

Développement d'une évaluation génomique de la prolificité naturelle en ovins allaitants

Development of a genomic evaluation of natural prolificity in suckling sheep

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

INTRODUCTION

La sélection génomique a été mise en œuvre pour plusieurs espèces de ruminants mais n'est pas encore appliquée aux ovins allaitants en France. Elle permet de prédire plus précisément la valeur génétique des jeunes via un génotypage dès leur plus jeune âge, sans attendre de connaître leur performance ou celles de leurs filles. Dans le cadre du projet OVIGEN (2019-2023), des génotypages ont été réalisés pour les races Lacaune (ES Ovitest et GID) et Blanche du Massif central (BMC) (OS Races ovines des massifs). Ainsi, depuis la campagne 2020, les agnelles de renouvellement, les mâles entrant en station de contrôle individuel et leurs pères et grands-pères ont été génotypés. L'objectif de l'étude était de développer une première évaluation génomique de la prolificité naturelle. Seuls les résultats en BMC seront présentés.

1. MATERIEL ET METHODES

Pour cette étude, les génotypages ont été réalisés entre 2020 et 2023. Compte tenu de l'évolution des prix et des outils de génotypages, quatre puces de génotypages Illumina © ont été utilisées : une basse densité avec environ 19 000 marqueurs (1549 animaux), et trois moyenne densité avec plus de 50 000 marqueurs (2530 animaux). La répartition des animaux génotypés par sexe et par type de puce est la suivante : 367 Mâles et 1182 femelles pour la puce basse densité et 1261 mâles et 1269 femelles pour la puce moyenne densité. 46 317 marqueurs communs aux trois puces moyenne densité ayant une MAF (Minor allele frequency / fréquence de l'allèle le moins fréquent) de plus de 5 % et une lecture valide dans plus de 90% des échantillons ont été sélectionnés. 11 388 marqueurs étaient communs à la puce basse densité et aux marqueurs conservés pour les puces « moyenne densité ». Sur la base de ces 11 388 marqueurs, les parentés ont été vérifiées et corrigées si besoin avec le logiciel seekparent de la suite BLUPF90 (Misztal *et al.*, 2002). En cas d'incohérence et en absence de parent assigné l'animal avait son père ou sa mère inconnue. Les génotypes manquants ont été imputés à l'aide du logiciel FIMPUTE (Sargolzaei *et al.*, 2014). L'ensemble des génotypes a été inclus dans une évaluation génomique en une seule étape (SSGBLUP) de la prolificité naturelle avec le logiciel BLUPF90+. Pour comparaison, une évaluation sans l'information génomique a également été réalisée (BLUP) identique à l'évaluation officielle (Loywyck and Tortereau, 2016). Le nombre d'animaux dans le pedigree était de 129 086. Le nombre de portées était de 385 908 issues de 103 152 femelles.

2. RESULTATS

Le Tableau 1 présente les résultats du test de parenté. 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 1 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.

Tableau 1 : 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

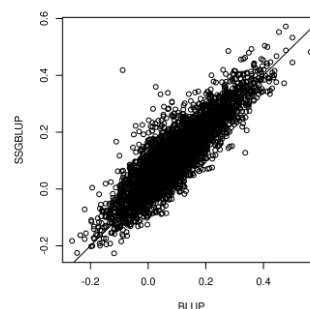


Figure 1 : Index de prolificité obtenu avec l'information génomique (SSGBLUP) en fonction de l'index obtenu sans information génomique (BLUP)

3. DISCUSSION

Ces résultats montrent l'intérêt du génotypage pour la vérification des parentés en invalidant et en assignant au véritable ascendant. Ces corrections et enrichissements du pedigree permettent ensuite d'obtenir une évaluation plus précise (Pimentel, 2024).

Les différences entre les index SSGBLUP et BLUP pour les individus n'ayant pas de descendants ni de performance montrent que l'information génomique apporte de l'information supplémentaire. Cette information permet de mieux discriminer les individus entre eux (discrimination de pleins frères par exemple). L'acquisition de données supplémentaires est nécessaire pour réaliser une validation de l'évaluation génomique (individus génotypés ayant des descendants) afin de quantifier l'apport de l'information génomique à la précision de l'évaluation de la prolificité naturelle. 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.

CONCLUSION

Ce travail a permis de valoriser les premiers génotypages réalisés chez les ovins allaitants. Ces génotypages permettent de vérifier et compléter le pedigree utilisé pour les évaluations classiques ou génomiques. Ils offrent également la possibilité de prendre en compte les aléas de la méiose, ce qui devrait permettre de disposer d'indices de sélection plus précis.

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

Loywyck, V., and F. Tortereau. 2016. Col. Rés.

Misztal, I. *et al.* 2002. P 743–744 in Pro 7th WCGALP.

Sargolzaei, M *et al.* 2014. BMC Gen 15:478

Pimentel, E. C. G. 2024. JDS 107:3716–3723