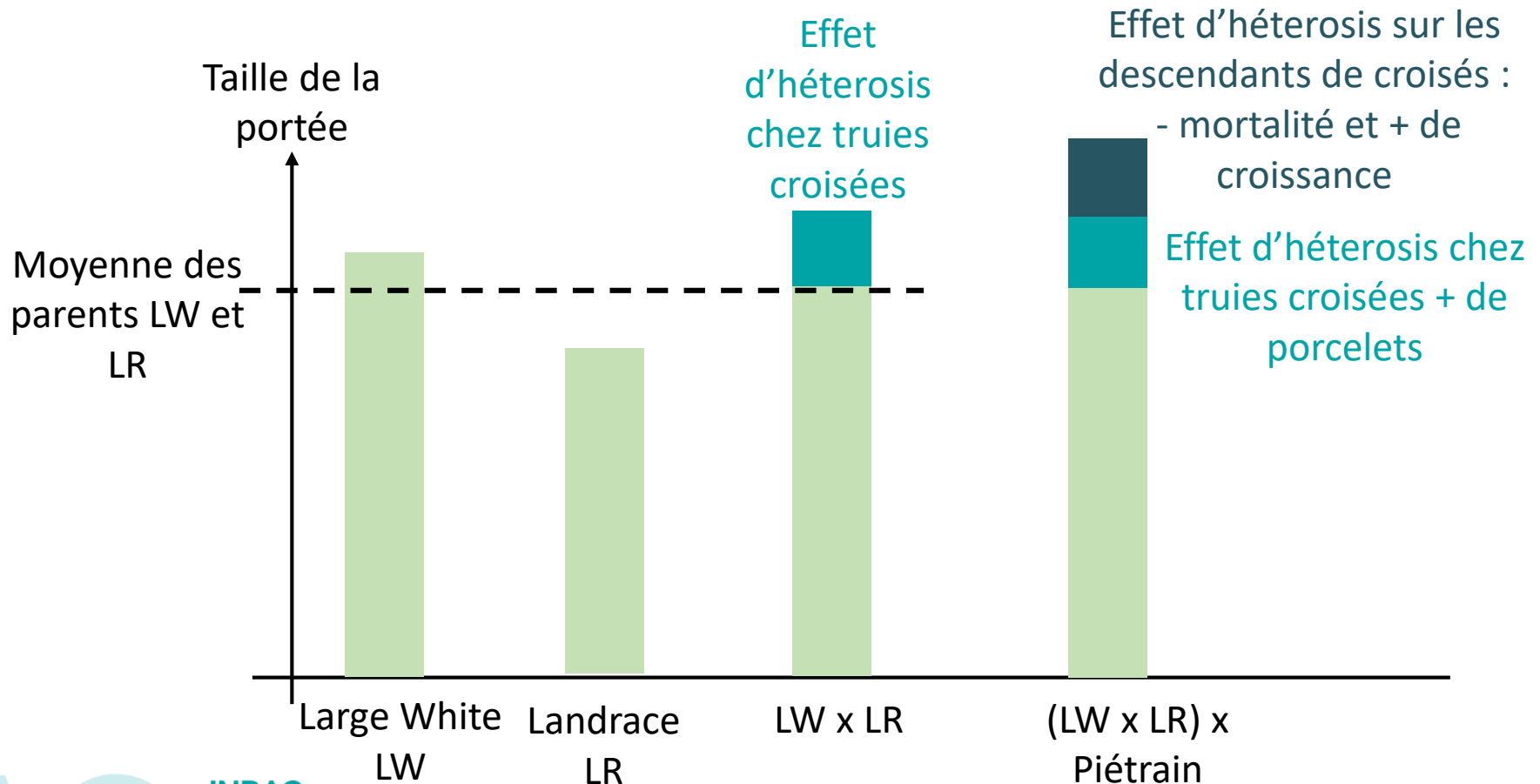
→ Intérêt du croisement



➤ I. Sélection génétique :

En porcs, intérêt du croisement

- Effet d'hétérosis : meilleures performances des croisés

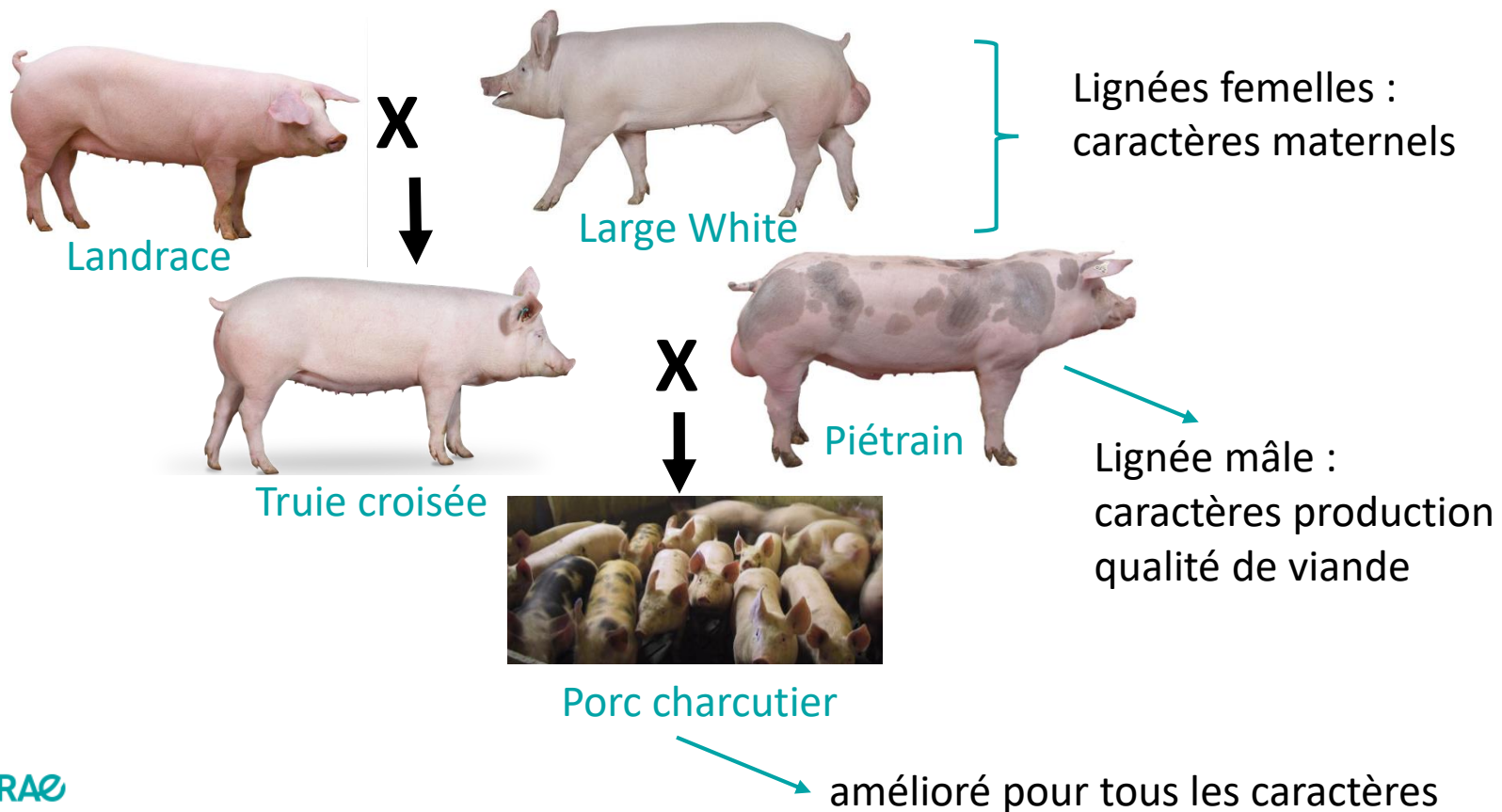


➤ I. Sélection génétique :

En porcs, intérêt du croisement

Porc charcutier = croisement entre plusieurs lignées

Croisement majoritaire en France :



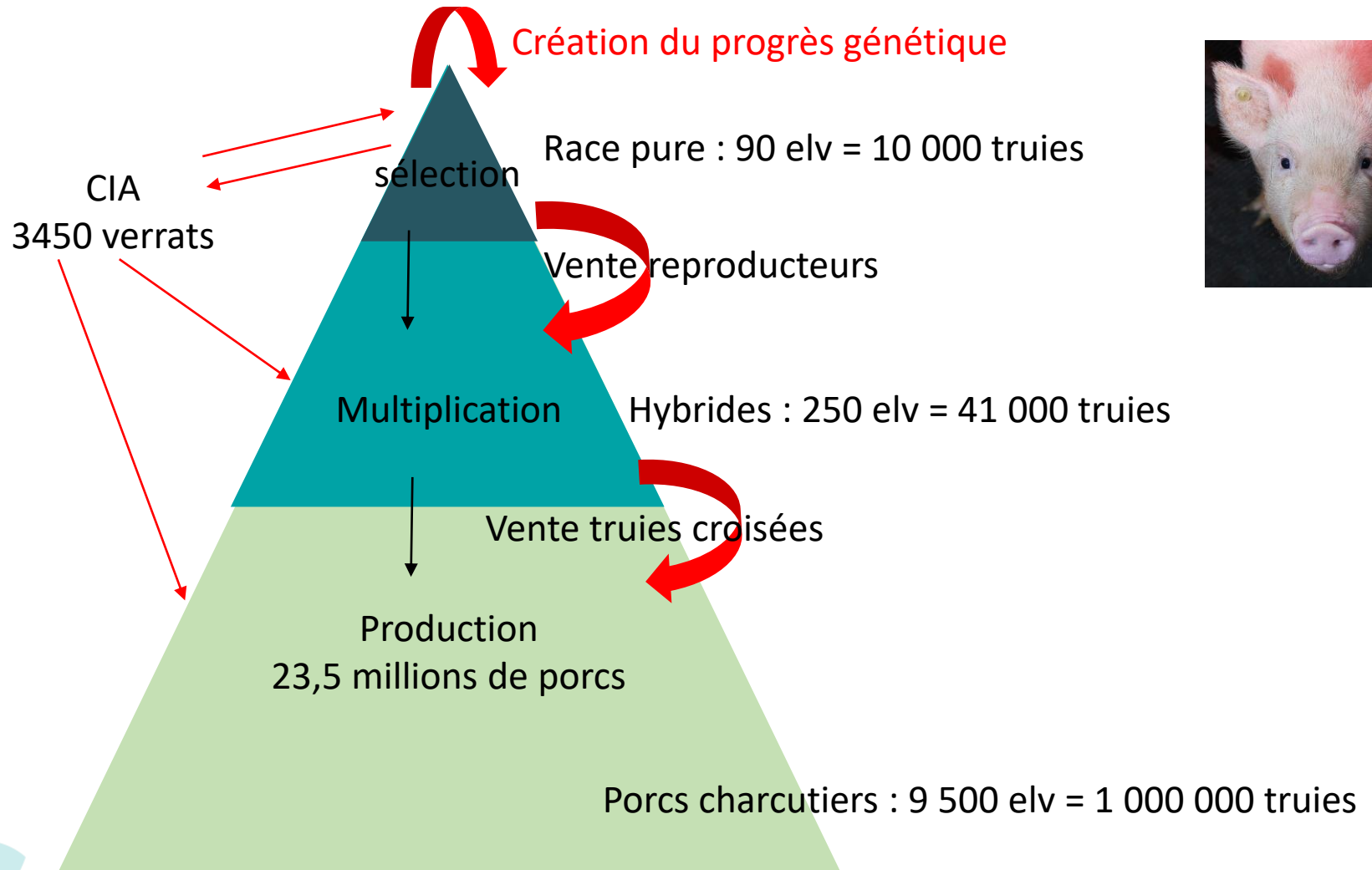
INRAE

Formation école d'ingénieurs de Purpan

Céline Carillier-Jacquín & H  l  ne Larroque, janvier 2022

I. Sélection génétique classique

Schéma de sélection porcin



➤ Sélection génétique classique

Le contrôle des performances en porc



Mesures sur un grand nombre d'animaux (80 000/an)

Animaux de race pure
Élevage de sélection

Sevrage (≈ 1 mois)

Candidats à la sélection en ferme

Collatéraux en station

Station de contrôle

Élevages de sélection

Le Rheu

Engraissement

Engraissement

Contrôle vers 100kg (≈ 4-5 mois)

Contrôle vers 100kg

Auto-renouv
CIA

multiplication

abattoir ≈ 6 mois

Contrôle en abattoir



Mesures difficiles ou coûteuses (2 500 indiv/an)



C.Larzul, INRAE

➔ Intervalle de génération très court

➤ I. Sélection génétique : En petits ruminants (PR)



➤ I. Sélection génétique en PR: la race pure

La France 4^{ième} producteur de lait de brebis en UE (après Grèce, Espagne, Italie):

≈ 1 600 000 brebis

≈ 5 000 éleveurs

≈ 280 ML de lait

3 bassins de production

Pyrénées Atlantiques:

65 ML lait

≈ 16 000 T fromage (4700T Ossau Iraty)

Taille des élevages ≈ 170-200

Races ovines laitières des Pyrénées (ROLP)

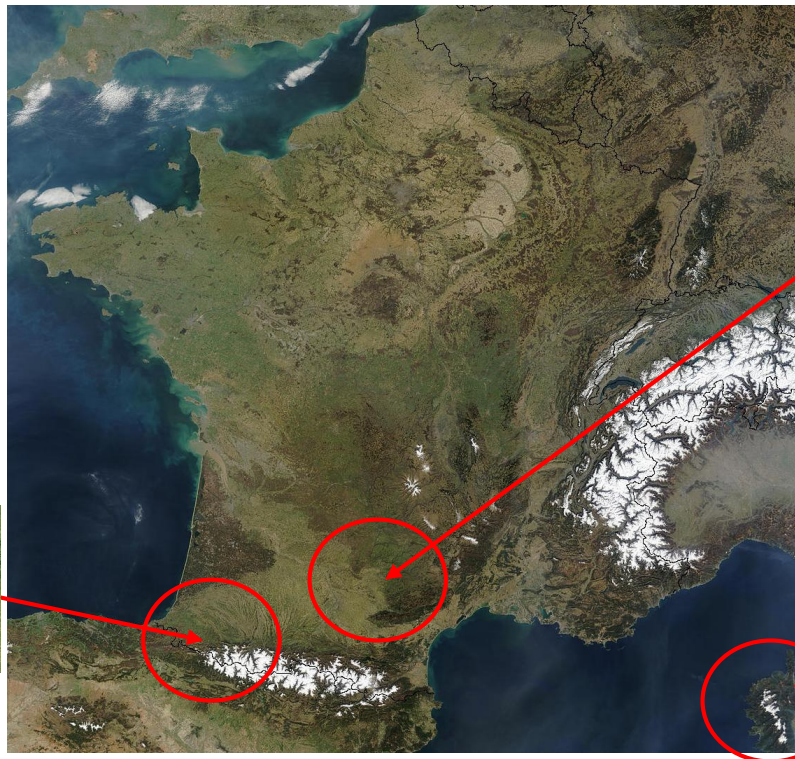
Manech tête rousse



Manech tête noire

≈ 400 000 brebis

Basco-Béarnaise
INRAE



Rayon de Roquefort

211 ML lait

≈ 19 000 T fromage (16000 T Roquefort)

Taille des élevages ≈ 348

Race Lacaune

≈ 810 000 brebis



Corse

6,5 ML lait

≈ 2 000 T fromage (380 T Brocciu)

Taille des élevages ≈ 208

Race Corse

≈ 90 000 brebis



➤ I. Sélection génétique en PR: la race pure

Les chèvres laitières en France (4^{ième} cheptel et 1^{er} producteur de lait en UE)

889 000 chèvres

5 300 éleveurs (47% fromagers pour 22% des chèvres)

Taille des élevages: 70 (fromagers)/233 (laitiers)

624 (ML) Lait en 2012 (79% pour laiteries)

94700T fromages industriels / 18T fermiers

14 AOC (6% des fromages produits)

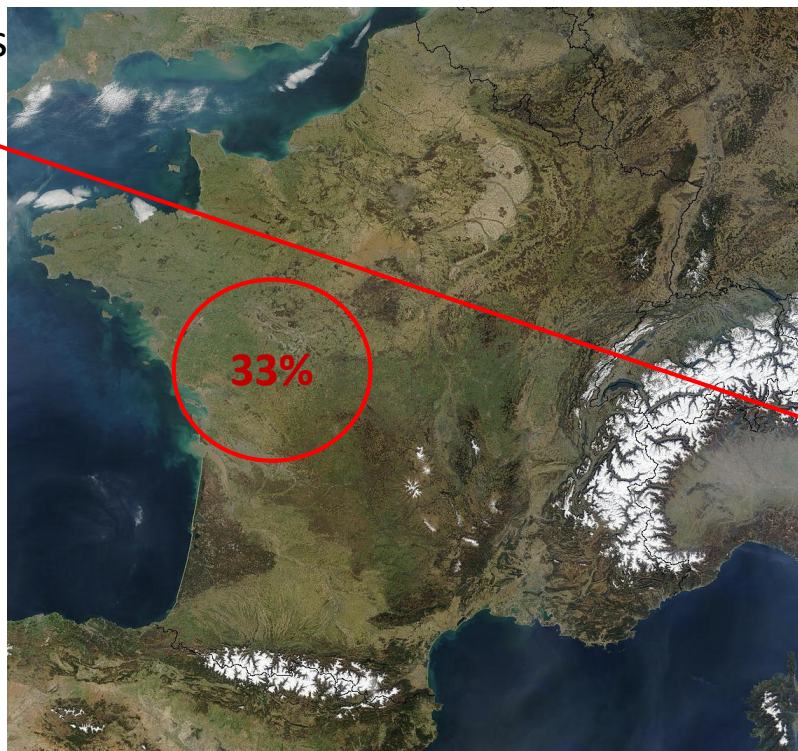
Ouest et Sud:

2 races principales:

Alpine
(59%)



Saanen
(38%)

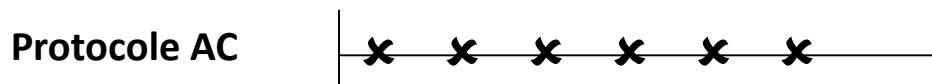


➤ I. La sélection génétique en PR, le contrôle de performance sur descendance: la production laitière un compromis entre coût et précision de la mesure

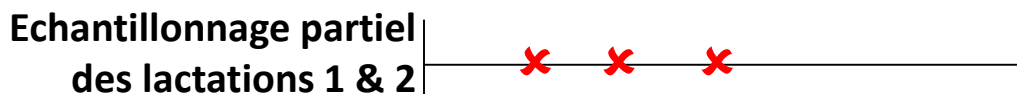
- ✓ En **caprins**: organisation et protocoles \approx bovins, contrôles toutes les 4 à 5 semaines de 1 ou 2 traites
- ✓ En **ovins** un contrôle simplifié:
 - protocole AC pour le lait
 - échantillonnage partiel pendant la lactation pour la composition du lait et les CCS*

Lait produit L1**

Alpine	887 kg (324j)
Saanen	1017 kg (347j)
Lacaune	277 l (159j)
Manech tête rousse	234 l (158j)
Manech tête noire	167 l (150j)
Basco Béarnais	173 l (120j)
Corse	104 l (138j)



Enregistrement mensuel du lait de la traite du matin (ajustement par le lait du tank)



TB%, TP%, CCS Sauf en Corse

En moyenne: 3 contrôles

INRAE

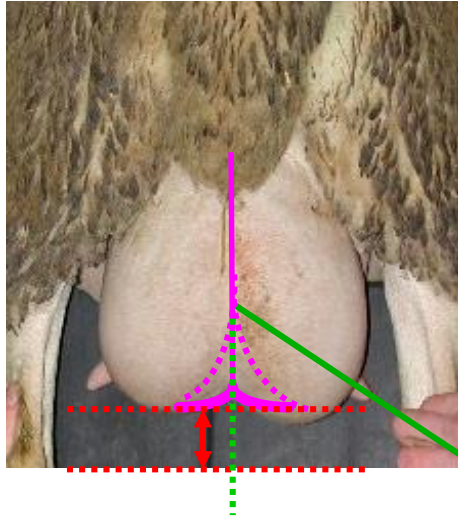
Formation école d'ingénieurs de Purpan

Céline Carillier-Jacquin & Hélène Larroque, janvier 2022

*CCS: comptages de cellules somatiques

**Source Idele (2019)

➤ I. Sélection génétique en PR, le contrôle de performance sur descendance: la morphologie de la mamelle

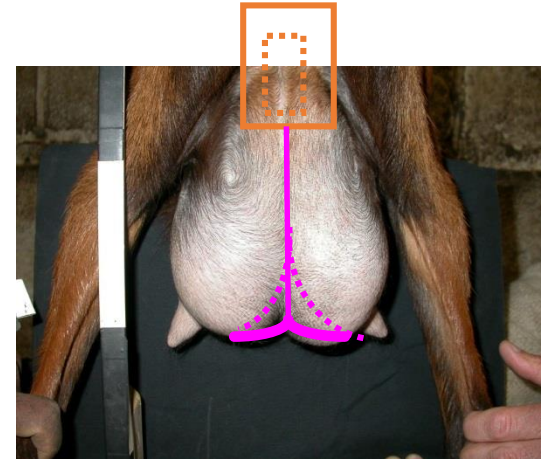


Attache arrière

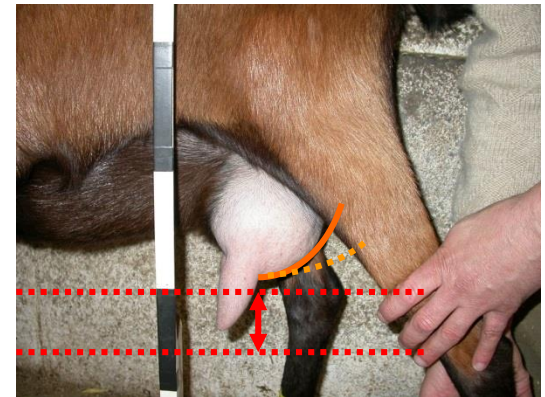
Sillon

Distance plancher-jarret

Direction des trayons



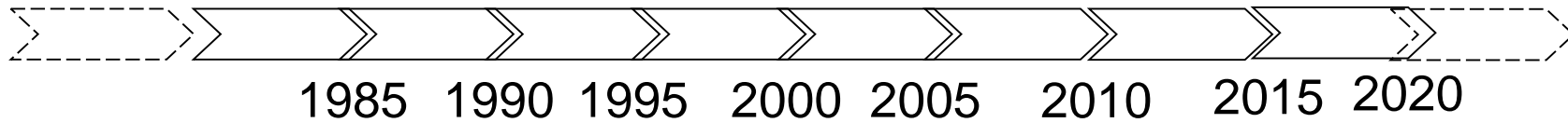
Attache arrière
vue de coté



Ovins: depuis 2000
♀ Lacaune Lactation1
Elevages du noyau
15 pointeurs
(2019 début en ROLP)

Chèvres: depuis 1998
♀ Alpine & Saanen
Lactation 1 ou 2
Elevages du noyau
12 pointeurs

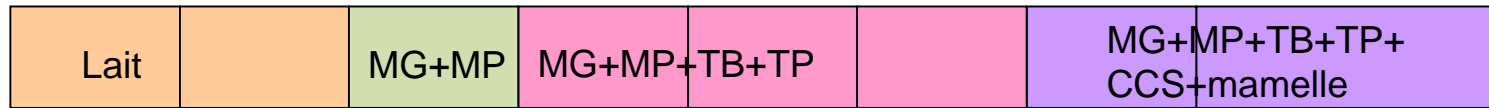
I. Sélection génétique en PR: les objectifs de sélection



Alpine
Saanen



Lacaune



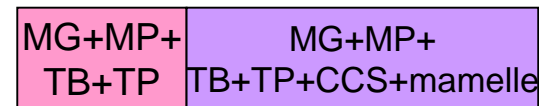
MG= matière grasse

MP= matière protéique

TB= taux butyreux (taux de gras)

TP = taux protéique

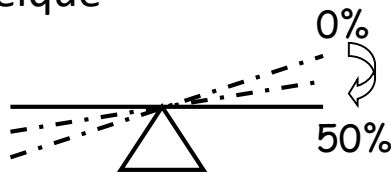
Manech Tête Rousse
Manech Tête Noire
Basco Béarnais



Corse



**Caractères
de
production**



**Caractères
fonctionnels**

**Des nouveaux critères de sélection à l'étude sur
la robustesse: longévité, persistance laitière,
maturité, mobilisation des réserves corporelles**



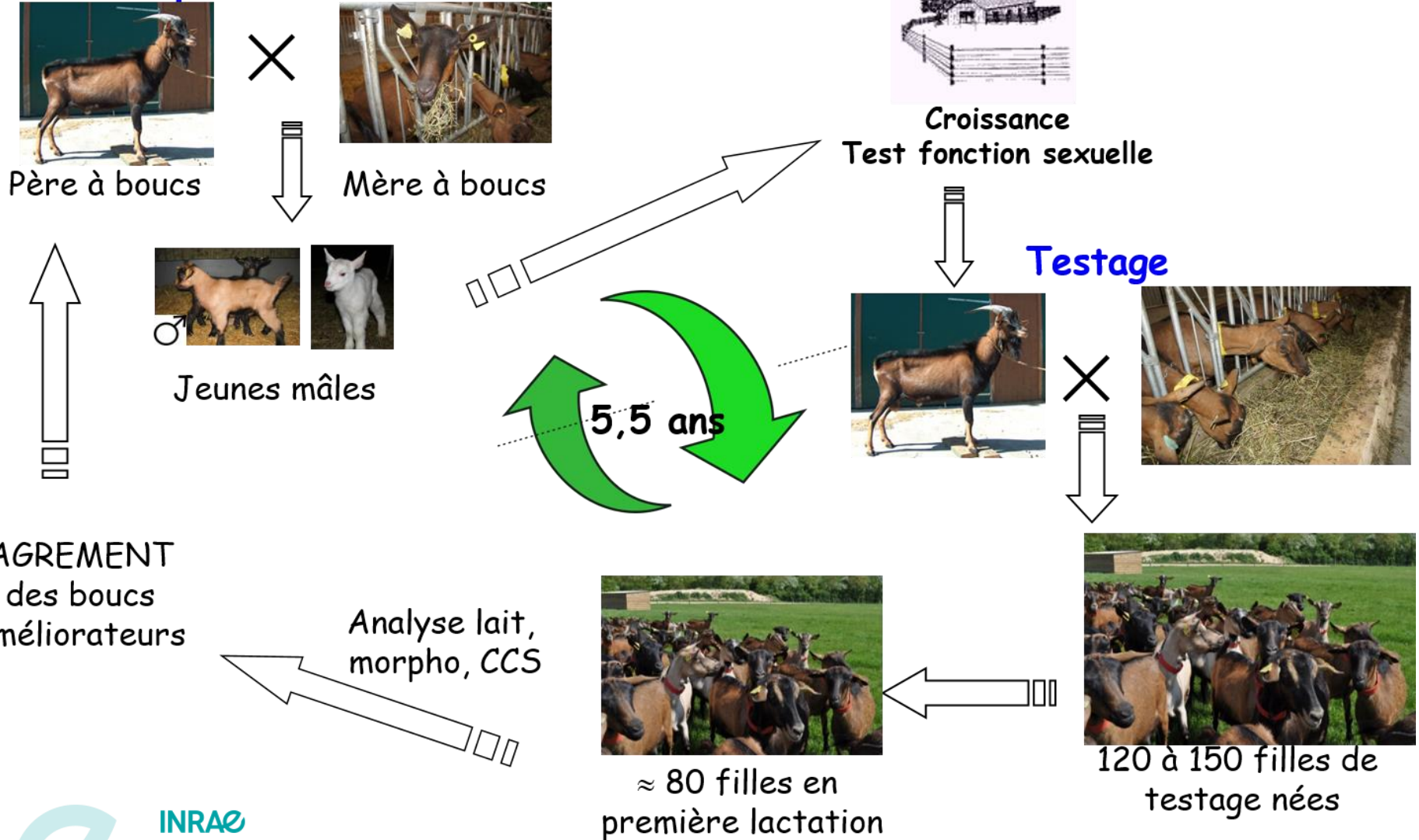
INRAE

Formation école d'ingénieurs de Purpan

Céline Carillier-Jacquin & Hélène Larroque, janvier 2022

➤ I. Sélection génétique en PR: le schéma de sélection classique, en chèvres

Accouplement raisonné



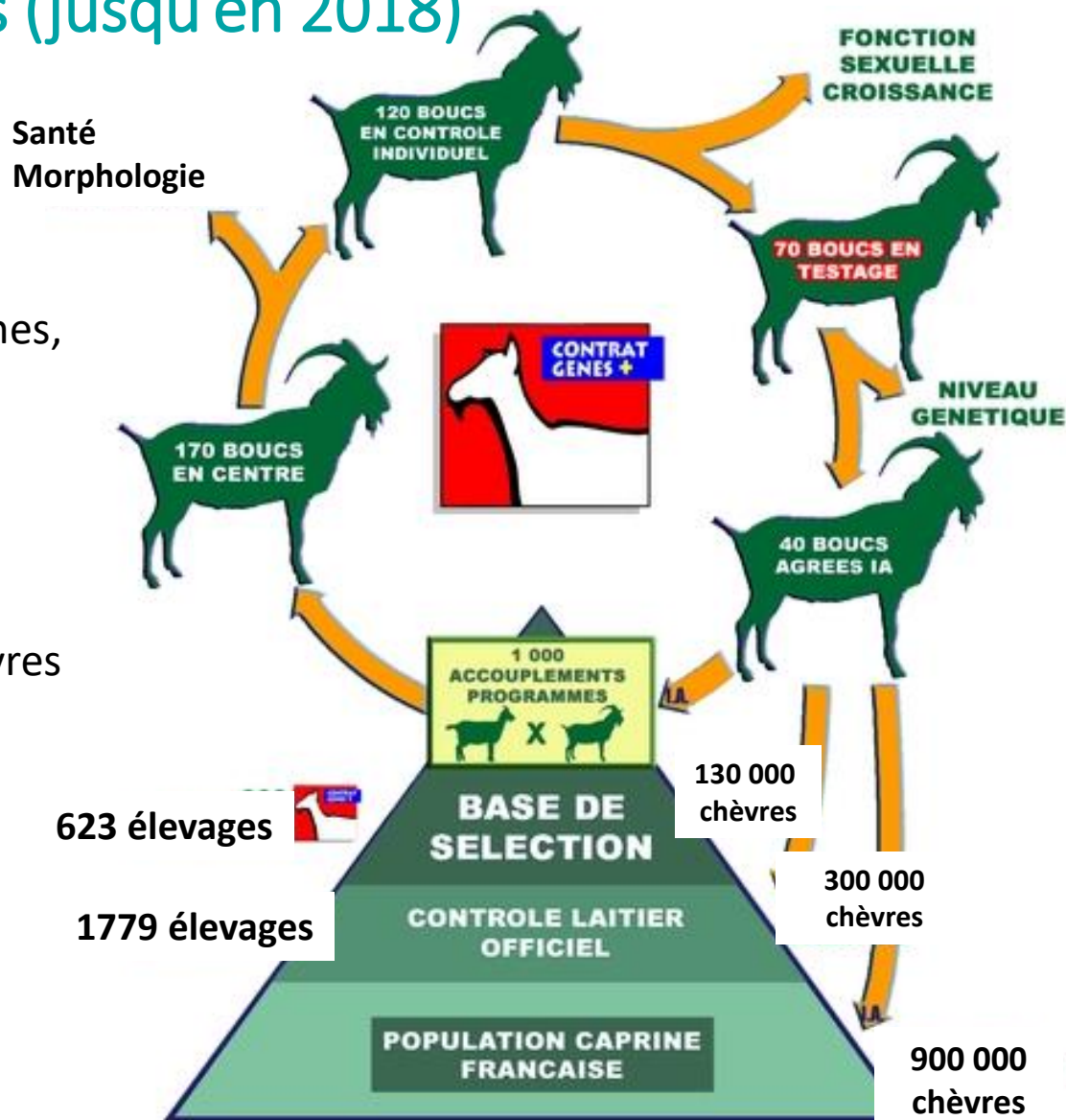
INRAE

Formation école d'ingénieurs de Purpan

Céline Carillier-Jacquín & Hélène Larroque, janvier 2022

➤ I. Sélection génétique en PR: le schéma de sélection classique, en chèvres (jusqu'en 2018)

- Une entreprise de sélection: Capgenes, Mignaloux Beauvoir (Poitiers)
- Un schéma pour 2 races conduites séparément
- Le seul schéma de sélection de chèvres organisé et efficace dans le monde



I. Sélection génétique en PR: caractéristiques des schémas de sélection



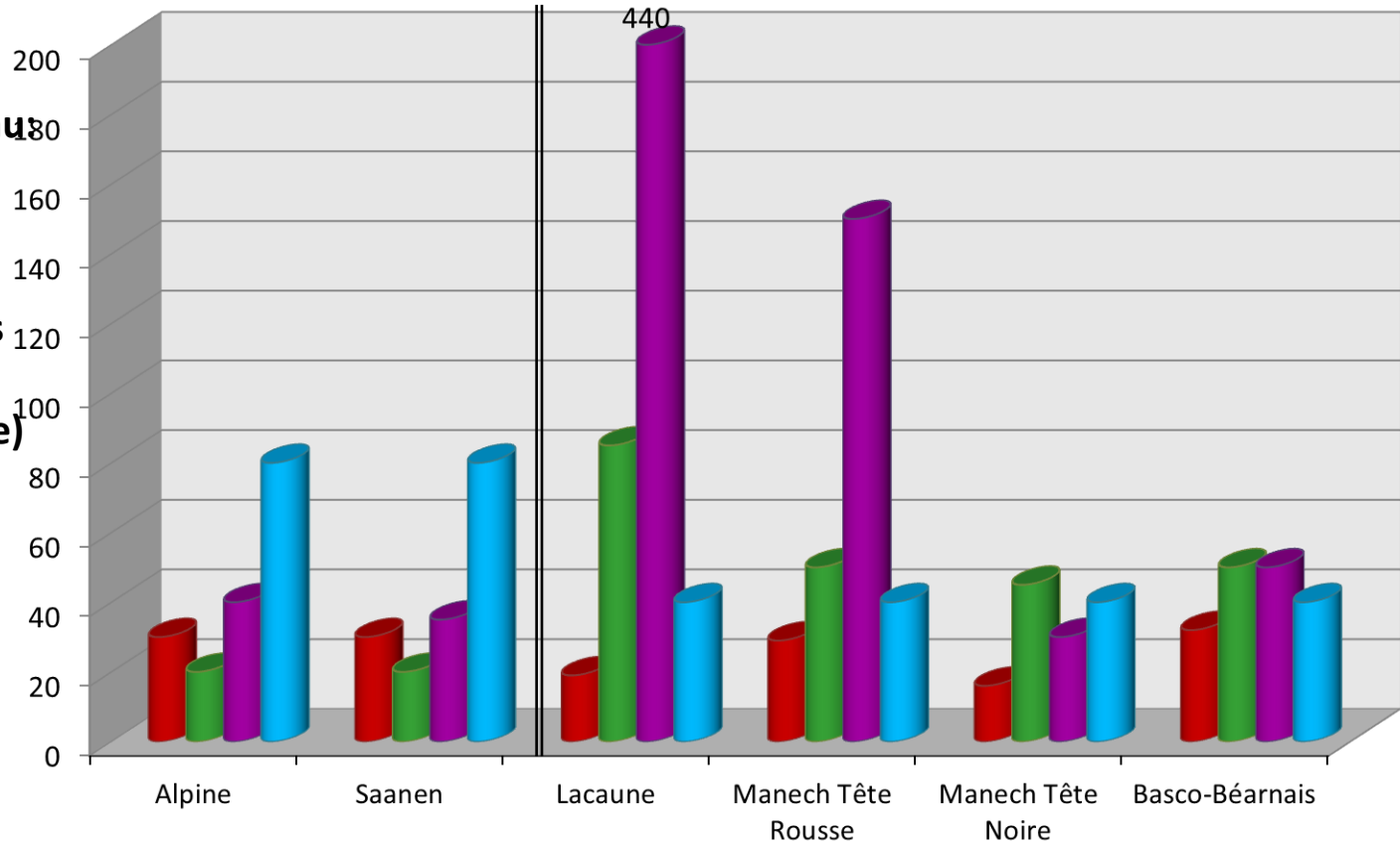
Caractéristiques

■ 20-30% ♀ au contrôle laitier officiel

■ Taux d'IA dans le noyau
20-40% chèvres
⇒ 85% (Lacaune)

■ Taille des programmes de sélection:
30 ♂ (Manech Tête Noire)
⇒ 440 ♂ (Lacaune)

■ Testage sur:
30-40 ♀ en ovins
⇒ 80 ♀ en chèvres



■ % ♀ au contrôle laitier officiel ■ % IA ■ ♂ testés/an ■ ♀ de testage/♂

➤ Sommaire

I. Contexte de la sélection génétique classique

II. Principe de la sélection génomique

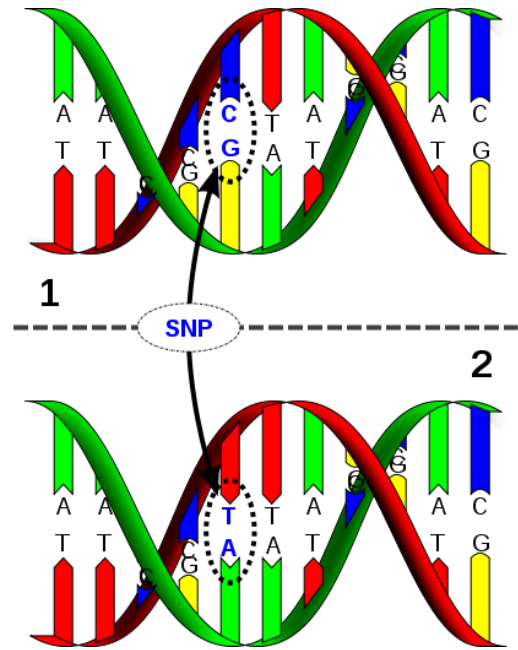
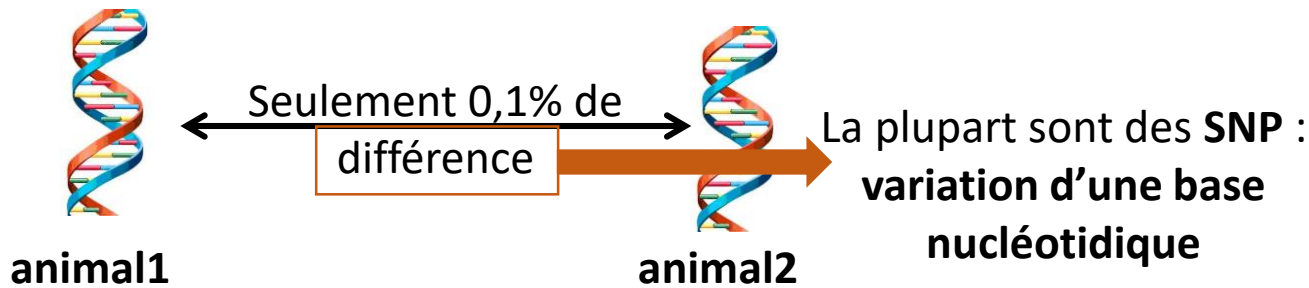
III. Conséquence sur l'organisation de la sélection



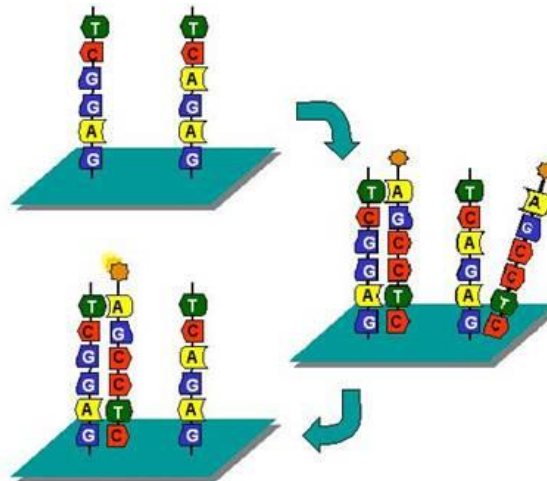
➤ II. Sélection génomique les marqueurs SNP

Marqueur SNP = single nucleotid polymorphism
= variation d'une seule paire de base

Qu'est ce qu'un marqueur SNP ?



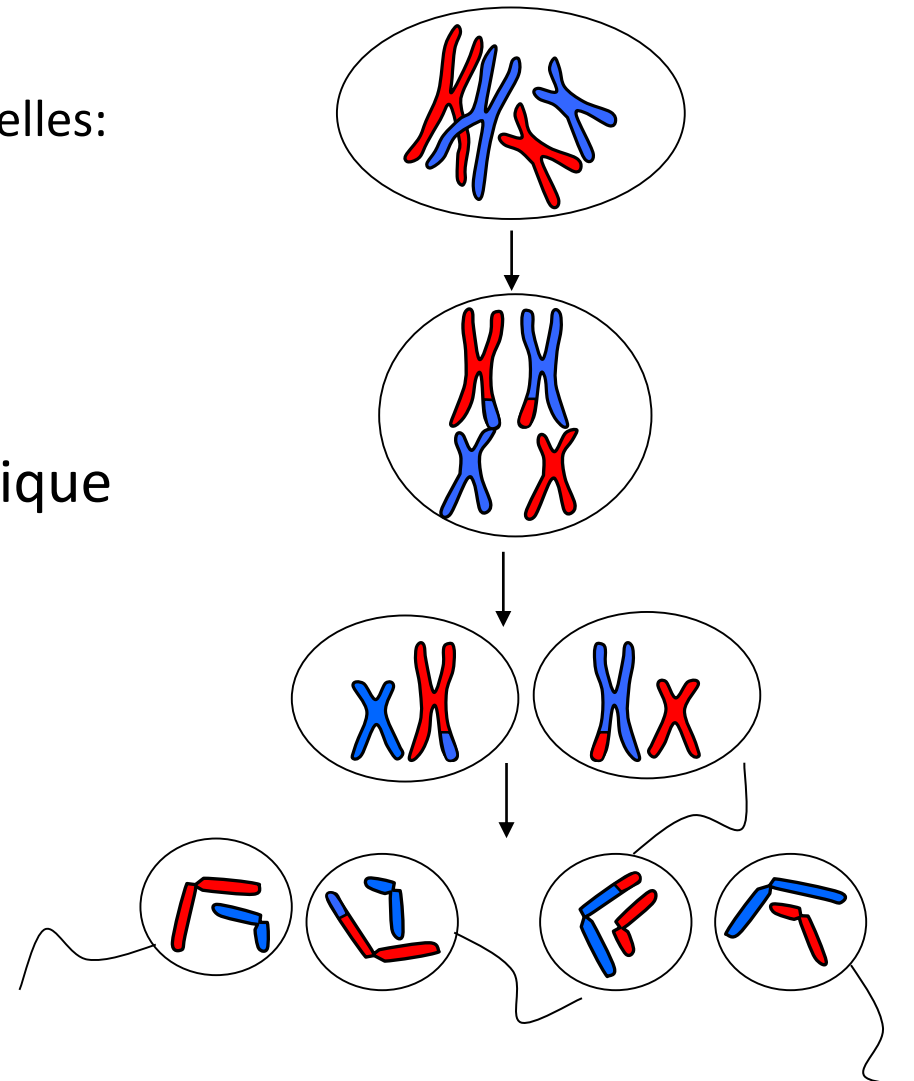
Puce à SNP



Principe des puces à SNP

➤ II. Sélection génomique la transmission de l'ADN génère de la variabilité

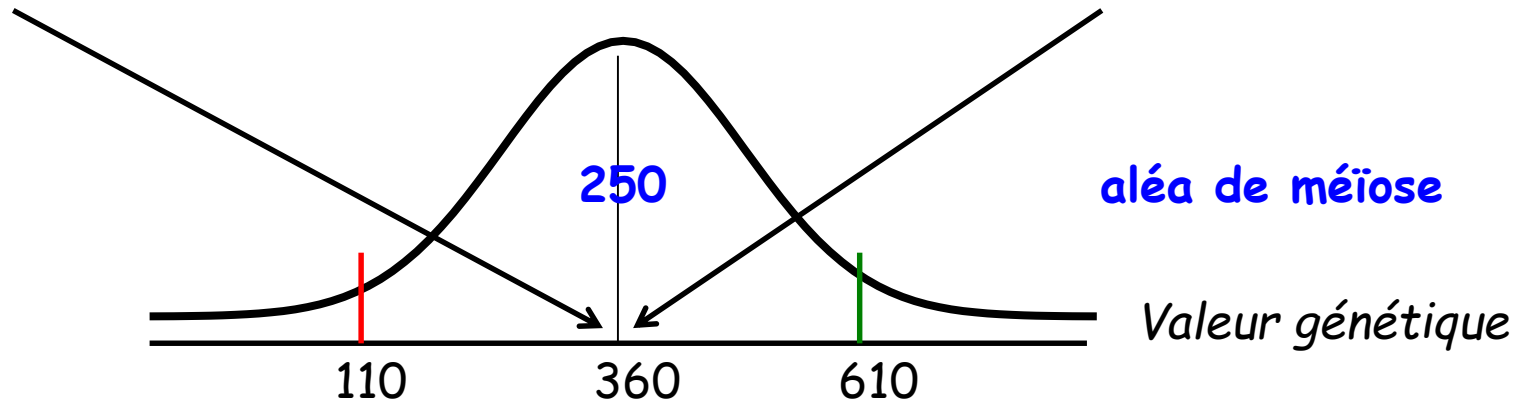
- Lors de la formation des cellules sexuelles:
 - échange de fragment homologues
 - brassage chromosomique
- Maintien de la variabilité génétique
- Aléa de méiose : 50% de σ_a^2



➤ II. Sélection génomique révélation de l'aléa de méiose

Mères à béliers : + 360 x

Pères à béliers : + 360

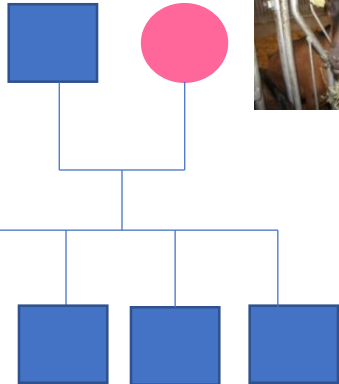


Valeur génétique de l'accouplement : 360

Performances propres/ testage

↓
Révèle valeur génétique individuelle

➤ II. Sélection génomique un potentiel génétique mieux connu et plus tôt



- A la naissance connaissance de la généalogie:
- Valeur génétique peu précise
 - Impossible de distinguer les jeunes les plus prometteurs au sein d'une fratrie
 - Pourtant chaque parent n'a pas transmis le même patrimoine génétique à tous ses descendants (recombinaison chromosomique)



Améliorer la connaissance du potentiel génétique en suivant la **transmission** de portions du génome avec un « balisage » (génotypage de puce à SNP)



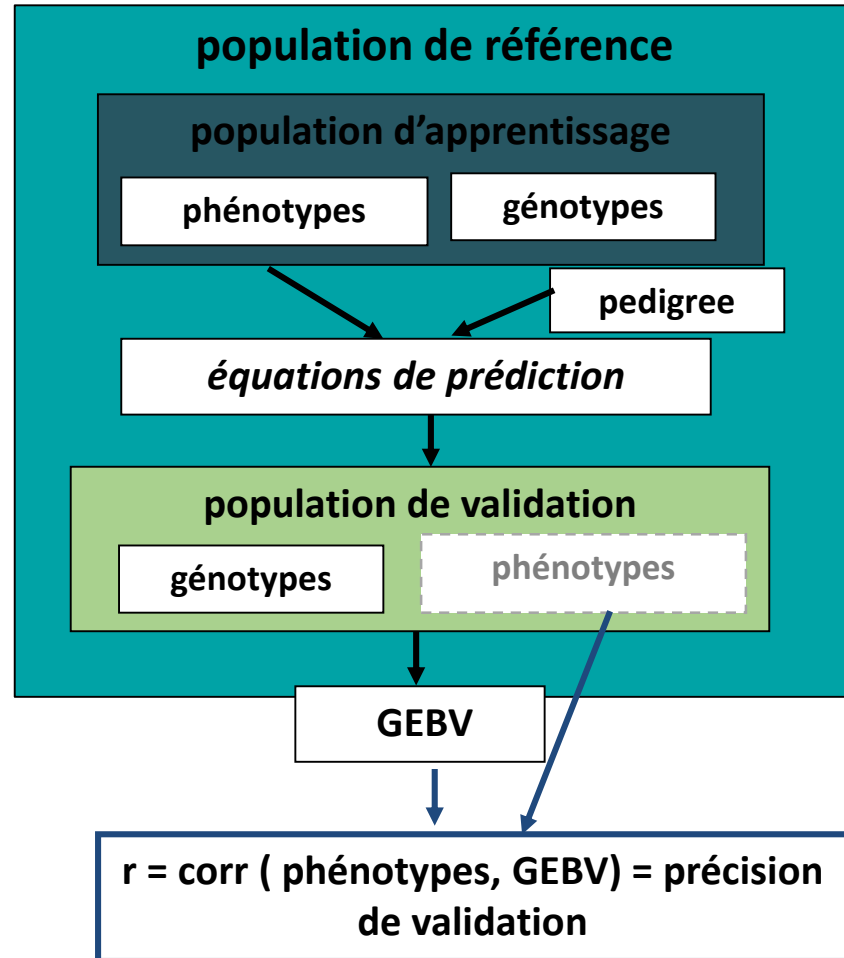
Grâce à une **population de référence** génotypée et avec une valeur génétique très bien connue: établir le lien entre portions de génome transmises et valeur génétique

➤ II. Sélection génomique

population de référence et précision

Population de référence = population phénotypée et génotypée, permettant de faire le lien entre les marqueurs et les phénotypes

- ➔ Représentative de la population
- ➔ Suffisamment grande (précision)
- ➔ Puce suffisamment dense (DL)



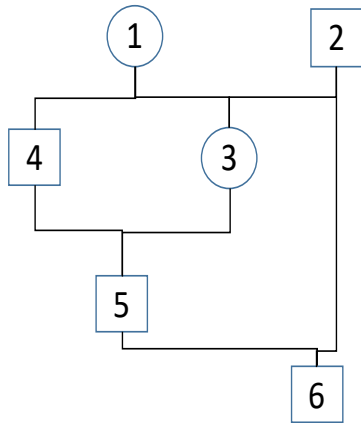
➤ II. Sélection génomique : l'évaluation génétique classique

Performances mesurées = **génétique individu** + effets milieu + résidus

A100, GMQ, nés vivants, ...

Estimé grâce aux relations de parenté (généalogies/pédigrée)

- Elevage
- Bande
- Sexe
- Portée
- Case
- Rang portée de la mère
- Poids naissance
- Poids début contrôle
- Poids de demi-carcasse



A=

	1	2	3	4	5	6
1	1,00	0	0,5	0,5	0,5	0,25
2		1,00	0,5	0	0,25	0,625
3			1,00	0,25	0,625	0,563
4				1,00	0,625	0,313
5					1,125	0,688
6						1,125

Symm

➤ II. Sélection génomique : l'évaluation génétique

Performances mesurées = **génétique individu** + effets milieu + résidus

$$\begin{bmatrix} 11 \\ 14 \\ 7 \\ 18 \\ 20 \\ 16 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0,5 & 0,5 & 0,5 & 0,25 \\ & 1 & 0,5 & 0 & 0,25 & 0,625 \\ & & 1 & 0,25 & 0,625 & 0,563 \\ & & & 1 & 0,625 & 0,313 \\ & & & & 1,125 & 0,688 \\ & & & & & 1,125 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a1 \\ a2 \\ a3 \\ a4 \\ a5 \\ a6 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} 1 \\ 2 \\ 1 \\ 3 \\ 2 \\ 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b1 \\ b2 \\ b3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e1 \\ e2 \\ e3 \\ e4 \\ e5 \\ e6 \end{bmatrix}$$

Nés vivants
 Rang de portée
 Effet du rang de portée
 $a \sim N(0, A\sigma_a^2)$
 $e \sim N(0, I\sigma_e^2)$

Estimation des valeurs génétiques par méthode **BLUP**

Toutes les semaines en porcs

➤ II. Sélection génomique

l'évaluation génomique

Performances mesurées = **génétique individu** + effets milieu + résidus

↳ Estimé grâce aux relations de parenté
(généalogies/pédigrée + **marqueurs SNP**)

Puce à SNP ➔ Génotypage à partir d'un échantillon (sang, biopsie, poils,...)

En porc entre 1000 et 600 000 SNP (Illumina, Affymetrix)

AA AT GG GC A. .. TT CC

1 = hétérozygote

0 = homozygote allèle le plus fréquent

2 = homozygote allèle le moins fréquent

5 = info manquante

➔ AA AT GG GC A. .. TT CC = 0 1 2 1 5 5 0 0



➤ II. Sélection génomique

l'évaluation génomique

Génotypages des individus :

Indiv 1 : 0 1 2 1 5 5 0 0

Indiv 2 : 0 0 2 2 1 0 2 2

Indiv 3 : 1 0 2 2 1 0 2 2

Indiv 4 : 5 0 1 1 0 1 2 1

Indiv 5 : 0 0 1 1 5 1 1 1

Indiv 6 : 2 2 2 5 5 0 0 2

Corrélation entre (0 1 2 1 5 5 0 0 ; 0 0 2 2 1 0 2 2)

$$G = \begin{bmatrix} 1 & 0,32 & 0,49 & 0,47 & 0,66 & 0,16 \\ & 1 & 0,94 & 0,21 & 0,16 & 0,21 \\ & & 1 & 0,13 & 0,05 & 0,21 \\ & & & 1 & 0,44 & 0,27 \\ & & & & 1 & 0,54 \\ & & & & & 1 \end{bmatrix}$$

méthode **GBLUP**

Corrélation entre (0 0 2 2 1 0 2 2 ; 1 0 2 2 1 0 2 2)

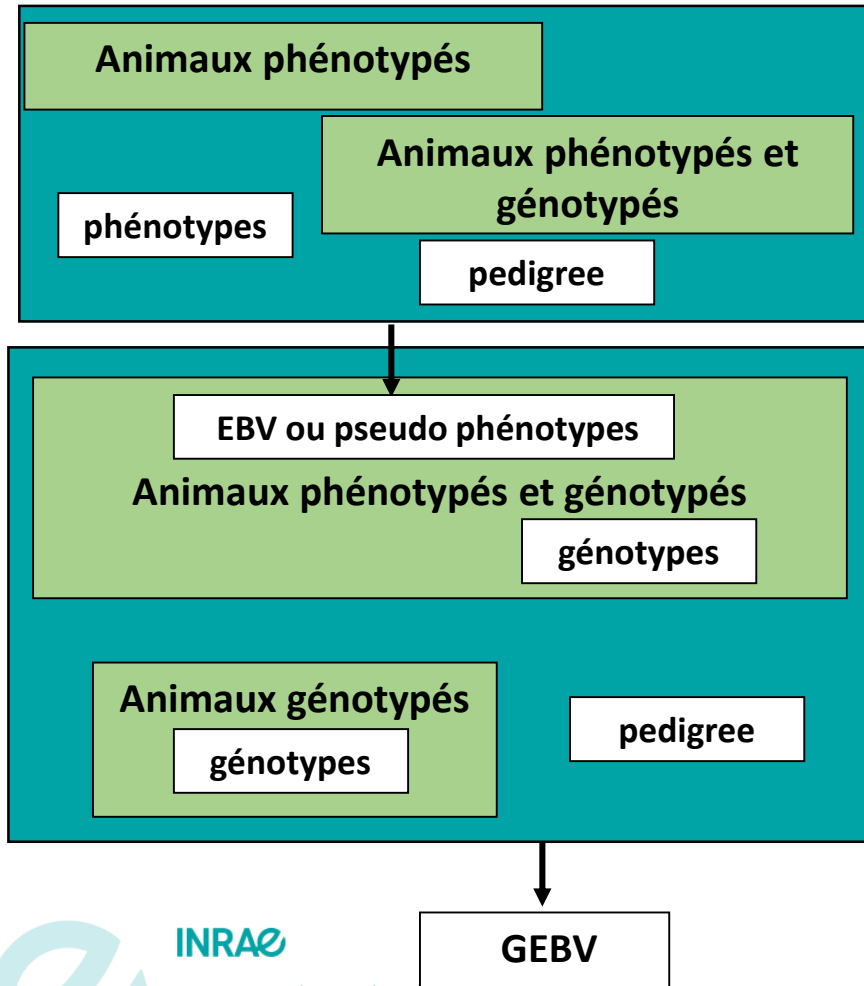
➔ Matrice remplacée dans le modèle d'évaluation génétique

INRAE

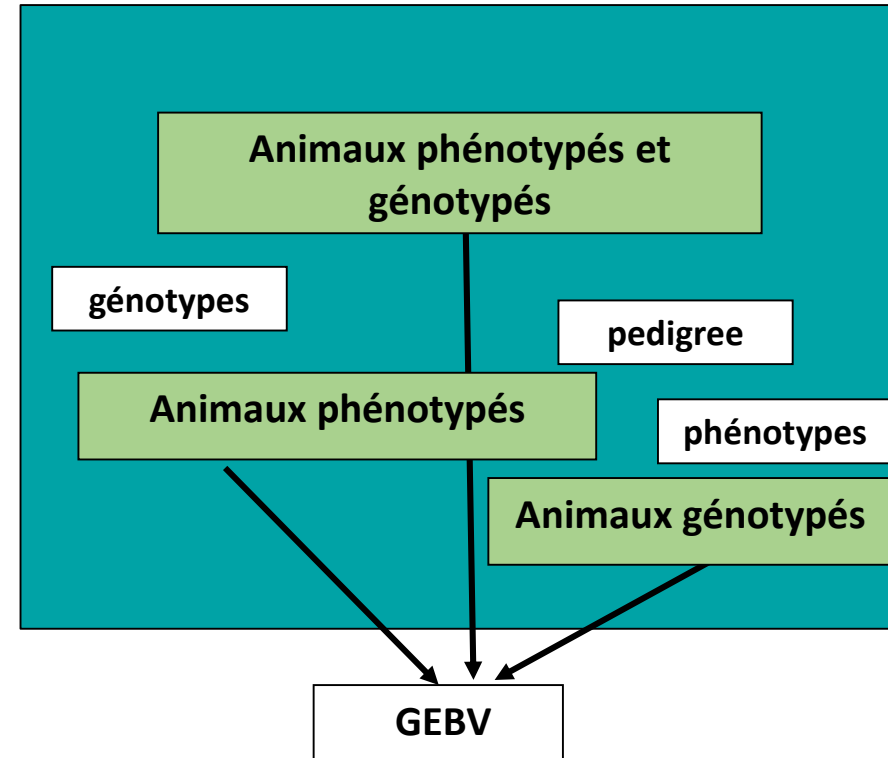
➤ II. Sélection génomique

Approches : 2 étapes vs single step

2 étapes



Single step



➤ II. Sélection génomique

Avantages de la sélection génomique

- Obtenir une valeur génétique pour un individu sans phénotypes ou sans phénotypes de collatéraux/descendants
 - Sélectionner de nouveaux caractères
 - Sélectionner plus tôt (dès la naissance)
 - ➔ réduire l'intervalle de génération
 - Augmenter la précision des valeurs génétiques
 - Diminuer/supprimer les coûts du testage sur descendance
 - ➔ possibilité d'augmenter l'intensité de sélection (nb de candidats)
 - Sélectionner intra portée
- ➔ Augmentation du progrès génétique



➤ II. Sélection génomique

Utilisation d'allèles spécifiques



Élimination d'allèles délétères (ex en porcs) :

- **Locus sensibilité au stress** (sensibilité à l'halothane) :
allèle récessif = sensibilité aux agressions, dev musculaire élevé, viande exsudative, pH ultime élevé

- **Locus rendement Napole** :

allèle dominant = perte à cuisson des viandes + acidité excessive

Élimination des allèles de sensibilité à la tremblante (en ovins)

Contrôle de filiation et assignation de parenté:

Utilisation de marqueurs sélectionnés pour identifier la parenté des individus

➔ Vérification de filiation père et mère

➔ Réattribution des bons parents



➤ Sommaire

I. Contexte de la sélection génétique classique

II. Principes de la sélection génomique

III. Conséquence sur l'organisation de la sélection



➤ III. Conséquence sur l'organisation de la sélection En porcs

Les avantages de la sélection génomique :

- Augmenter la précision des valeurs génétiques

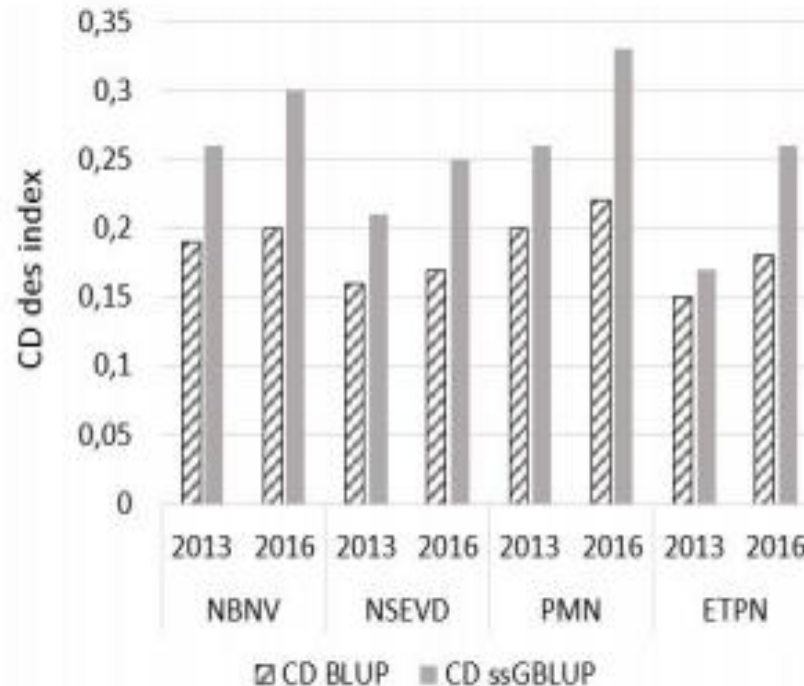
En porcs

NBNV= nombre de porcelets nés vivants

NSEVD= nombre de porcelets sevrés de la truie (la truie les ayant sevrés étant leur mère)

PMN= poids moyen des porcelets à la naissance (pour une portée)

ETPN = écart-type du poids des porcelets à la naissance



Pour les caractères de reproduction (h^2 faible)

A. Bouquet, JRP 2017



INRAE

Formation école d'ingénieurs de Purpan

Céline Carillier-Jacquin & Hélène Larroque, janvier 2022

➤ III. Conséquence sur l'organisation de la sélection En porcs

Les avantages de la sélection génomique :

- Augmenter l'intensité de sélection (nb de candidats)

En porcs

Pas d'intérêt car la quasi-totalité des porcelets nés sont mesurés à 100kg

➔ On ne peut avoir plus de candidats à moins d'avoir plus d'élevages!

➤ III. Conséquence sur l'organisation de la sélection En porcs

Les avantages de la sélection génomique :

- Réduction de l'intervalle de génération

En porcs

Pour les caractères de reproduction :

h^2 faible

intervalle de génération > 1 an → réduit à 6 mois

➤ III. Conséquence sur l'organisation de la sélection

Les avantages de la sélection génomique :

- Sélection intra portée

➔ Elle se fait déjà à l'aide des mesures à 100kg,
ce n'est pas une révolution avec la génomique pour les porcs

En porcs

➤ III. Conséquence sur l'organisation de la sélection

Les avantages de la sélection génomique :

- Sélectionner de nouveaux caractères

- ➔ Sélectionner pour des caractères mesurés sur les croisés
- ➔ Caractères mesurés sur peu d'individus (odeur de verrat, maturité du porcelet, microbiote/ digestibilité, ...)

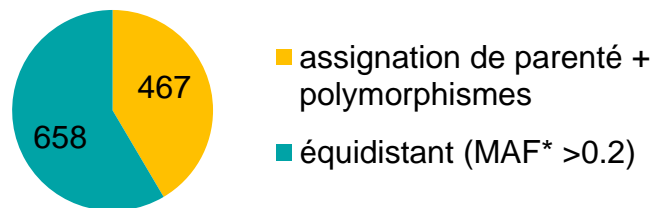
En porcs



➤ III. Conséquence sur l'organisation de la sélection

En porc

- Pas d'avantage conséquent à la sélection génomique
 - ➔ Pas de réorganisation du schéma de sélection
 - ➔ C'est un argument commercial
- Etude de différentes stratégies de génotypage :
 - intérêt du génotypage des femelles
 - utilisation d'une puce basse densité pour diminuer les coûts (notion d'imputation)



Puce basse densité porcine 1 125 SNP

Corrélations entre les GEBV estimées avec génotypes imputés et celles estimées avec génotypes 60/80K :

	Landrace	LW
Porcelets nés vivants	0.96	0.94
Porcelets sevrés par la truie	0.95	0.94
Poids moy à la naissance	0.93	0.96

➤ III. Conséquence sur l'organisation de la sélection en ruminants

Avec la sélection génomique on espère:
➤ précision des Index dès la naissance

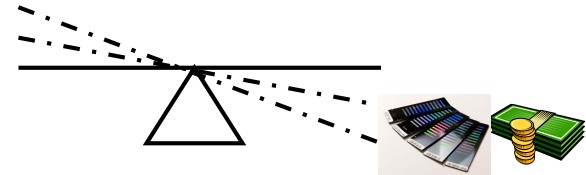
Période de testage sur descendance

➤ Progrès génétique annuel (ΔGa)



- **Bovins laitiers**
 - Précision (♂ à la naissance)
 - Intensité de sélection
 - ↘ Intervalle de génération

➤➤ ΔGa



- **Petits ruminants laitiers**



➤ III. Conséquence sur l'organisation de la sélection en petits ruminants: une situation peu favorable

✓ Coût relatif du génotypage plus élevé 

✓ Potentiel pour ↗ ΔG :

- Intensité de la sélection génomique dépend de:
↗ Coût du génotypage ↘ nombre de mâles d'IA



↘ IA en semence fraîche pour les ovins laitiers et une demande très concentrée dans le temps



- Intervalle de génération:
↘ déjà court(4-5 années)



- Précision des Index Génomique dépend de:
 - Caractéristiques de la population de référence
 - Méthodes et modèles d'évaluation génomique

➤ III. Conséquence sur l'organisation de la sélection en petits ruminants: une situation peu favorable

- ✓ Niveau de déséquilibre de liaison ⇒ non favorable à la sélection génomique
- ✓ Caractéristiques des populations ⇒ 2 situations

1) Grande taille de population de référence: ✗ **approche uniraciale**

- ✓ Manech Tête Rousse
- ✓ Lacaune

2) Petite population de référence: ✗ **approche multi-raciale?**

+ ↗ **apparemment**+ ↘ *Ne effectif génétique réalisé*

- ✓ Alpine
- ✓ Saanen
- ✓ Manech Tête Noire
- ✓ Basco-béarnais



✓ *Testage sur descendance précis*

✓ ↘ Intervalle de génération + ↗ Taux d'IA

➤ III. Conséquence sur l'organisation de la sélection en petits ruminants: Qualité de prédiction génomique



Evaluation génomique: GBLUP approche single-step

Bovins corrélations pour le Lait:

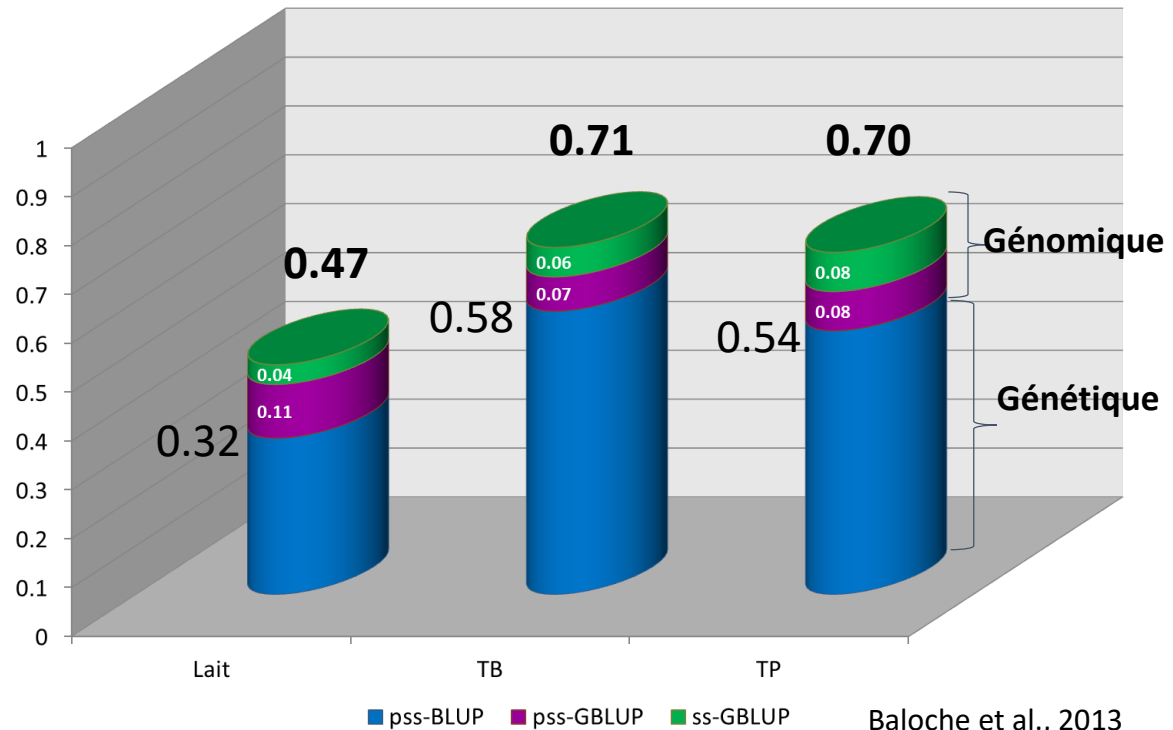
Holstein: 0.60

Normande: 0.36

Montbéliarde: 0.47

BLUP= sur ascendance
 pss-GBLUP=
 génomique 2 étapes
 Ss-GBLUP= génomique
 single step

Lacaune (précision génomique standardisée)



Basco-Béarnais (précision génomique standardisée pour le Lait):
 0.46(ascendance) ⇨ 0.52 (génomique)



INRAE

Formation école d'ingénieurs de Purpan

Céline Carillier-Jacquin & Hélène Larroque, janvier 2022

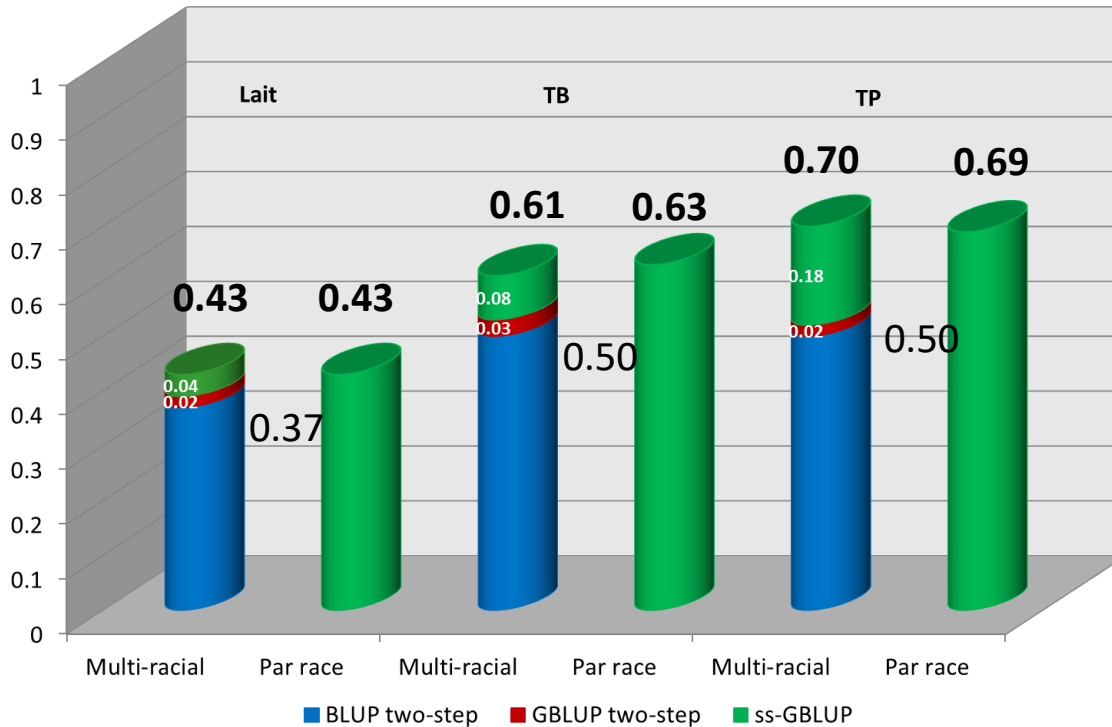
Legarra et al., 2014

➤ III. Conséquence sur l'organisation de la sélection en petits ruminants: Qualité de prédiction génomique



Evaluation génomique: GBLUP approche single-step

Corrélations



- **Corrélations :**

Par race \approx Multiple-racial

- **Précision génomique des jeunes boucs:**

Plus forte que sur ascendance

Pour le lait:

0.70 (ssGBLUP multiracial) > 0.62 (ascendance)



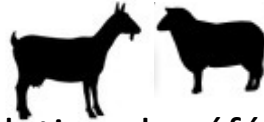
INRAE

Formation école d'ingénieurs de Purpan

Céline Carillier-Jacquin & Hélène Larroque, janvier 2022

➤ III. Conséquence sur l'organisation de la sélection en petits ruminants: Qualité de prédiction génomique

- Précision des évaluations génomiques:



<<

Holstein



≈

Montbéliarde, Normande

- ✓ Petite population de référence
- ✓ Faible niveau de DL
- ✓ Faible précision du testage sur descendance → population de référence moins précise (ovins)

Forte précision du testage sur descendance (Chèvres)
Plus fort apparemment et faible N_e (Basco-Béarnaise; Saanen)

- Approche single-step **+++**, prend en compte:
 - ✓ ♀ information
 - ✓ Sélection

~~⊗~~ **Des améliorations encore à venir notamment l'inclusion de gènes majeurs connus**

➤ III. Conséquence sur l'organisation de la sélection en petits ruminants: vers un schéma génomique ovins laitiers – Exemple Lacaune

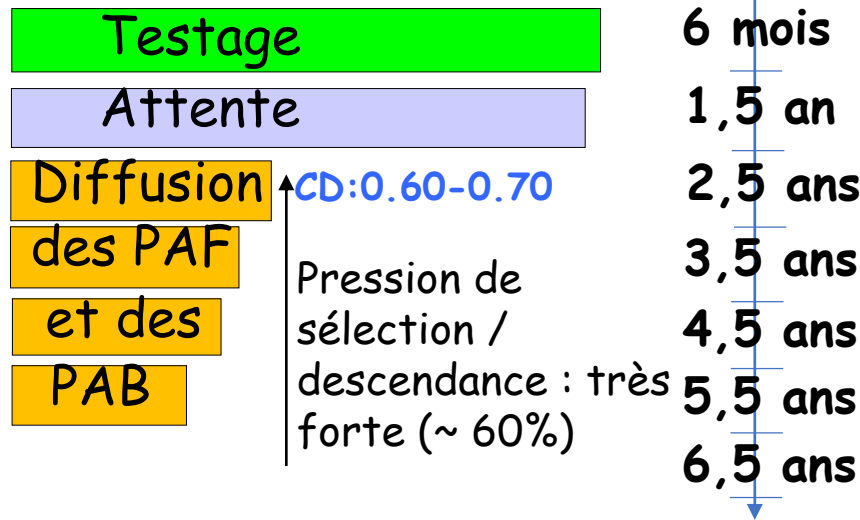
- ✓ Comment concevoir un schéma de sélection qui intègre l'utilisation des index génomiques ?
- ✓ Un tel schéma de sélection a-t-il un intérêt technico-économique ?



III. Conséquence sur l'organisation de la sélection en petits ruminants: vers un schéma génomique ovins laitiers – Exemple Lacaune

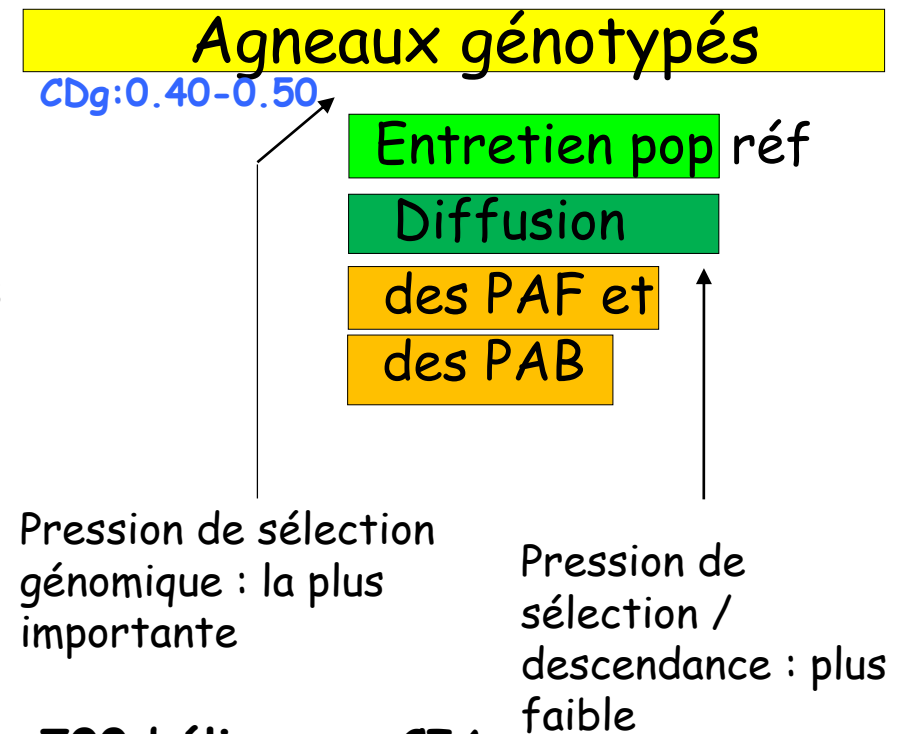
1 Entreprise de sélection Lacaune

Schéma actuel
Sélection sur ascendance
CD:0.20-0.30



700 béliers au CIA

Schéma génomique
Sélection sur ascendance



<700 béliers au CIA

➤ III. Conséquence sur l'organisation de la sélection en petits ruminants: vers un schéma génomique ovins laitiers – Exemple Lacaune

Agneaux de 8 mois : utilisés uniquement en CLO

Testage



Entretien pop de réf

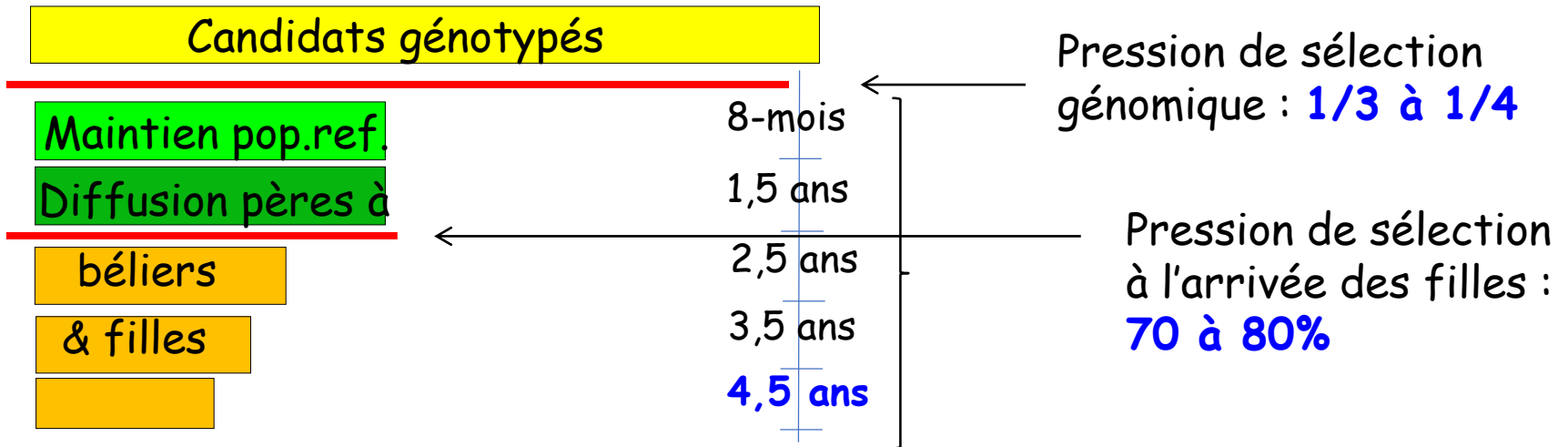
Niveau génétique ♂ entretien (au moins pères à filles) > ♂ testage

Les éleveurs doivent garder les filles des ♂ entretien

Objectif : planifier la production de filles en CLO pour entretenir la qualité des relations entre phénotype et génotype

➤ III. Conséquence sur l'organisation de la sélection en petits ruminants: vers un schéma génomique ovins laitiers – Exemple Lacaune

- ✓ Effectifs de béliers nécessaires pour passer le 1^{er} pic d'IA (contrainte majeure = IA en semence fraîche, très saisonnée)
- ✓ Progrès génétique



Une alternative intéressante pour impliquer tous les sélectionneurs : le **schéma mixte** incluant une 2^{ème} « bande » de béliers : ceux nés chez les sélectionneurs tardifs

➤ III. Conséquence sur l'organisation de la sélection en petits ruminants: vers un schéma génomique ovins laitiers – Exemple Lacaune

- Entrer au minimum **750-850 béliers au centre d'élevage**
- La cohorte de jeunes béliers mis à l'IA est diminué de moitié :
220 → 110-120 agneaux
- Le nombre de béliers total au CIA est significativement diminué :
700 → 400-450 béliers d'IA



➤ III. Conséquence sur l'organisation de la sélection en petits ruminants: vers un schéma génomique ovins laitiers – Exemple Lacaune

Résultats technico-économiques

Prise en compte
coût d'entretien et
génotypage des
mâles

Surcoût lié à la génomique
(90€ ; 50% élim en CE)

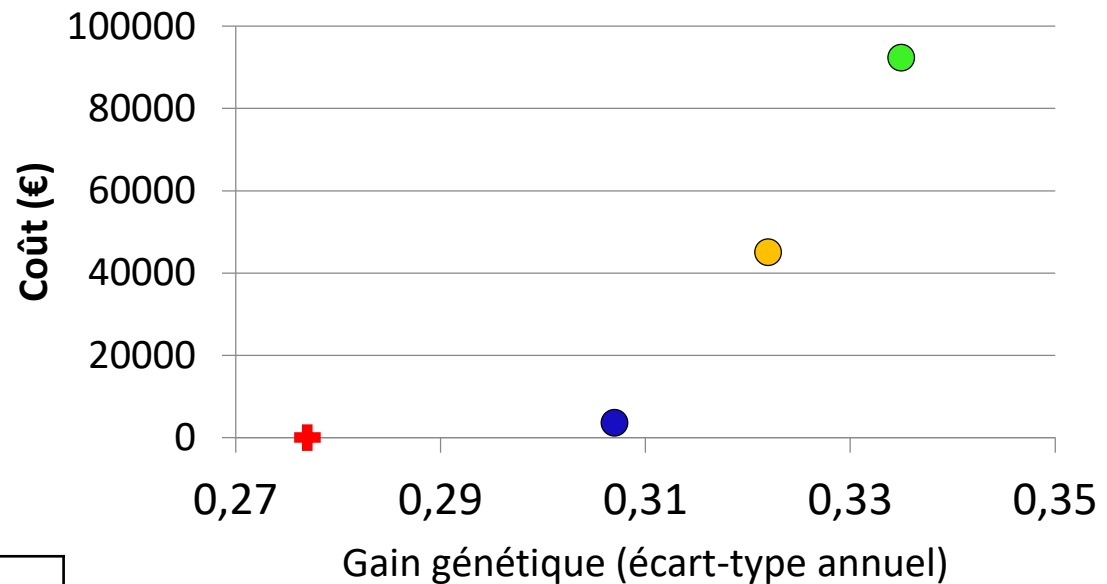


Schéma classique

Génomique : pG=1/3

Génomique : pG=1/4

Génomique : pG=1/5

ΔG : + 10 à 15%
sans surcoût

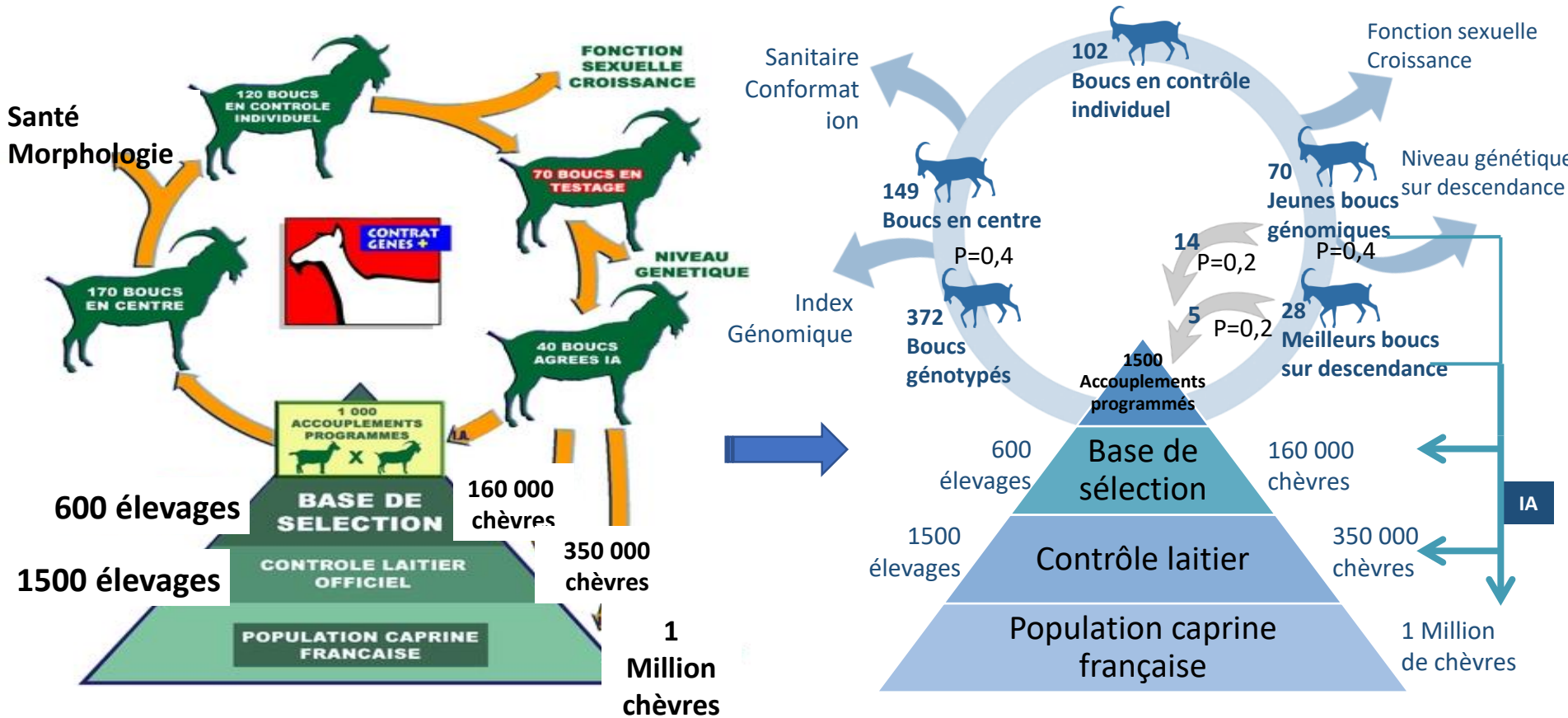
Source: JM Astruc

INRAE

Formation école d'ingénieurs de Purpan

Céline Carillier-Jacquin & Hélène Larroque, janvier 2022

➤ III. Conséquence sur l'organisation de la sélection en petits ruminants: vers un schéma génomique caprins



➤ III. Conséquence sur l'organisation de la sélection en petits ruminants: vers un schéma génomique caprins

- **Evaluation génomique opérationnelle en Janvier 2018**
 - ↗ Nombre d'évaluations pour l'arrivée des jeunes boucs
- **Schéma de sélection cible à coût constant (transition sur 2-3 ans):**
 - Génotyper 2,5 X nombre de mâles en contrôle individuel
 - Utiliser les jeunes mâles dès la 1^{ière} année (60%) + mâles confirmés sur descendance (40%)
- **Conséquences:**
 - ↘ précision car utilisation précoce de jeunes boucs génomiques, compensée par:
 - ↘ intervalle de génération
(en moyenne: -1 an \approx -21%; entre père-fils IA: -2,7 ans \approx -47%)
 - ↗ intensité de sélection

⇒ **+30% de progrès génétique attendu**



➤ III. Conséquence sur l'organisation de la sélection en petits ruminants: perspectives

- **Exploration de nouvelles méthodes:**

Comment prendre en compte dans les modèles d'évaluation des gènes majeurs (comme la caséine en Chèvre)

Extension des modèles génomiques pour des données longitudinales

- **Evolution des outils de génotypage:**

- En sélection:

Puce faible densité (LD) 15K: exemple en ovins

Stratégie de génotypage des jeunes candidats en 15K puis re-génotypage des mâles sélectionnés en 50K ⇒ 20 à 40% d'économie pour un schéma

↳ Hétérogénéité des outils: harmonisation par technique d'imputation

- En recherche:

Puce Haute densité (HD) 700K, Séquences: construire de nouveaux outils de génotypages, détecter des gènes

- **Vers une ouverture des génotypages:** aux femelles, aux mâles de monte naturelle ⇒ une stratégie à concevoir





**Merci
de votre
attention !**

