

Peut-on prédire la qualité d'un reproducteur équin pour le CSO à partir de la génomique ?

A. Ricard¹, A. Legarra², S. Danvy³, C. Guyon³, J.C. Meriaux⁴, G. Guérin². ¹INRA, UMR 1313, 78350 Jouy-en-Josas, ²INRA, UR 631, 31326 Castanet-Tolosan, ³IFCE, Service recherche et développement, Jumenterie du Pin, 61310 Exmes, ⁴LABOGENA, 78350 Jouy-en-Josas



April in Jazz

Objectif

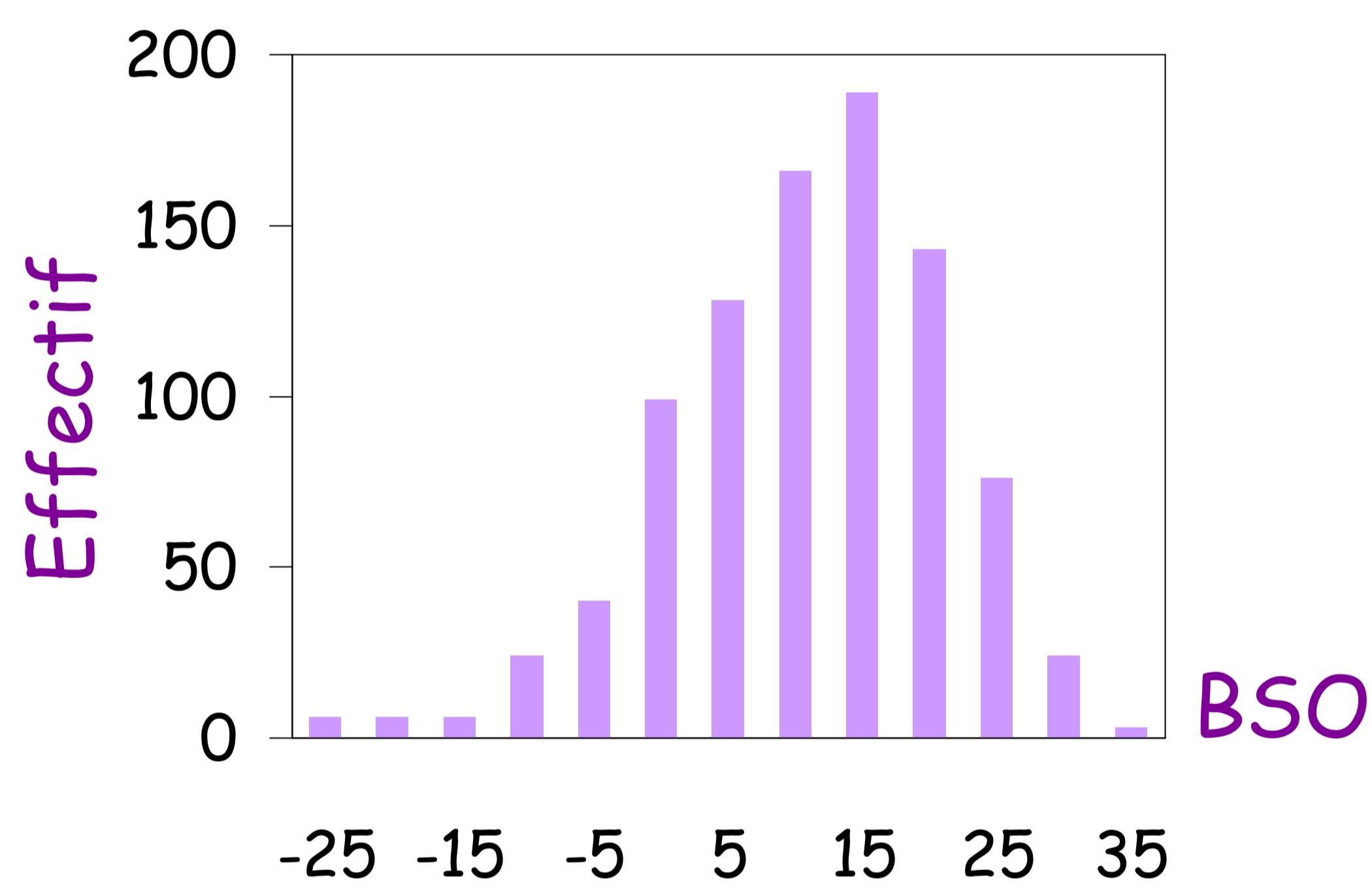
Les évaluations génétiques sont aujourd'hui réalisées à partir de la connaissance des performances et de la généalogie. Le séquençage du génome équin a permis la création d'un outil, la « puce SNP ». Cet outil identifie le nucléotide de l'ADN possédé par le cheval parmi les 4 bases possible (A, G, C ou T) en 50000 points répartis sur tout le génome. Peut-il permettre une évaluation génétique pour le CSO à partir d'une simple prise de sang ?

Pour répondre à cette question, un échantillon d'étalons performeurs et parents de performeurs ont été génotypés. L'INRA, l'IFCE et le Fonds Eperon ont financé les typages, la FNC, l'ANAA, l'ANSF et de nombreux propriétaires de chevaux ont soutenu le projet et permis les prélèvements.

Méthode

- La « performance » est une synthèse de la performance propre du cheval et de celles des produits en CSO
- Un échantillon d'apprentissage est défini sur lequel les valeurs des SNP sont estimées en fonction de la relation SNP/Performances (710 chevaux)
- Sur l'effectif restant (200 chevaux), dit échantillon de validation, les performances sont prédites à partir des seules valeurs des SNP obtenues sur l'échantillon d'apprentissage
- Les valeurs des performances prédites et vraies sont comparées sur l'échantillon de validation

Matériel



- 910 chevaux, (892 étalons).
- 71% SF, 13% AA et 16% SE (Holsteiner, KWPN et BWP).
- Nés majoritairement entre 1989 et 2005
- 44444 SNP analysables sur les 31 chromosomes autosomiaux
- La distance moyenne entre SNP adjacents est de 50256 paires de base
- La fréquence de l'allèle mineur est uniformément répartie entre 5% et 50% :

Premiers résultats

Corrélation et régression entre la performance (propre+descendance) et la valeur génomique ou l'indice génétique classique (BSO) sur l'échantillon de validation

	Corrélation	Régression
Valeur génomique	0.46	1.11
BSO	0.44	1.45
parenté 3 générations		
BSO	0.38	1.46
parenté échantillon		

Les premiers résultats sont mitigés : l'efficacité est réelle mais l'apport de précision faible par rapport aux indices classiques, sauf à information égale (parenté de l'échantillon)

A valider et améliorer par un choix précis du découpage des échantillons (par rapport à la race, l'année de naissance, la parenté etc...)

Performance (propre+ descendance)

