

# principes de l'évaluation génomique

## chez les bovins laitiers

À la suite du séquençage du génome de plusieurs espèces d'élevage, des outils de génotypage à grande échelle sont disponibles et permettent de mettre en œuvre des approches de prédiction directe du potentiel génétique à partir de l'ADN.

Ces méthodes révolutionnent la sélection, jusqu'à présent basée sur les performances exprimées et sur les généalogies.

La sélection des animaux est un procédé très ancien, qui repose sur le choix, parmi les animaux présents à un instant donné, de reproducteurs à accoupler pour procréer la génération suivante.

Dès la domestication, l'homme a orienté le choix des reproducteurs. Le procédé a été ensuite formalisé et optimisé, pour aboutir aujourd'hui à des programmes de sélection reposant sur une base scientifique solide.

• Les informations utilisées en sélection sont longtemps restées les mêmes :

- les **généalogies** : les candidats sont choisis parmi les produits des meilleures familles ;

- les **performances observées** : une partie de la supériorité phénotypique est transmise aux descendants.

• Cette sélection, qui repose sur des modèles mathématiques, est robuste et efficace. Elle ne suppose pas de connaître le déterminisme génétique précis des caractères, ni les gènes en cause.

• Aujourd'hui, le génome est de mieux en mieux connu, et il est envisageable d'améliorer les procédures de sélection, en prenant en compte un 3<sup>e</sup> type d'information en sélection : les polymorphismes de l'ADN (acide désoxyribonucléique) sur le génome.

• Cet article présente les caractéristiques des marqueurs génétiques, puis expose les principales phases de l'évaluation génomique.

### LES MARQUEURS GÉNÉTIQUES

• Un marqueur génétique est un fragment d'ADN, pour lequel différentes formes (ou allèles) peuvent être identifiées au sein de la population. Cette séquence d'ADN peut

être variable entre individus, et entre les deux copies portées par chaque individu.

• Il existe de nombreux types de marqueurs : il peut s'agir de substitutions de bases, de délétions, d'insertions, d'inversions, de duplications. Les variations peuvent être d'une ou de plusieurs bases, voire de tout un segment.

• Les polymorphismes les plus utilisés aujourd'hui sont des substitutions d'une base d'ADN par une autre, et sont appelés S.N.P. (pour *single nucleotide polymorphism*).

• Les travaux de séquençage du génome des espèces d'élevage ont montré que ces S.N.P. sont très abondants (plusieurs millions ou dizaines de millions dans une espèce donnée), et bien répartis sur tout le génome. Bien que peu informatifs individuellement car ils n'ont que deux allèles, les S.N.P. sont devenus les marqueurs de choix pour le génotypage, en raison du développement récent de "puces à S.N.P." (photo). Celles-ci permettent de déterminer le génotype d'un individu pour plusieurs dizaines de milliers de S.N.P., voire plusieurs centaines de milliers de S.N.P., simultanément et à un coût raisonnable, à partir d'un simple échantillon de tissu (sang, muscle, sperme, frottis buccal ou nasal, ...) dont est extrait l'ADN.

• Les différents allèles de la très grande majorité des marqueurs n'ont pas d'effets biologiques connus, et ils sont supposés neutres vis-à-vis des caractères sélectionnés. En revanche, ils peuvent être localisés à proximité de gènes d'intérêt, et se transmettre avec eux. En effet, ce sont de grands segments chromosomiques, qui sont transmis du parent au descendant au cours de la méiose, de sorte que deux locus proches sont le plus souvent transmis ensemble, sauf quand une recombinaison se produit dans l'intervalle qui les sépare.

• Le génotypage des individus permet ainsi de suivre la transmission des marqueurs au cours des générations, donc de suivre les régions chromosomiques entourant ces marqueurs.

• Les marqueurs permettent de localiser les régions chromosomiques influençant les caractères, appelées Q.T.L. (pour *quantitative trait locus*). Un Q.T.L. est caractérisé par son effet sur le caractère et par sa localisa-

Didier Boichard<sup>1</sup>  
François Guillaume<sup>1, 3</sup>  
Aurélia Baur<sup>2</sup>  
Jean-Jacques Colleau<sup>1</sup>  
Pascal Croiseau<sup>1</sup>  
Marie-Yvonne Boscher<sup>4</sup>  
Vincent Ducrocq<sup>1</sup>  
Sébastien Fritz<sup>2</sup>

<sup>1</sup>INRA, UMR1313 GABI,  
78352 Jouy-en-Josas

<sup>2</sup>UNCEIA, 149 rue de Bercy, 75595 Paris

<sup>3</sup>Institut de l'Élevage,

149 rue de Bercy, 75595 Paris

<sup>4</sup>Labogena, 78350 Jouy-en-Josas

### Objectifs pédagogiques

■ Connaître la notion de polymorphisme, et les méthodes d'analyse du génome.

■ Savoir prédire la valeur génétique à partir de l'analyse du génome.



La Puce SNP 54k d'Illumina® (Bovine SNP 50 Beadchip) (photo site [www.genengnews.com](http://www.genengnews.com)).

RUMINANTS