



# « Journée Ombres et Lumières »

## Génétique

**Jeudi 17 Mars 2022**

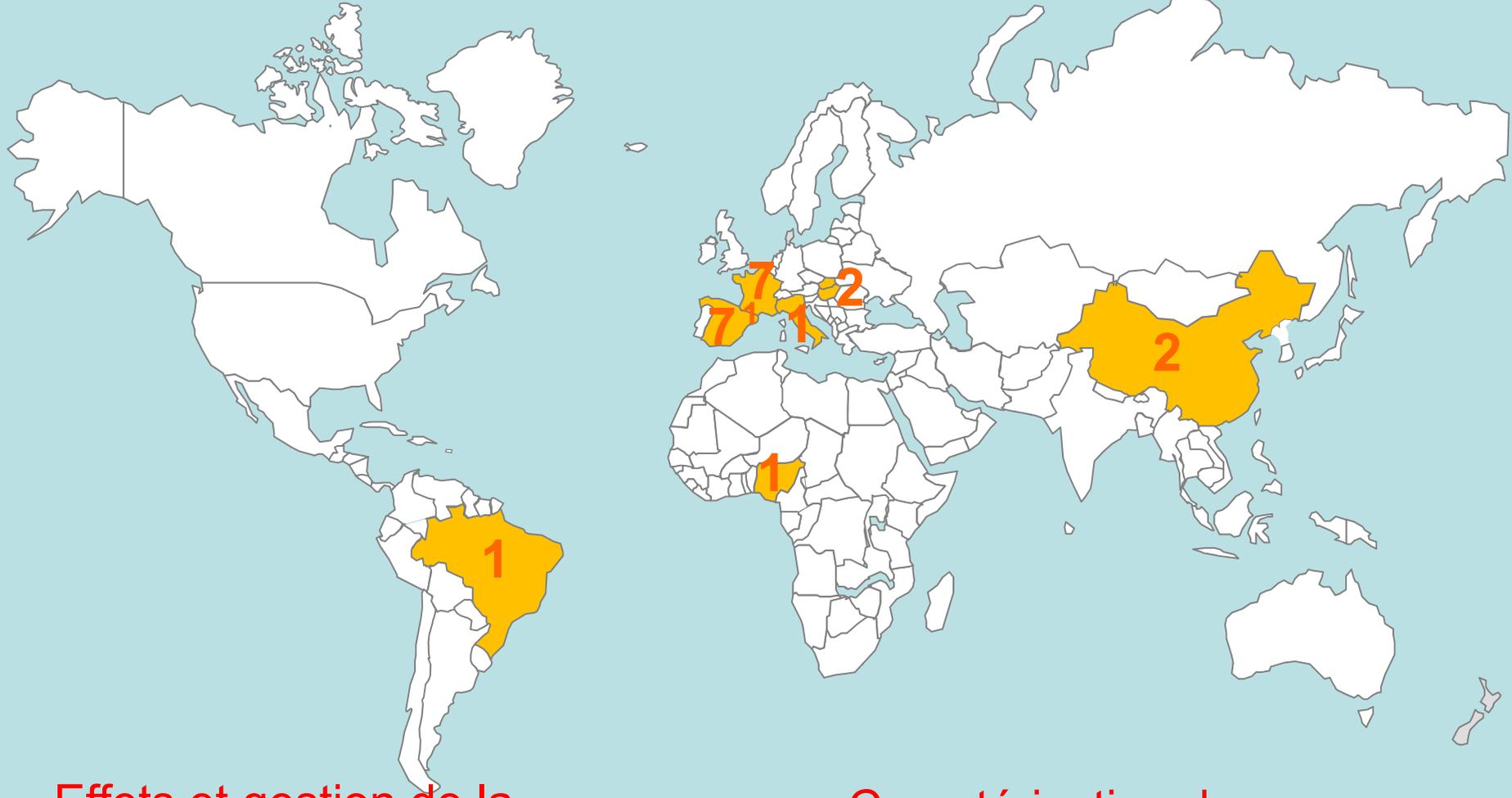
**H. Garreau et M. Maupin**

# 22 communications

(31 en 2017)

Variabilité génétique et  
sélection des caractères

Génétique  
moléculaire



Effets et gestion de la  
consanguinité

Caractérisation de races

# Rapport de synthèse



## Facteurs génétiques des caractères fonctionnels

García M.L, Gunia M., Argente M.J

- Longévité

Longévité = nb IA ou  
durée de vie (jours)  
 $h^2$  : de 0,02 à 0,24  
 $h^2$  moyenne : 0,13



Corrélations  
génétiques  
favorables

Nés vivants  
Nombre de sevrés  
Poids portée au sevrage  
Nombre de tétines  
Poids femelle adulte

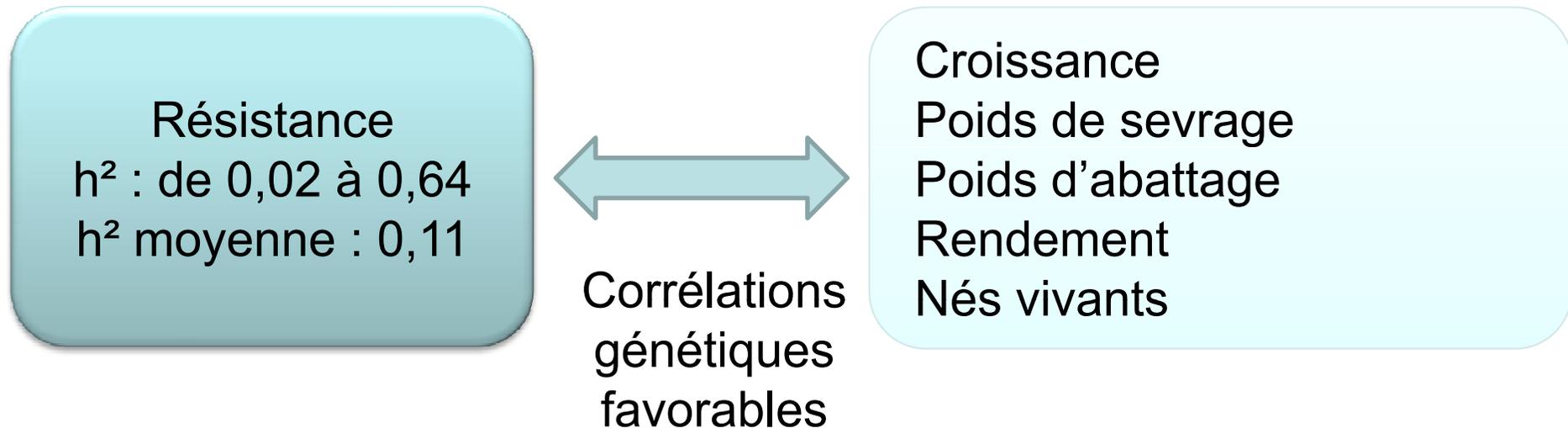
# Rapport de synthèse



## Facteurs génétiques des caractères fonctionnels

García M.L, Gunia M., Argente M.J

- Résistance aux maladies



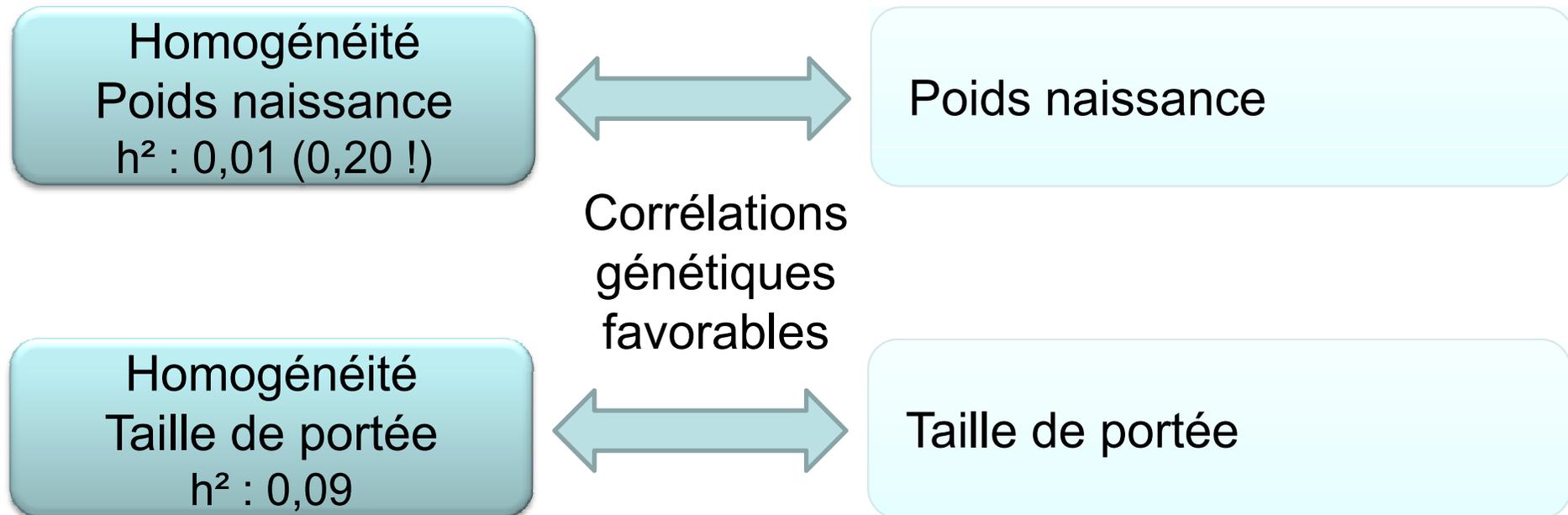
# Rapport de synthèse



## Facteurs génétiques des caractères fonctionnels

García M.L, Gunia M., Argente M.J

- Variabilité des poids à la naissance et de la taille de portée



# Rapport de synthèse



## Facteurs génétiques des caractères fonctionnels

García M.L, Gunia M., Argente M.J

- Approches multiomiques et microbiote
  - Génomique
    - L'activité différentielle de nombreux gènes de la réponse immunitaire a été mise en évidence dans les lignées divergentes sélectionnées pour la variabilité de la taille de portée
    - Que faire de cette information ?
  - Microbiote
    - Rôle clé du microbiote dans l'immunité de l'appareil digestif
    - Différences de composition du microbiote a été démontrée dans des lignées divergentes (efficacité alimentaire, variabilité de la taille de portée)
    - Que faire de cette information ?

# Variabilité génétique et sélection de caractères



- Performances et comportement du lapereau et de la lapine après 22 G de sélection (Girardie et al.)
  - Objectif global de selection : taille de portée, croissance du lapereau et résistance aux troubles infectieux
  - Plan factoriel adoptions croisées femelles L0 et L22 et des lapereaux L0 et L22
  - Etude sur les 2 premières portées

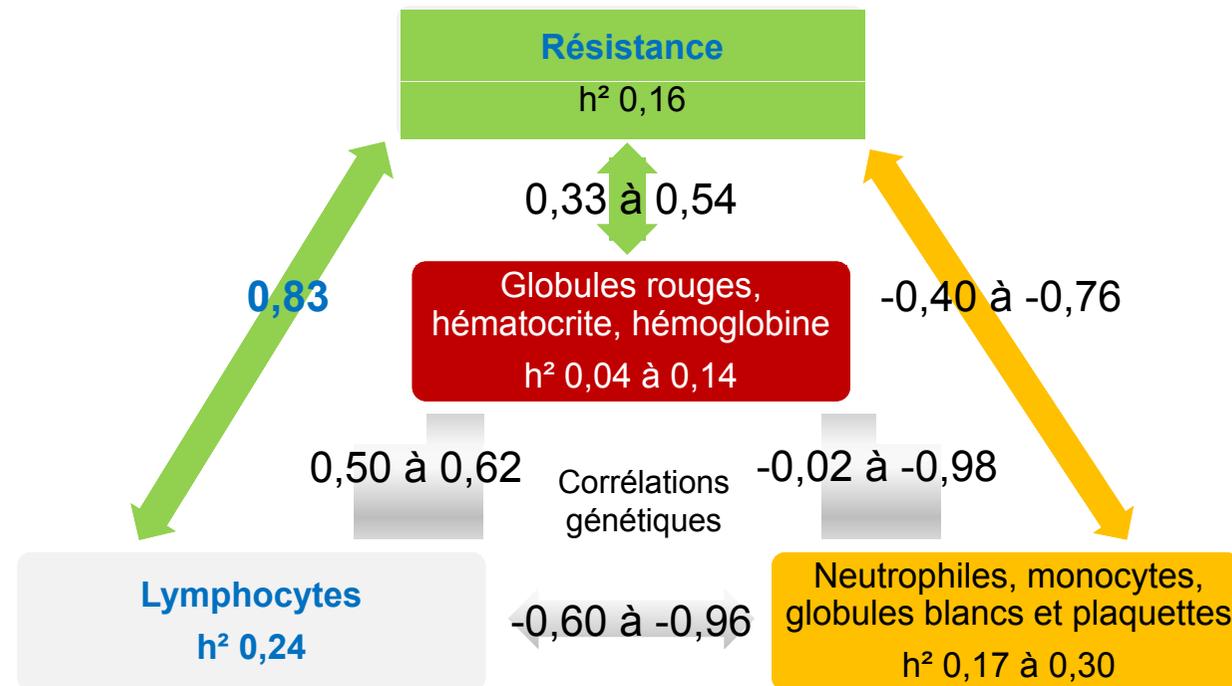
Lapine	L22-L0
Nés vivants	+1,2 NV
Production laitière J21	+44 g
Production laitière J1-J32	+509 g
Mortalité au nid	-9 points
Qualité du nid	++
Fourniture de poil pour le nid	++
Volonté d'allaiter	+

Lapereaux	L22-L0
Poids J21	+38 g
Précocité-sortie du nid	+
Audacieux	+

# Variabilité génétique et sélection de caractères



- Projet RELAPA (2) Paramètres génétiques des critères sanguins en lien avec la note de résistance des animaux à la pasteurellose (Gunia et al.)
  - Inoculation de 953 lapins croisés issus de 6 lignées maternelles commerciales avec une souche de *Pasteurella multocida* à J42



# Variabilité génétique et sélection de caractères



- Algorithmes de Machine Learning pour la prédiction de l'efficacité alimentaire à partir des données de microbiote caecal pour des lapins de lignée INRAE 1001 (Piles et al.)
  - Les données de microbiote sont un tableau d'abondance des différents phylotypes bactériens (918 ASVs (=OTU)) pour chacun des 588 lapins
  - La méthode de Machine Learning est une méthode d'Intelligence Artificielle basée sur l'apprentissage supervisé à partir de grands ensembles de données structurées
  - Les meilleures performances et les résultats les plus stables ont été obtenus avec l'apprentissage automatique utilisant les 100 ASVs les plus importants (pour la plupart ordre des *Clostridiales*): Les valeurs de la corrélation de Spearman étaient de 0,33 (0,09) et 0,32 (0,06)

# Variabilité génétique et sélection de caractères



- Réponses corrélées à la sélection pour réduire la variabilité de la taille de la portée sur le profil des acides gras plasmatiques (Agea et al.)
  - Sélection divergente sur l'homogénéité de la taille de portée → femelles qui semblent plus résistantes et moins sensibles au stress et aux maladies
  - Etude du profil d'acides gras plasmatiques (modulent les fonctions immunitaires) sur des femelles de la G12

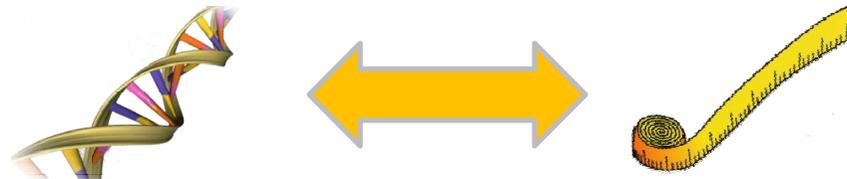
Lignée Homogène par rapport à la lignée Hétérogène	
Acides Gras Saturés	>
Acides Gras MonoInsaturés	>
Acides Gras PolyInsaturés n-3	>
Acides Gras PolyInsaturés n-6	<

# Sélection génomique - Principe

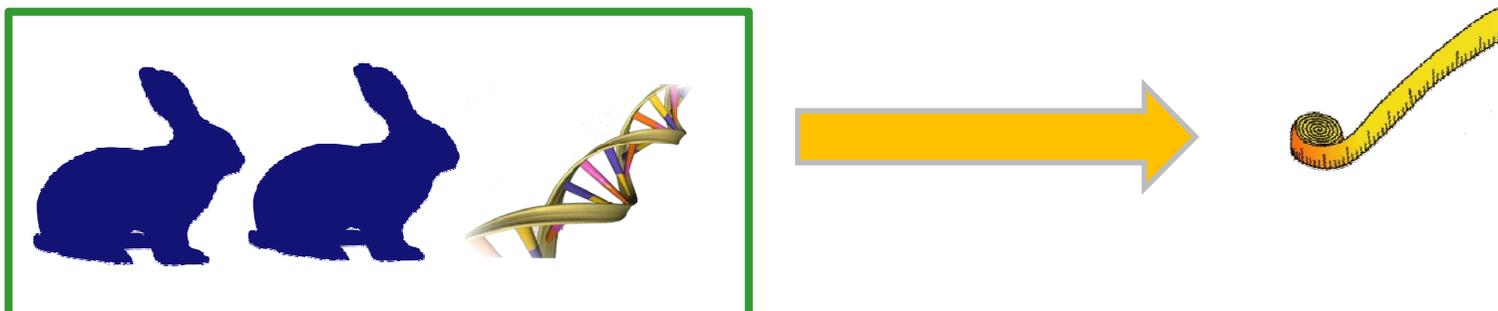
1. Population de référence : génotype (marqueurs SNP) + phénotype



2. Estimation des effets des marqueurs SNP par régression



3. Population génotypée sans phénotype. Estimation de Valeurs génomiques en sommant les effets des marqueurs.

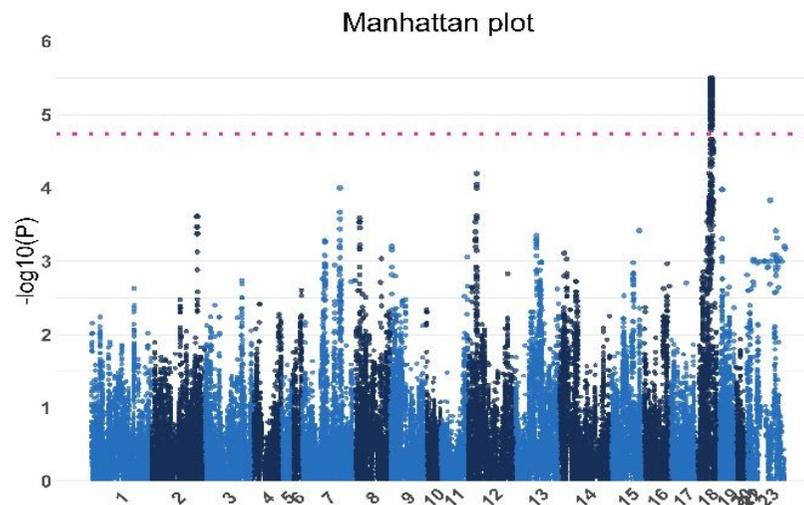


# Génomique et génétique moléculaire



- Analyse génomique de la croissance et de l'efficacité alimentaire (Garreau et al.)
  - 2 SNP significatifs sur l'Indice de Consommation
  - 89 SNP significatifs pour la consommation résiduelle

Chromosome 18  
(OCU18)

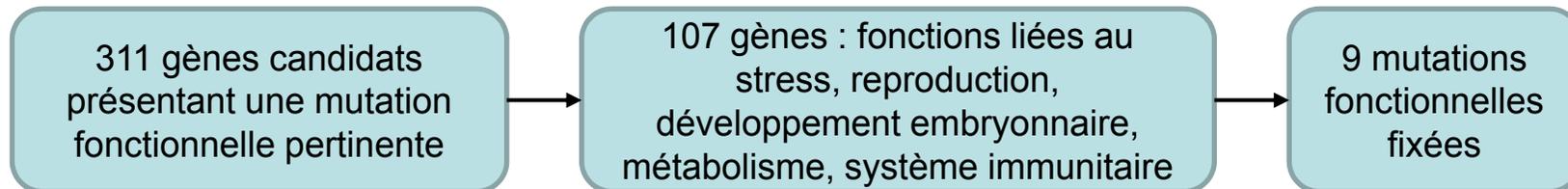


Identification du  
gène fonctionnel  
putatif GOT1

# Génomique et génétique moléculaire



- Analyse génomique des gènes de l'immunité dans une population divergente pour la variabilité de la taille de la portée (Casto-Rebollo et al.)
  - Sélection divergente sur l'homogénéité de la taille de portée → femelles qui semblent plus résistantes et moins sensibles au stress et aux maladies
  - Analyse de séquençage du génome entier (WGS) réalisé sur des animaux de la G10



**Implication réelle de ces gènes dans la variabilité de la taille de portée et la résilience ?**

# Génomique et génétique moléculaire



- Etude comparative des méthodes “Support Vector Machine” et GBLUP pour prédire le GMQ à partir de marqueurs SNP (Piles et al.)
  - Méthodes de sélection génomique :
    - Prédiction du GMQ -> corrélation entre valeur prédite et valeur vraie
  - GBLUP : 14 710 SNP
    - Corrélation = 0,28
    - Intervalle de confiance = 0,12
  - SVM : Sélection des SNP les plus informatifs (1000 SNP)
    - Corrélation = 0,34
    - Intervalle de confiance = 0,20
  - Très faible effectif de lapins (425), faible précision des prédictions, GMQ est très facilement sélectionné sans génomique

# Génomique et génétique moléculaire



- Variabilité du gène de la tyrosinase (TYR) (le locus albinos) chez le lapin domestique et sauvage (Utzeri et al.)
  - Caractérisation du gène TYR en séquençant 2000 paires de base sur des lapins de 11 races domestiques et des lapins sauvages de Sardaigne
  - 15 mutations identifiées
- Décodage de l'architecture moléculaire de la variabilité de la couleur chez le lapin (Iannucelli et al.)
  - Identification de plusieurs SNP marquant des locis affectant la couleur du pelage
  - Loci déjà connus et nouvelles régions chromosomiques décrites (sur le chromosome 14 par exemple)

# Effets et gestion de la consanguinité



- Effets de la consanguinité sur les caractères de croissance et de prolificité (Piles et al. ) sur la survie à la naissance (Nagy et al.)
  - Piles et al. :
    - Population sélectionnée sur le GMQ pendant 60 générations
    - Dépression identifiée sur les caractères de croissance et de prolificité
  - Nagy et al. :
    - Population fermée “Pannon White rabbit” depuis 1992
    - Pas de résultat significatif sur la survie des lapereaux
- Sélection optimisée de la lignée C Hycole : perspectives de gain génétique (Herbert et al.)
  - Etude de la méthode Optimum Contribution Selection (OCS)
    - Maximise le gain génétique tout en limitant l'augmentation de la consanguinité par optimisation
    - Méthode bien connue et déjà appliquée sur des lignées expérimentales et commerciales

# Caractérisation de races



- Brésil : Performances de croissance de différents génotypes (Machado et al.)
- Nigéria : Performances d'une population hétérogène (Oseni et al.)
- Hongrie : Conservation et performance de la race locale Hungarian Giant (Eiben et al. )
- France : Race Fauve de Bourgogne (Davi et al.)
  - Fertilité : 60 %
  - Taille de portée : 4,3 NV et 3,4 sevrés
  - Poids : - Sevrage : 720 g
    - 65 jours : 1649 g

# Conclusion

**Attentes sociétales**

- Critères fonctionnels
- Génomique
- Paramètres sanguins
- Comportement

**Réduction des  
coûts alimentaires**

- Microbiote
- Génomique

**En lien avec  
l'amélioration  
des  
performances**

**... et trop de communications académiques pour Ombres et Lumières !**

**Perspectives filière**

Caractérisation de phénotypes d'intérêt

Technologies et méthodes innovantes...

... mais bien souvent encore trop coûteuses

Projet de sélection génomique avec l'INRAe sur l'efficacité alimentaire → Projet FeedSeq