

La génétique au service de la biodiversité : pourquoi génotyper vos animaux ?

Stéphanie Minery et Coralie Danchin, Idele



Un peu d'interactivité !

Allez sur www.menti.com
Code: 7700 7556

Qu'est ce que c'est qu'un génotypage?



L'ADN, support **physique** de l'hérédité

Génotypage = technique permettant de lire quelle est la molécule présente à une **position** spécifique sur un chromosome

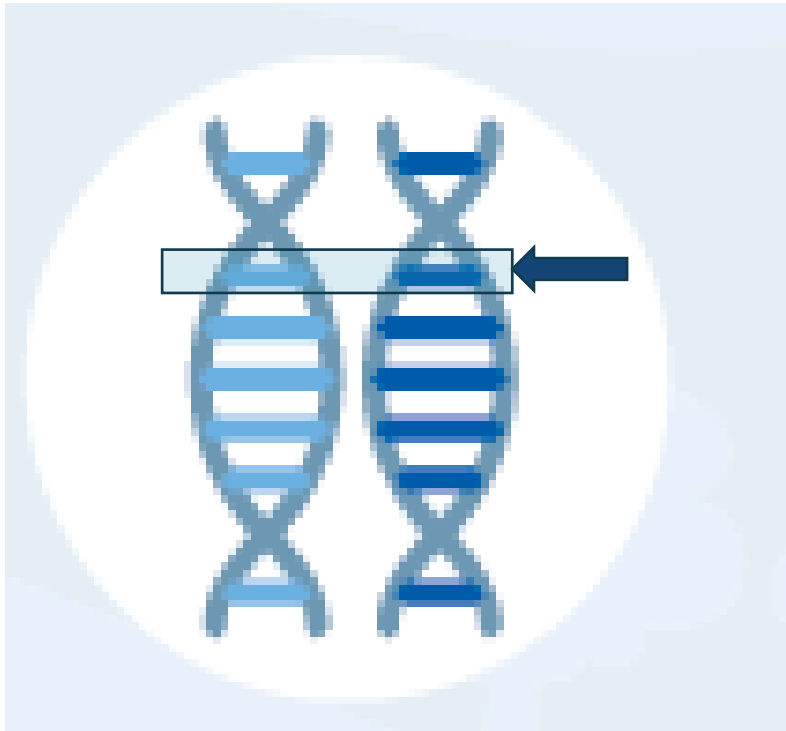
Seulement 4 molécules possibles: A, T, C, G*

Position choisie après des recherches pour des **nucléotides** qui sont **variables** dans les races

=> Single Nucleotide Polymorphisms ou **SNP**

* Adénine, thymine, cytosine et guanine = des molécules appelées **nucléotides**

Qu'est ce que c'est qu'un génotypage?



L'ADN, support **physique** de l'hérédité

Génotypage = technique permettant de lire quelle est la molécule présente à une **position** spécifique sur un chromosome

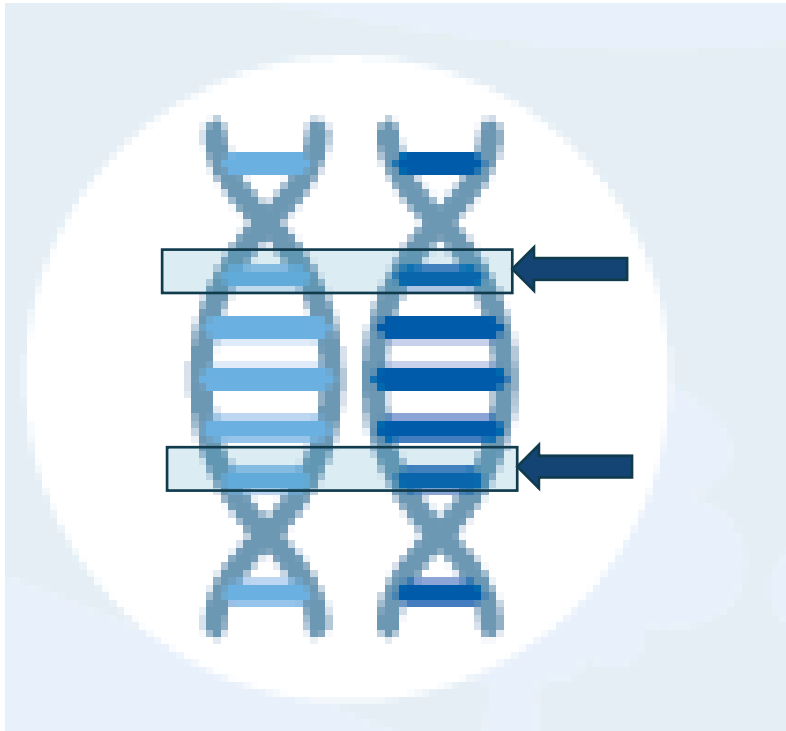
Seulement 4 molécules possibles: A, T, C, G*

Position choisie après des recherches pour des **nucléotides** qui sont **variables** dans les races

=> Single Nucleotide Polymorphisms ou **SNP**

* Adénine, thymine, cytosine et guanine = des molécules appelées **nucléotides**

Qu'est ce que c'est qu'un génotypage?



L'ADN, support **physique** de l'hérédité

Génotypage = technique permettant de lire quelle est la molécule présente à une **position** spécifique sur un chromosome

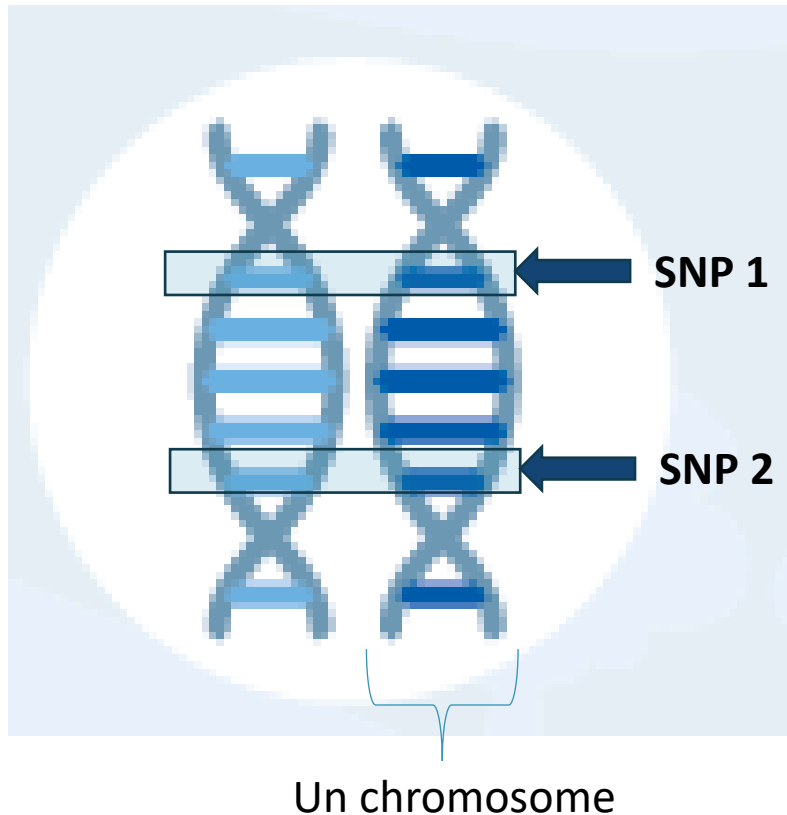
Seulement 4 molécules possibles: A, T, C, G*

Position choisie après des recherches pour des **nucléotides** qui sont **variables** dans les races

=> Single Nucleotide Polymorphisms ou **SNP**

* Adénine, thymine, cytosine et guanine = des molécules appelées **nucléotides**

Qu'est ce que c'est qu'un génotypage?



- SNP : variation d'une base de l'ADN.

Exemple : certains individus sont A d'autres sont T

Un SNP n'a que 2 allèles (2 lettres) possibles puisque les mammifères ont toujours des **paires** de chromosomes

- Lecture automatisée des SNP via une « puce »
> 70 000 SNP (ou lettres) que l'on peut lire en même temps pour un individu

Ce nombre varie suivant les espèces

Le résultat de lecture s'appelle un **génotypage**

A quoi ressemble un résultat de génotypage ?

Numéro échantillon	Nom du SNP	Allèle 1	Allèle 2
WG3447082-DNA_A01_034292	snp1-scaffold1-2170	C	C
WG3447082-DNA_A01_034292	snp1-scaffold708-1421224	G	T
WG3447082-DNA_A01_034292	snp10-scaffold1-352655	A	A
WG3447082-DNA_A01_034292	snp1000-scaffold1026-533890	A	G
WG3447082-DNA_A01_034292	snp10000-scaffold1356-652219	G	G
WG3447082-DNA_A01_034292	snp10001-scaffold1356-703514	T	G
WG3447082-DNA_A01_034292	snp10002-scaffold1356-766996	A	A
WG3447082-DNA_A01_034292	snp10003-scaffold1356-808120	A	A
WG3447082-DNA_A01_034292	snp10004-scaffold1356-853276	A	A

A quoi ressemble un résultat de génotypage ?

# SNP	Numéro échantillon	Nom du SNP	Allèle 1	Allèle 2
1	WG3447082-DNA_A01_034292	snp1-scaffold1-2170	C	C
2	WG3447082-DNA_A01_034292	snp1-scaffold708-1421224	G	T
3	WG3447082-DNA_A01_034292	snp10-scaffold1-352655	A	A
4	WG3447082-DNA_A01_034292	snp1000-scaffold1026-533890	A	G
5	WG3447082-DNA_A01_034292	snp10000-scaffold1356-652219	G	G
6	WG3447082-DNA_A01_034292	snp10001-scaffold1356-703514	T	G
7	WG3447082-DNA_A01_034292	snp10002-scaffold1356-766996	A	A
8	WG3447082-DNA_A01_034292	snp10003-scaffold1356-808120	A	A
9	WG3447082-DNA_A01_034292	snp10004-scaffold1356-853276	A	A
10	WG3447082-DNA_A01_034292	snp10005-scaffold1356-883250	T	T

A quoi ça peut servir ?

**Réaliser une indexation
génomique**

Vérifier les filiations

Assigner les parentés

**Gérer les gènes d'intérêt et les
anomalies génétiques**

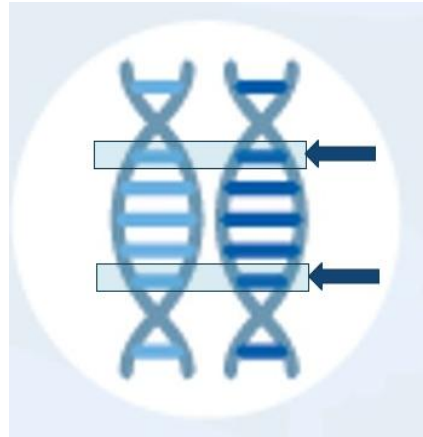
Rechercher des gènes majeurs

Gérer la variabilité génétique

**Identifier les groupes raciaux et
visualiser les croisements**

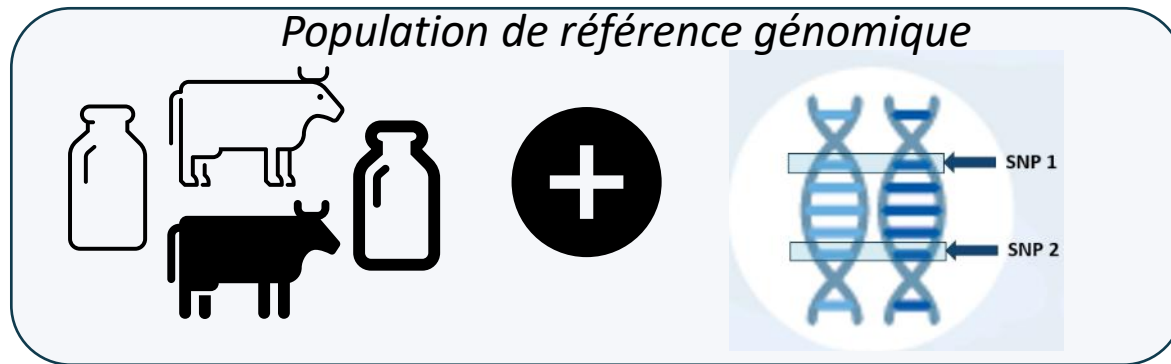
Calculer le degré de croisement

Mieux connaître l'histoire des races



Réaliser des évaluations génomiques

Etape 1 : Etablir le lien entre performances en élevage et génotypage

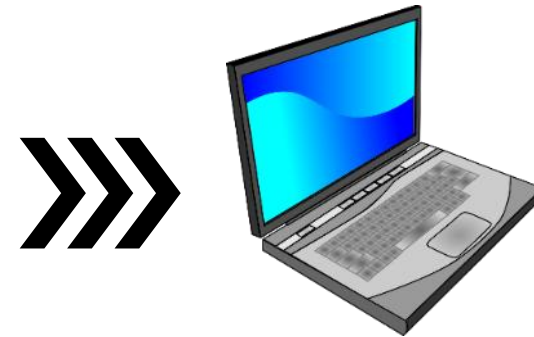
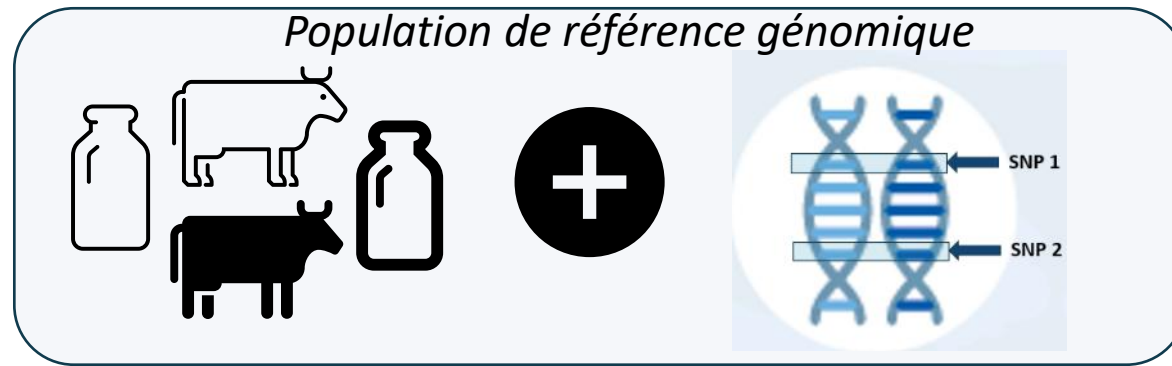


*Effet sur la quantité
de lait produit*

<i>Allèle 1</i>	<i>Allèle 2</i>
SNP 1 = +3	SNP 1 = 0
SNP 2 = -1	SNP 2 = +5
SNP 3 = 0	SNP 3 = -1
SNP 4 = 5	SNP 4 = 5
....

Réaliser des évaluations génomiques

Etape 1 : Etablir le lien entre performances en élevage et génotypage



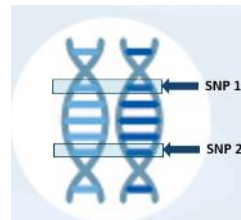
*Effet sur la quantité
de lait produit*

Allèle 1	Allèle 2
SNP 1 = +3	SNP 1 = 0
SNP 2 = -1	SNP 2 = +5
SNP 3 = 0	SNP 3 = -1
SNP 4 = 5	SNP 4 = 5
....

Etape 2 : Appliquer sur les jeunes animaux sans performance



Candidat à la sélection



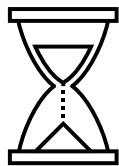
INDEX GENOMIQUE
Valeur génétique de l'animal

Index LAIT
+ 500 kg

Pour une sélection plus efficace

Plus
rapide

Tous les index
dès la naissance



Mâle et femelle
même précision à
la naissance

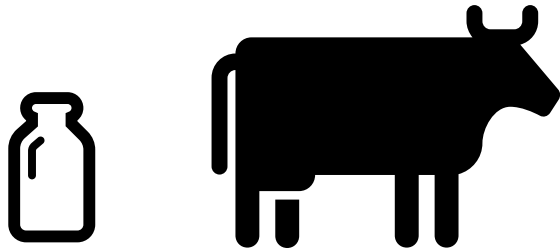
Plus précis

Plus de
caractères

Ex. Index fertilité,
longévité sur les
femelles en bovin lait

La sélection génomique concerne de nombreuses filières et races

BOVIN LAIT

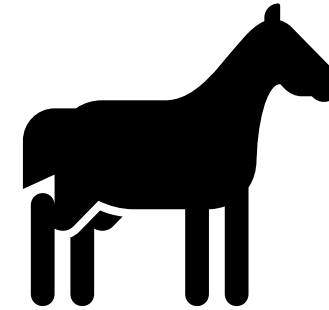


Abondance, Brune, Jersiaise, Montbéliarde, Normande, Prim'Holstein, Simmental Française, Tarentaise, Vosgienne

CAPRIN



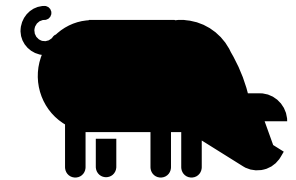
Alpine et Saanen



EQUIN

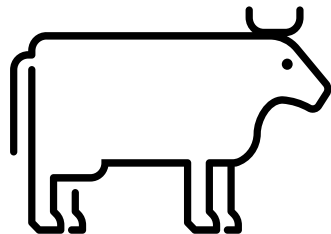
Chevaux de sport

PORCIN



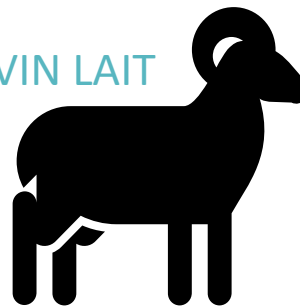
Landrace, Large White, Piétrain

BOVIN VIANDE



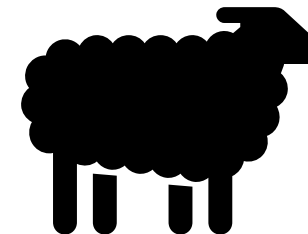
Aubrac, Blonde d'Aquitaine, Charolaise, Limousine, Parthenaise, Rouge des Prés

OVIN LAIT



Basco-béarnaise, Corse, Lacaune lait, Manech Tête Noire, Manech Tête Rousse

OVIN VIANDE

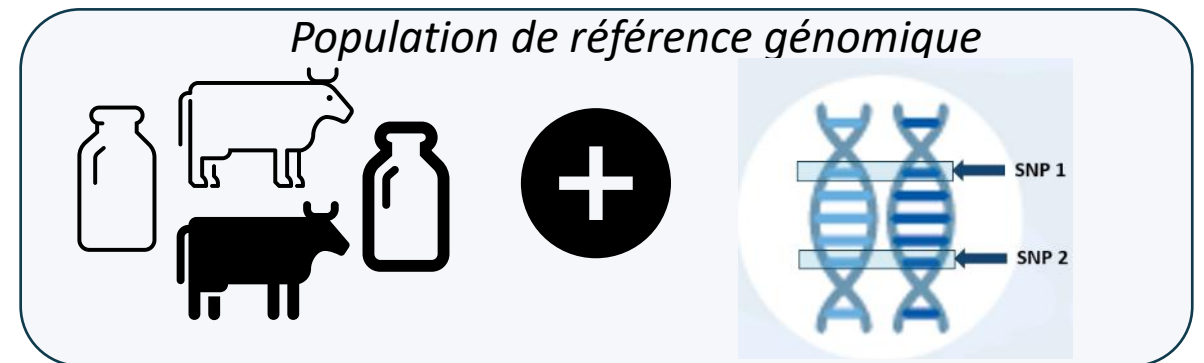


En cours de déploiement dans certaines races (Lacaune Viande et BMC)

Les conditions de sa réalisation

La méthode donnera des résultats d'autant plus précis que :

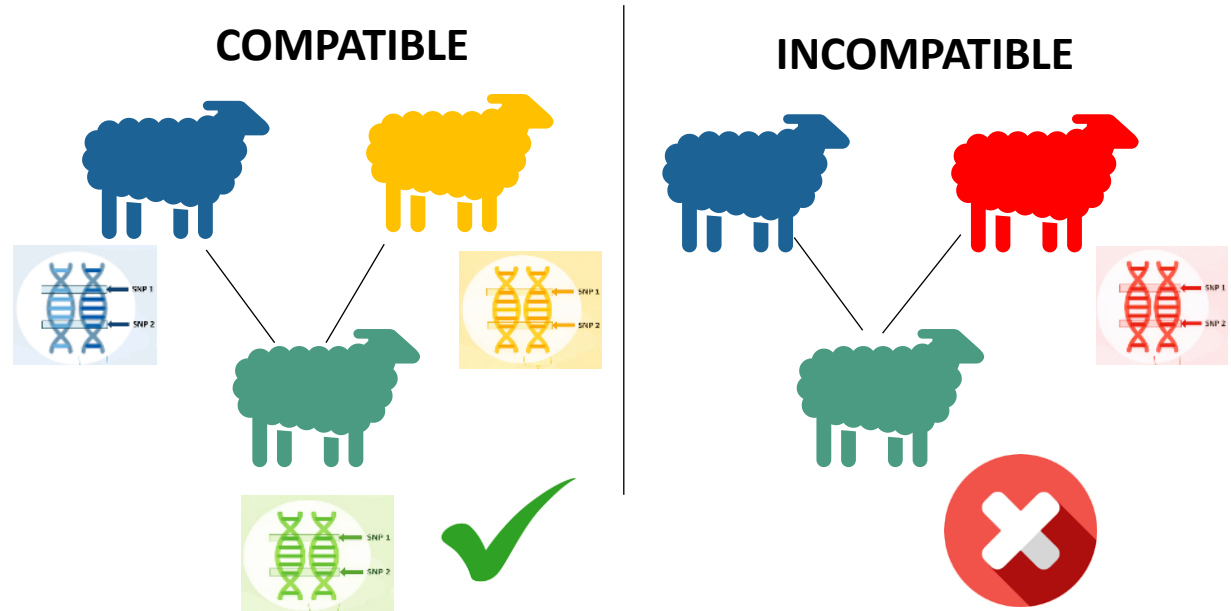
- La population de référence est de taille importante
- Les caractères à sélectionner sont héréditaires



Cette population de référence doit également être renouvelée régulièrement

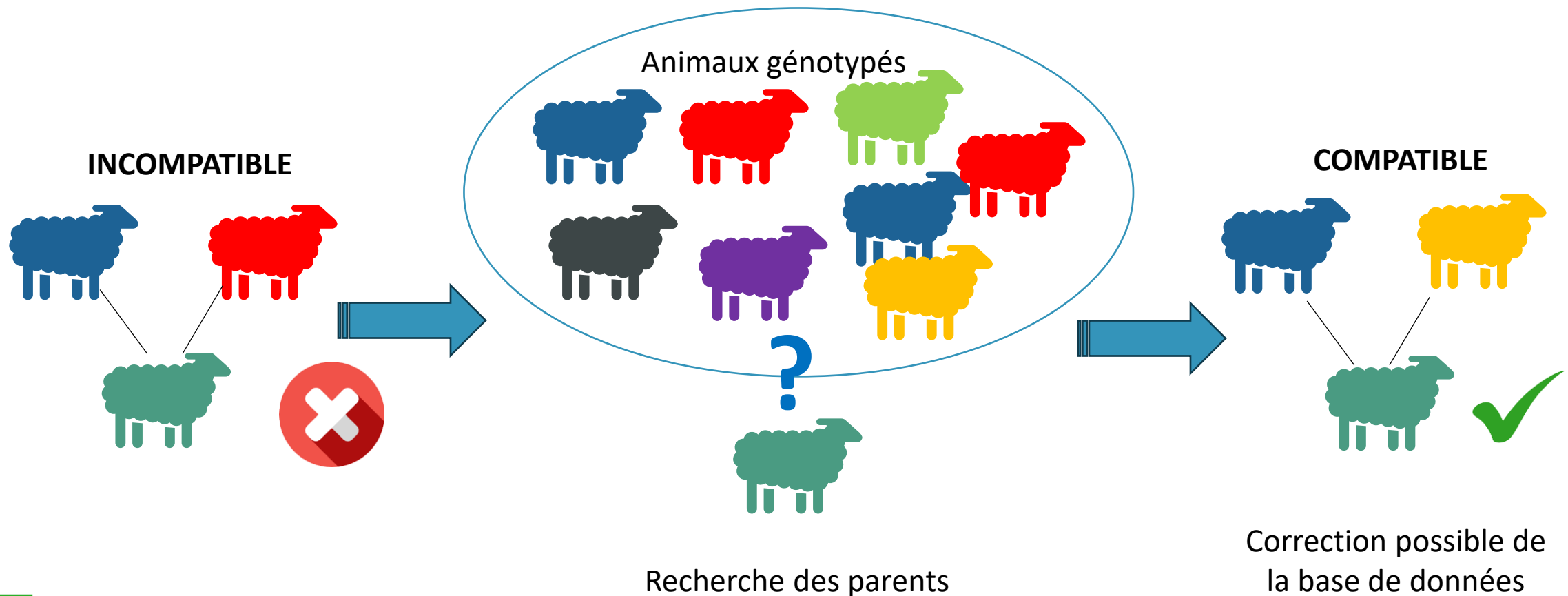
Vérifier les filiations

- On peut vérifier que l'animal est génétiquement compatible avec ses parents, d'après leurs SNP partagés
- Cela peut contribuer, par exemple, au dispositif de Certification de la Parenté Bovine (CPB)



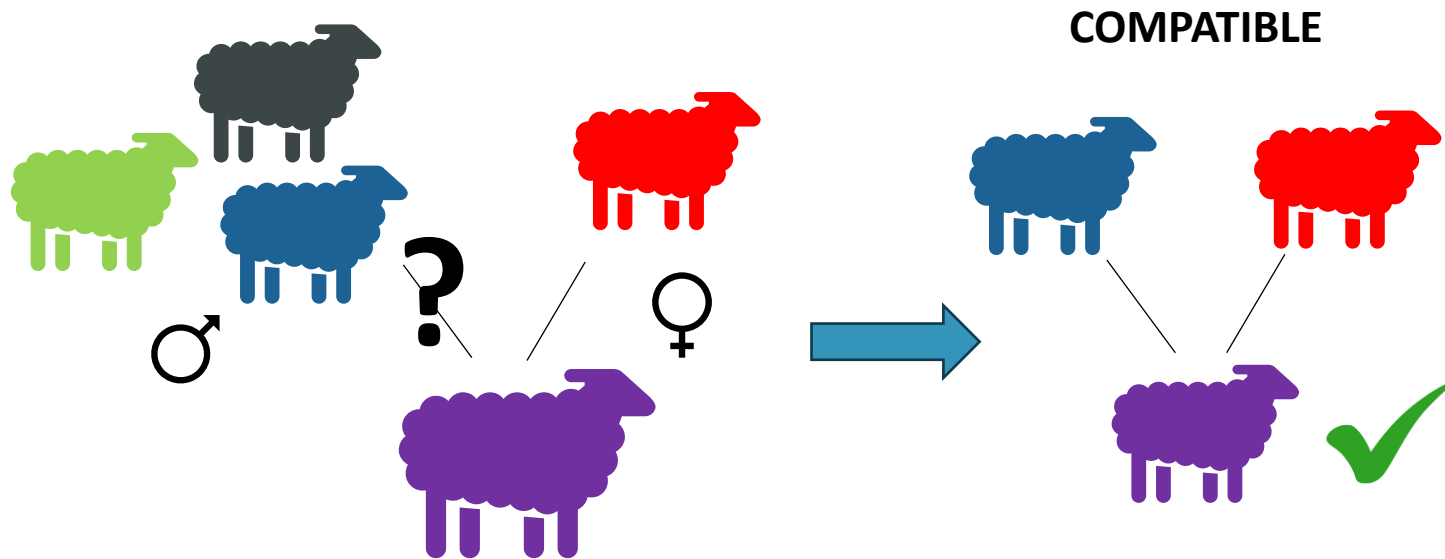
Corriger et améliorer les généalogies

- On peut rechercher les parents les plus probables d'un animal, parmi tous les animaux génotypés, pour corriger et améliorer les généalogies



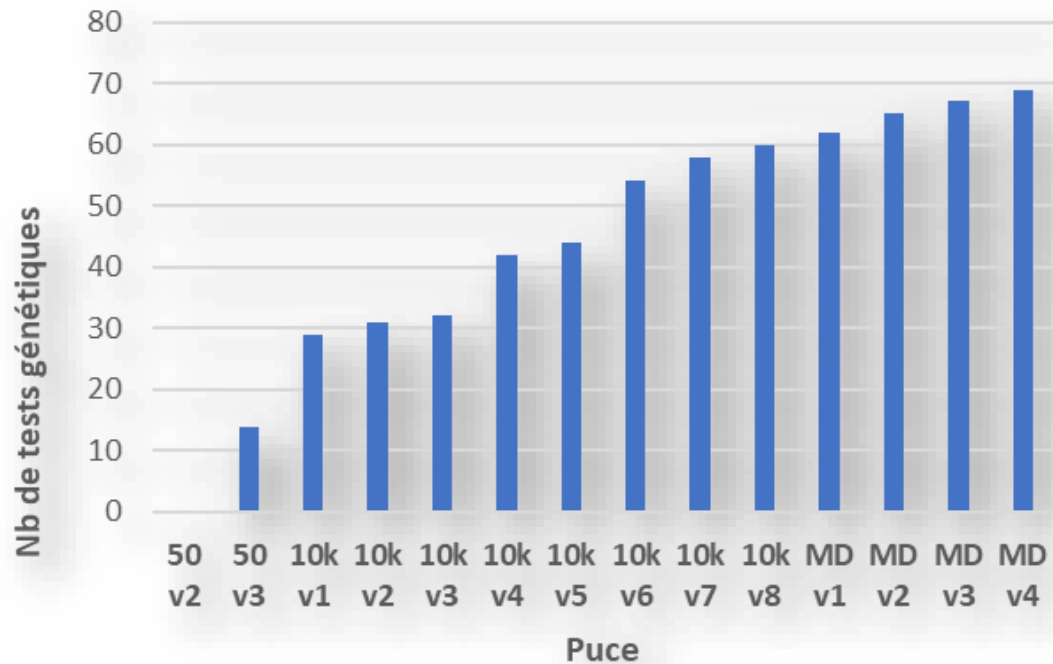
Assigner les parentés

- On peut, par exemple, retrouver le père d'un animal, parmi un lot de béliers reproducteurs
=> assignation de paternité



Gérer les gènes d'intérêt et les anomalies génétiques

- On peut avoir les résultats de tests génétiques pour plusieurs gènes d'intérêts ou anomalies – nombre variable suivant les filières / races



Augmentation du nombre de tests génétique disponibles en bovin, selon la version de puce de génotypage (Source Obgeno)



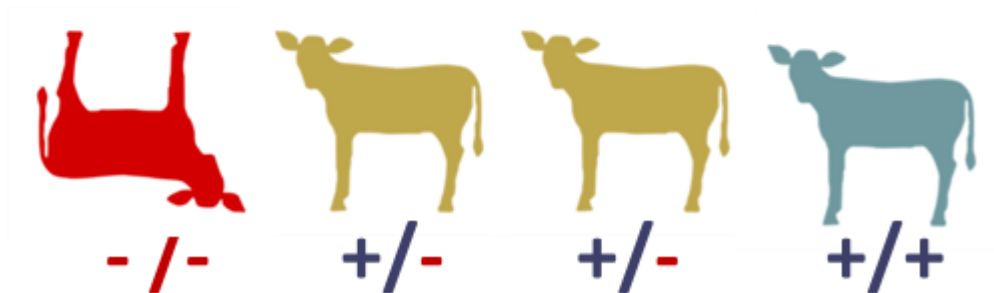
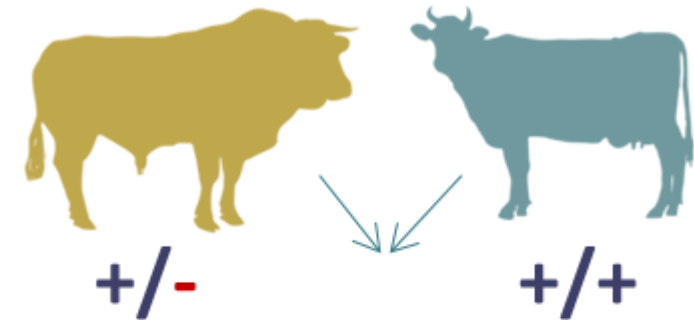
Surveillance possible de l'évolution des fréquences des mutations dans les populations

Exemple d'une anomalie récessive

Génotyper permet d'éviter certains accouplements à risque



$+$: allèle normal
 $-$: allèle muté



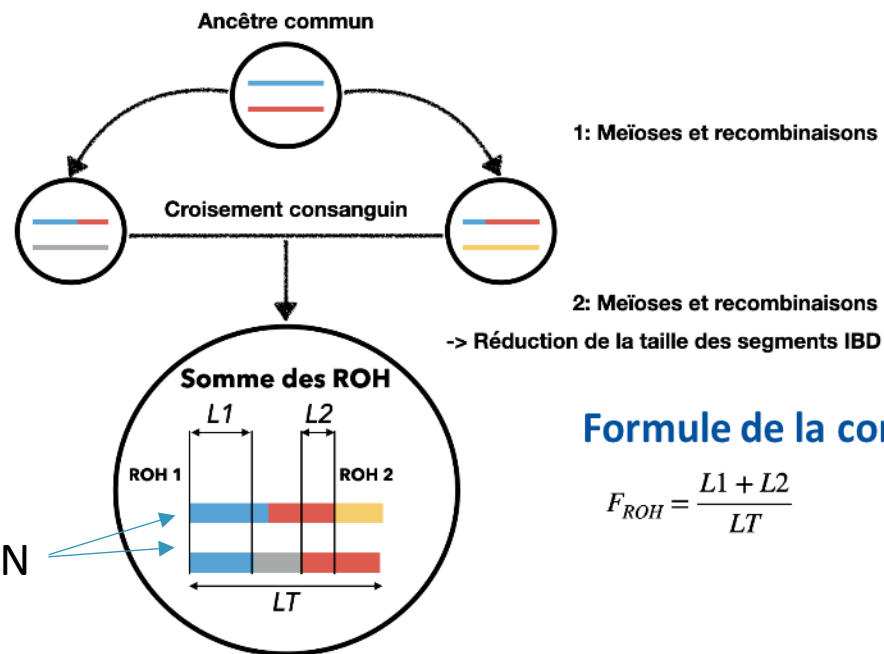
1 chance sur 4 d'avoir un animal malade
Accouplement à éviter



Accouplement acceptable

Gérer la variabilité génétique

- On peut calculer la consanguinité génomique. Une méthode = calcul longueur des segments homozygotes dans le génome (ROH, Run Of Homozygosity)



Formule de la consanguinité :

$$F_{ROH} = \frac{L1 + L2}{LT}$$

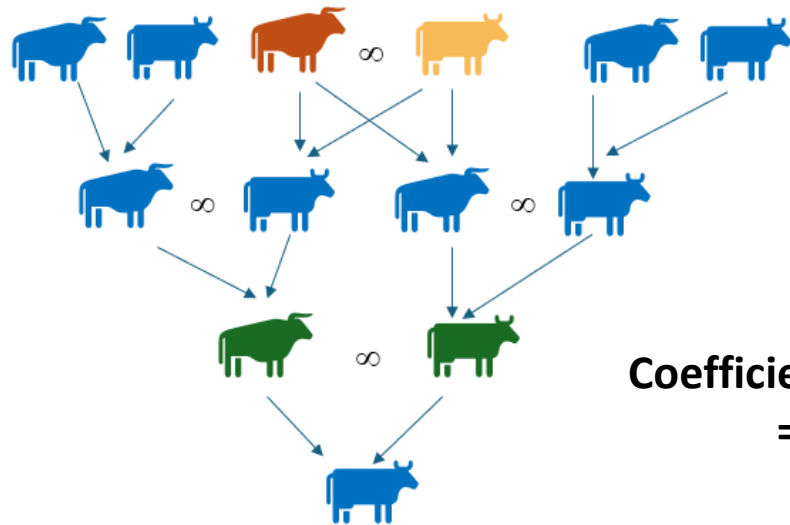
Nécessite au préalable de déterminer ces segments ROH

=> Dépendra donc des critères choisis pour les identifier (taille minimum du segment notamment)

Retenir : segments ROH longs = consanguinité récente (pas encore de recombinaison)

Gérer la variabilité génétique

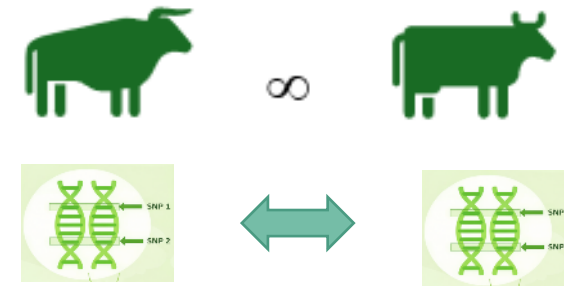
- On peut calculer l'apparentement directement à partir des génotypages
→ plus précis qu'avec le pedigree



PEDIGREE

Coefficient de parenté
= 6,25%

≠

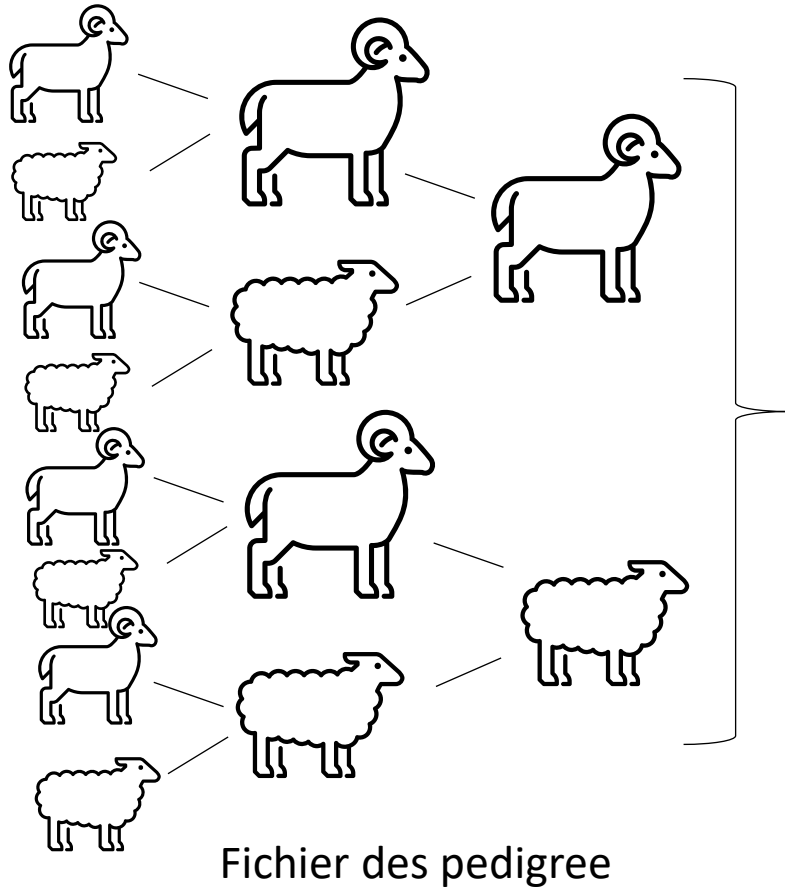


Comparaison des SNPs

Coefficient de parenté
= 5,20 %

GENOMIQUE

Mieux discriminer 2 pleines sœurs



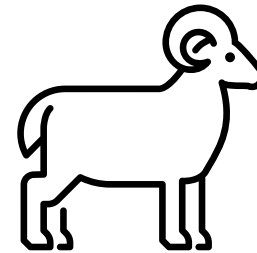
2 sœurs

Coefficients de parenté basé sur les pedigree

20 %

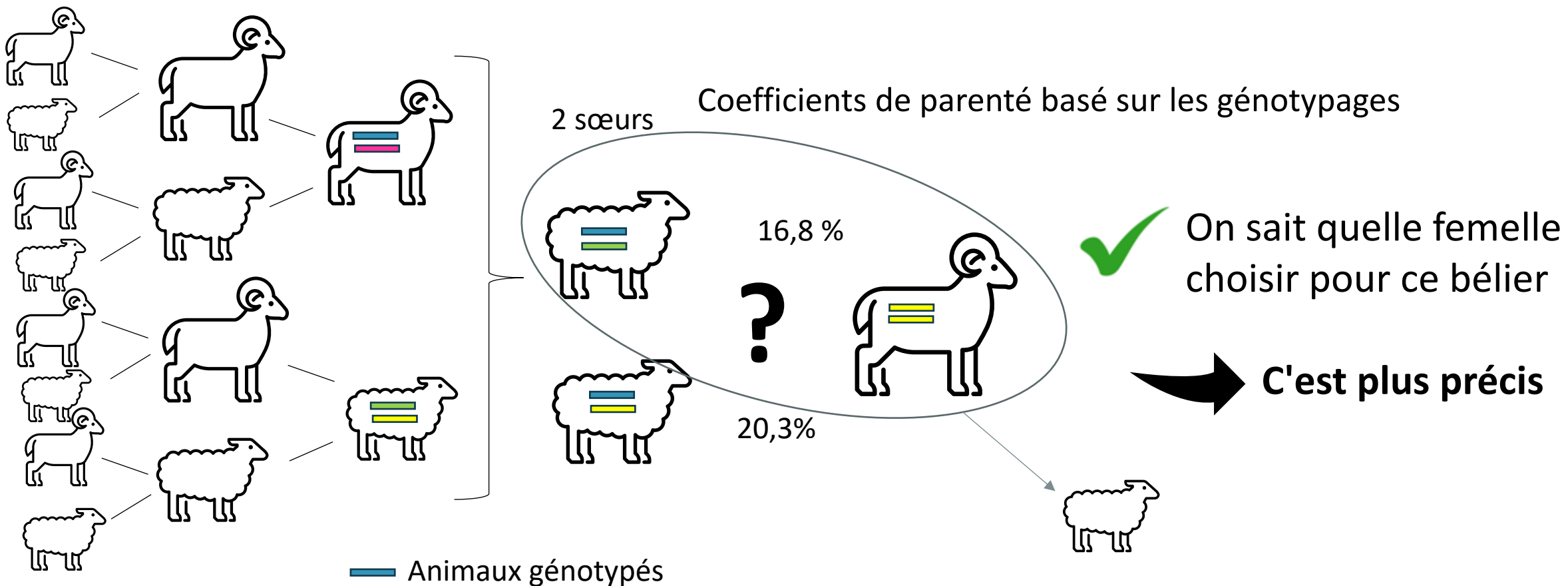
?

20 %



Même coefficient entre le bélier et les 2 sœurs = on ne sait pas quelle femelle choisir pour ce bélier, parmi ces 2 sœurs

Avec les indicateurs génomiques

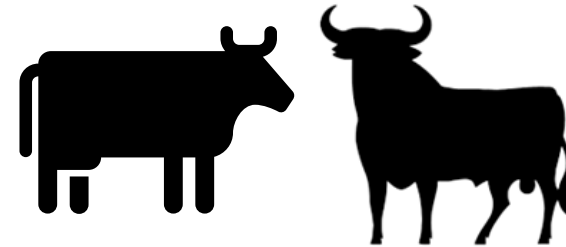


Exemple d'indicateurs calculés en « routine »

- Les indicateurs d'originalité : les ORI (*en races laitières*)

Chaque semaine, chaque bovin génotypé est comparé à trois populations cibles :

- Les jeunes animaux génotypés (moins d'un an) : indicateur ORIC (*C : Contemporain*)
- Les taureaux d'IA génotypés de moins de 8 ans : indicateur ORIT (*T : Taureau*)
- Les femelles génotypées de moins de 5 ans : indicateur ORIF (*F : Femelle*)



- La parentégeno

A partir de 2 listes (ou d'une liste d'accouplements prévus), calcul de la parenté génomique entre les 2 animaux, s'ils sont génotypés

De retour sur [menti.com](https://www.menti.com)

Quel usage vous intéresse le plus pour les génotypages ?

Allez sur www.menti.com
Code: 7700 7556



Les génotypages pour mieux connaître les races



Identifier les groupes raciaux et visualiser les croisements

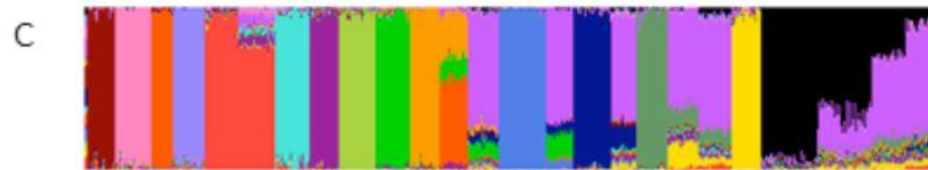
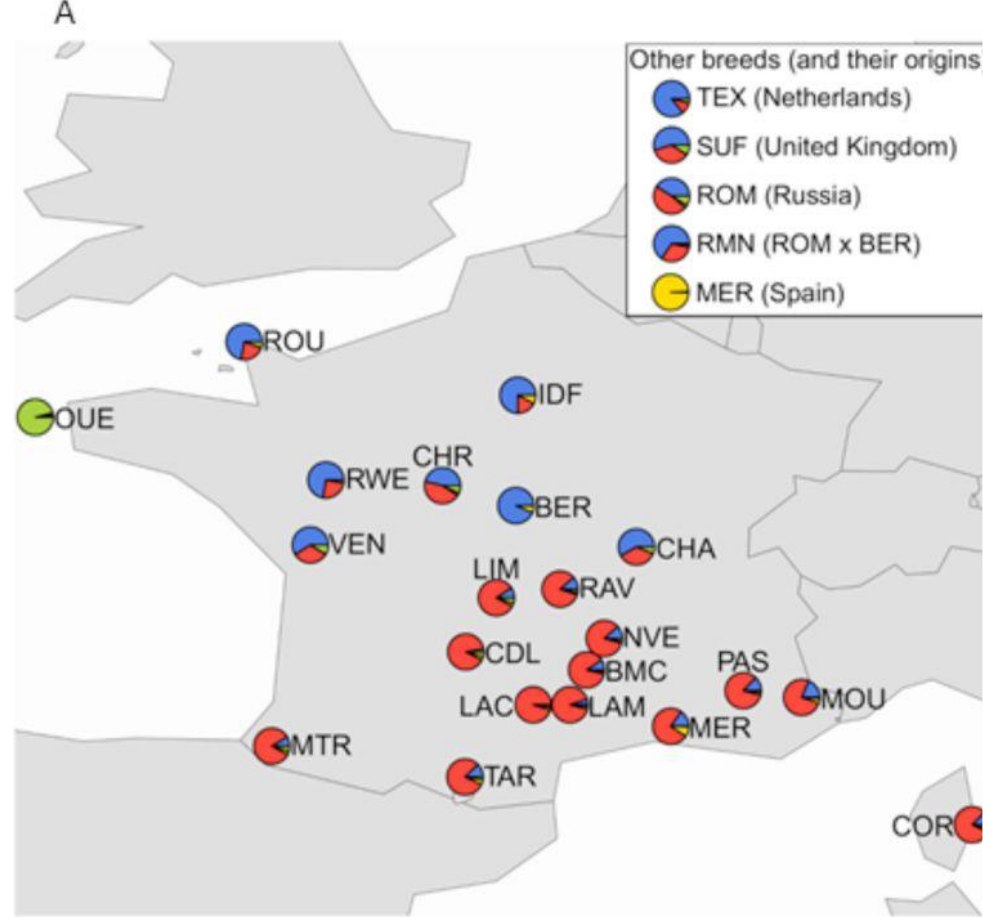
ADMIXTURE = outil d'analyse ADN pour prédire les origines génétiques probables d'un animal.

1. Recherche des groupes cohérents, de pools génétiques, de races
2. Pour chaque animal, calcul de la proportion d'ADN pour chacun de ces groupes.

Un animal = 



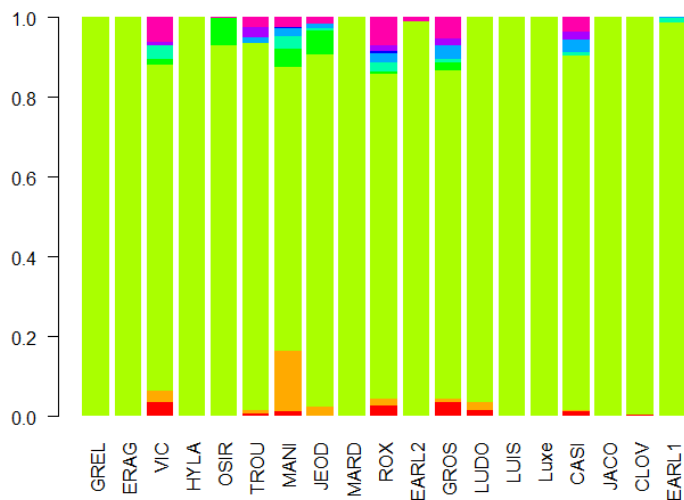
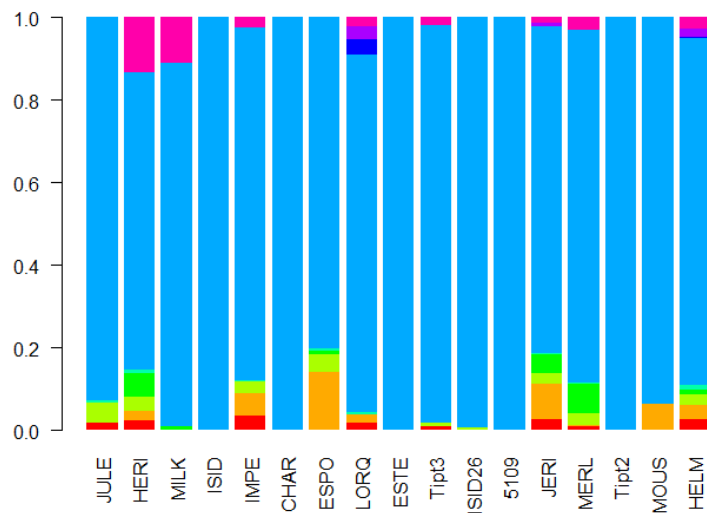
EUROPEAN UNION
REFERENCE CENTRE FOR
**ENDANGERED
ANIMAL BREEDS**



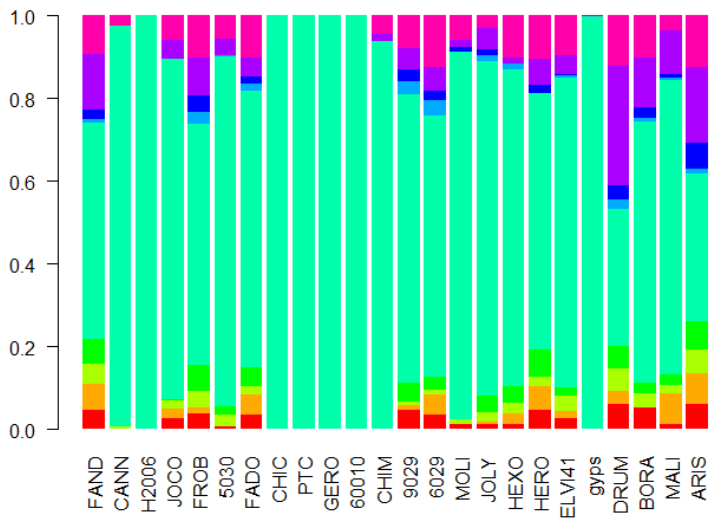
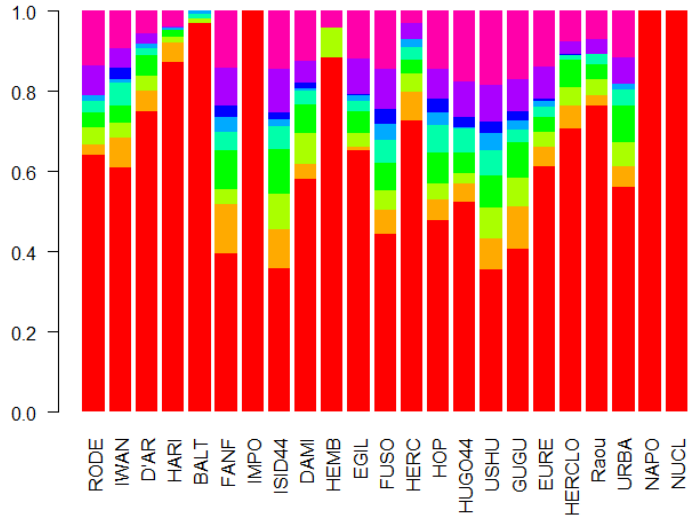
EUR
QUE
CHR
ROM
SUF
VEN
CHA
ROU
RWE
TEX
IDF
BER
RMN
MOU
RAM
MER
MTR
COR
CDL
RAV
NVE
LIM
LAC
LAM
BMC
PAS

Rochus et al., 2017
doi: <https://doi.org/10.1101/103010>

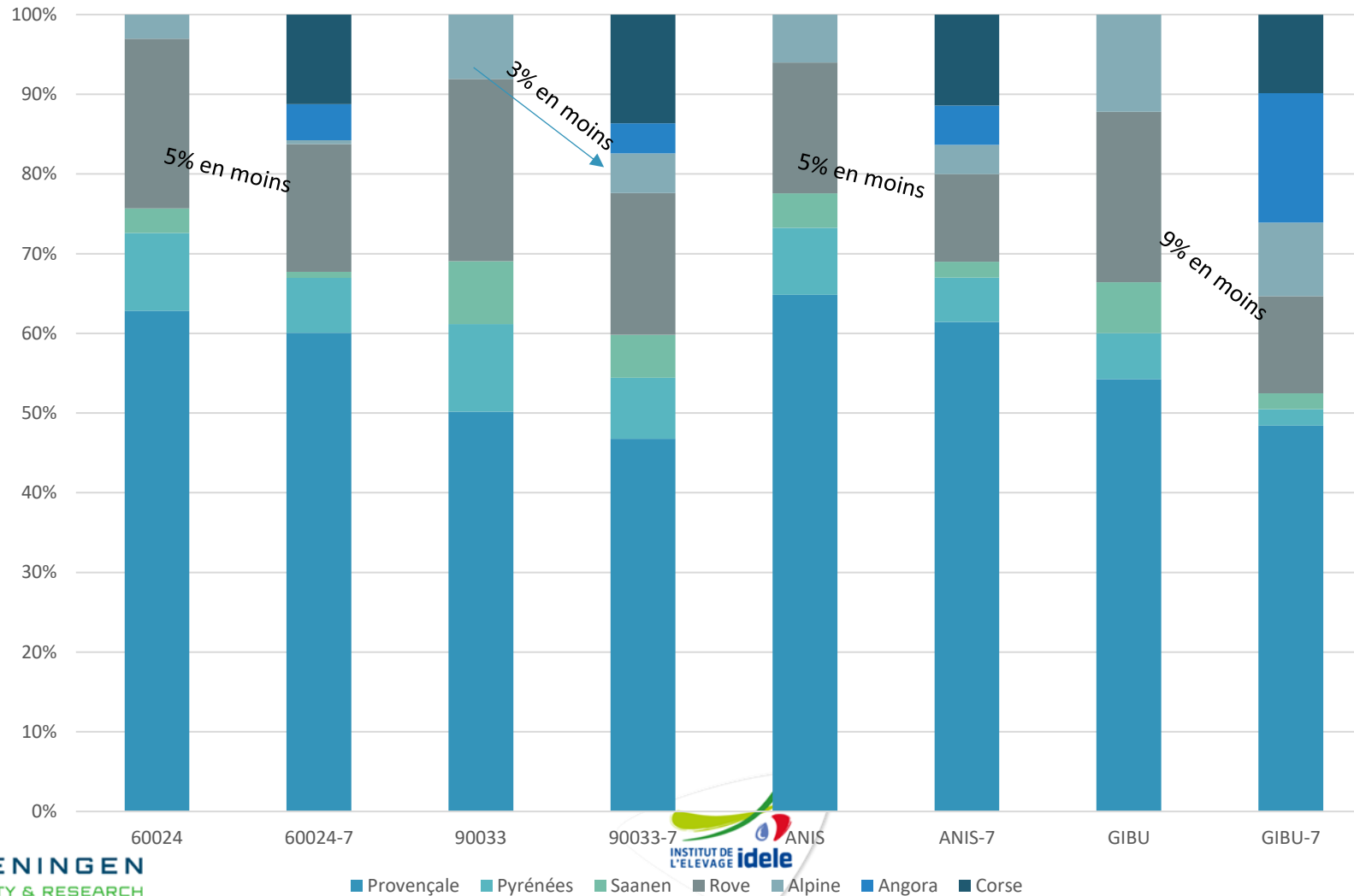
Quel référentiel pour la “race pure” ? Lorraine et Poitevine



Quel référentiel pour la "race pure" ? Fossés et Provençale

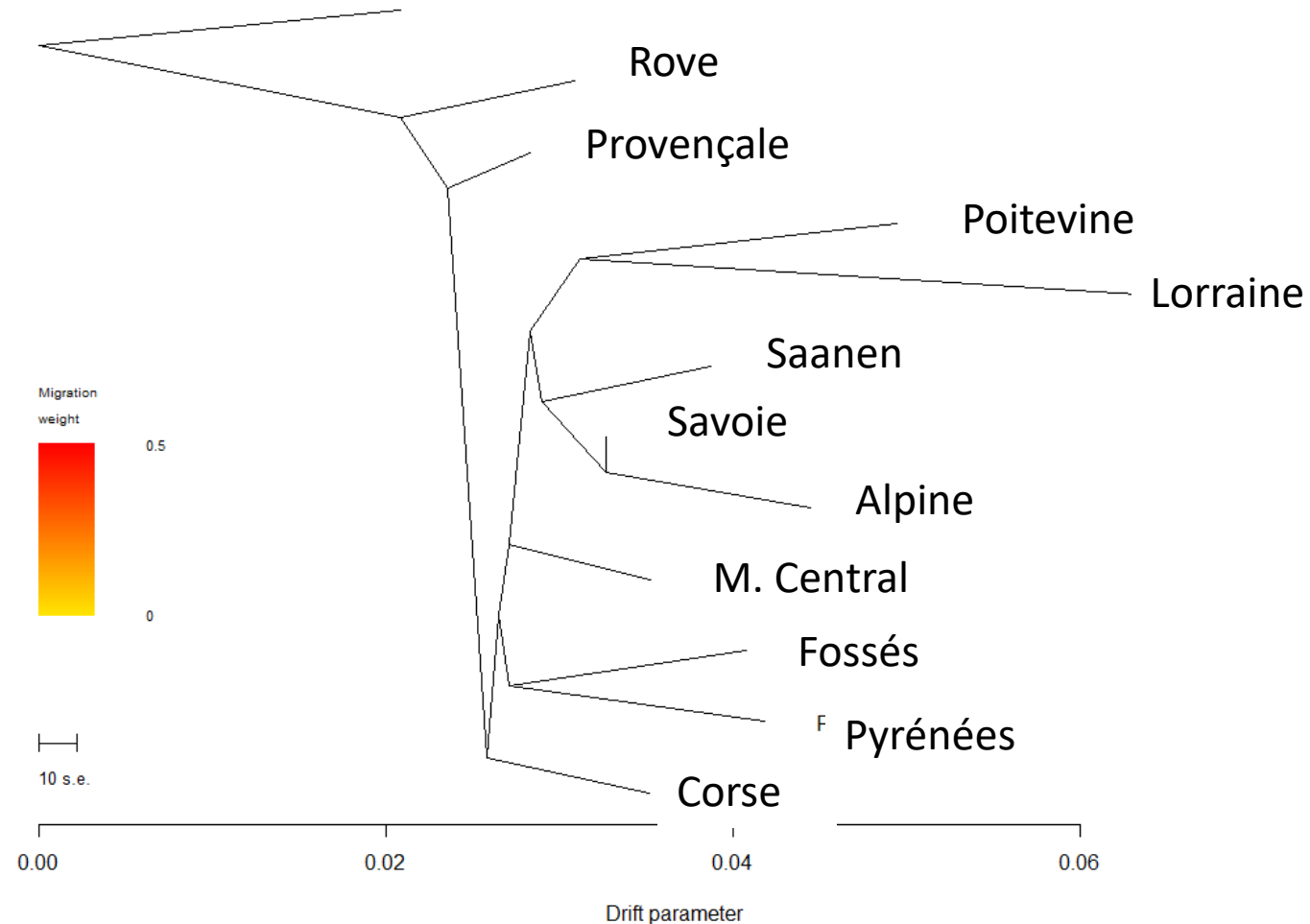


Calcul du degré de croisement – exemple en race caprine Provençale



Mieux connaître l'histoire des races

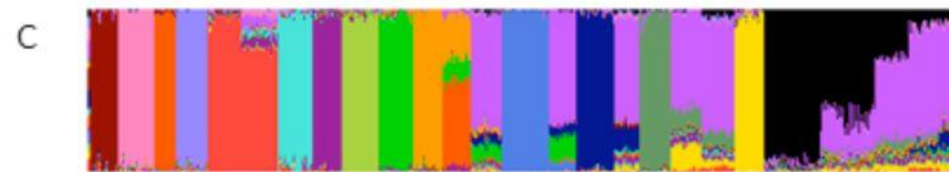
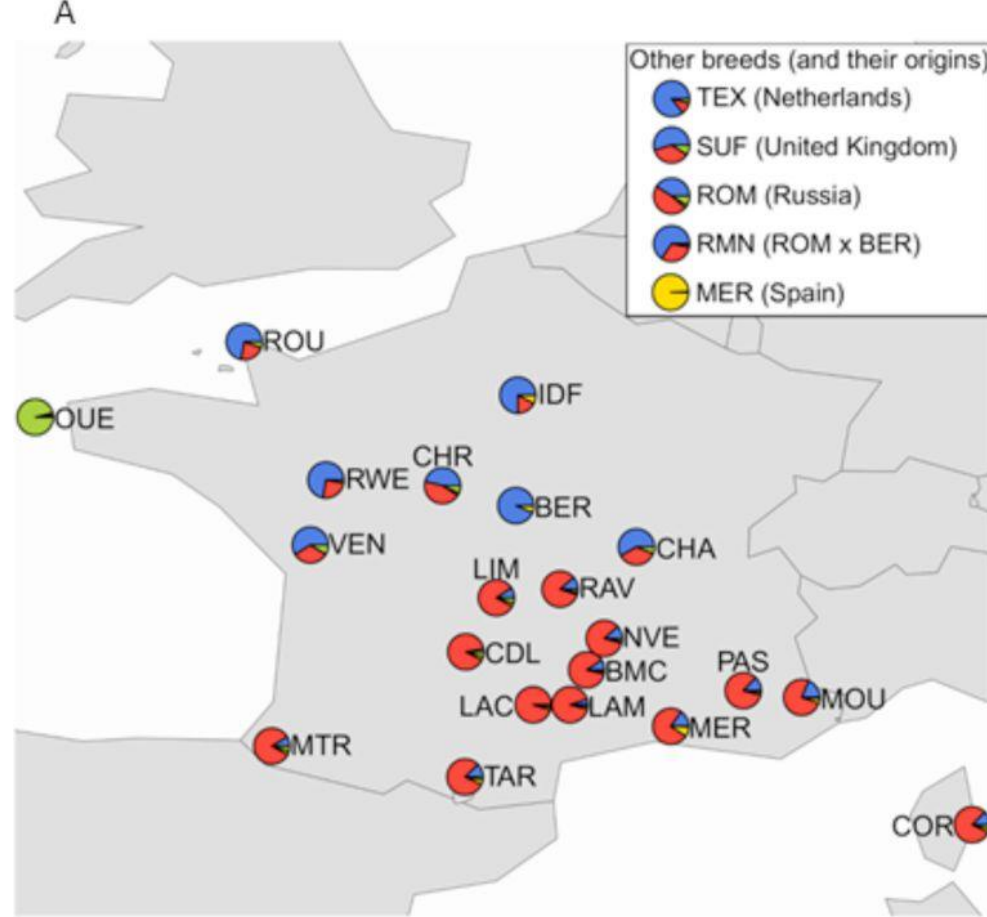
Différenciation des races caprines françaises



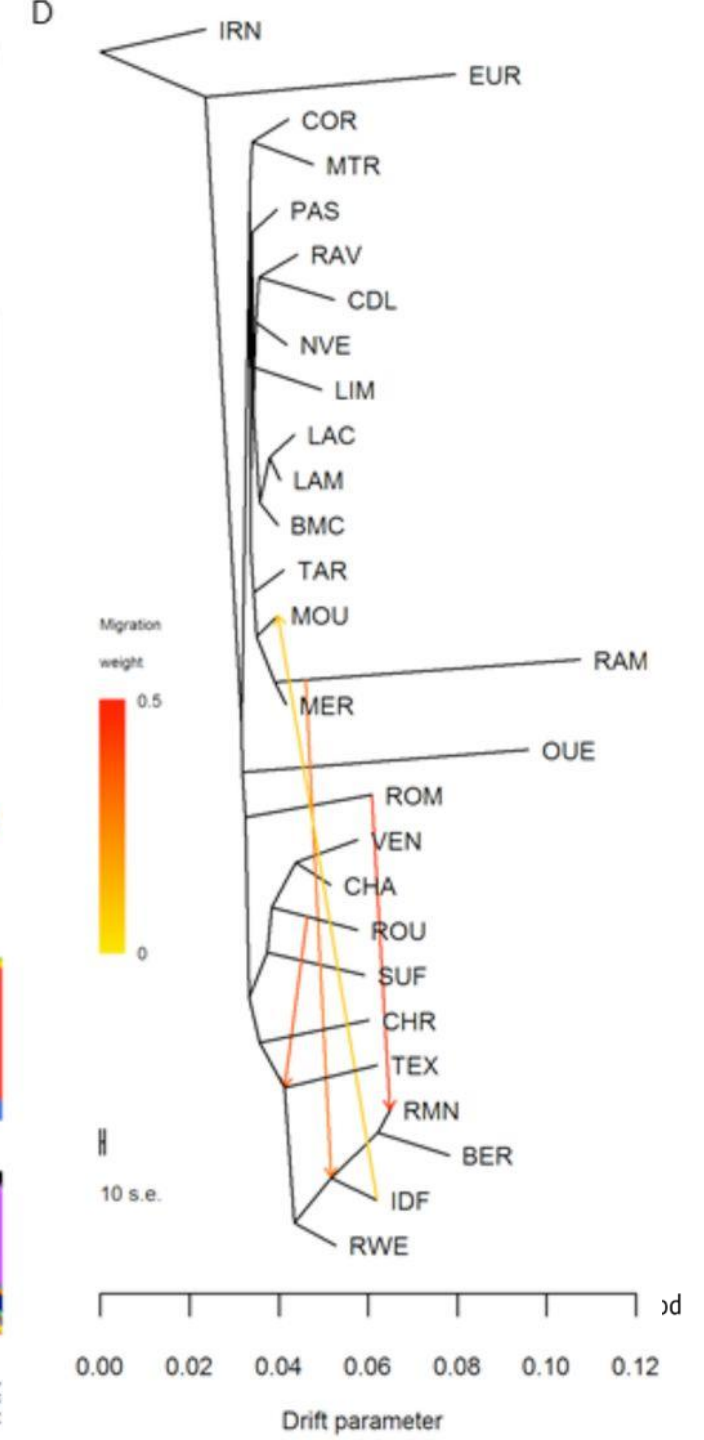


EUROPEAN UNION
REFERENCE CENTRE FOR
**ENDANGERED
ANIMAL BREEDS**

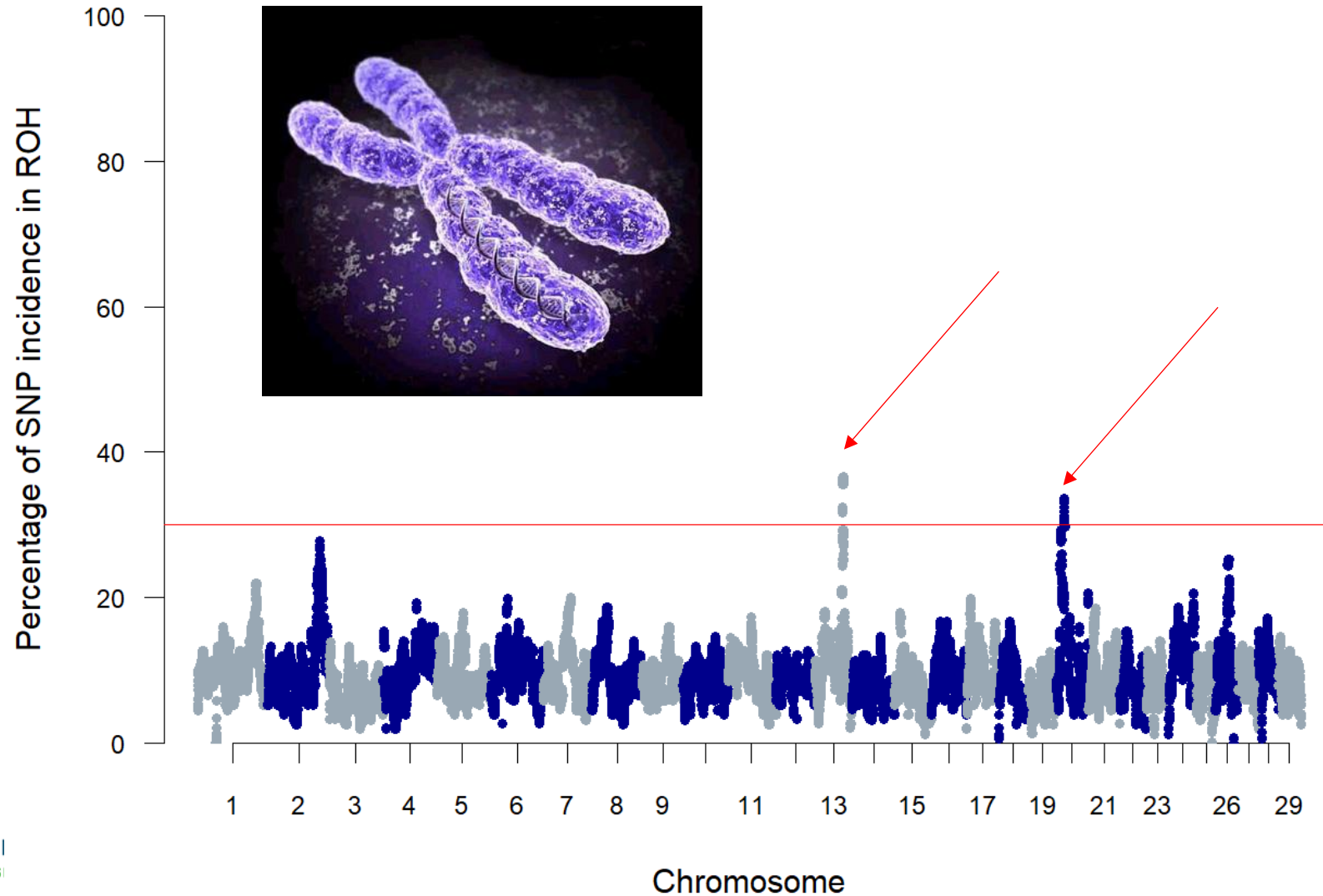
Rochus et al., 2017
doi: <https://doi.org/10.1101/103010>



EUE CHR ROM SUF VEN CHA ROU RWE TEX IDF BER RMN MOU RAM MER MTR COR CDL RAV NVE LIM LAC LAM BMC PAS TAR



Recherche de gènes majeurs



Du prélèvement à la valorisation des génotypes

1 – Prélèvement par un technicien

Cartilage (ruminants) / sang / poils

2 – Envoi à l'OS / organisme de recherche avec données associées

Carte d'identité de l'animal + numéro de prélèvement associé

3 – Analyse du génotypage par le laboratoire et production du fichier brut de résultats

4 – Valorisation des données par le laboratoire ou un autre organisme

Très variable suivant les espèces / races

Exemple: gènes d'intérêt / assignation



Quelles restitutions aux éleveurs ?

- Gènes d'intérêt / assignation

Via les associations de races / les Organismes de sélection

- Variabilité génétique

En fonction des programmes de recherche / organisation raciale...

Exemple: Genotycapra / chèvre Corse

A définir avec les éleveurs participants aux programmes de sélection

- Et pour la plus avancée...

La Vosgienne, une race à petits effectifs en évaluation génomique !

=> Index génomiques disponibles pour les animaux de l'OS au contrôle laitier



EUROPEAN UNION
REFERENCE CENTRE FOR
**ENDANGERED
ANIMAL BREEDS**

Exemple en race Vosgienne



ISU 141
ISUO 153

PRODUCTION					
INEL	MP	MG	TP	TB	LAIT
32	25	29	1,2	0,1	633

FONCTIONNELS			
Cellules	-0,2	-0,2	
Fertilité Génisses	0,1		0,1
Fertilité Vaches	0		0
Intervalle vêlage IA1	-0,1	-0,1	
VT	103	TEMP	100

Kappa caséine	Beta caséine	Gène Rouge
BB	A2A2	E+ED

Quel autre sujet vous intéresserait à creuser en webinaire ?

Allez sur www.menti.com
Code: 7700 7556



Merci pour votre attention





**EUROPEAN UNION
REFERENCE CENTRE FOR
ENDANGERED
ANIMAL BREEDS**



info@eurc-eab.eu



www.eurc-eab.eu