

# ➤ SOMMAIRE

## 1. Porc et filière porcine

Domestication

Filière

## 2. Génétique quantitative

Aspects théoriques

Evaluation génétique et génomique

## 3. Organisation de la sélection porcine

Principaux opérateurs en France et dans le monde

Objectifs de sélection

Collecte de l'information

Evolution des caractères

## 4. Perspectives de la filière et sélection

## 2. Génétique quantitative

### Aspects théoriques

# ➤ Génétique quantitative

## Définition

- s'intéresse souvent à évolution de populations soumises à l'action humaine,
- traite les caractères à variation continue, déterminés par nombreux gènes, la plupart non identifiables individuellement

## Objectif :

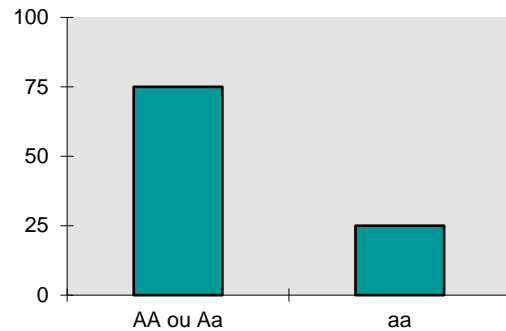
Décrire la variabilité des caractères quantitatifs des plantes ou des animaux (Homme inclus) pour:

- donner des outils au sélectionneur
- mieux comprendre la biologie des organismes

# ➤ Quantitatif c'est quoi ?

## Caractères QUALITATIFS

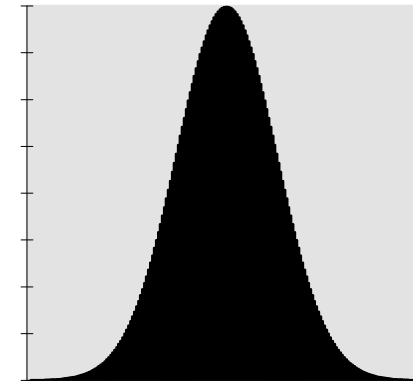
Présence / absence de tâches  
Maladie (malade / sain)



Distribution discrète

## Caractères QUANTITATIFS

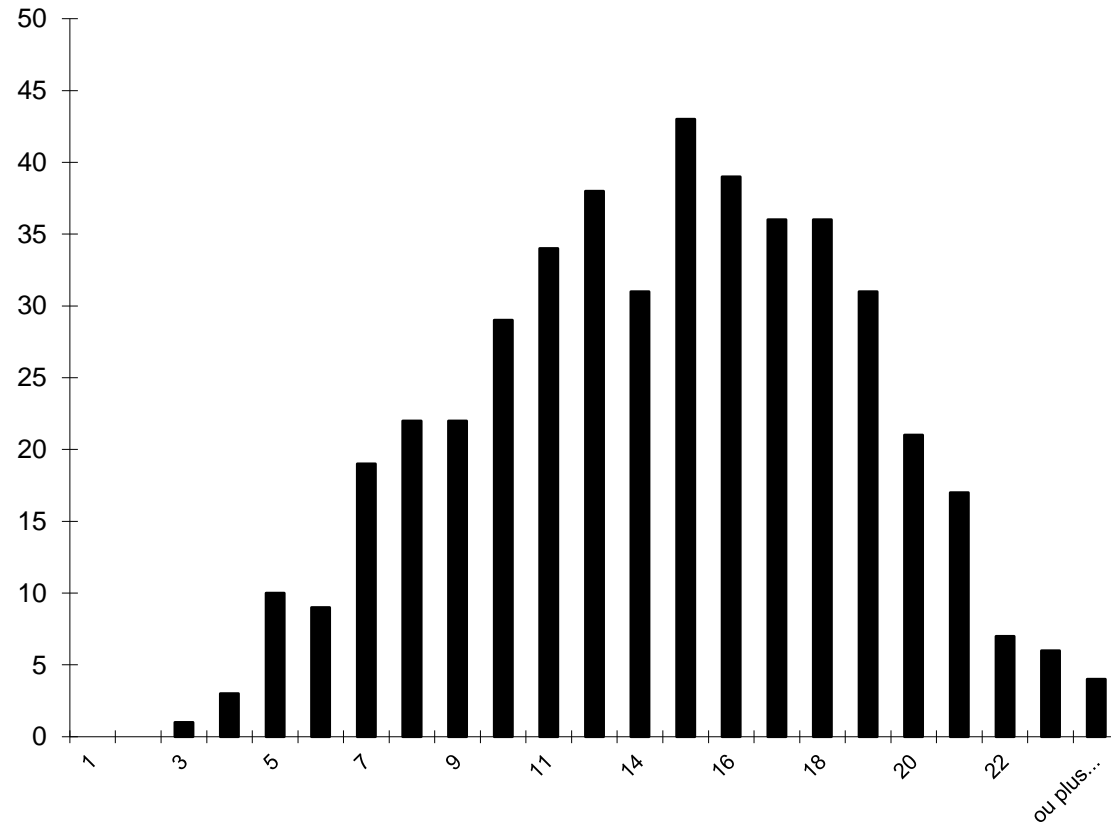
Poids, taille (kg, cm)  
Indice de Consommation (kg/kg)  
Nombre de porcelets nés



Distribution continue

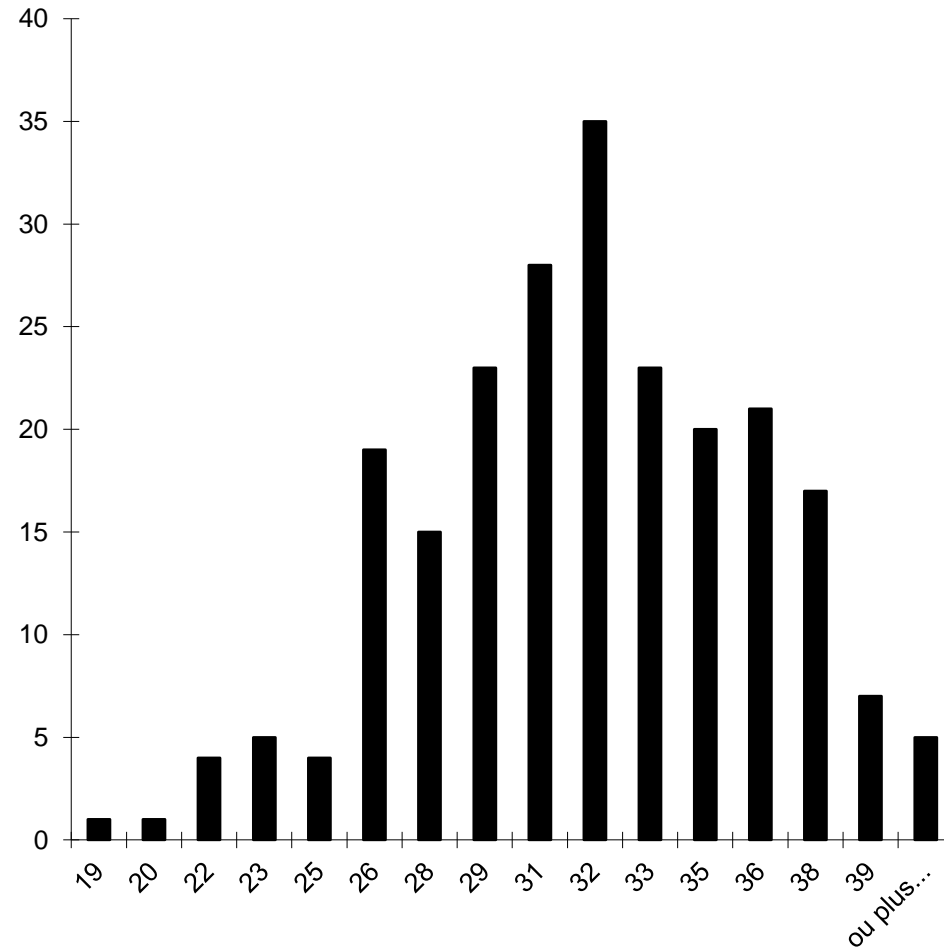
## ➤ Quelques exemples de caractères quantitatifs

Distribution des tailles de portées dans un échantillon de 570 truies de race Large White



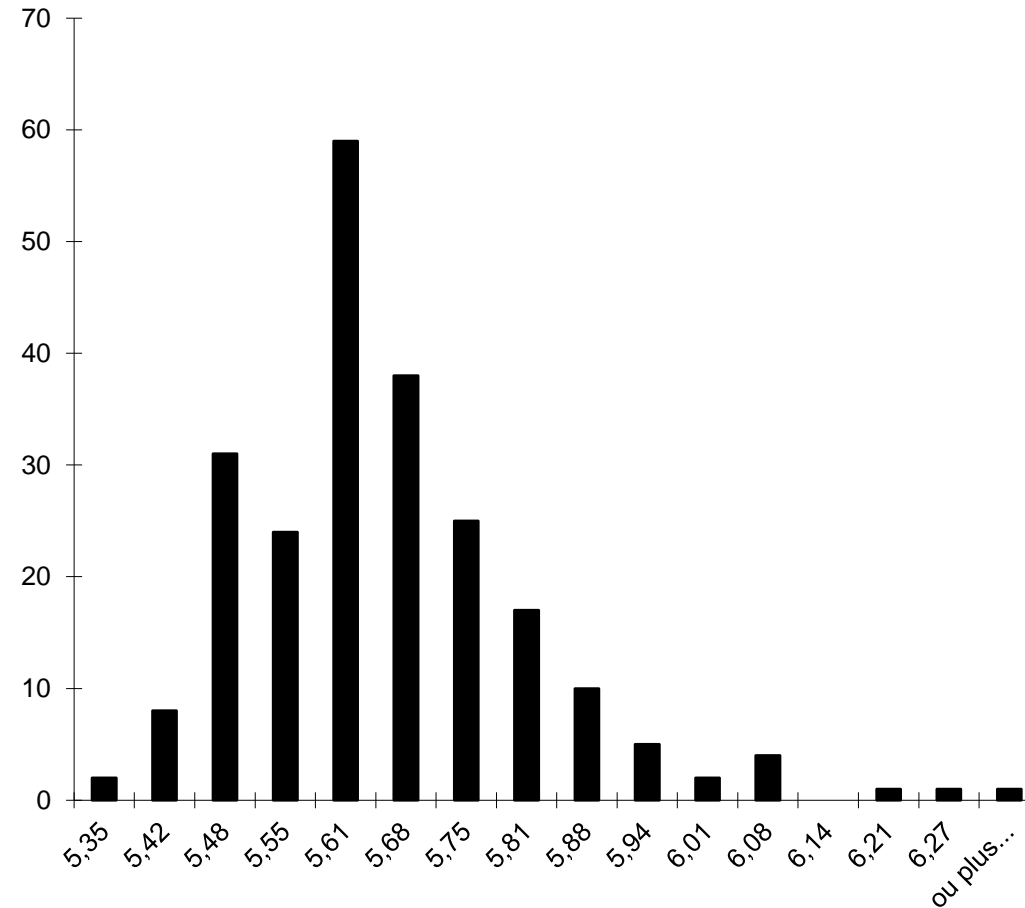
## ➤ Quelques exemples de caractères quantitatifs

Distribution des épaisseurs moyennes de lard dorsal (mm)  
dans un échantillon de 226 porcs de race Large White



## ➤ Quelques exemples de caractères quantitatifs

Distribution des pH ultimes de la viande  
dans un échantillon de 226 porcs de race Large White



# ➤ Origines de la continuité des caractères quantitatifs



## Facteurs d'environnement

- logement
- statut sanitaire
- alimentation
- éducation
- sexe
- ...

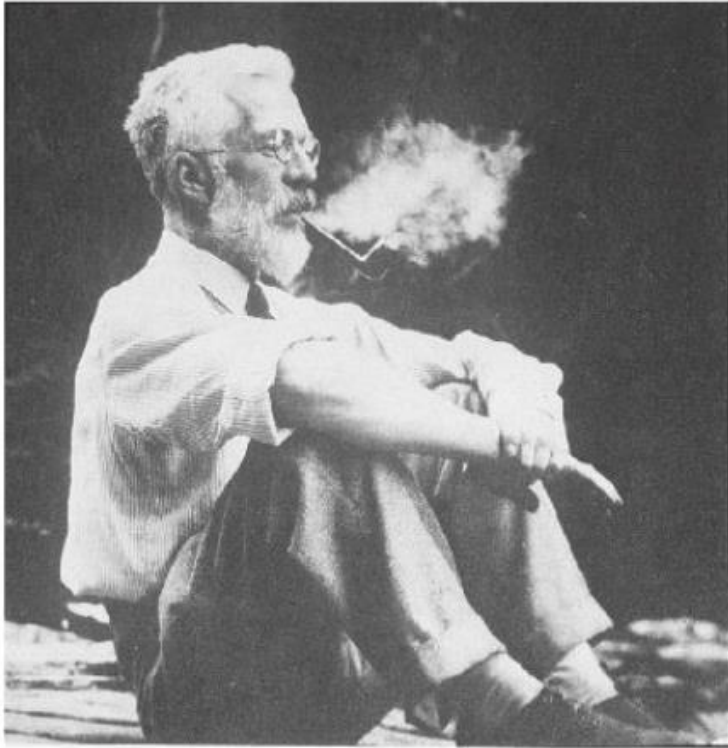


## Intervention de nombreux gènes



## ➤ Modèle polygénique infinitésimal

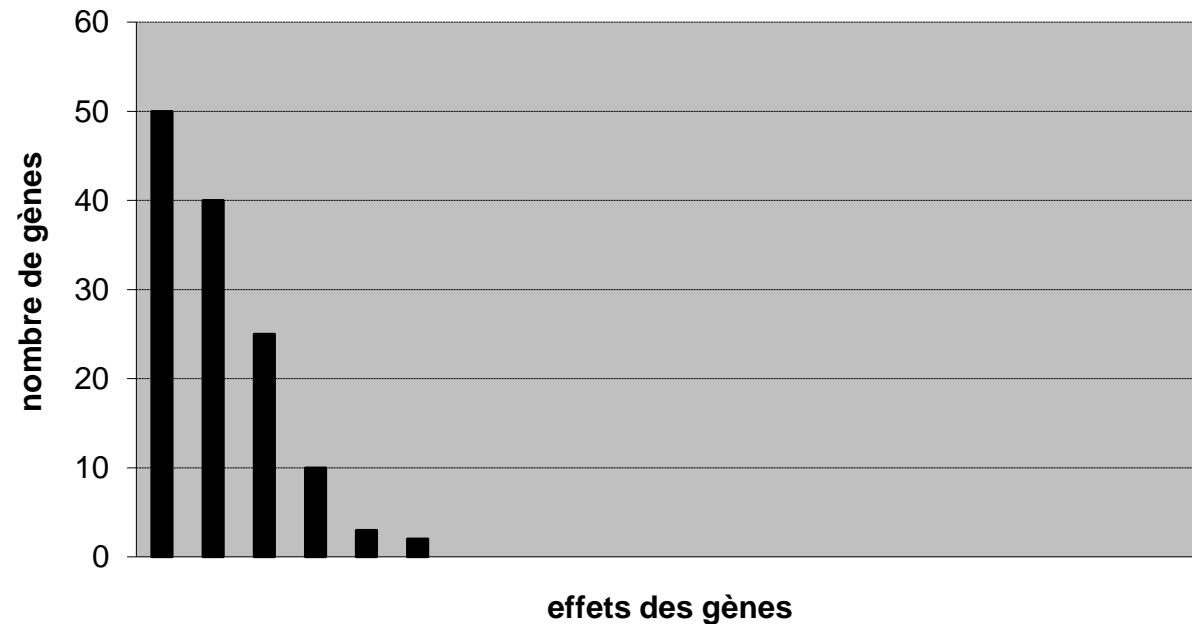
### Le modèle infinitésimal de Fisher (1918)



- Annoncé par Yule (1906), East (1910)
- Fisher, R. A. (1918). "The Correlation Between Relatives on the Supposition of Mendelian Inheritance." Philosophical Transactions of the Royal Society of Edinburgh **52**: 399-433.
- La ressemblance entre individus apparentés résulte du partage d'allèles en commun
- La variation observée pour les caractères quantitatifs résulte:
  - de l'action combinée d'un grand nombre de gènes (infini) à hérédité "mendélienne" individuelle
  - de l'influence de "l'environnement"

## ➤ Modèle polygénique infinitésimal

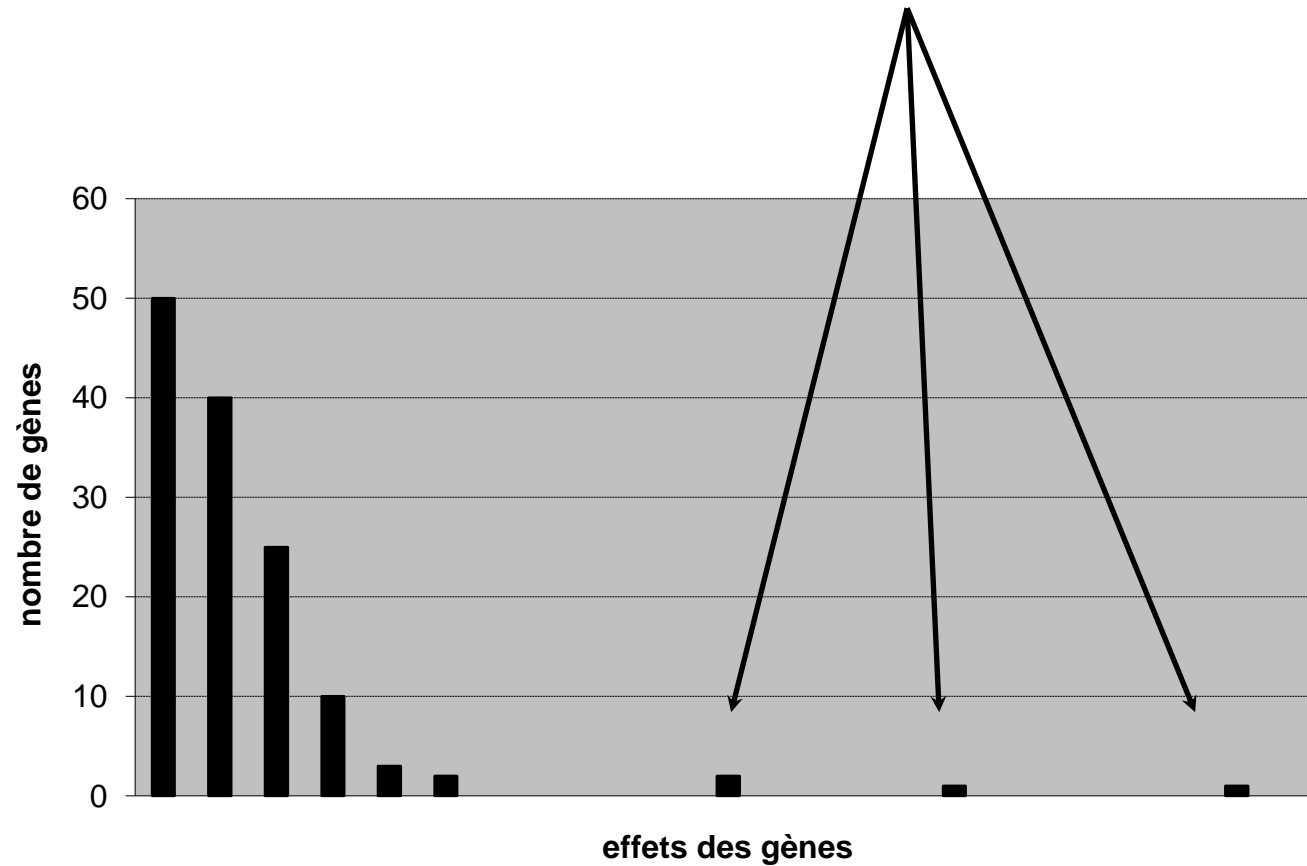
*Le caractère est gouverné par une infinité (un très grand nombre) de gènes, chaque gène ayant un effet infinitésimal*



## ➤ Des gènes majeurs ?

Pour certains caractères, on a pu mettre en évidence des gènes à effet majeur, ou des QTLs

QTL : Quantitative Trait Loci



# ➤ Exemples de gènes majeurs chez le porc

## Exemple 1 : le gène RN

- chromosome 15
- gène à effet majeur sur le rendement à la cuisson de la viande de porcs

Génotype	RN-/RN-	RN-/rn+	rn+/rn+
Rendit	88,0%	88,4%	96,6%

3,5 $\sigma$

# ➤ Exemples de gènes majeurs chez le porc

## Exemple 2 : le gène hal (halothane)

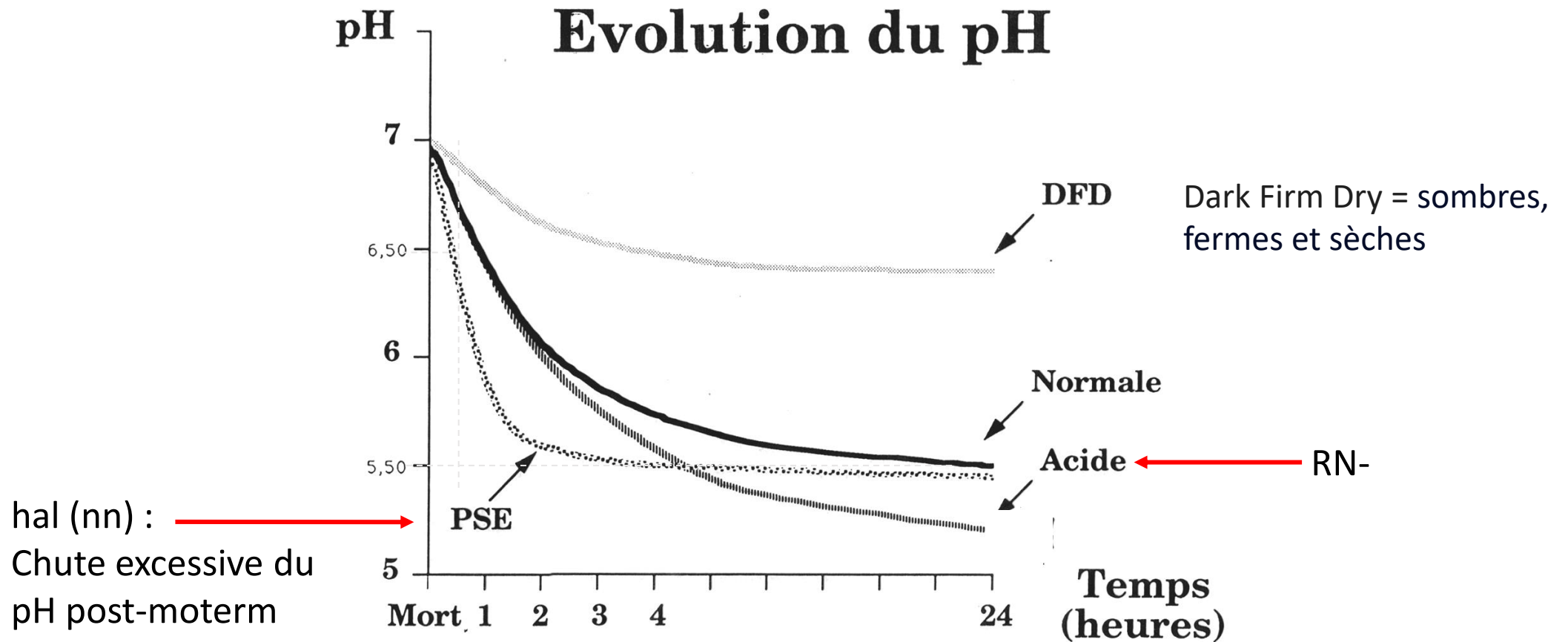
- chromosome 6
- deux allèles N et n

nn → syndrome d'hyperthermie maligne  
(mortalité élevée en situation de stress)

défaut de qualité de viande PSE : Pale , Soft, Exsudative

effet sur l'épaisseur de lard et le taux de muscle

## ➤ Exemples de gènes majeurs chez le porc : effet sur le pH ultime



# ➤ Le modèle de la génétique quantitative

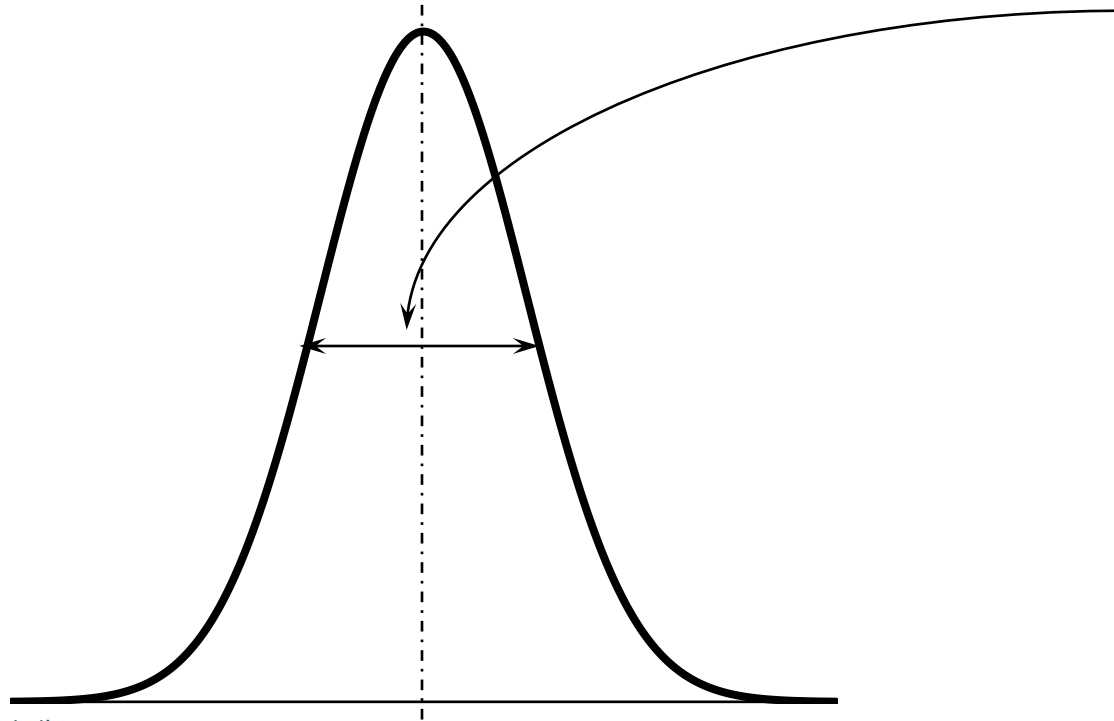
$$P = G + E$$

**Phénotype** = **Génétique** + **Environnement**  
 Performance                      Milieu + Résidus

Fait l'objet d'une mesure

Valeurs génétiques ?

En l'absence d'interaction génotype x milieu, on a :



**Var (P)**

=

**Var(G)**

+

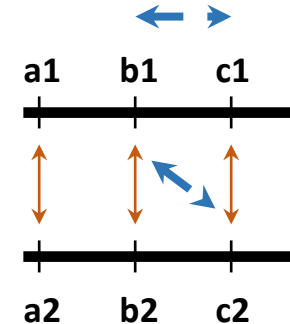
**Var(E)**

**Distribution des performances pour un caractère**

## ➤ Décomposition de la valeur génétique globale G

$$G = A + D + I$$

Avec : **A = Valeur Génétique Additive**  
**D = Valeur Génétique de Dominance**  
**I = Epistasie**



$A = \sum$  effets moyens de chaque gène (segment chromosomique)

$D = \sum$  effets produits par l'interaction des gènes présents au même locus

$I = \sum$  effets produits par l'interaction des gènes présents à des loci différents

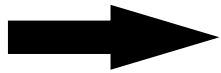


# ➤ Principe de l'amélioration génétique des caractères quantitatifs

$$P = G + E$$

On veut améliorer G

$$G = A + D (+ I)$$



**Améliorer A**

Exploiter la variabilité génétique intra-race  
**SELECTION**



**Améliorer D**

Exploiter la variabilité génétique entre-races  
**CROISEMENT**

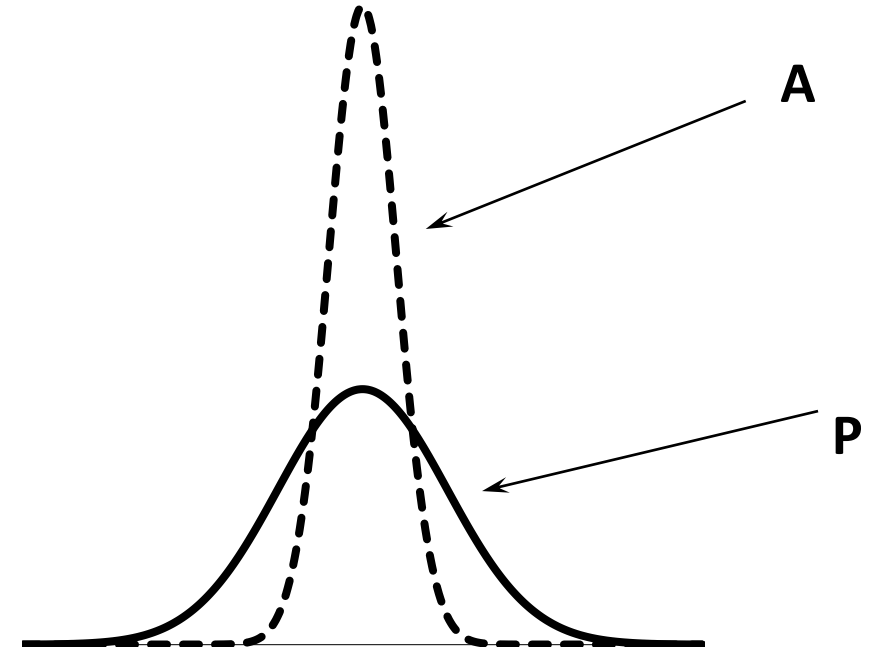
Ces deux stratégies sont  
complémentaires !

## ➤ Notion d'héritabilité

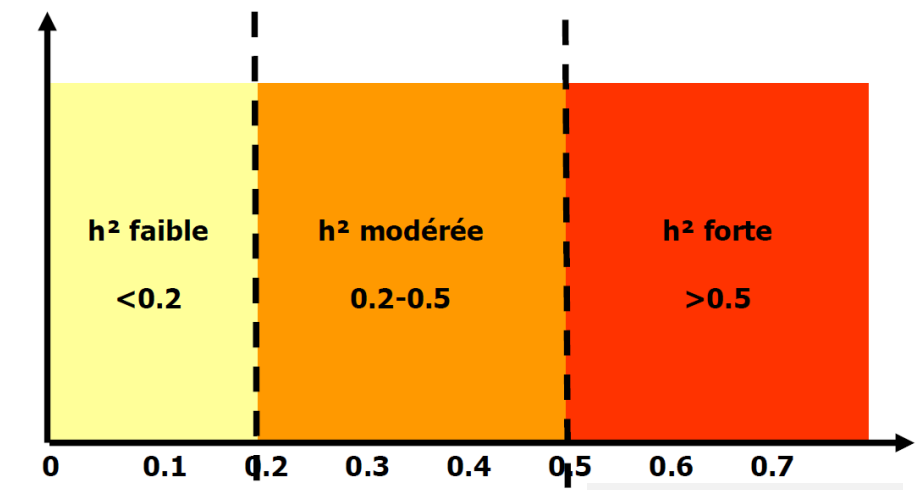
La **SELECTION** exploite la variabilité génétique additive intra-population (intra-race)

☞ 
$$h^2 = \frac{\text{Var}(A)}{\text{Var}(P)} = \frac{\text{Var}(\text{génétique additive})}{\text{Var}(\text{phénotypique})}$$

- paramètre variant de **0 à 1**
- qui permet de prédire (en partie) la réponse à attendre de la sélection
- qui permet de prévoir les difficultés de l'évaluation des reproducteurs



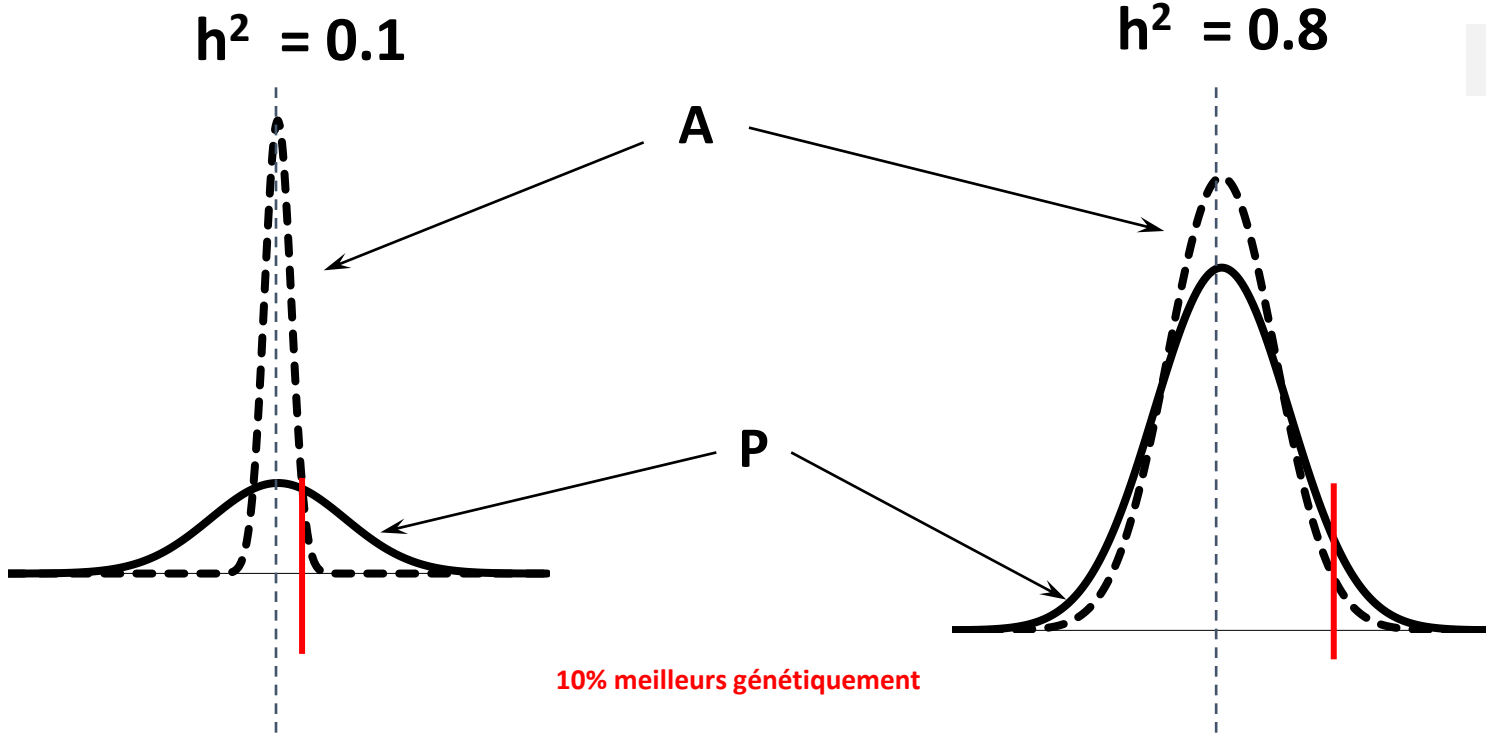
# ➤ Héritabilité forte, faible ?



reproduction

Croissance, efficacité alimentaire, ...

Épaisseur de lard dorsal



## ➤ Les héritabilités génétiques chez le porc français

	Large White	Landrace	Piétrain
<b>Porcelets nés totaux</b>	0,09	0,10	
<b>Porcelets sevrés</b>	0,09	0,09	
<b>Épaisseur lard dorsal</b>	0,65	0,58	0,48
<b>Épaisseur de muscle</b>	0,76	0,69	0,37
<b>Indice de consommation</b>	0,47	0,20	0,47
<b>Gain moyen quotidien</b>	0,40	0,33	0,58
<b>pH ultime</b>	0,21	0,20	0,23

*Tribout et al., JRP, 1996; Saintillan et al, JRP, 2011; Labroue et al, JRP 1996; Bouquet et al, JRP 2006*

# ➤ Le progrès génétique

Précision des valeurs  
génétiques additives  
estimées ( $CD=\rho^2$ )

*$h^2$  du caractère  
nb et qualité des mesures*

Progrès  
génétique

$$\Delta G = i \times \rho \times \sigma_A$$

*Nb d'animaux retenus  
Taille de la population*

**intensité de sélection**  
*fonction du taux de sélection  $t$   
→ tables*

**Ecart-type des valeurs  
génétiques additives**

*$i=1,755$  si  $t=10\%$   
 $i=1,400$  si  $t=20\%$*

## ➤ Le progrès génétique annuel

$$\Delta G_a = \frac{\Delta G = i \times \rho \times \sigma_A}{t}$$

**t** = intervalle de génération



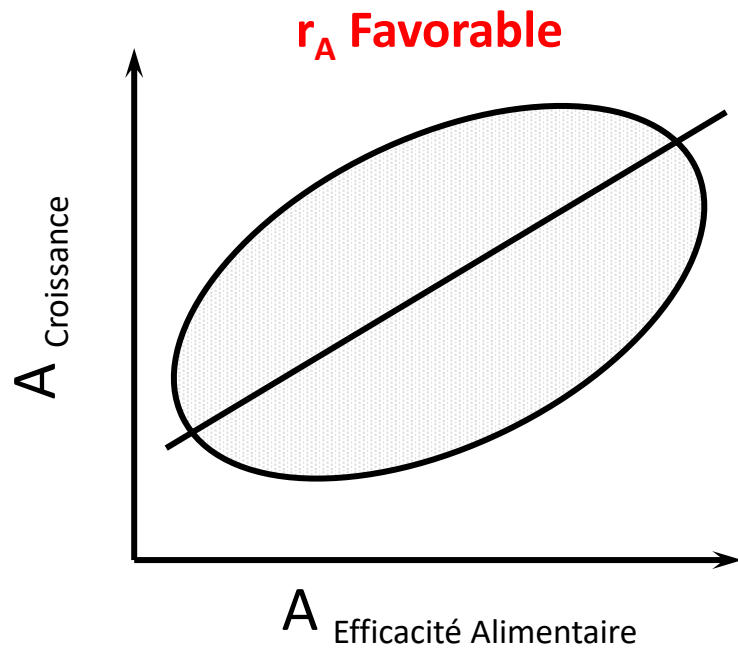
*Choix de sélection  
Biologie des animaux*

= âge moyen des reproducteurs d'une génération donnée à la naissance de leurs descendants à leur tour utilisés comme reproducteurs

## ➤ Notion de corrélation génétique ( $r_A$ )

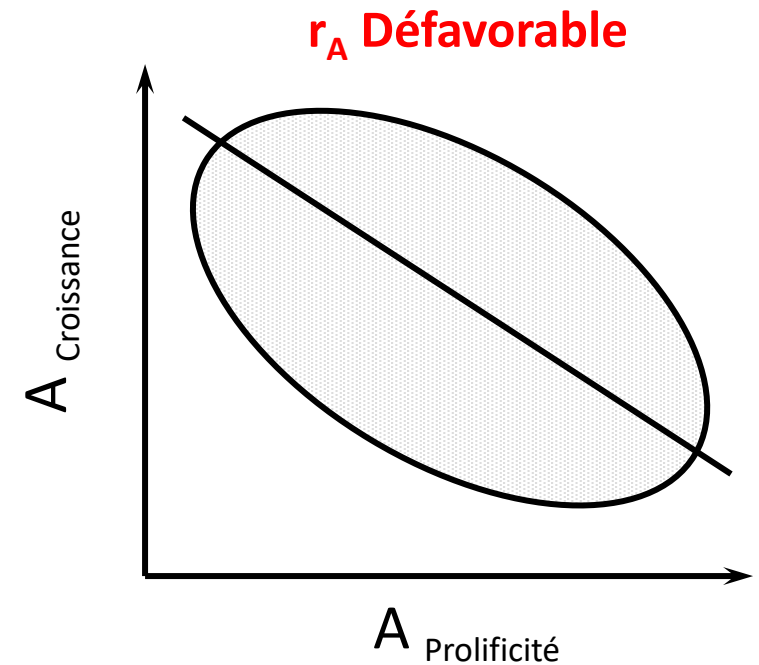
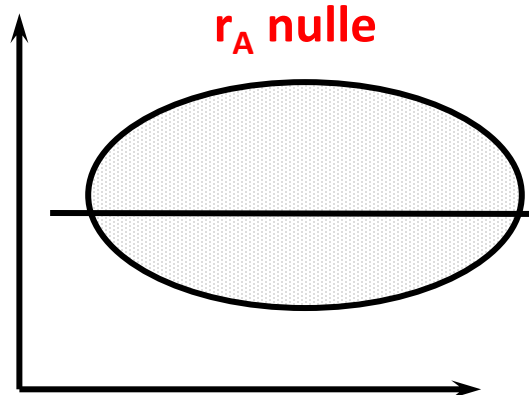
Estime l'intensité du lien génétique entre 2 caractères

- Varie entre -1 et +1
- Caractères non corrélés  $\Rightarrow 0$
- Caractères très corrélés  $\Rightarrow < -0.50$  ou  $> 0.50$

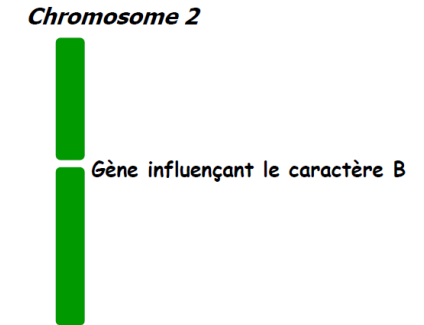
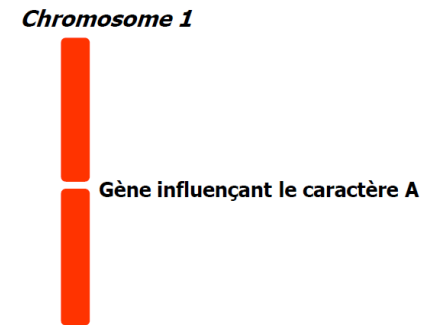
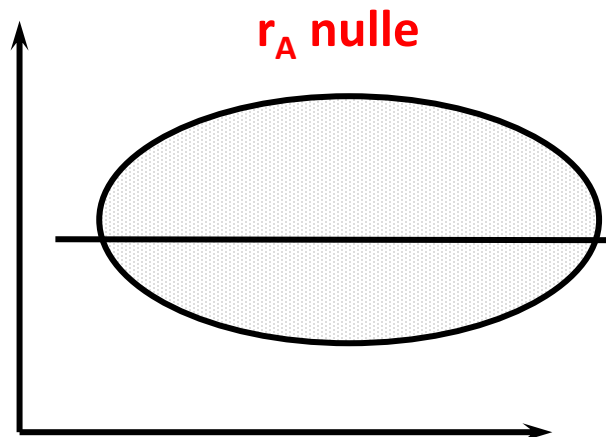
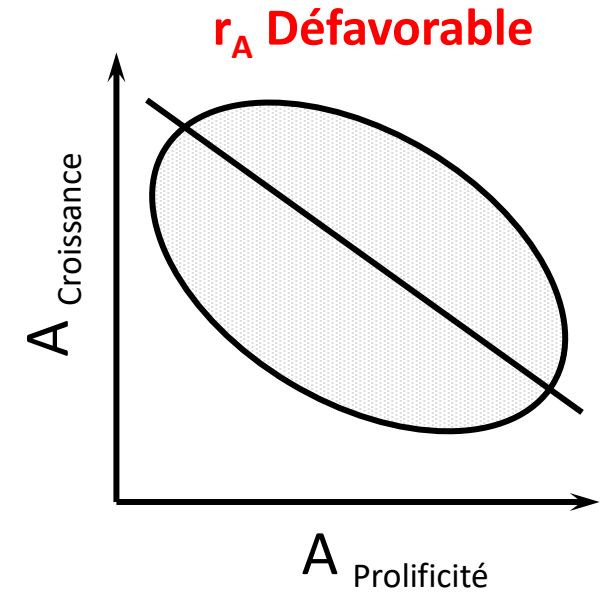
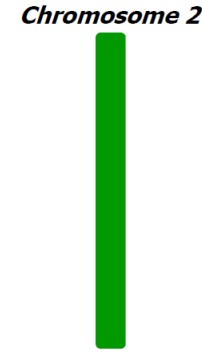
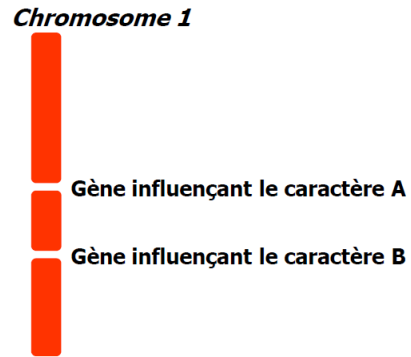
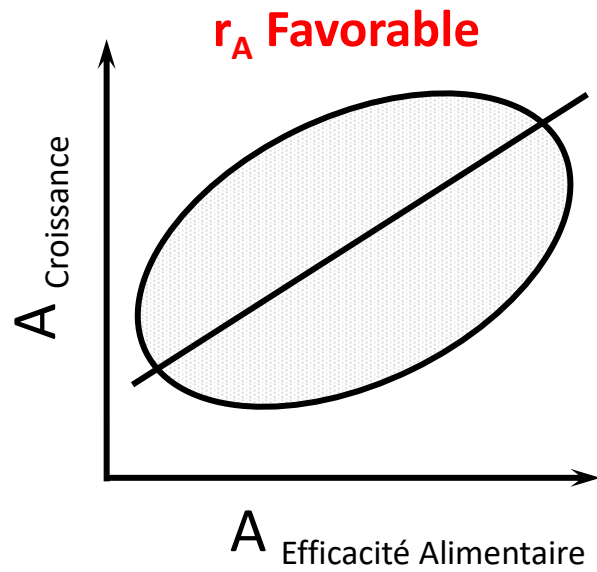


Covariance entre A et B :

$$r_g(A, B) = \frac{Cov(A, B)}{\sqrt{\sigma_A} \sqrt{\sigma_B}}$$



# ➤ Notion de corrélation génétique d'un point de vue génomique

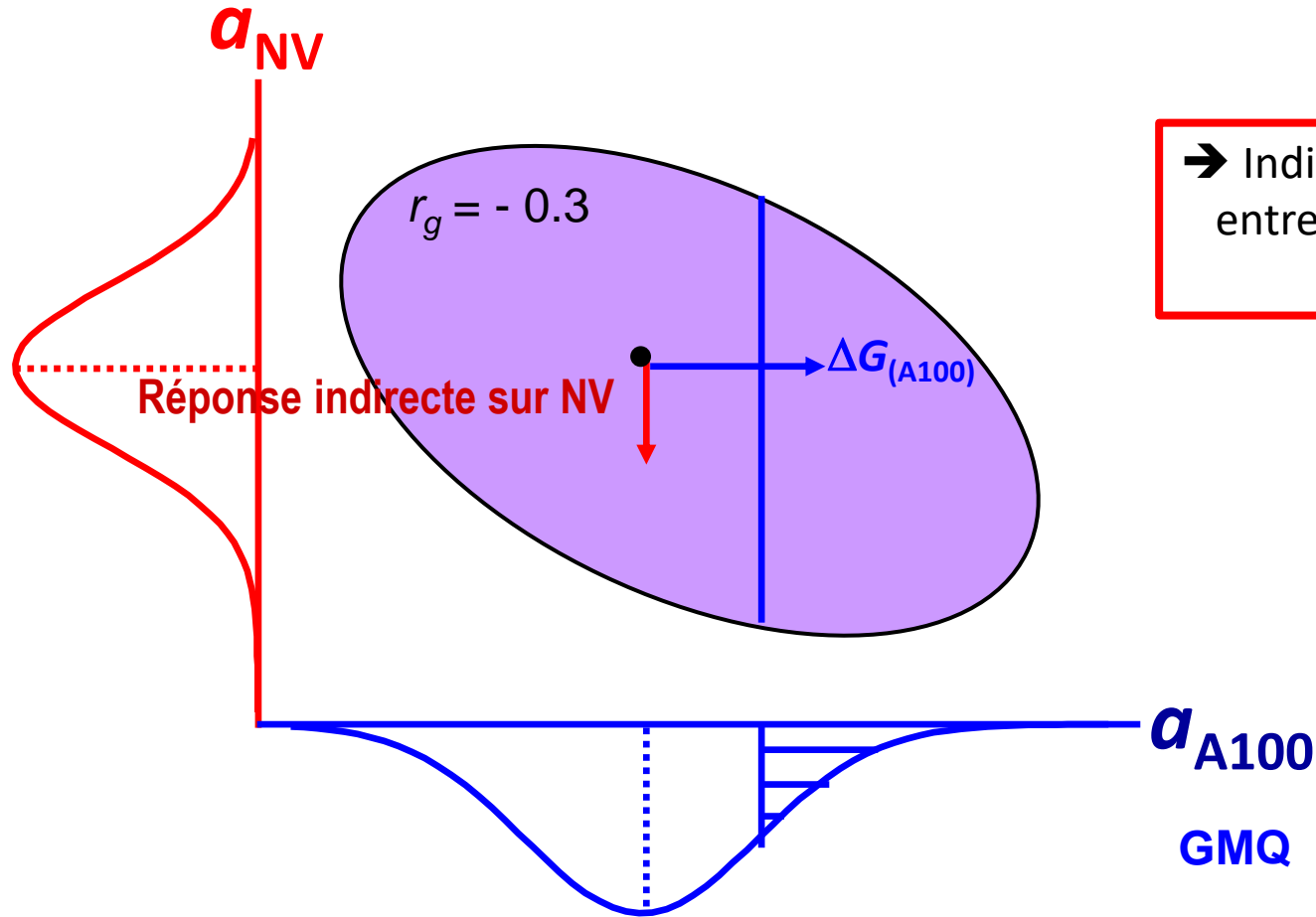




# ➤ Exemple de corrélation défavorable

Nés vivants

Existence d'antagonismes génétiques



➔ Indispensable d'estimer les corrélations entre caractères avant de procéder à la sélection

# ➤ Les corrélations génétiques chez le porc français

Tableau 4 - Corrélations génétiques et phénotypiques entre caractères de production et nombres de porcelets nés vivants pour les 3 premiers rangs de portée

		Nombre de porcelets nés vivants en :		
		1 <sup>ère</sup> portée	2 <sup>ème</sup> portée	3 <sup>ème</sup> portée
Landrace Français	Age à 100 kg	0,28 ± 0,03 <sup>(1)</sup> (0,01) <sup>(2)</sup>	0,32 ± 0,03 (0,01)	0,31 ± 0,03 (0,02)
	Epais. de lard à 100 kg	0,09 ± 0,03 (0,00)	0,12 ± 0,03 (0,01)	0,16 ± 0,03 (0,03)
Large White type femelle	Age à 100 kg	0,31 ± 0,02 (0,02)	0,31 ± 0,03 (0,01)	0,28 ± 0,03 (0,01)
	Epais. de lard à 100 kg	0,09 ± 0,02 (0,02)	0,13 ± 0,01 (0,01)	0,20 ± 0,01 (0,03)

(Tribout et Bidanel, JRP 2008)

<sup>(1)</sup>corrélations génétiques ± erreur standard ; <sup>(2)</sup>corrélations phénotypiques (pas d'erreur standard disponible)

**Table 5**

Genetic correlations along with their SE (between brackets) between sow litter traits, and growth, feed efficiency and digestive efficiency traits in growing pigs.

Variable	ADG	DFI	FCR	DCOM	DCE	DCN
NBA	-0.07 (0.07)	-0.03 (0.07)	-0.01 (0.07)	-0.25 (0.11)	-0.26 (0.12)	-0.21 (0.13)
NSB	0.11 (0.07)	-0.11 (0.07)	-0.24 (0.07)	-0.14 (0.11)	-0.06 (0.12)	-0.01 (0.13)
NWP	-0.08 (0.08)	-0.06 (0.07)	0.04 (0.08)	-0.02 (0.13)	-0.05 (0.14)	-0.01 (0.14)
PM	0.01 (0.08)	-0.01 (0.07)	0.05 (0.07)	-0.40 (0.11)	-0.40 (0.12)	-0.38 (0.12)
MBW	0.19 (0.06)	-0.04 (0.06)	-0.19 (0.06)	0.37 (0.09)	0.37 (0.10)	0.30 (0.11)
CVBW	-0.02 (0.07)	0.07 (0.07)	0.11 (0.07)	-0.36 (0.11)	-0.41 (0.11)	-0.41 (0.12)
LWB	0.07 (0.07)	-0.13 (0.07)	-0.08 (0.07)	0.19 (0.11)	0.17 (0.12)	0.14 (0.12)
PPL1K	-0.16 (0.07)	0.06 (0.07)	0.18 (0.07)	-0.39 (0.10)	-0.45 (0.11)	-0.37 (0.11)

Abbreviations: ADG = average daily gain; DFI = daily feed intake; FCR = feed conversion ratio; DCOM = digestibility coefficient of organic matter; DCE = digestibility coefficient of energy; DCN = digestibility coefficient of nitrogen; NBA = number of born alive; NSB = number of stillborn; NWP = number of weaned piglets; PM = piglet mortality; MBW = mean birth weight; CVBW = CV of piglet birth weight; LWB = litter weight at birth; PPL1K = proportion of live-born piglets lighter than 1 kg.

(Bouquet et al, Animal 2022)

## ➤ La sélection

La sélection = choix d'animaux ayant les caractères que l'on souhaite perpétuer dans l'espèce

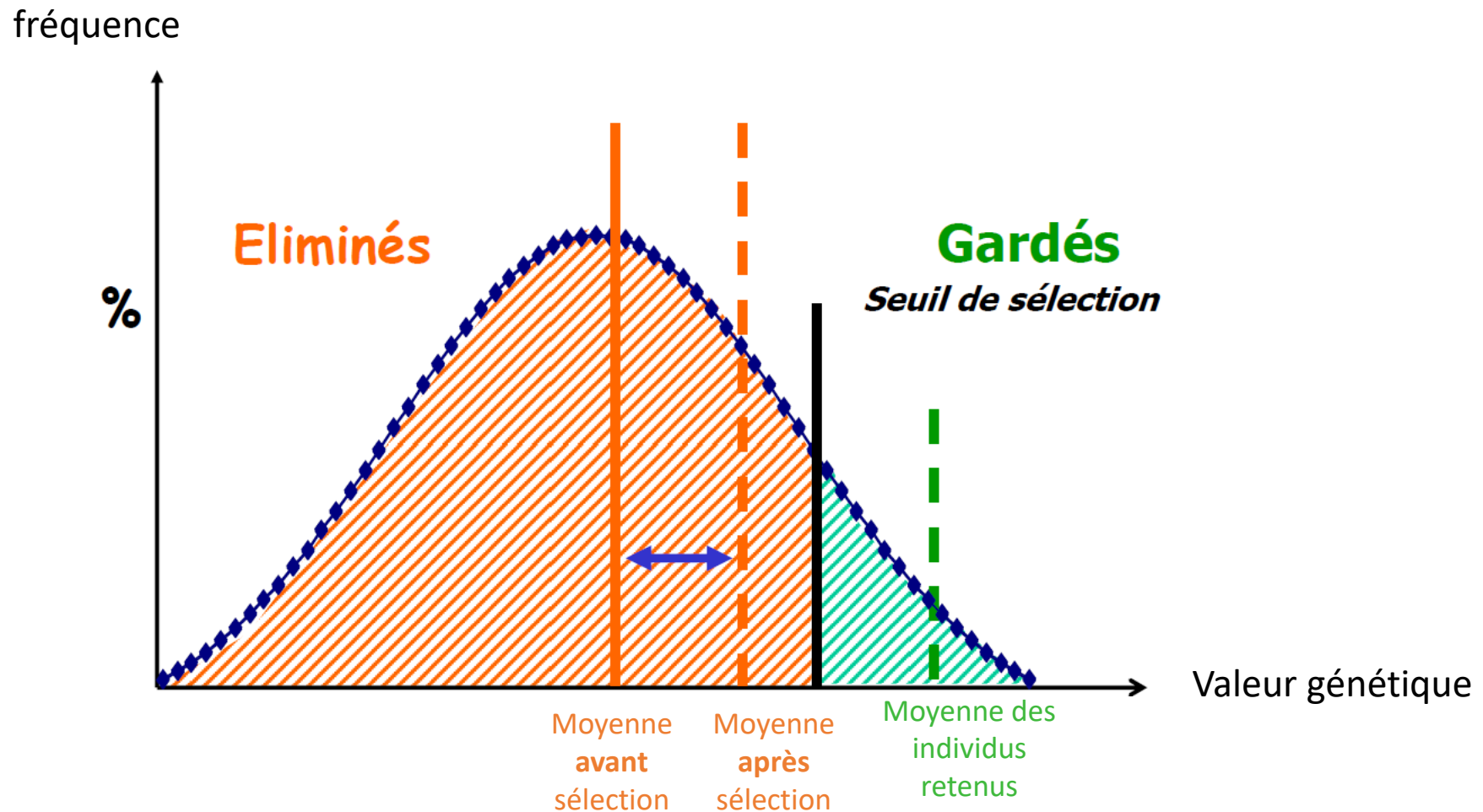


Photos : Nucleus SA

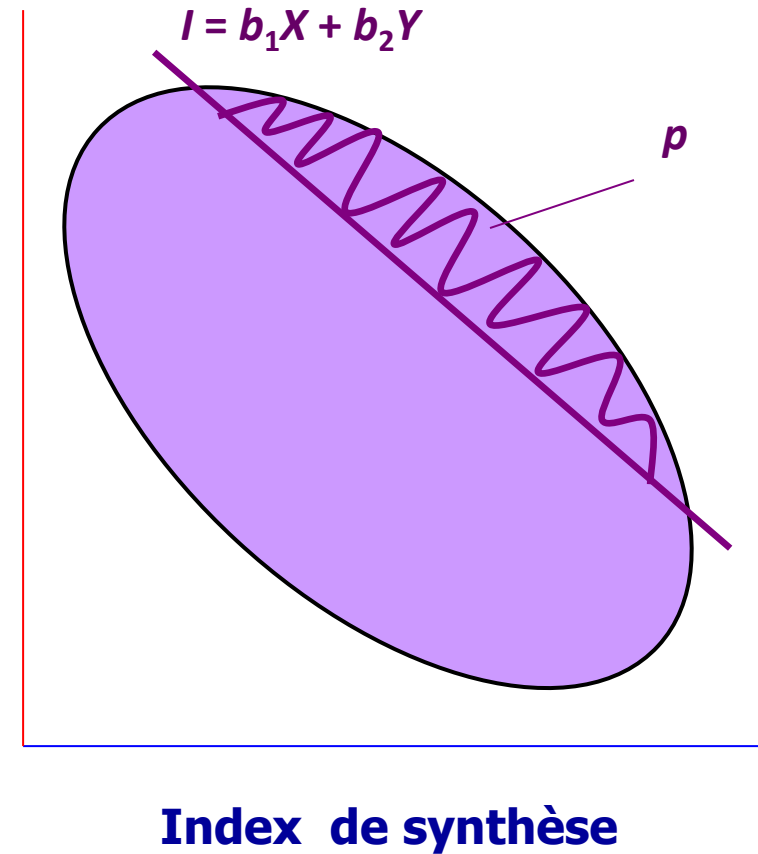
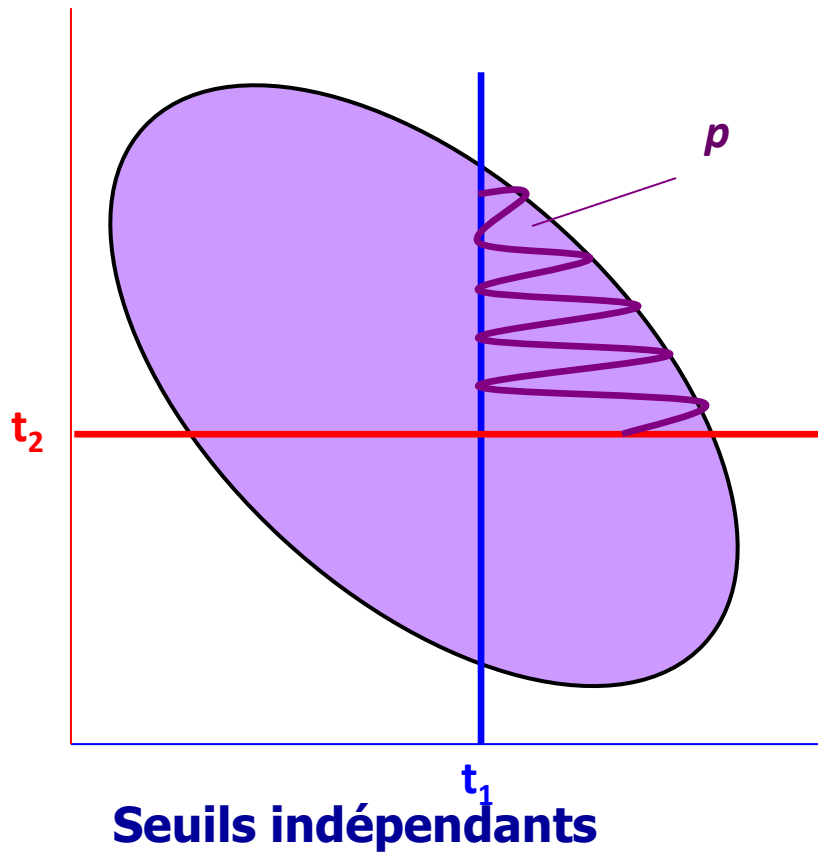
Sélection naturelle : le plus apte, évolution

Sélection artificielle = depuis la domestication, pour aider l'homme ou le distraire.  
Les animaux se reproduisent dans les conditions fixées par l'Homme

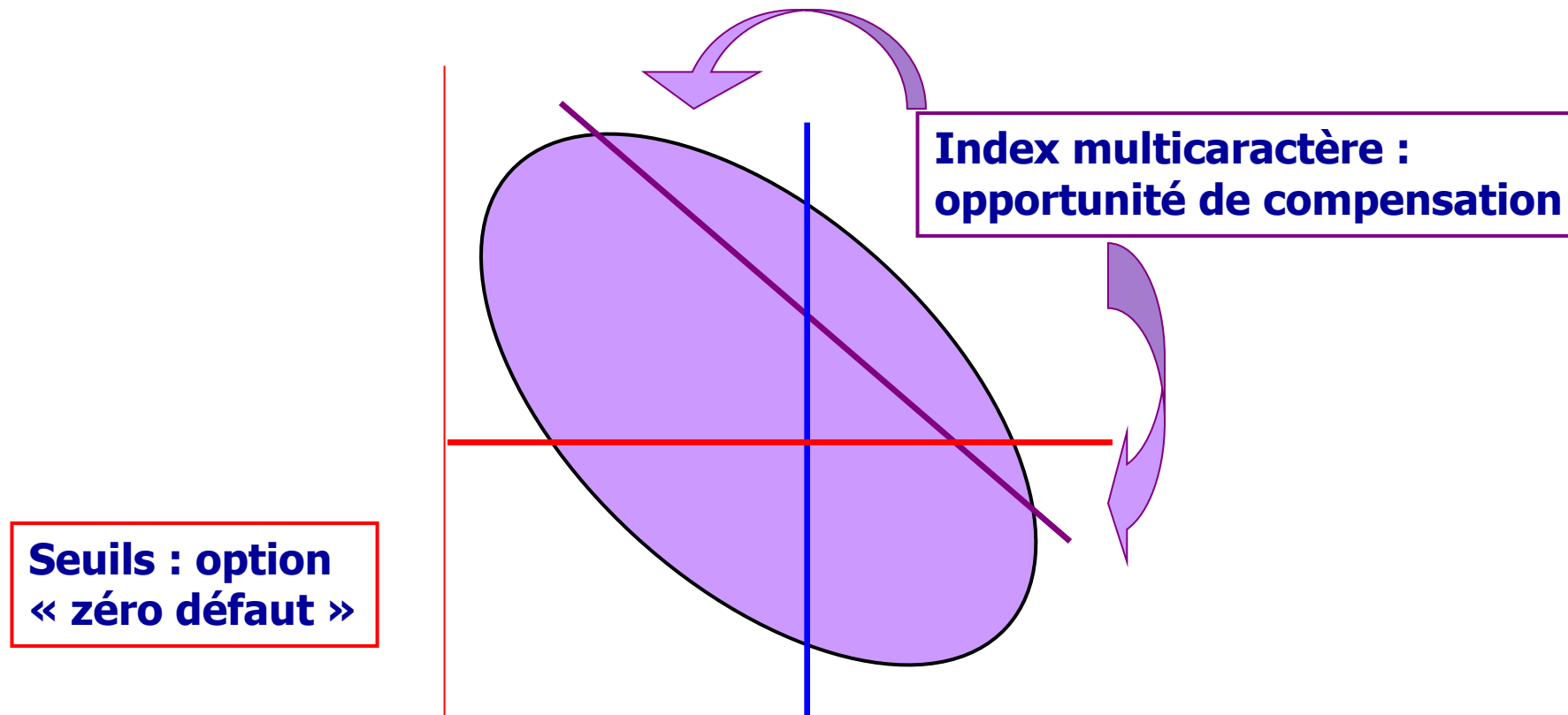
## ➤ Le principe de base de la sélection



## ➤ Comment sélectionner 2 caractères antagonistes ?



## ➤ Les avantages d'une sélection sur index



**Une sélection sur index favorise le maintien d'animaux extrêmes**

## ➤ Rappels : intérêt du croisement

$$P = G + E$$

et

$$G = A + D (+ I)$$



**Améliorer A**

Exploiter la variabilité génétique intra-race  
**SELECTION**



**Améliorer D**

Exploiter la variabilité génétique entre-races  
**CROISEMENT**

Ces deux stratégies sont  
complémentaires !

## ➤ Le croisement ???

**Le croisement correspond à l'accouplement entre animaux de populations (races ou lignées) différentes**

Dans une race (dans le cadre d'un programme de sélection), on réalise des accouplements entre reproducteurs

On réalise des croisements quand on accouple des reproducteurs de races différentes

### **Objectifs du croisement :**

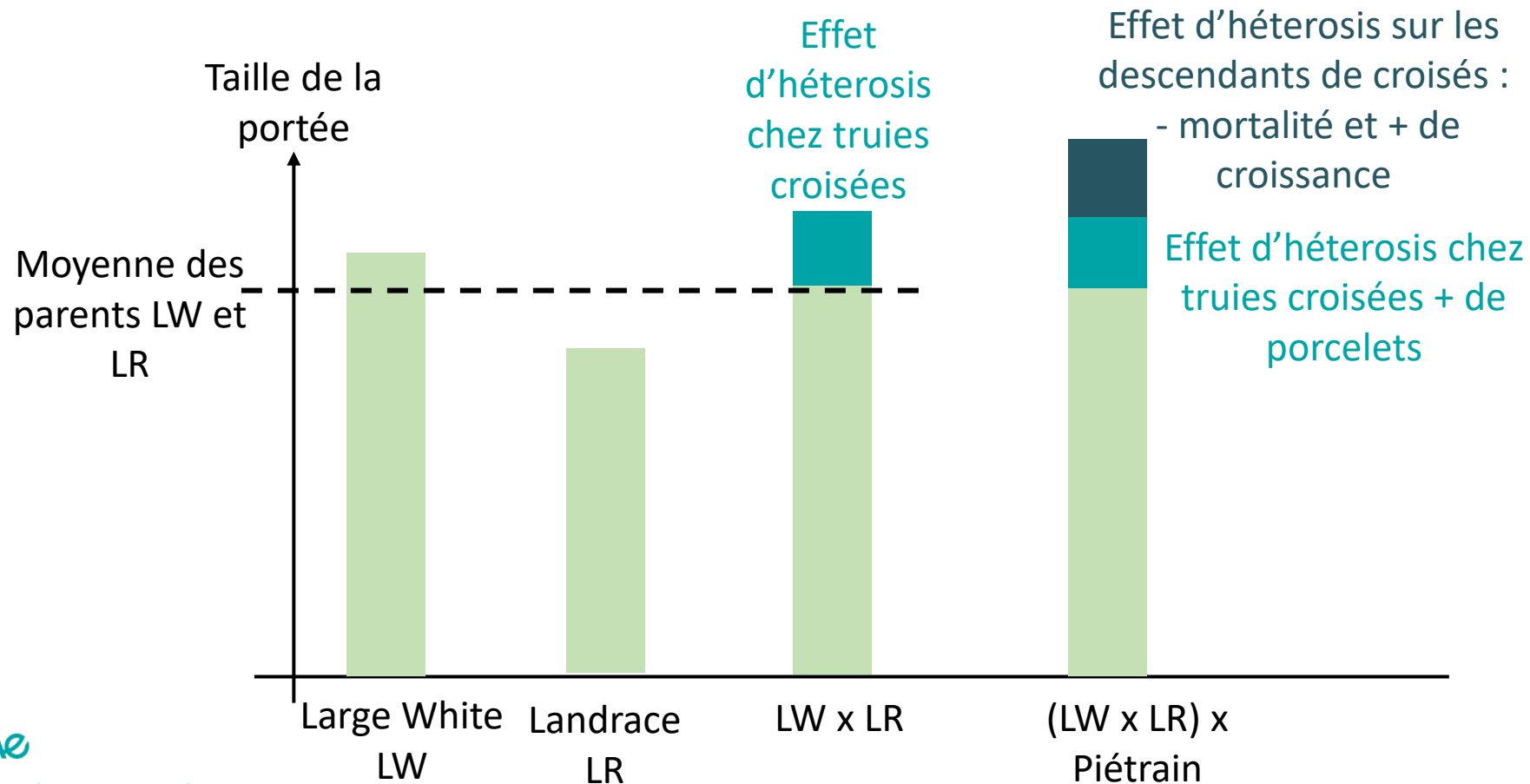
1. Exploitation du phénomène d'hétérosis
2. Utilisation de l'effet de complémentarité
3. Utilisation de différences additives entre races (croisement d'absorption)
4. Accroissement de la variabilité génétique
5. Utilisation de gènes majeurs



# ➤ L'hétérosis

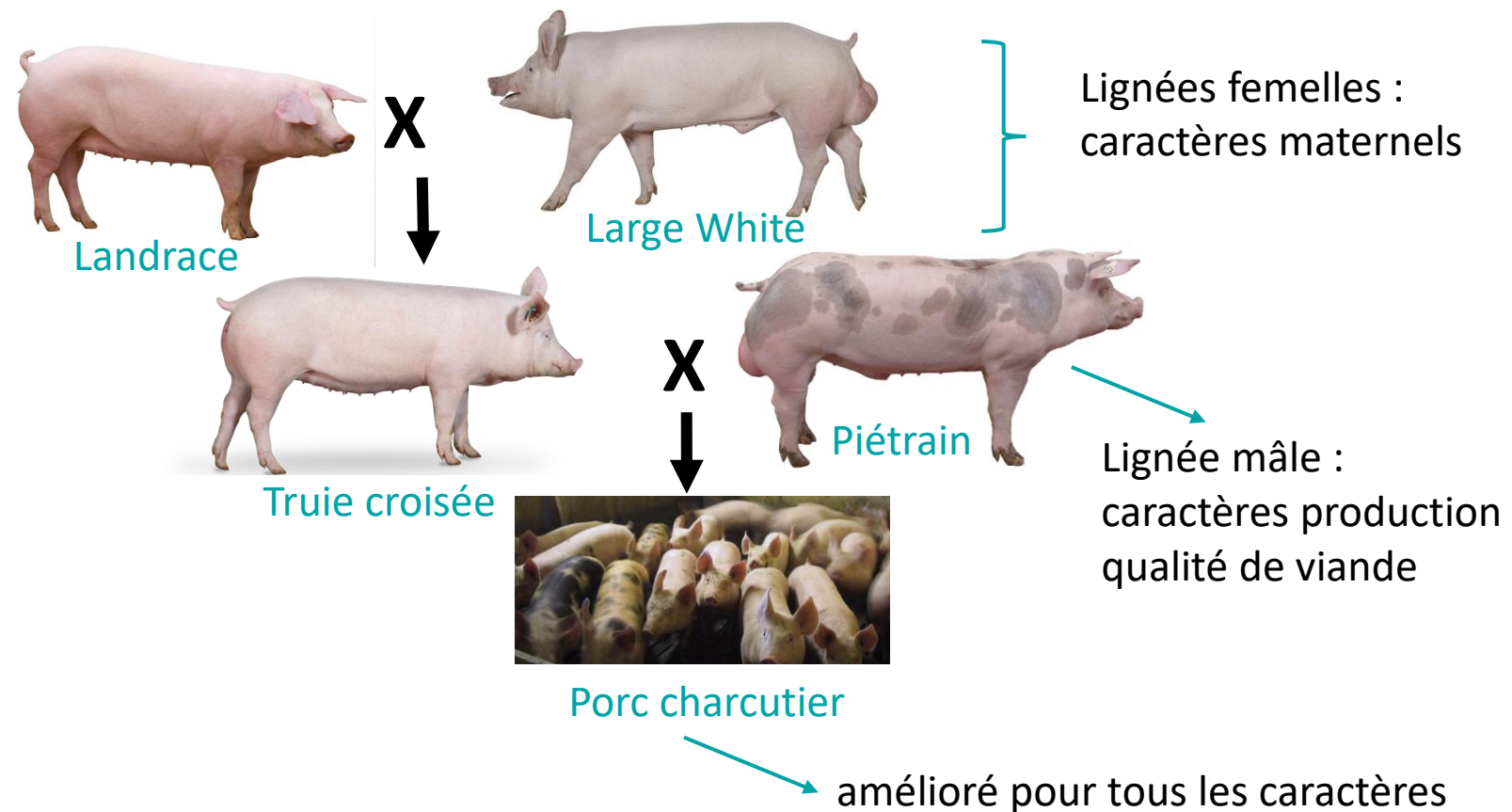
**Hétérosis** = supériorité des descendants croisés par rapport à la moyennes des parents

Il varie en fonction du caractère considéré et de la distance entre race



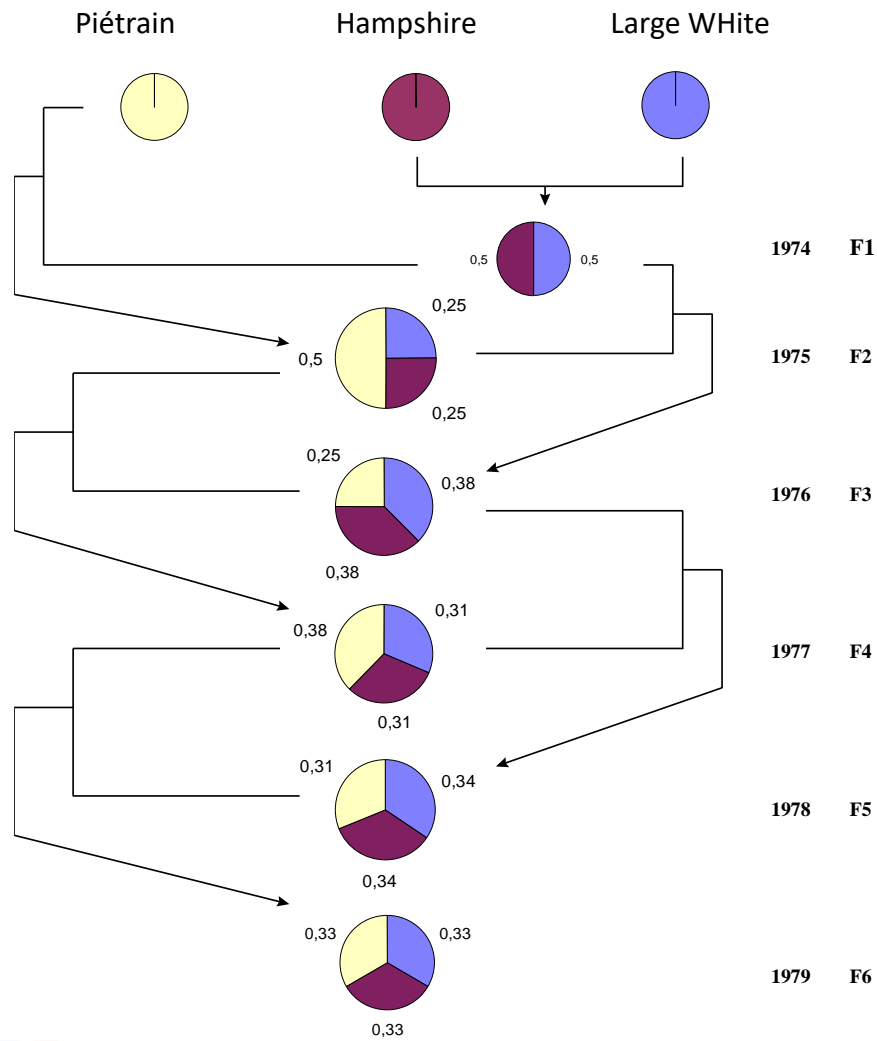
## ➤ Le croisement majoritaire en France

Porc charcutier = croisement entre plusieurs lignées  
Croisement majoritaire en France :



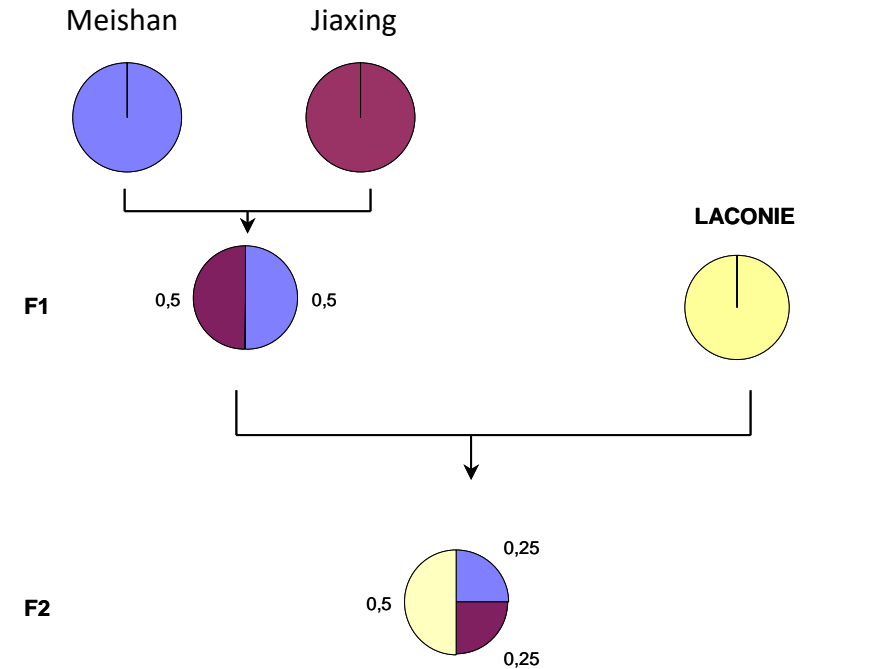
# ➤ Exemple de création d'une lignée synthétique

« LACONIE » de Pen Ar Lan



Sélection :  
croissance  
qualité carcasse  
qualité viande  
...

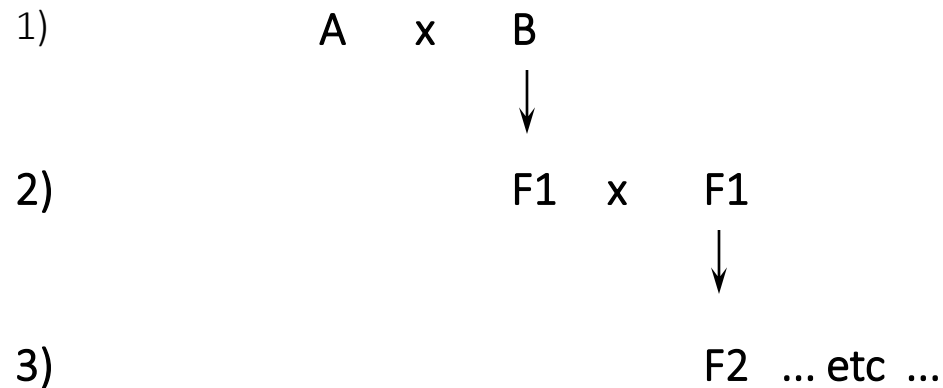
« TIAMESLAN » de Pen Ar Lan  
(50% chinoise, à l'origine de la TP Naïma)



F3 = F2 x F2  
F4 = F3 x F3  
...

Sélection :  
Croissance  
qualité carcasse  
...

# ➤ Evolution de l'hétérosis lors de la création de lignée



Génération de croisement	Type génétique de la femelle	Type génétique de la portée	Heterosis (H0)
1)	B	F1	H0
2)	F1	F2	H0/2
3)	F2	F3	H0/2
4)	F3	F4	H0/2

## 2. Génétique quantitative

### Evaluation génétique et génomique

# ➤ Objectifs de l'amélioration génétique

Amélioration des caractères qui peuvent procurer un surcroît de revenu à la filière

Améliorer le **revenu** à la filière

Améliorer sa **compétitivité**

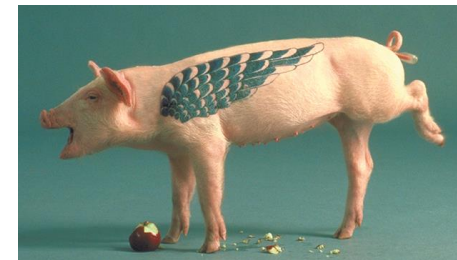
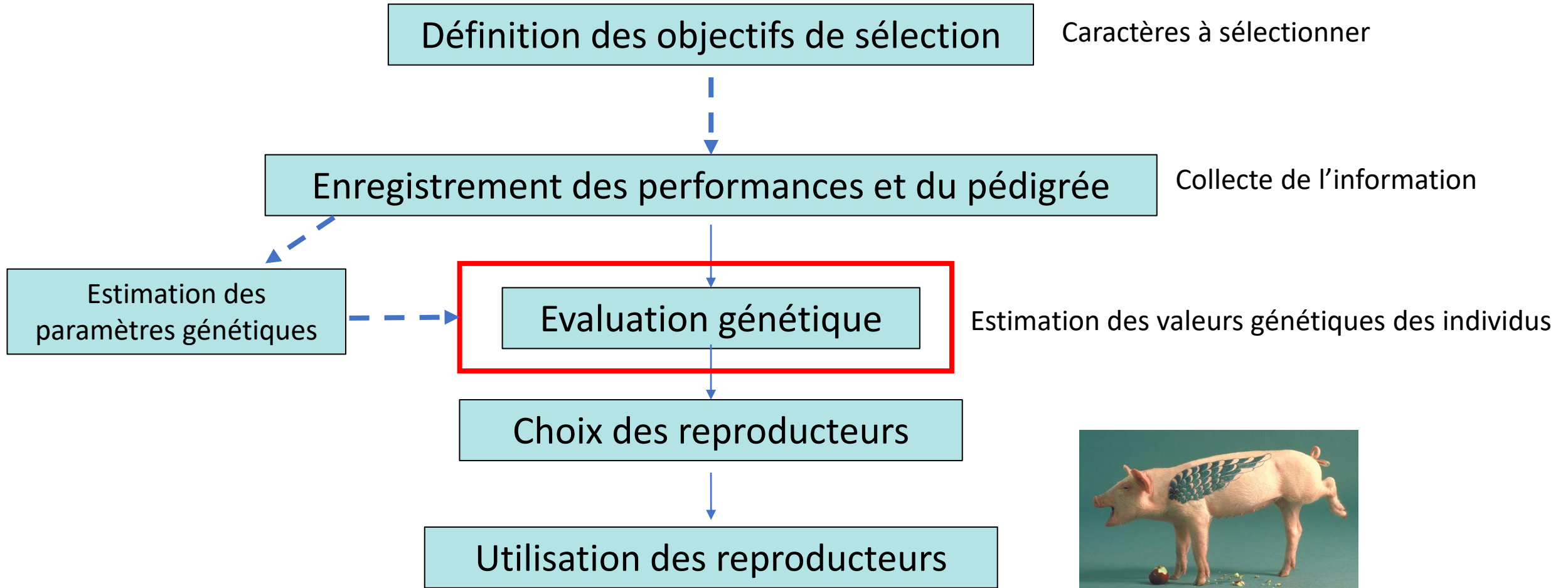
Améliorer la **rentabilité** de la production

➔ Utilisation des index synthétique

*Ex :  $Index\_production = 0,5 IC + 0,9 GMQ + 0,2 TMP \dots$*

➔ Poids estimés par méthode complexes prenant en compte les corrélations entre caractères, les précisions des index et l'intérêt économique du caractère

## ➤ Les étapes d'un programme de sélection



# ➤ La méthode d'évaluation génétique BLUP

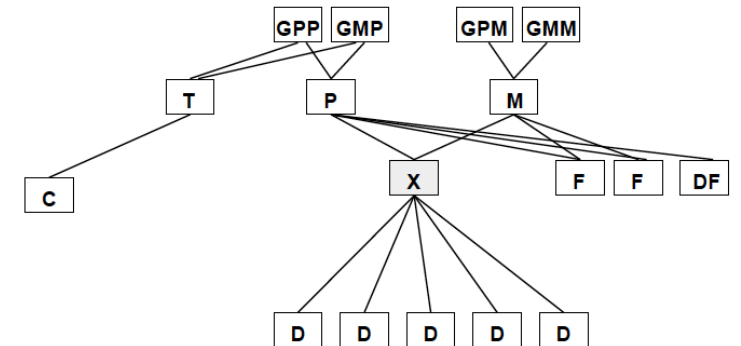
$$\Delta G = i \times \underset{\text{précision}}{\rho} \times \sigma_A$$

Méthode BLUP pour estimer les valeurs génétiques avec précision

## BLUP : Best Linear Unbiased Predictor

- Estime simultanément les effets génétiques et milieu  
➔ prise en compte des différences génétiques entre lots
- Analyse simultanément plusieurs générations  
➔ augmente la quantité d'information prise en compte
- Analyse simultanément plusieurs caractères  
➔ calcul des réponses indirectes à la sélection

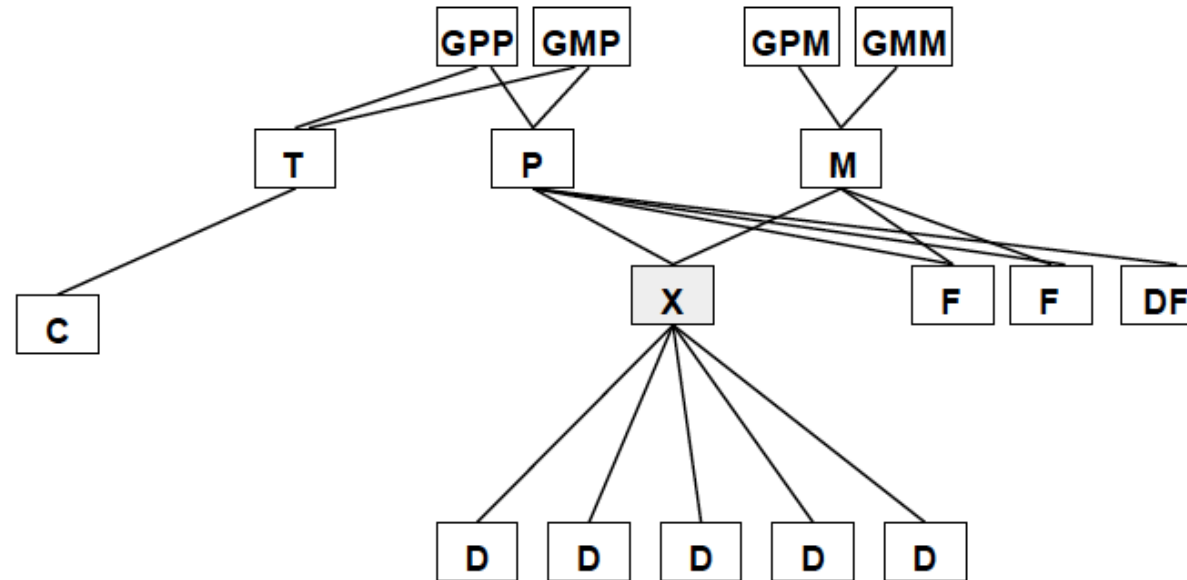
Toutes les informations familiales sont prises en compte





# ➤ La méthode d'évaluation génétique BLUP

Toutes les informations familiales sont prises en compte

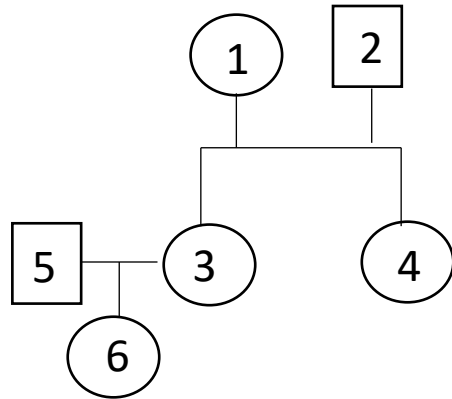


# ➤ Principe de l'évaluation génétique

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

↓  
A100, GMQ, nés vivants, ...

↓  
Estimé grâce aux relations de parenté (généalogies/pédigrée)



	1	2	3	4	5	6
1	1	0	0,5	0,5	0	0,25
2		1	0,5	0,5	0	0,25
3			1	0,5	0	0,5
4				1	0	0,25
5					1	0,5
6						1

symétrique

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

# ➤ Principe de l'évaluation génétique

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

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

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**

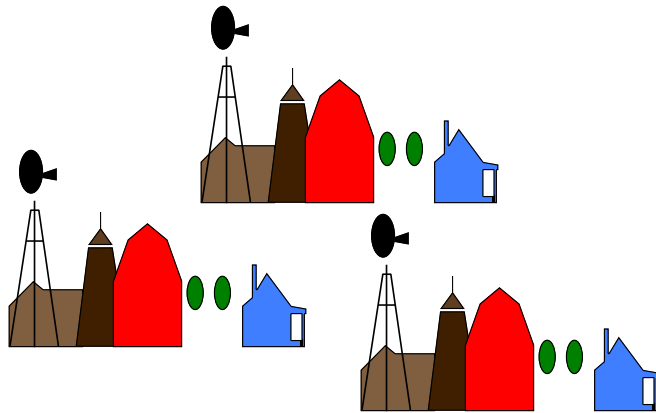
Toutes les semaines en porcs

# ➤ La collecte de l'information

## Dispositifs de contrôle de performances

### CONTROLE EN FERME

Sur les animaux d'intérêt



- Caractères facilement mesurables
- Mesures peu coûteuses

### CONTROLE EN STATION

Sur les collatéraux/apparentés



- Caractères difficilement mesurables /létaux
- Mesures coûteuses

*Sur descendance*

- Caractères femelles pour les mâles (cf. laitiers)
- Caractères chez les individus croisés

# Dispositifs de contrôle de performances

## CONTROLES EN FERME

### Caractères de **production**

**Age à 100 kg**

**Épaisseur de lard à 100 kg (US)**

*Épaisseur de muscle à 100kg (X5)*

*Qualité de la viande (pH ult., exsudat)*

**Nombre de tétines (bonnes/fausses)**

*Morphologie (notes de longe, jambon, aplombs, onglons...)*

### Caractères de **reproduction**

**Tailles de portées (tot., vivants, sevrés)**

**Poids des porcelets**

**Evènements de reproduction**

**(critères GTTT)**

## CONTROLE EN STATION

### Caractères de **production**

**GMQ**

**IC**

**Comportement alimentaire –CMJ ...)  
(DAC ACEMO)**

**Abattoir :**

**Rendement carcasse**

**Poids des pièces**

**Pourcentage de muscle**

**Critères de qualité de viande**

**(pH, rét., couleur ...)**

# ➤ Précision des valeurs génétiques

## Exemple en Large White

	<i>Age100</i>	<i>Eld100</i>	GMQ	IC	CMJ	RDT	TMP	IQV	tétines
Verrats de CIA en activité	<i>0,68</i>	<i>0,73</i>	0,34	0,37	0,28	0,24	0,51	0,23	<i>0,65</i>
Verrats d'élevage en activité	<i>0,63</i>	<i>0,69</i>	0,29	0,32	0,22	0,18	0,46	0,17	<i>0,59</i>
Femelles repro en activité	<i>0,58</i>	<i>0,66</i>	0,28	0,32	0,22	0,18	0,44	0,18	<i>0,54</i>
Jeunes candidats en fin de CF	<i>0,52</i>	<i>0,60</i>	0,23	0,27	0,17	0,13	0,39	0,13	<i>0,48</i>

En rouge : caractères du CF (100.000 animaux / an)

En noir : caractères du CS (2.000 animaux par an)

**Valeurs génétiques des candidats et des reproducteurs estimées avec précisions faibles pour certains caractères !**

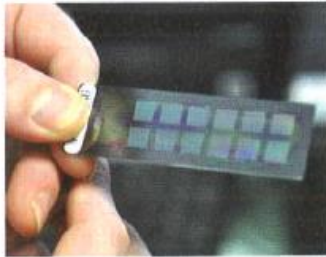
# ➤ La sélection génomique : une révolution ?

Hypor

## La sélection génomique en routine

Assis sur sa collecte permanente d'ADN issue de ses noyaux de sélections établis dans le monde entier, Hypor peut désormais fournir à ses clients des animaux sélectionnés sur leur valeur génomique. **François Berger**

**P**our repérer le potentiel de progrès génétique d'un animal, la sélection assistée par marqueurs ne se focalise que sur certaines régions du génome, alors que la sélection génomique balaye toutes les zones de celui-ci. « Cette dernière façon de sélectionner des reproducteurs nous offre donc la capacité de prédire avec une précision accrue la valeur génétique de chacun d'eux et l'intérêt qu'il présente pour notre schéma de sélection », analyse Benny van Haandel, directeur de département R & D d'Hypor. L'implémentation de la sélection génomique dans son schéma



Cette puce Illumina-porc de 60 K permet à Hypor de réaliser le profil génomique de ses animaux de sélection.

génétiq ue a été menée en collaboration avec le Hendrix Genetics Research & Technology Center de Boxmeer, Pays-Bas. Dans ce but, Hypor collecte et traite depuis plusieurs années des échantillons d'ADN prélevés sur les porcs présents dans

ses noyaux de sélection en place dans le monde entier. Ces opérations sont désormais centralisées dans le laboratoire flambant neuf construit à cet effet par Hendrix Genetics à Ploufragan (22). Ils sont partie intégrante de la base de données multi-espèce constituée par ce groupe, dont Hypor constitue la filiale porc. Celle-ci est désormais fin prête pour fournir en routine des reproducteurs produits selon les critères de la sélection génomique. « Nous sommes maintenant à même d'offrir aux éleveurs un progrès génétique accéléré », se félicite Benny van Haandel.

## Hypor Nouveau cap sur la sélection génomique



Hypor

**L**e programme de sélection génomique a démarré en 2012 sur les lignées femelles d'Hypor. Aujourd'hui il s'étend aux verrats Maxter et Magnus qui disposent aussi de valeurs génomiques. De plus, la méthode d'évaluation a gagné en précision avec la *single step method* : tous les animaux sont en effet inclus dans la même analyse et bénéficient de toute l'information disponible, ce qui va permettre une accélération du progrès génétique pour l'ensemble des caractères de sélection, précise Hypor. ■ Hall 8, stand A22

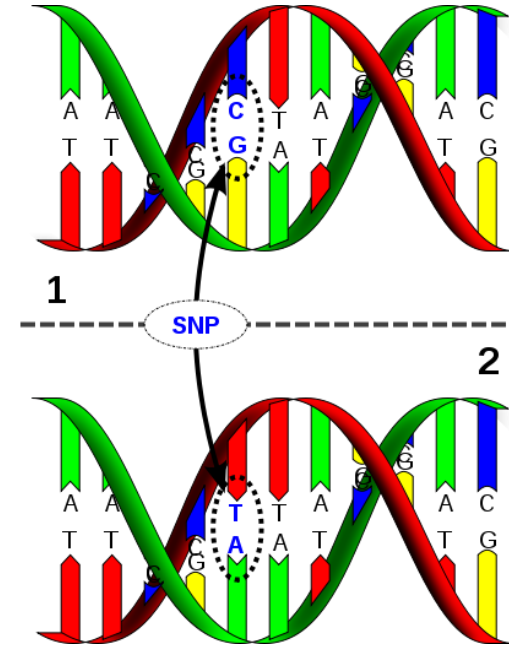
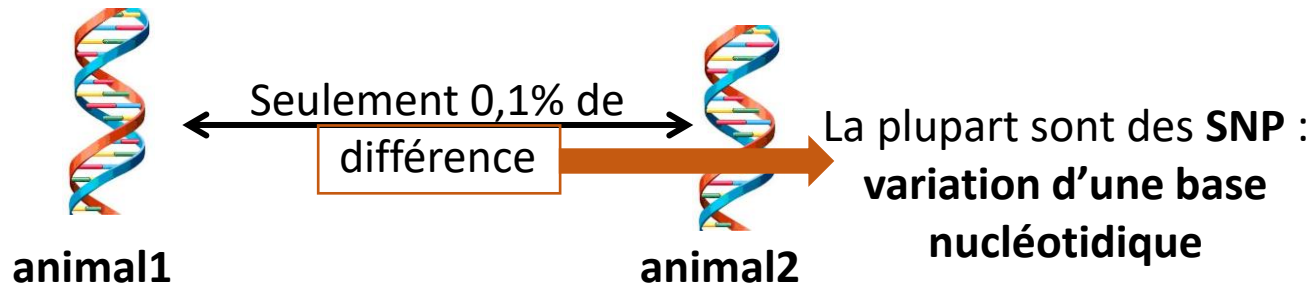
➔ Objectif : prédire la valeur génétique à partir de l'information moléculaire

# ➤ Les marqueurs SNP

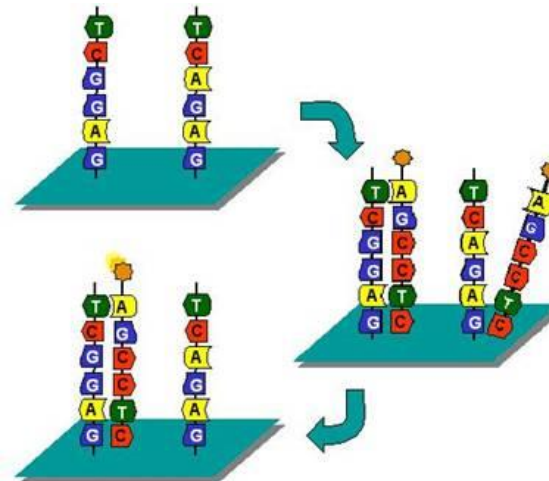
Les programmes de séquençage massif dans les différentes espèces animales d'élevage ont permis l'identification d'un nombre très important de marqueurs (SNP)

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

Qu'est ce qu'un marqueur SNP ?



Puce à SNP

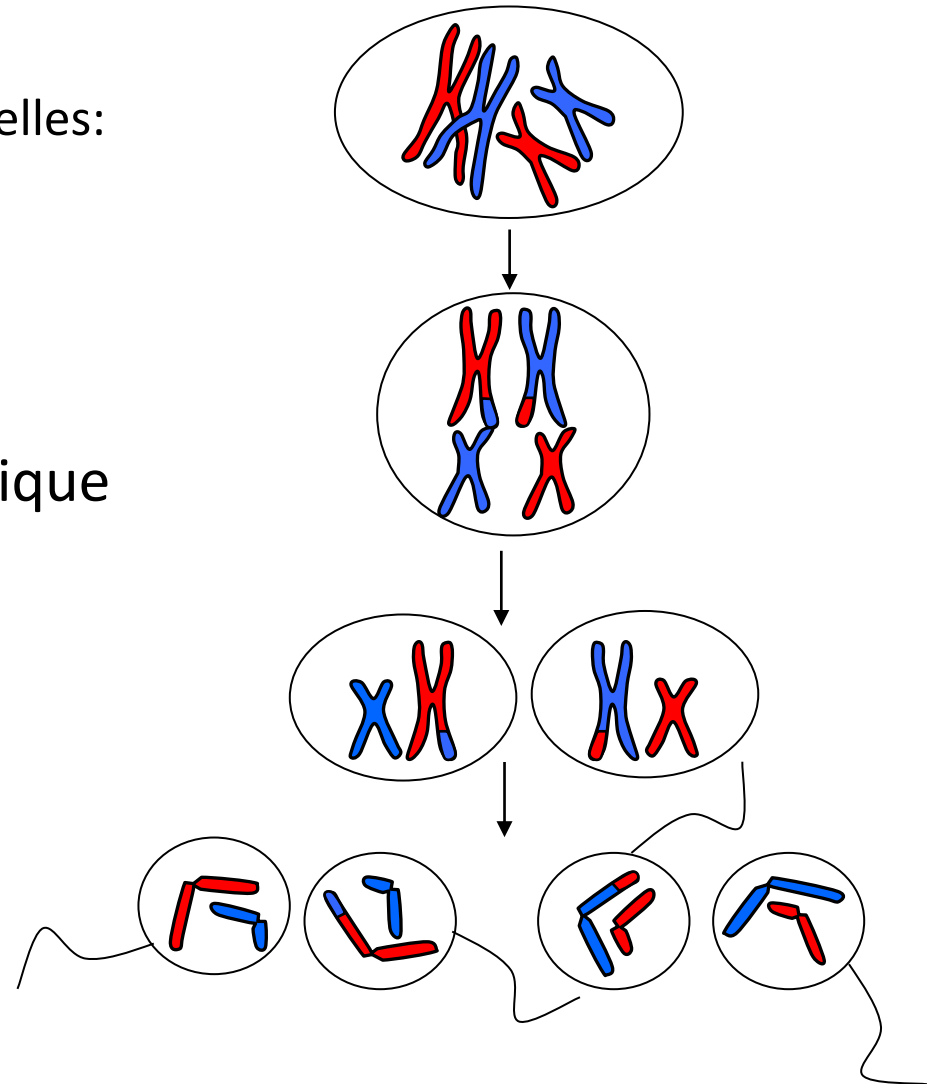


Principe des puces à SNP

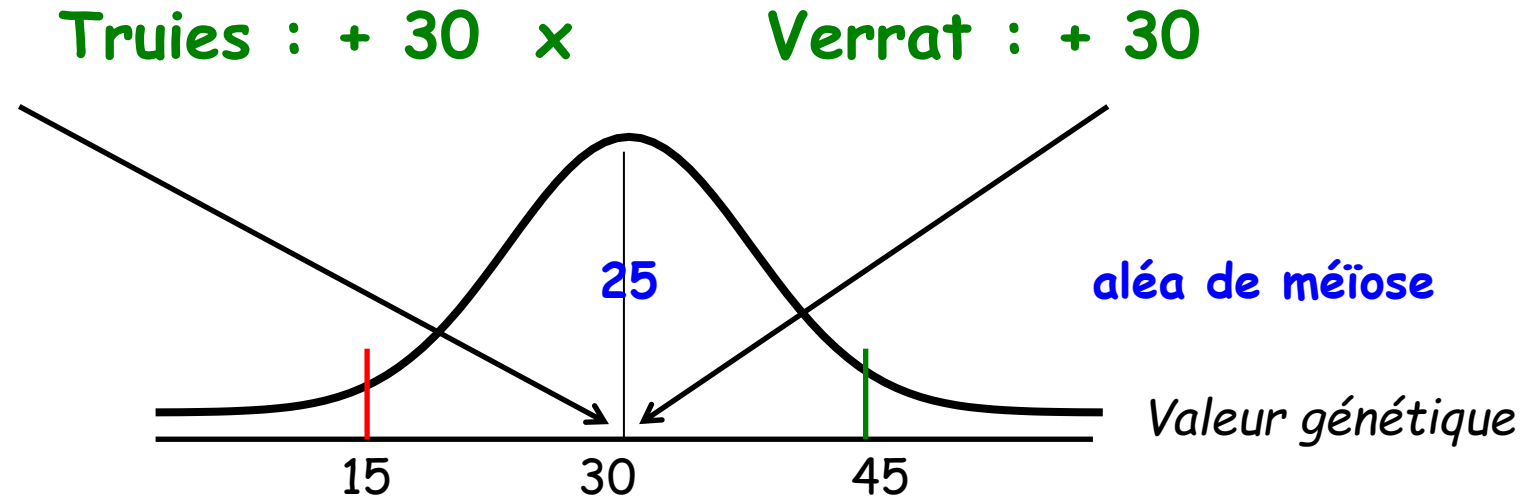


# ➤ L'aléa de méiose

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



## ➤ Révélation de l'aléa de méiose



Valeur génétique de l'accouplement : 30

Performances propres/ testage

↓  
Révèle valeur génétique individuelle

## ➤ L'évaluation génomique : utilisation des marqueurs SNP

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

# ➤ L'évaluation génomique : matrice d'apparentement 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

# ➤ L'évaluation génomique : estimation de l'effet des SNP

Individu	Phénotype (exemple de GMQ)	Génotypes				
		SNP1	SNP2	SNP3	...	SNP60000
1	800	11				
2	1200	22				
3	1250	22				
4	980	12				
5	750	11				
6	780	11				
7	1005	12				
8	1280	22				
9	1198	22				
10	995	12				
11	798	11				
12	750	11				
13	950	12				
...	...					
...	...					
...	...					
...	...					
...	...					

## ➔ Equation de prédiction

(Meuwissen et al., 2016, Animal Frontiers)

The genomic breeding value of selection candidate j is predicted as:

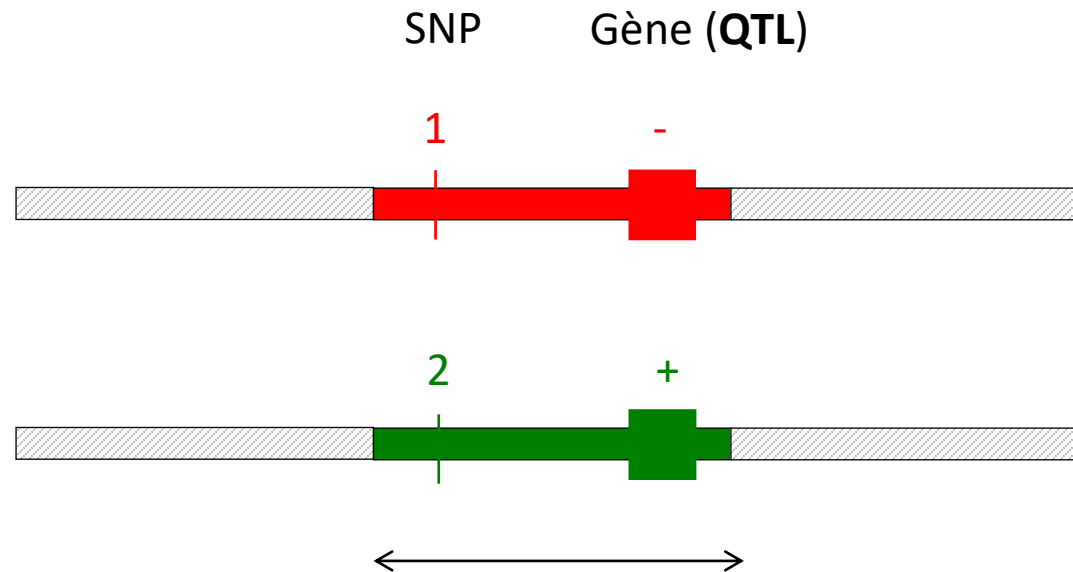
$$GEBV_j = X_{1j} \times \beta_1 + X_{2j} \times \beta_2 + \dots + X_{50000j} \times \beta_{50000}$$

where  $\beta_1$  is the estimate of the effect of SNP 1; and  $X_{1j}$  is the genotype of animal j for SNP 1.

- Estimation de l'effet du SNP N°1 : **11 (-)**, **12 (=)**, et **22 (+)**
- Idem pour tous les SNP
- **En pratique, il s'agit d'une problème statistique complexe**

# ➤ L'évaluation génomique : estimation de l'effet des SNP

il s'agit de l'effet **apparent** des marqueurs ...



« Déséquilibre de liaison » (LD)

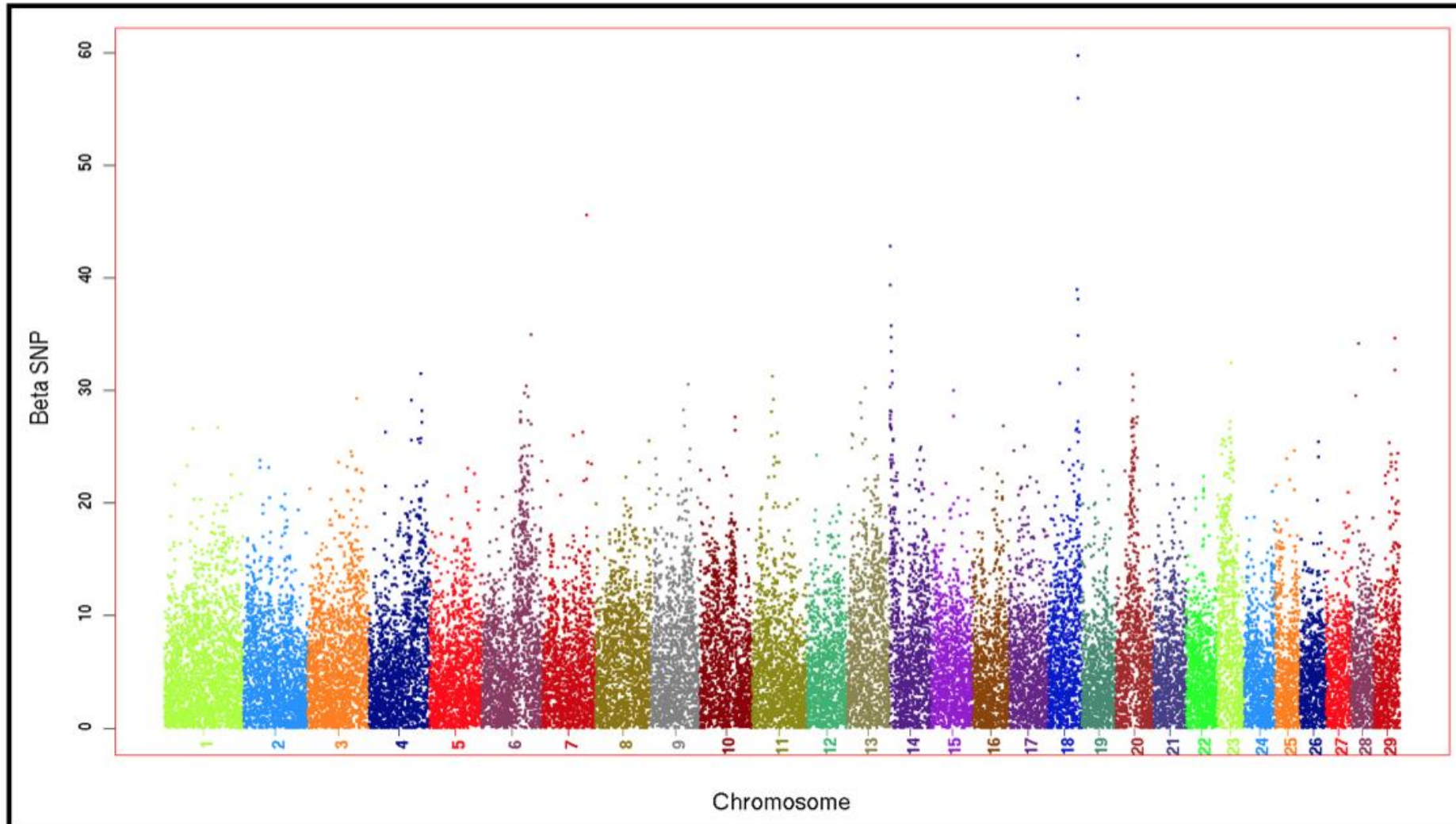
Les SNP sont en DL avec les QTL (quantitative trait locus)

Effets estimés : 11 (-), 12 (=), et 22 (+)

# ➤ L'effet des SNP le long du génome



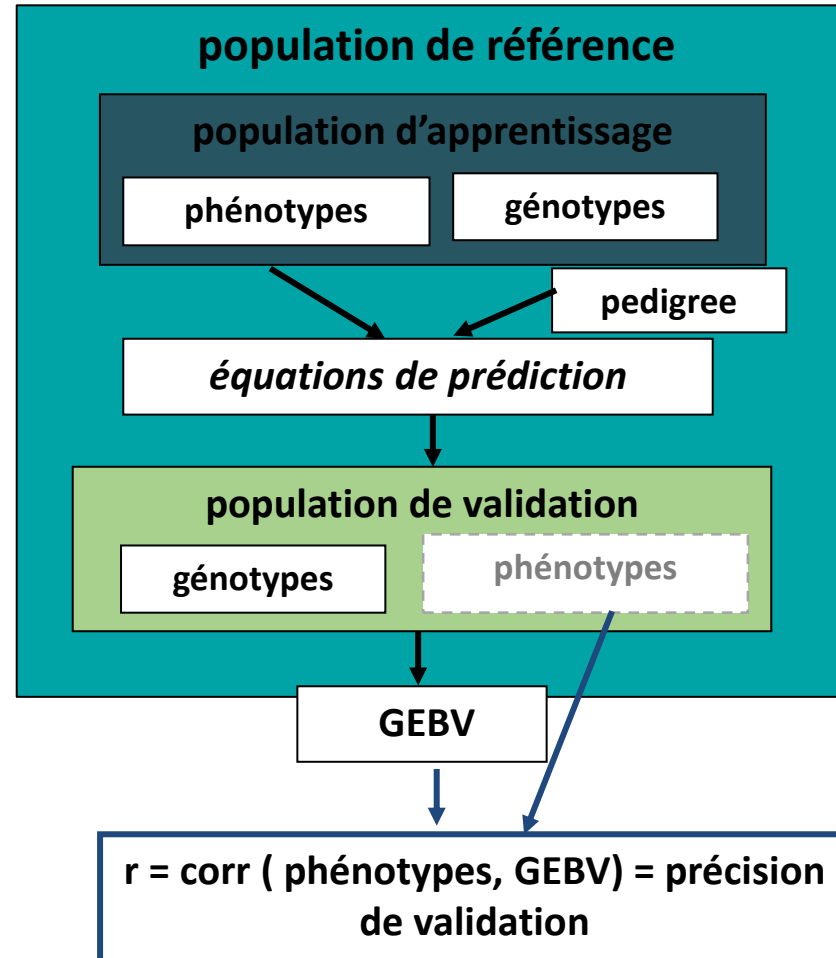
## SNP effects



# ➤ Notion de population de référence et précision de la sélection

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)

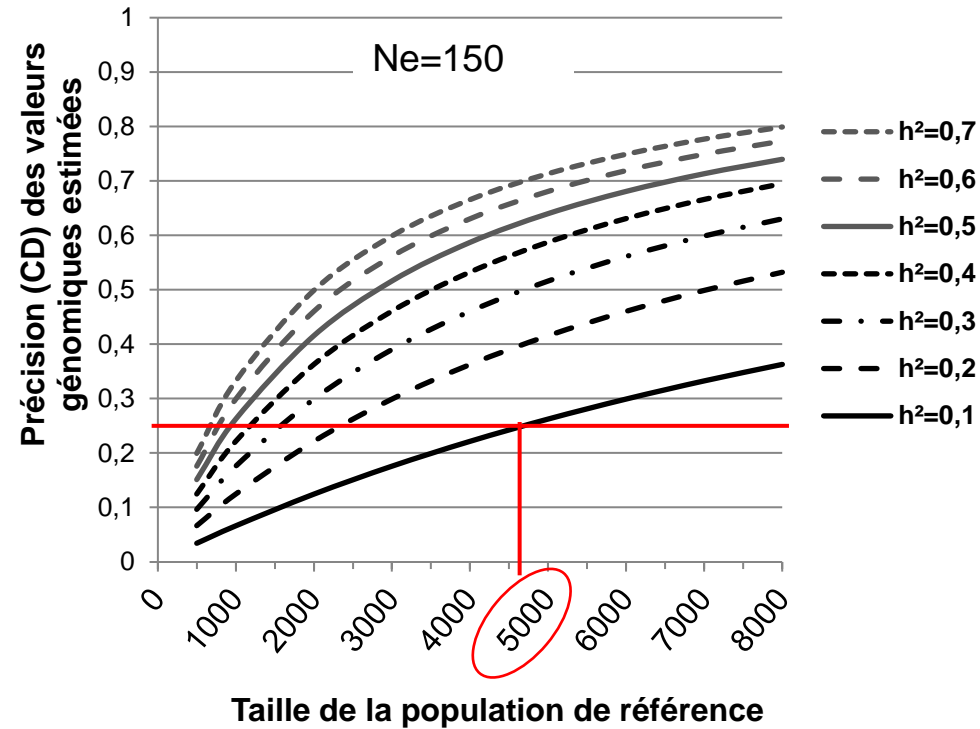




## ➤ Avantages de la sélection génomique

- Obtenir une valeur génétique « précise » 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

# ➤ Exemples de précisions des valeurs génomiques sur données simulées



(D'après Meuwissen, 2009)

# ➤ L'utilisation des marqueurs SNP pas que pour la sélection génomique

- Identifier des gènes particuliers

- Sélection (assistée par marqueurs, sél. génomique)

- Identification génétique
- Contrôle de filiation, traçabilité
- Gestion des anomalies génétiques
- Prédiction et exploitation de l'hétérosis d'un croisement futur
- Gestion de la variabilité / diversité génétique
- ...