Indexation génomique des embryons dans les principales races françaises de bovins laitiers

Estimation of breeding values of embryos in the main French dairy cattle breeds

FRITZ S. (1), LE BOURHIS D. (2), BAUR A. (1), LACAZE S. (3), CHARREAUX F. (4), MOREL A. (4), DUPASSIEUX D. (5), AMIGUES Y. (6), JOLY C. (2), PONSART C. (2)

(1) UNCEIA, service génétique, 149 rue de Bercy, 75595 Paris Cedex 12

(2) UNCEIA, Département Recherche et Développement, 13 rue Jouet, 94704 Maisons-Alfort,

(3) MIDATEST, Les Nauzes, 81580 Soual

(4) CREAVIA, 69 rue de la Motte Brûlon, 35702 Rennes

(5) UMOTEST, Les Soudanières, 01250 Ceyzeriat

(6) LABOGENA, Domaine de Vilvert, 78350 Jouy-en-Josas Cedex

INTRODUCTION

L'évaluation génomique, telle que pratiquée en France dans les races bovines Holstein, Montbéliarde et Normande permet de prédire précocement la valeur d'un candidat reproducteur à partir d'un prélèvement de sang ou d'une biopsie. La sélection après la naissance impose cependant de procréer et gérer une population nombreuse de jeunes candidats, ce qui induit des coûts et des contraintes spécifiques. Si elle était appliquée sur les embryons, la sélection génomique permettrait d'augmenter la pression de sélection, de multiplier les accouplements possibles et de limiter la procréation d'individus finalement non sélectionnés. Cet article présente les résultats techniques d'une étude d'évaluation génomique d'embryons.

1. PRINCIPE DE L'ETUDE

En partenariat avec les entreprises de sélection françaises depuis 2007 et CRV depuis 2009, les départements R&D et de génétique de l'UNCEIA développent un projet de génotypage et d'indexation génomique des embryons bovins. Dans le cadre de cette étude, 37 embryons (11 de race Montbéliarde et 26 de race Holstein) ont été génotypés et ont donné naissance ensuite à des veaux. Les génotypes et les évaluations génomiques des embryons et des veaux correspondants sont comparés dans cette étude.

1.1. GENOTYPES DES EMBRYONS

Une biopsie de 5 à 10 cellules a été prélevée sur chaque embryon étudié. L'ADN génomique total a été pré-amplifié afin d'obtenir une quantité d'ADN suffisante. Les ADN pré amplifiés ont été génotypés par le laboratoire d'analyse LABOGENA sur la puce BovineSNP50 d'Illumina. Les embryons biopsiés ont été soit remis en place à l'état frais soit congelés et mis en place ultérieurement.

La qualité des typages des embryons est insuffisante pour une exploitation directe en indexation. Le pourcentage de typages interprétés, ou call rate (CR), est compris entre 0.80 et 0.95 pour un embryon alors qu'il est très souvent supérieur à 0.98 pour un veau. Cette baisse de CR s'explique en général par un phénomène de « drop-out » sur certains marqueurs dû à la faible quantité d'ADN de départ : l'un des deux allèles n'est pas amplifié et des typages hétérozygotes peuvent être interprétés comme homozygotes. Il est cependant fait l'hypothèse que les typages hétérozygotes lus chez l'embryon restent fiables et exploitables. Sur les 37 couples embryon/veau étudiés, les typages hétérozygotes des embryons correspondent également à des typages hétérozygotes chez les veaux dans plus de 99% des cas.

Une étape d'imputation des génotypes manquants est réalisée à l'aide du logiciel DAGPHASE (Druet et Georges, 2010) en s'appuyant sur les typages hétérozygotes disponibles de façon à obtenir des génotypes exploitables en indexation.

1.2. COMPARAISON DES INDEX GENOMIQUES

Les 37 embryons ainsi que les 37 veaux correspondants ont été indexés lors du traitement de mai 2012. Ce traitement est un traitement de routine réalisé pour les races Montbéliarde et Holstein selon la méthodologie retenue dans le cadre du projet AMASGEN (Fritz *et al*., 2010). Les index des embryons et des veaux sont comparés ici pour 3 caractères élémentaires : la quantité de lait (LAIT), la fertilité post-partum des vaches (FERv), le score cellulaire (CEL) ; et pour 3 index synthèse : l'ISU (Index Synthétique UPRA), l'INEL (Index Economique Laitier) et l'index de synthèse de morphologie (MO).

2. RESULTATS

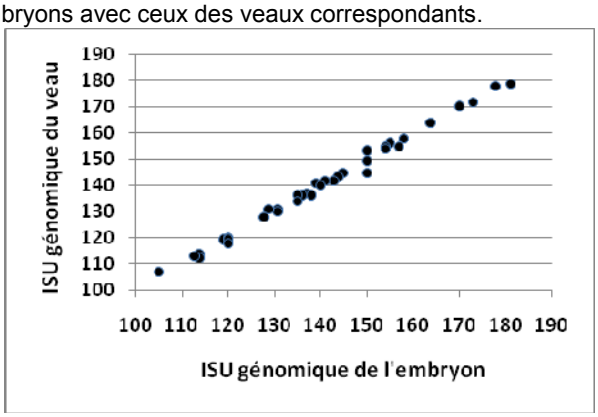
Les corrélations obtenues entre les index génomiques des embryons et ceux des veaux correspondants sont élevées et très souvent proches de 1, indiquant une bonne similitude des index (cf. tableau 1).

Tableau 1 : Corrélations entre les index génomiques de 26 embryons Holstein (HOL) et 11 embryons Montbéliards (MON) et ceux des veaux correspondants pour 3 index de synthèse et 3 caractères élémentaires.

Race	ISU	INEL	MO	LAIT	FERv	CEL
HOL	0.996	0.997	0.997	0.979	0.991	0.985
MON	0.994	0.998	0.997	0.998	0.989	0.937

Sur la figure 1, les 37 couples embryon/veau sont positionnés en fonction de l'ISU de l'embryon et de l'ISU du veau. Sur cet index de synthèse résumant les objectifs de sélection de la race, il n'a pas été constaté plus de 2 points d'ISU d'écart entre le stade embryon et le stade veau pour 95% des couples étudiés (35 couples). L'écart maximum rencontré dans cette étude a été de 5 points d'ISU pour un couple en race Holstein.

Figure 1 : Comparaison des ISU génomiques de 37 embryons avec ceux des veaux correspondants.



CONCLUSION

Ces résultats expérimentaux d'indexations génomiques sur un nombre limité de couples embryon/veau sont très prometteurs. La sélection génomique de l'embryon offre par ailleurs des possibilités intéressantes pour la sélection précoce des anomalies génétiques ou de quelques caractères d'intérêt particulier.

Druet T., Georges M., 2010. Genetics, 184, 789-798.

Fritz S., Guillaume F., Croiseau P., Baur A., Hoze C., Dassonneville R., Boscher M.Y., Journaux L., Boichard D., Ducrocq V., 2010. Renc Rech Ruminants, 17, 455-458.