



Réduction du coût de la sélection génomique par utilisation de panels à plus faible densité de marqueurs chez le bar et la daurade

05/07/2022

JRFPs

François Allal



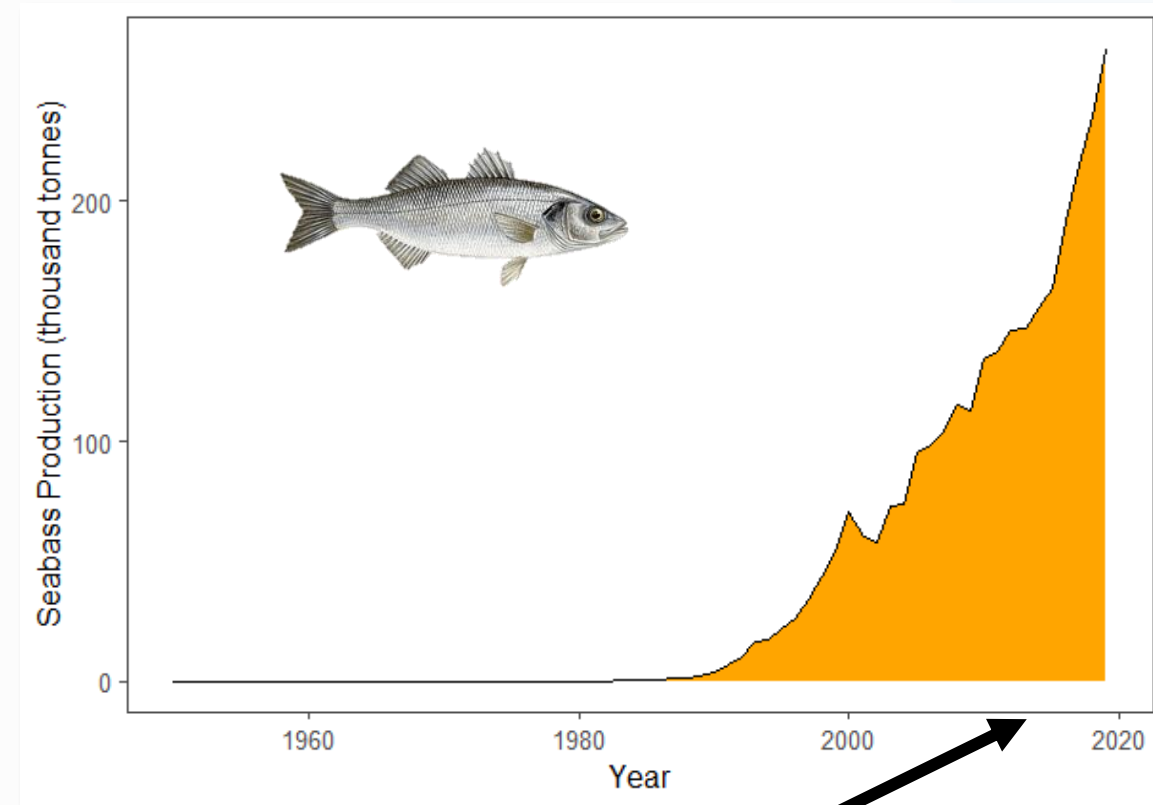
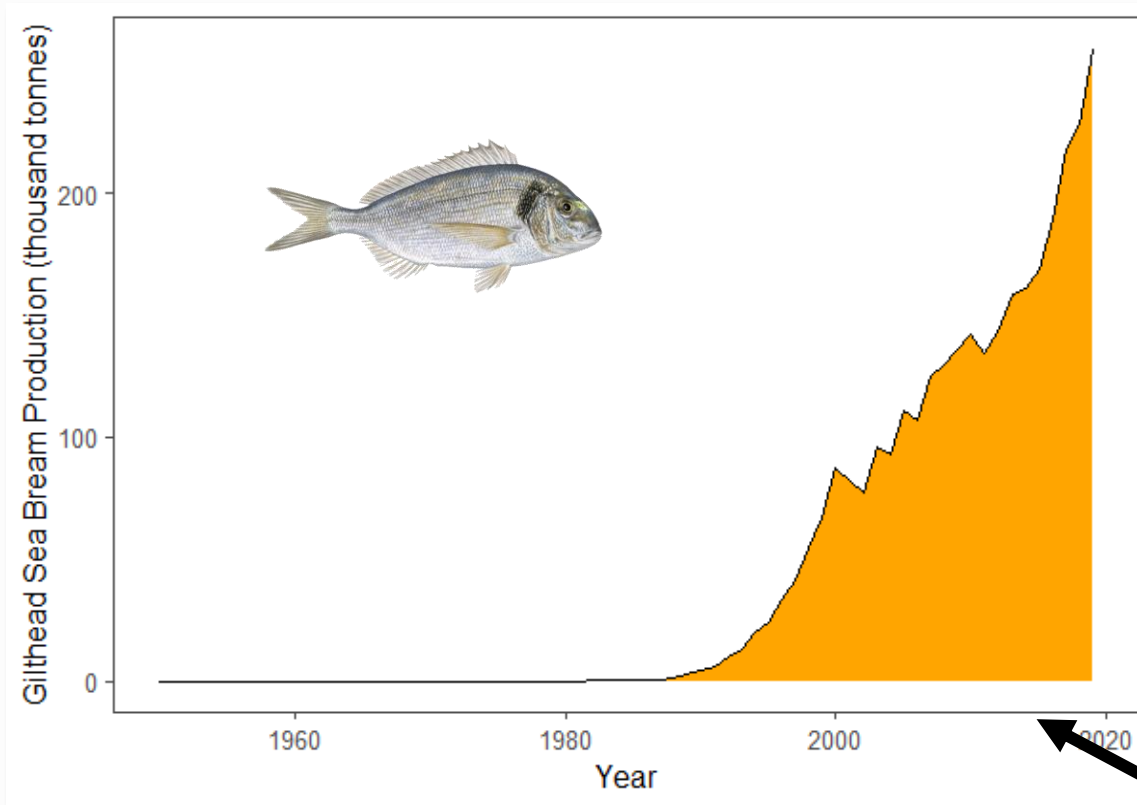
This project has received funding from the European Union's Horizon 2020 research and innovation programme under grant agreement No 818367 – AquaIMPACT - Genomic and Nutritional Innovations for Genetically Superior Farmed Fish



Contexte

Photobacteriose Rendements de filets Nodavirose Vibriose

Efficacité alimentaire Déterminisme sexuel

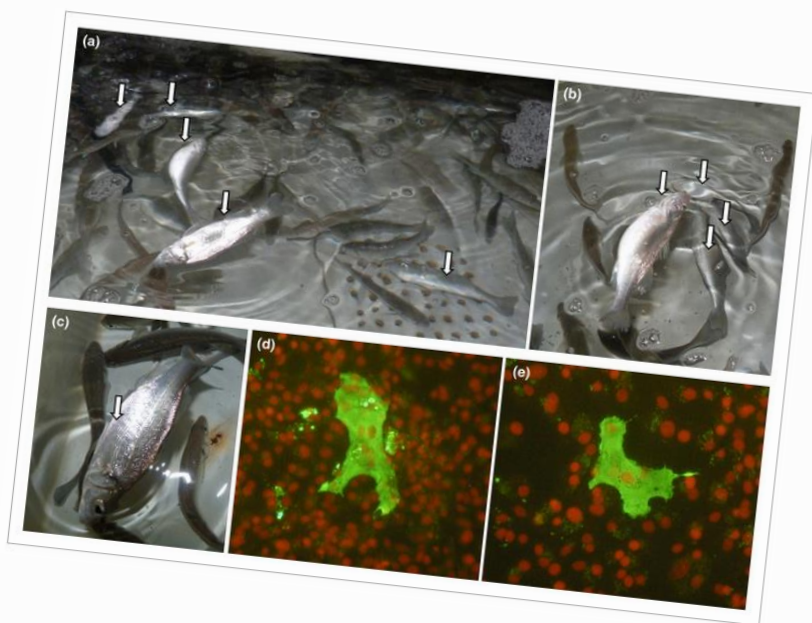


Début de la sélection génomique

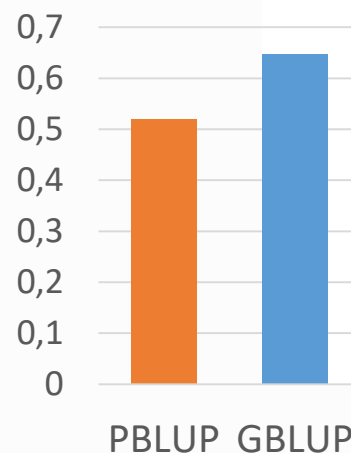


This project has received funding from the European Union's Horizon 2020 research and innovation programme under grant agreement No 818367 – AquaIMPACT - Genomic and Nutritional Innovations for Genetically Superior Farmed Fish

Contexte



Précision



OPEN ACCESS

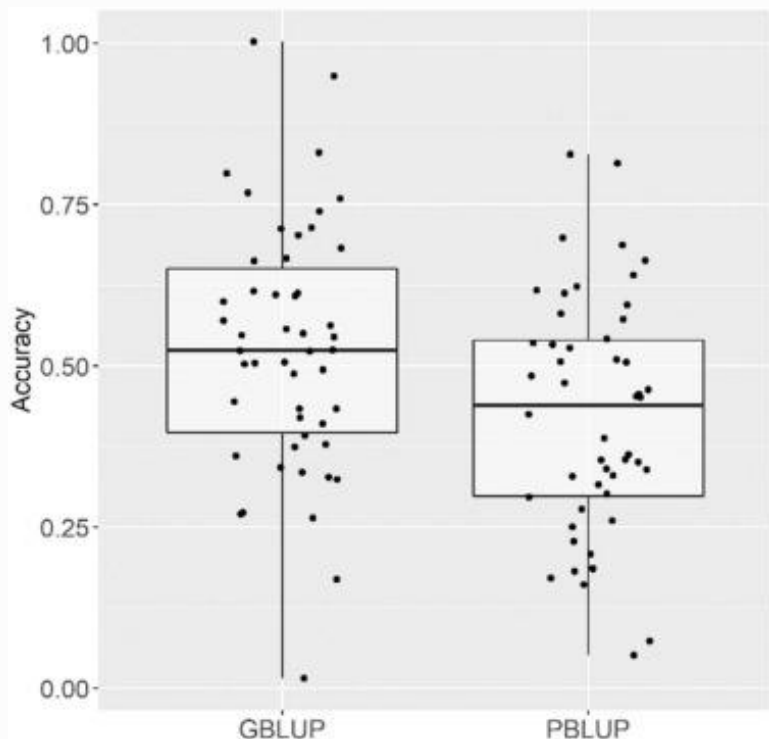
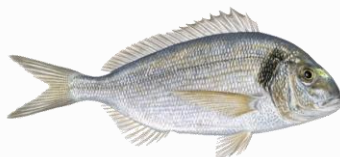
Optimization of Genomic Selection to Improve Disease Resistance in Two Marine Fishes, the European Sea Bass (*Dicentrarchus labrax*) and the Gilthead Sea Bream (*Sparus aurata*)

Ronan Griot^{1,2,3}, François Allal³, Florence Phocas², Sophie Brard-Fudulea¹, Romain Morvezen¹, Pierrick Haffray¹, Yoannah François¹, Thierry Morin⁴, Anastasia Bestin¹, Jean-Sébastien Bruant⁵, Sophie Cariou⁵, Bruno Peyrou⁶, Joseph Brunier⁶ and Marc Vandeputte^{2,3*}

Evaluation du gain de précision avec la sélection génomique



Contexte



Aquaculture Reports

Volume 24, June 2022, 101132



Potential for genomic selection on feed efficiency in gilthead sea bream (*Sparus aurata*), based on individual feed conversion ratio, carcass and lipid traits

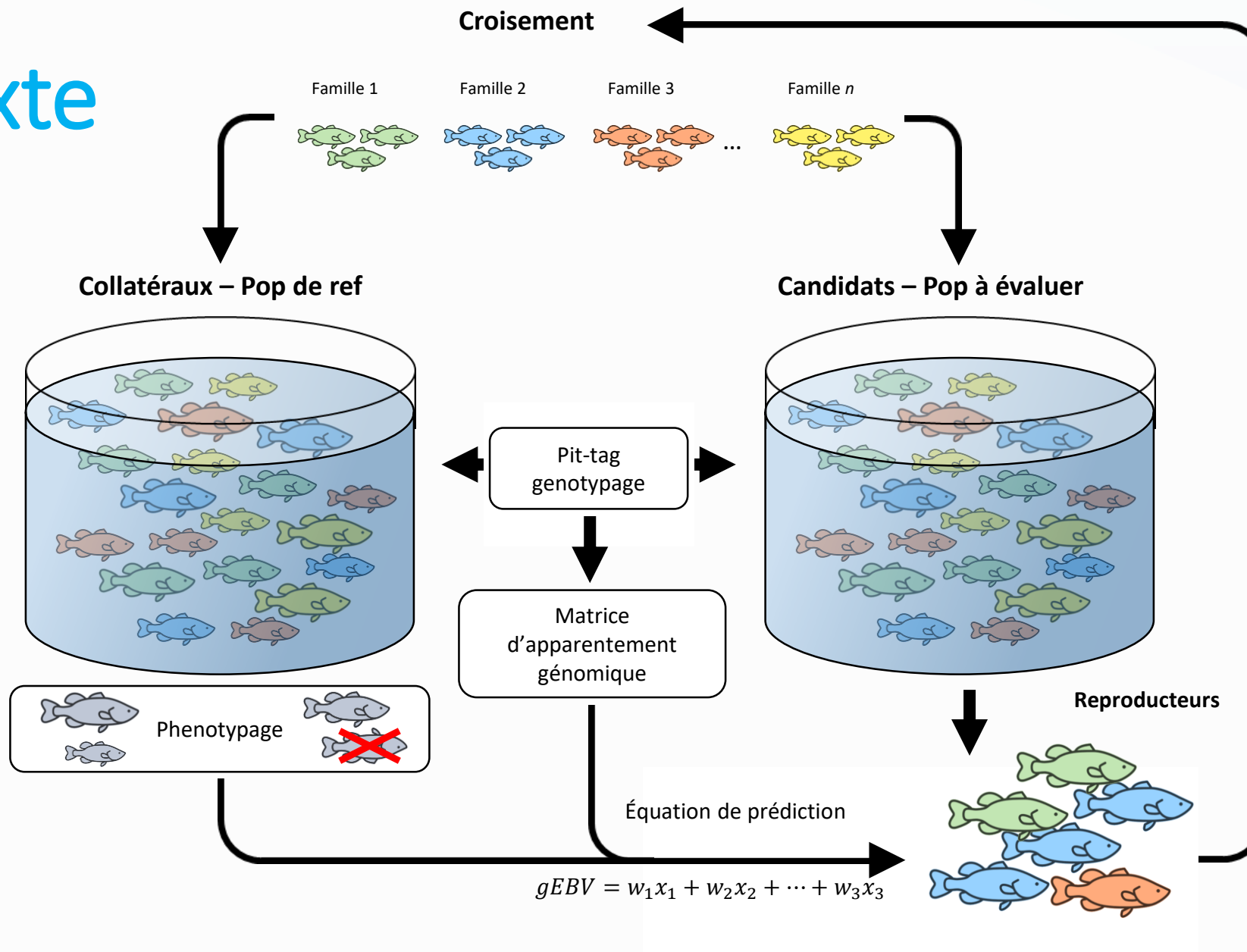
Mathieu Besson ^{a, b, c} ✉, Nicky Rombout ^{a, b}, Germain Salou ^b, Alain Vergnet ^b, Sophie Cariou ^d, Jean-Sébastien Bruant ^d, Marisol Izquierdo ^e, Anastasia Bestin ^c, Frédéric Clota ^{a, b}, Pierrick Haffray ^c, François Allal ^b, Marc Vandeputte ^{a, b}

Evaluation du gain de précision avec la sélection génomique



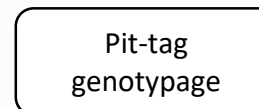
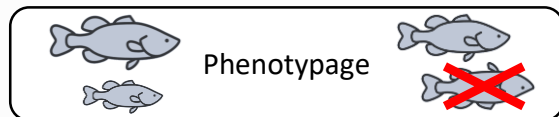
This project has received funding from the European Union's Horizon 2020 research and innovation programme under grant agreement No 818367 – AquaIMPACT - Genomic and Nutritional Innovations for Genetically Superior Farmed Fish

Contexte

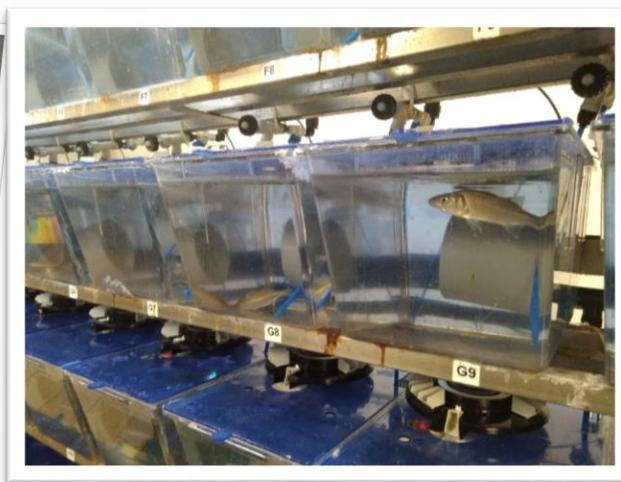
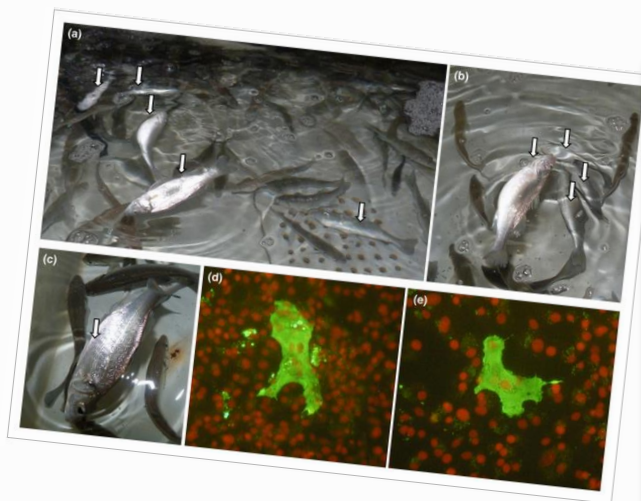


Contexte

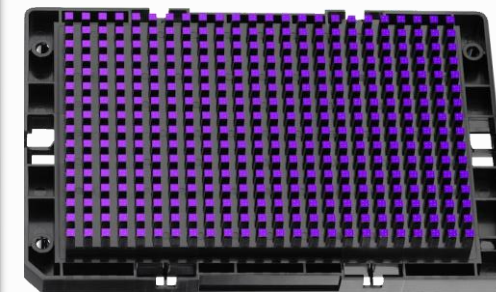
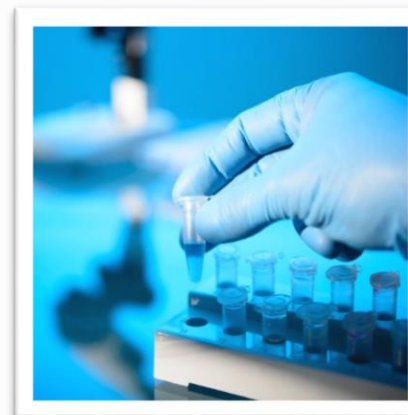
Les contraintes de la selection génomique



Le coût de phénotypage



Le coût de génotypage



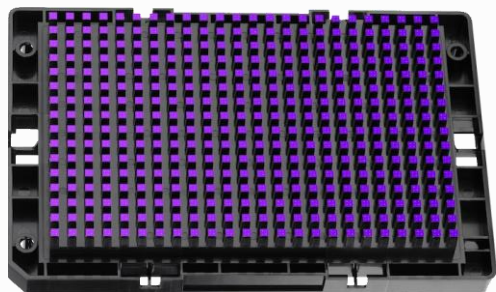


Contexte

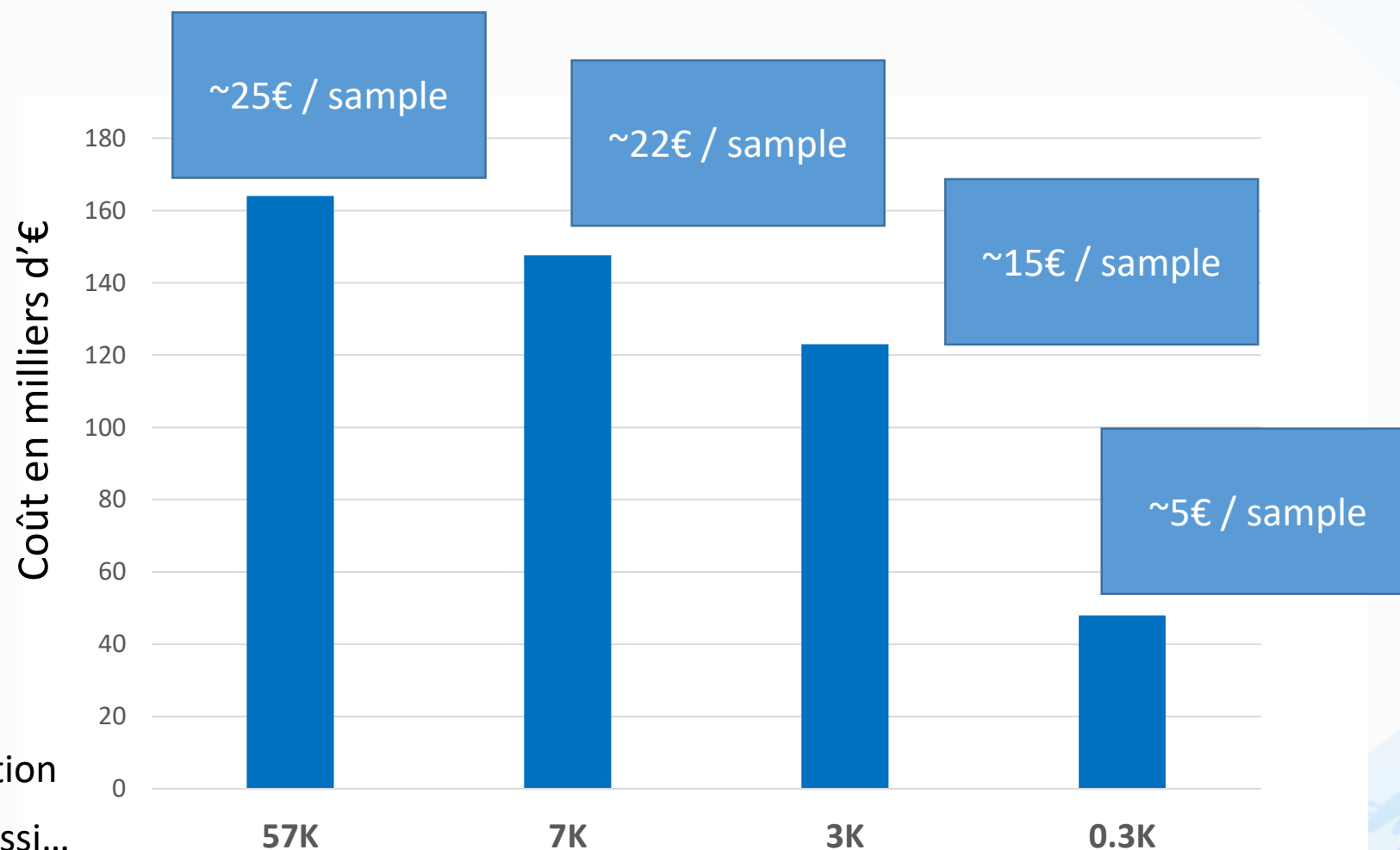
Les contraintes de la selection génomique

Pit-tag
genotypage

Le coût de génotypage



Pour un même programme de sélection
Le coût diminue mais la precision aussi...

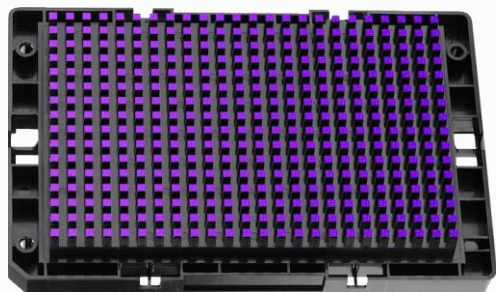


Contexte

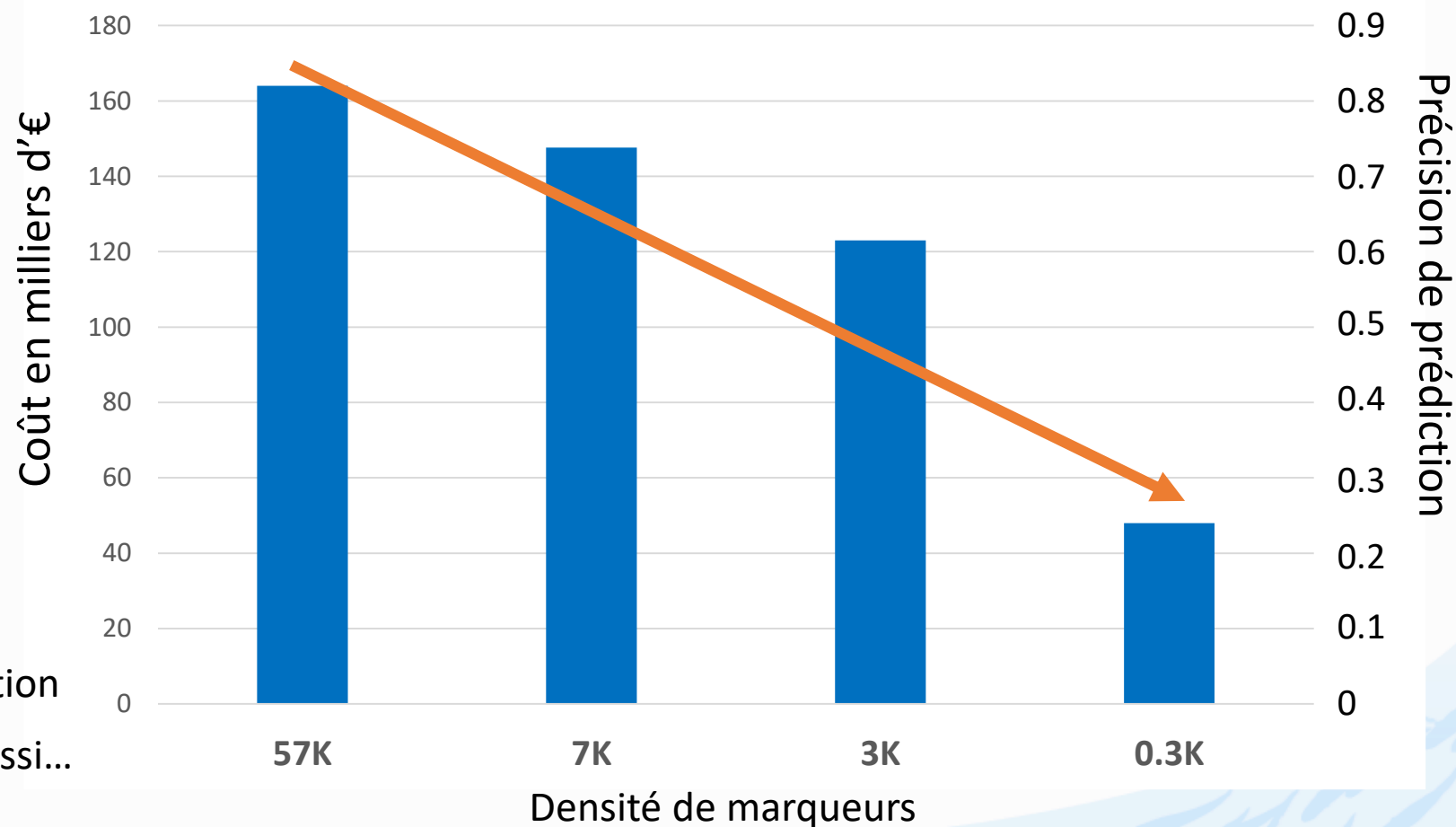
Peut-on améliorer la précision de la SG avec des panels grâce à l'imputation?

Pit-tag
genotypage

Le coût de génotypage



Pour un même programme de sélection
Le coût diminue mais la précision aussi...



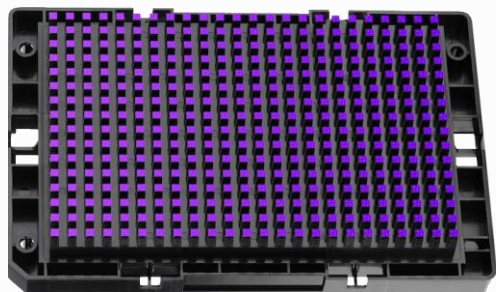
This project has received funding from the European Union's Horizon 2020 research and innovation programme under grant agreement No 818367 – AquaIMPACT - Genomic and Nutritional Innovations for Genetically Superior Farmed Fish

Contexte

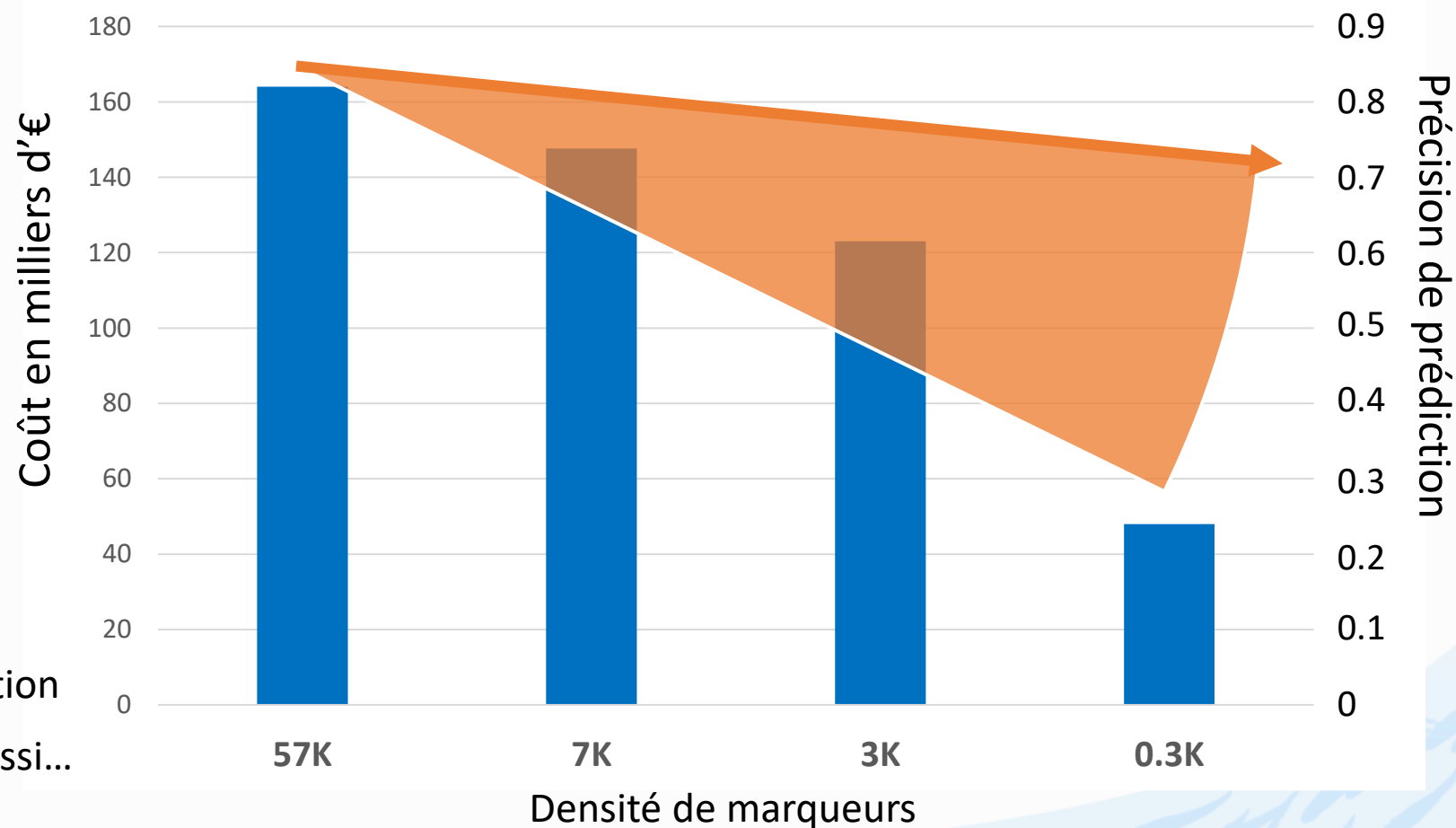
Peut-on améliorer la précision de la SG avec des panels grace à l'imputation?

Pit-tag
genotypage

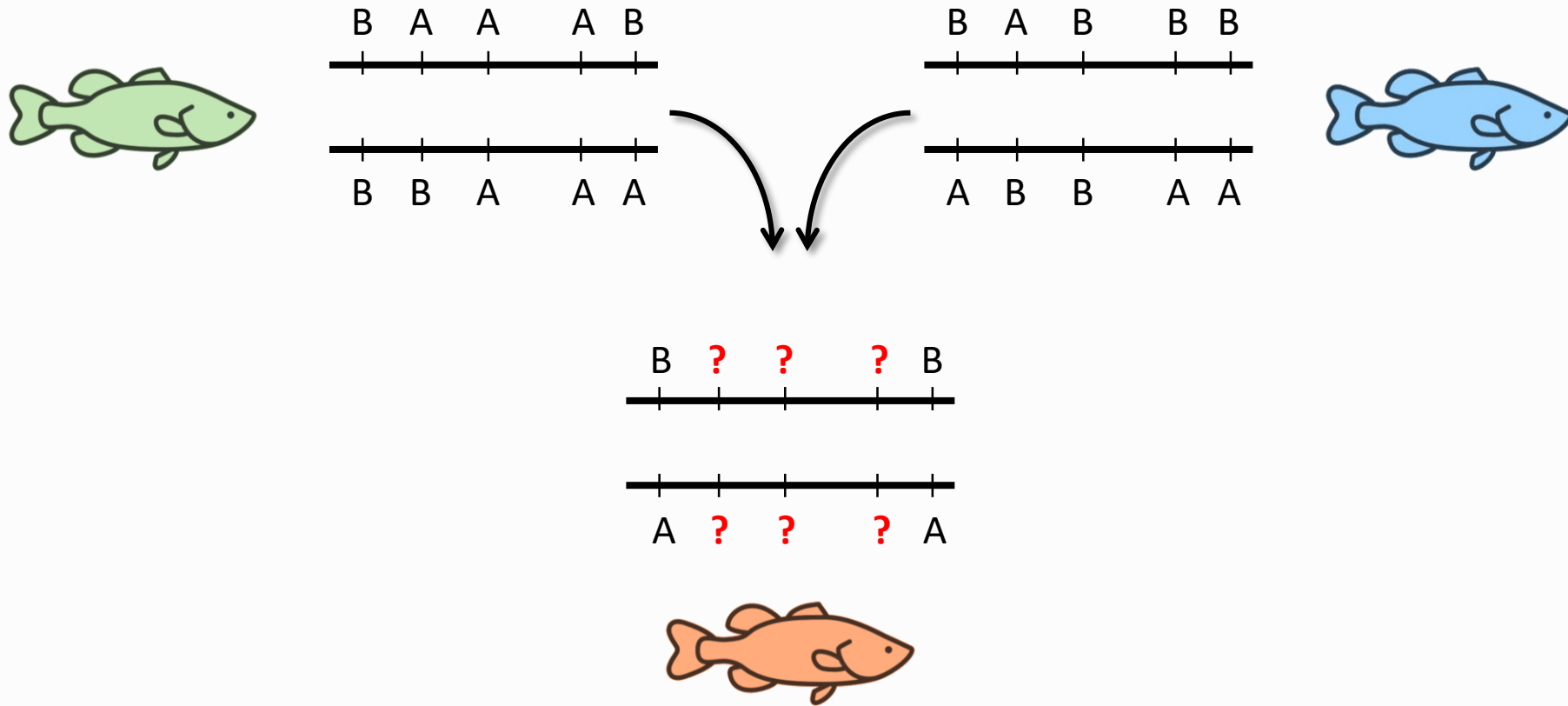
Le coût de génotypage



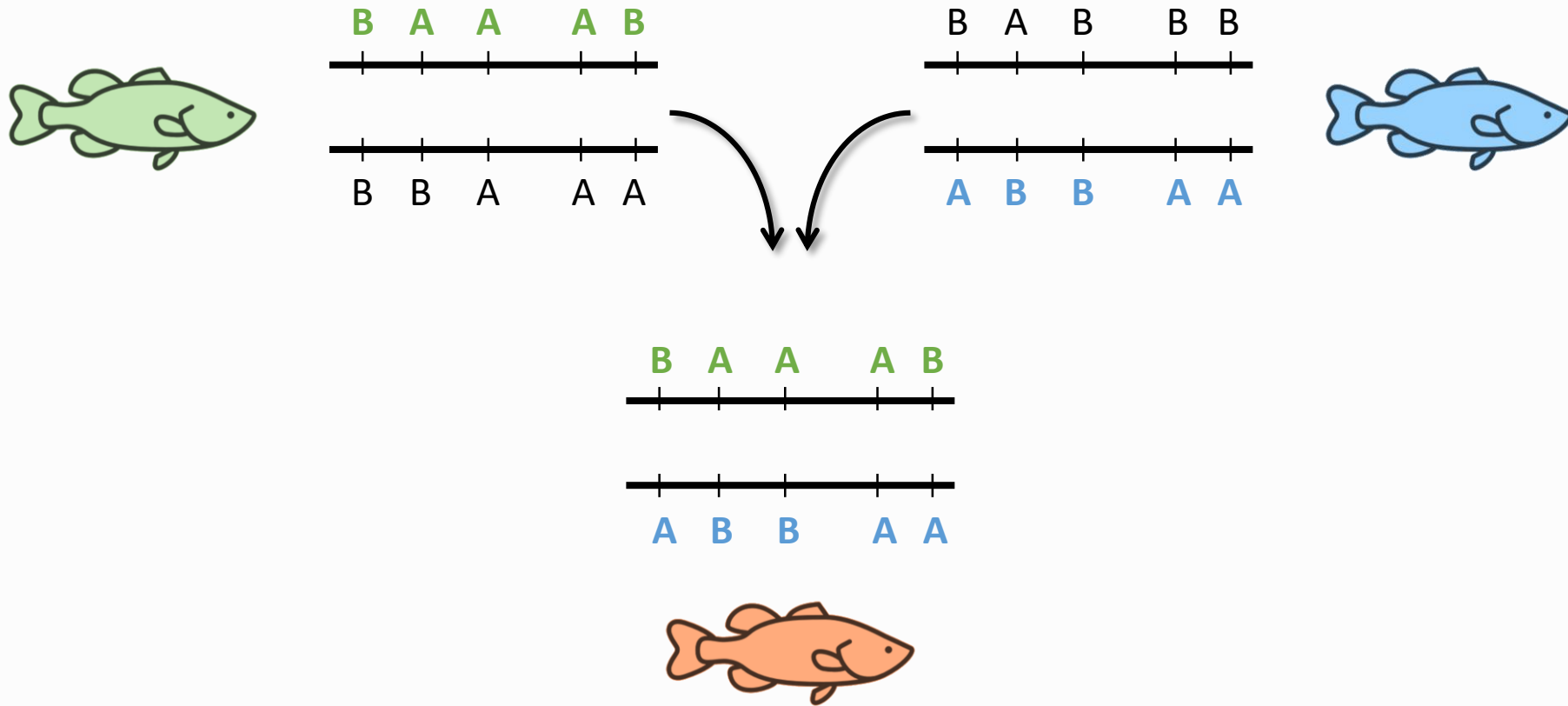
Pour un même programme de sélection
Le coût diminue mais la precision aussi...



C'est quoi l'imputation?



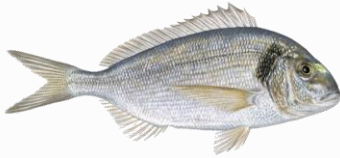
C'est quoi l'imputation?



Jeux de données

Daurade :

919



phenotypées and genotypées pour des caractères de production (poids, rendement de carcasse, rendement de filet)

Genotype: ThermoFisher Axiom™ 60K SNP
SaurChip : **919 desc. + 85 parents**

42,657 SNPs après CQ

(MAF > 5%, call rate > 97%, HWE 10^{-4})

Pedigree: 84% d'assignation avec APIS (parents manquants), 147 individus non assignés

Bar :

1646



phenotypées and genotypées pour des caractères de production (N= 704: poids) et de résistance à Vibrio harveyi (N=942)

Genotype: ThermoFisher Axiom™ 57K SNP
SaurChip : **919 desc. + 85 parents**

42,960 SNPs après CQ

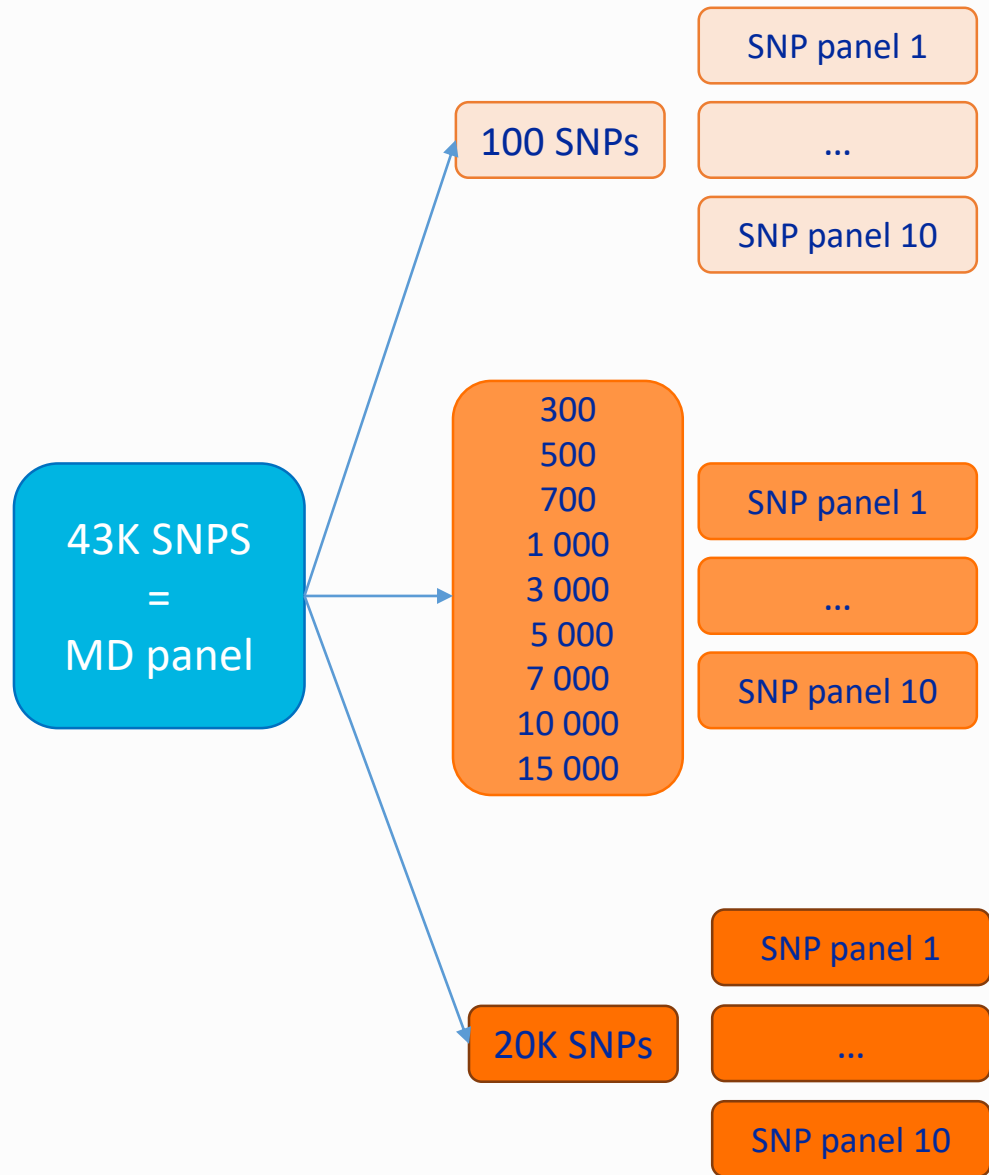
(MAF > 5%, call rate > 97%, HWE 10^{-5})

Pedigree: 100% d'assignation avec APIS



This project has received funding from the European Union's Horizon 2020 research and innovation programme under grant agreement No 818367 – AqualIMPACT - Genomic and Nutritional Innovations for Genetically Superior Farmed Fish

Les panels de basse densité (LD)



- Différentes tailles de panels LD ont été créées in silico pour les deux espèces
- Chaque panel a été répliqués 10 fois
- Les SNPs ont été choisis aléatoirement sur chaque chromosome en proportion de la taille physique de chaque chromosome

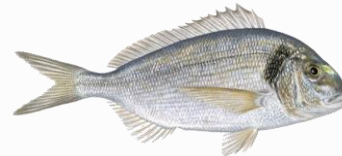


→ FImpute3 avec l'information pedigree

Population de référence : 85 parents génotypés sur MD

Populations imputées :

- 1) 919 individus génotypés en LD
- 2) 747 individus (assignés) génotypés en LD



Population de référence : 79 parents génotypés sur

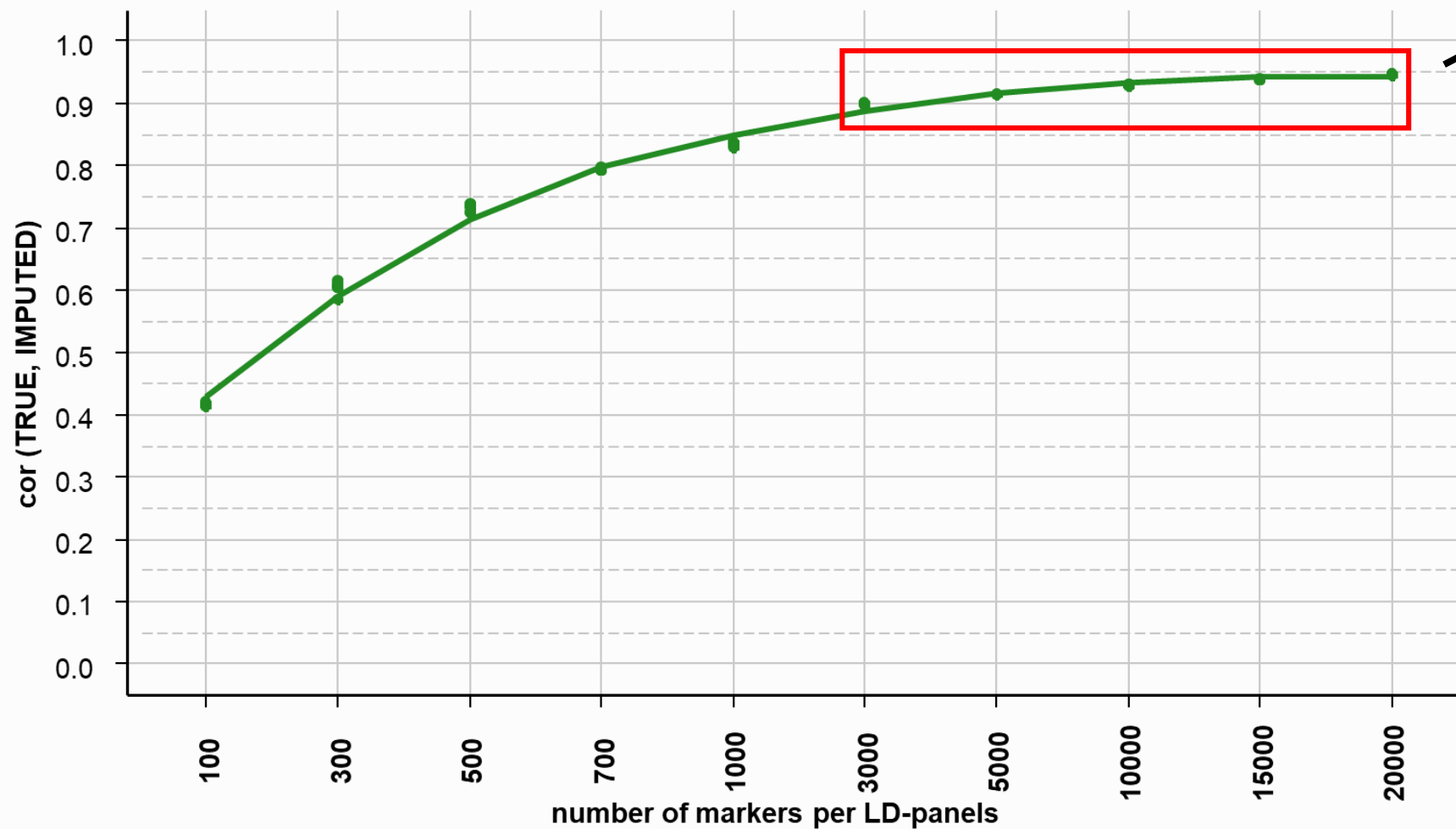
Population imputée :

- 1,646 individus génotypés en LD

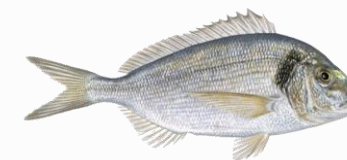
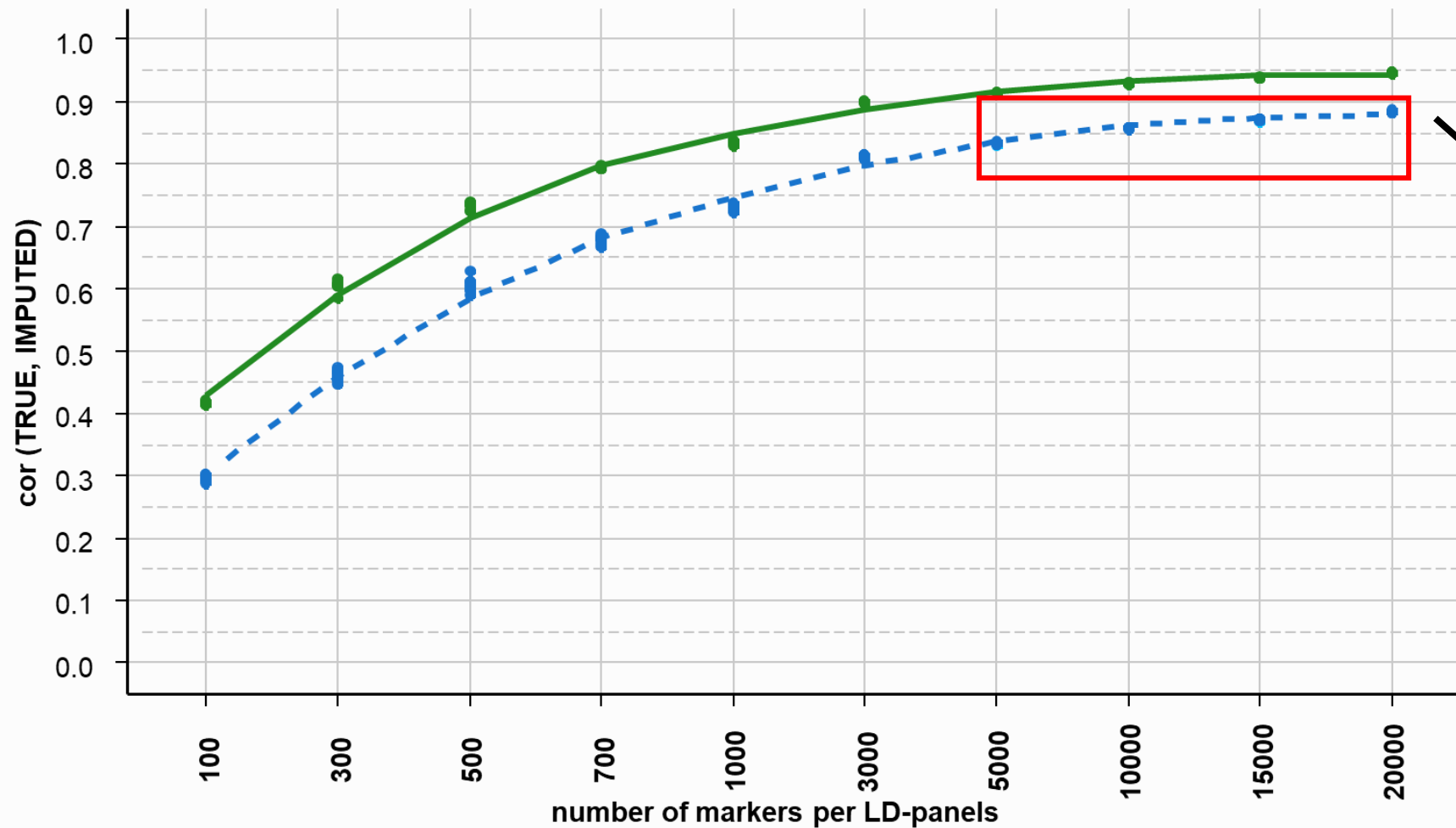


Qualité de l'imputation :
Corrélation entre
SNP imputés et SNPs vrais

Résultats sur l'imputation

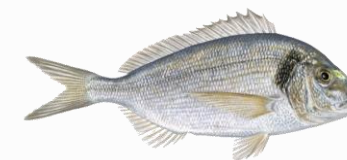
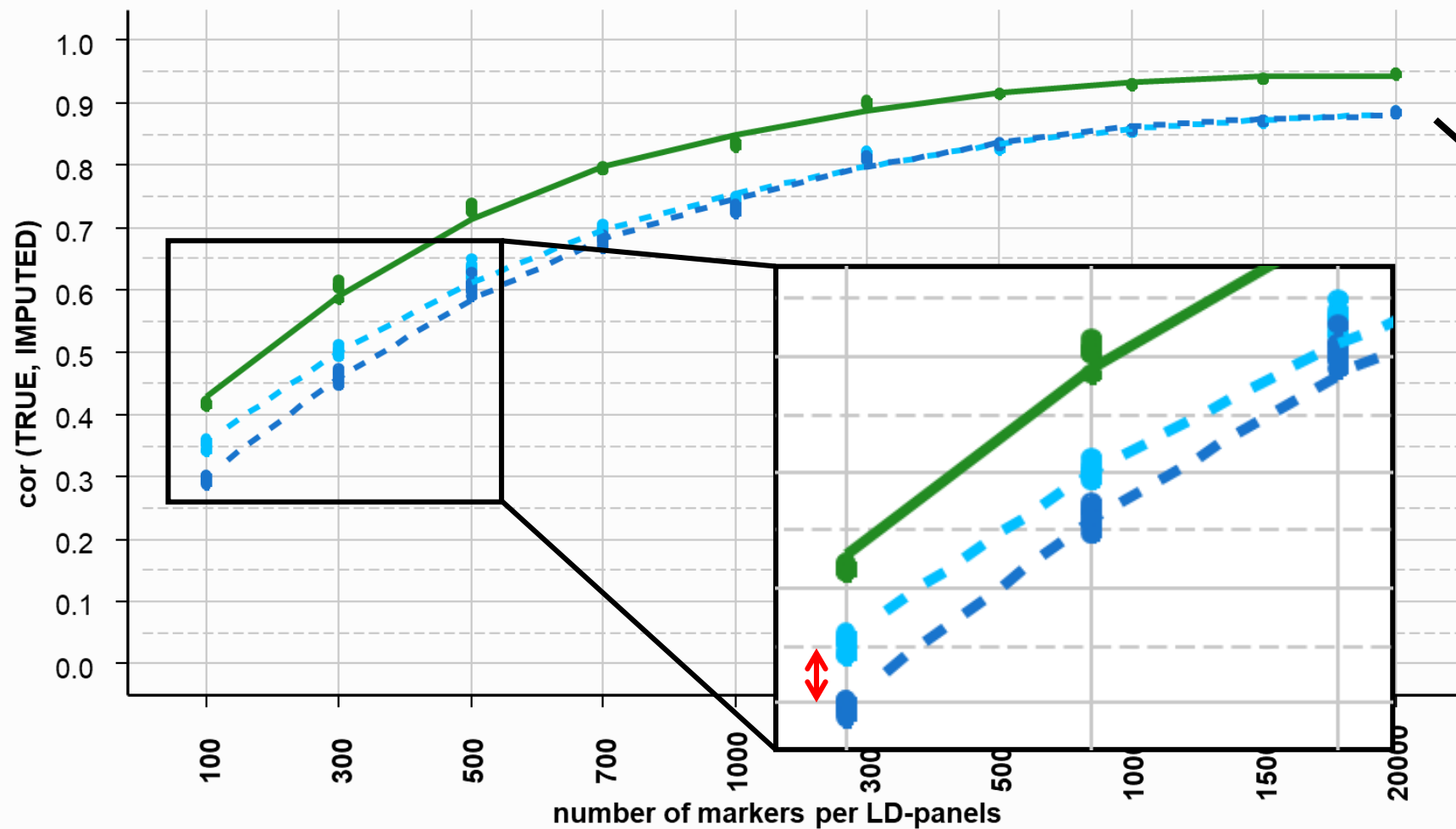


Résultats sur l'imputation



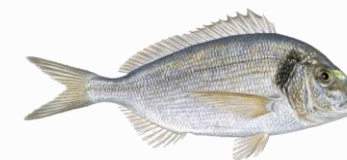
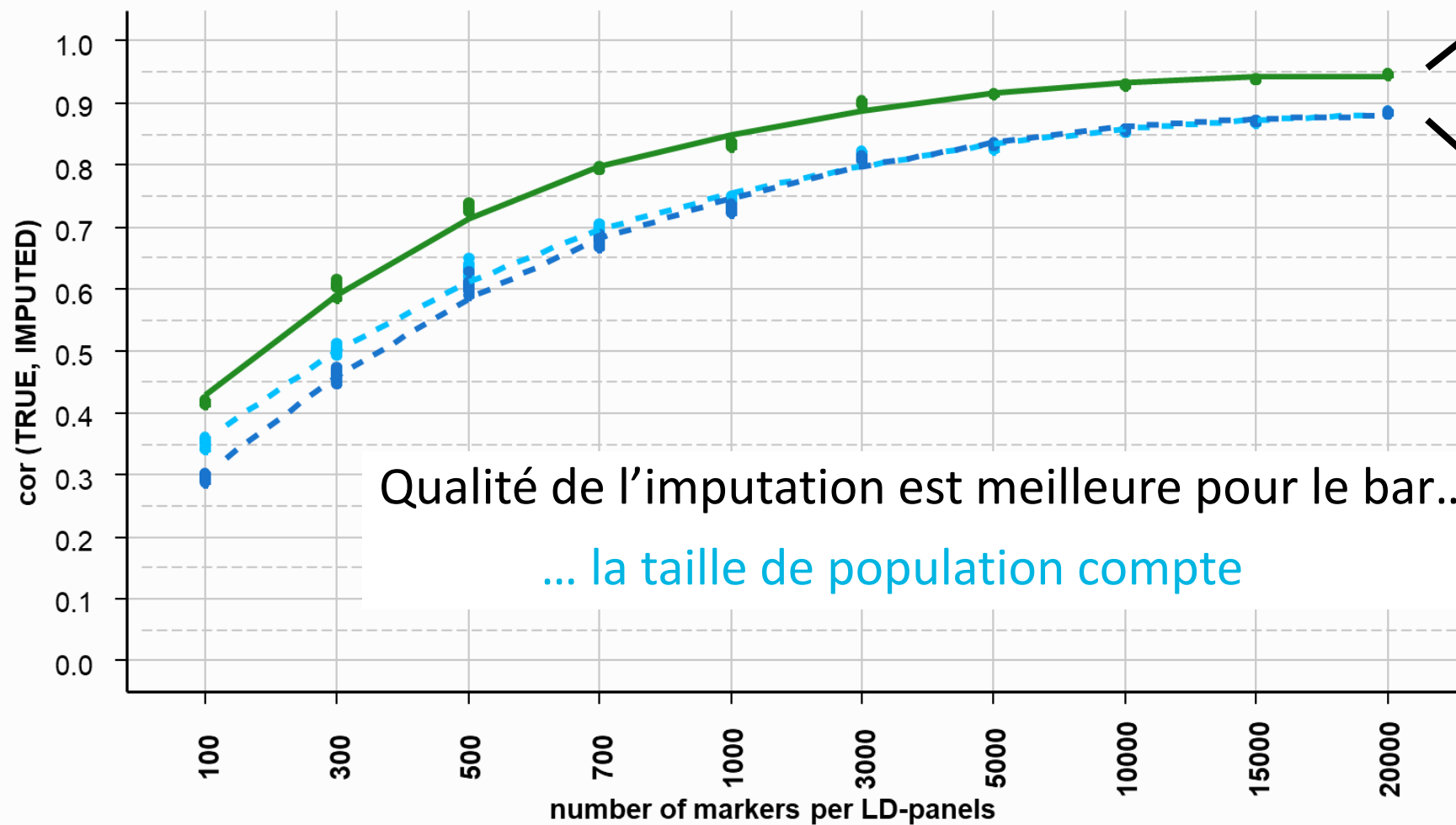
This project has received funding from the European Union's Horizon 2020 research and innovation programme under grant agreement No 818367 – AquaIMPACT - Genomic and Nutritional Innovations for Genetically Superior Farmed Fish

Résultats sur l'imputation



This project has received funding from the European Union's Horizon 2020 research and innovation programme under grant agreement No 818367 – AquaIMPACT - Genomic and Nutritional Innovations for Genetically Superior Farmed Fish

Résultats sur l'imputation



Résultats sur la précision de la sélection génomique

Crossvalidations

Population d'entraînement (tirée au hasard 40 répétitions)
avec le phénotype, le génotypes (GBLUP) pour prédire les
GEBVs des individus de la population de validation (avec
phénotypes masqués)

$$\frac{cor(\textit{phenotype corrigé}, GEBV)}{\sqrt{h^2}}$$

80% phenotype
+ genotype

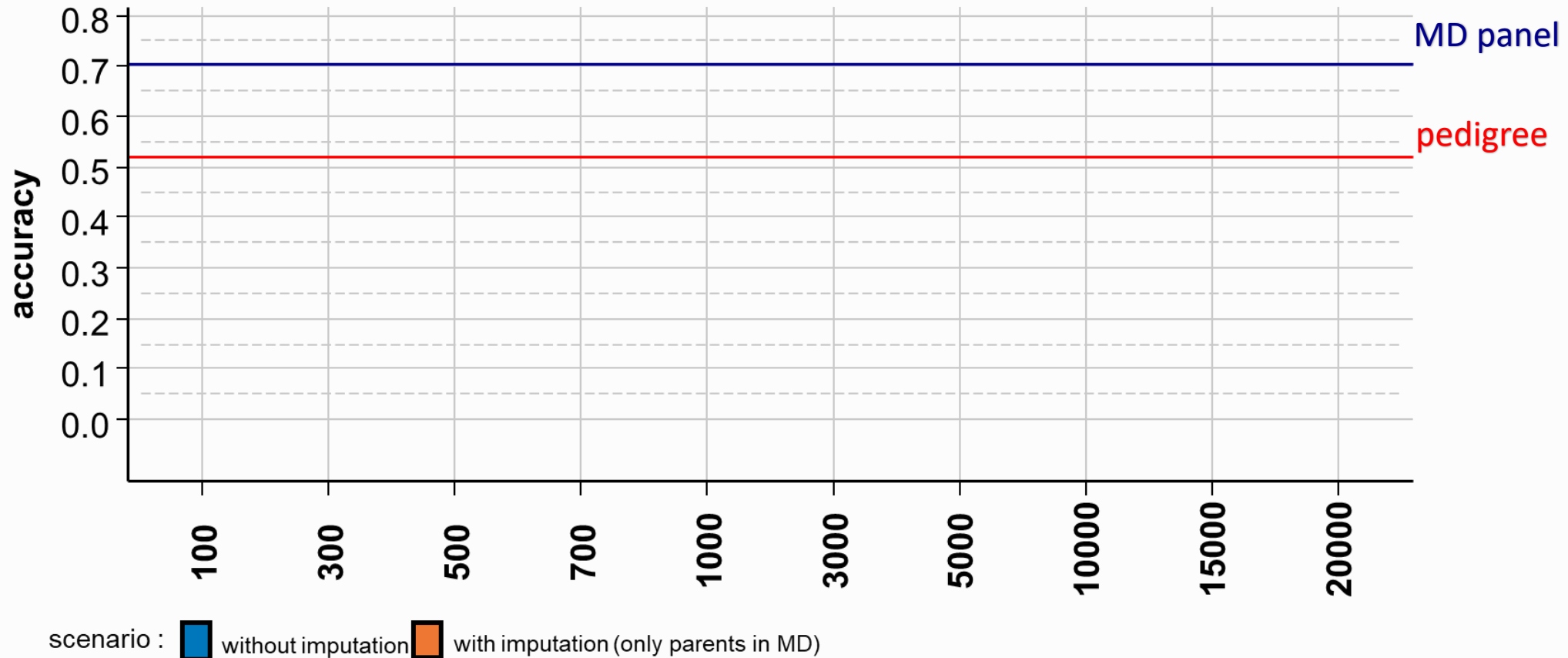
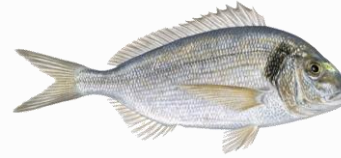


20% phenotype
+ genotype



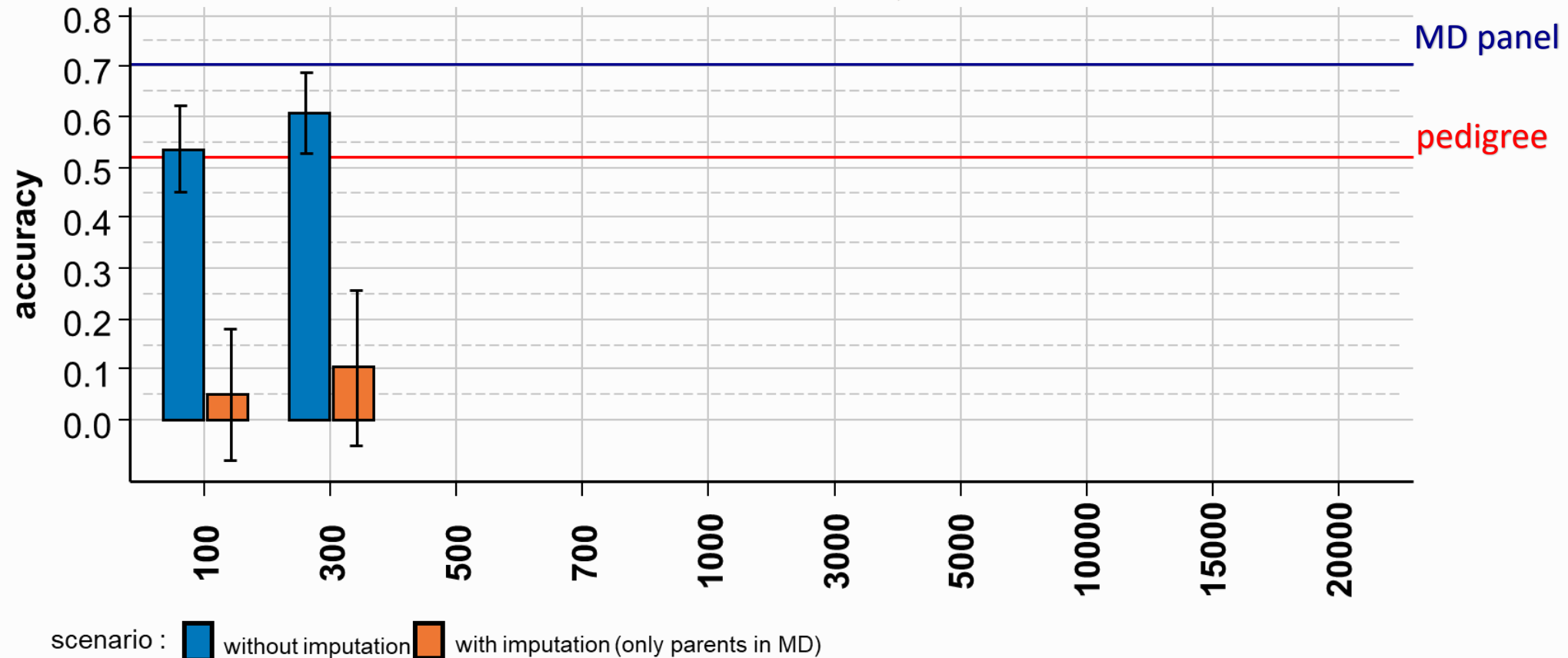
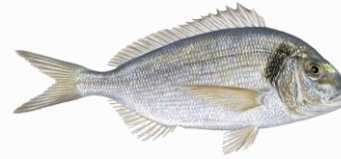
Résultats sur la précision de la sélection génomique

Poids

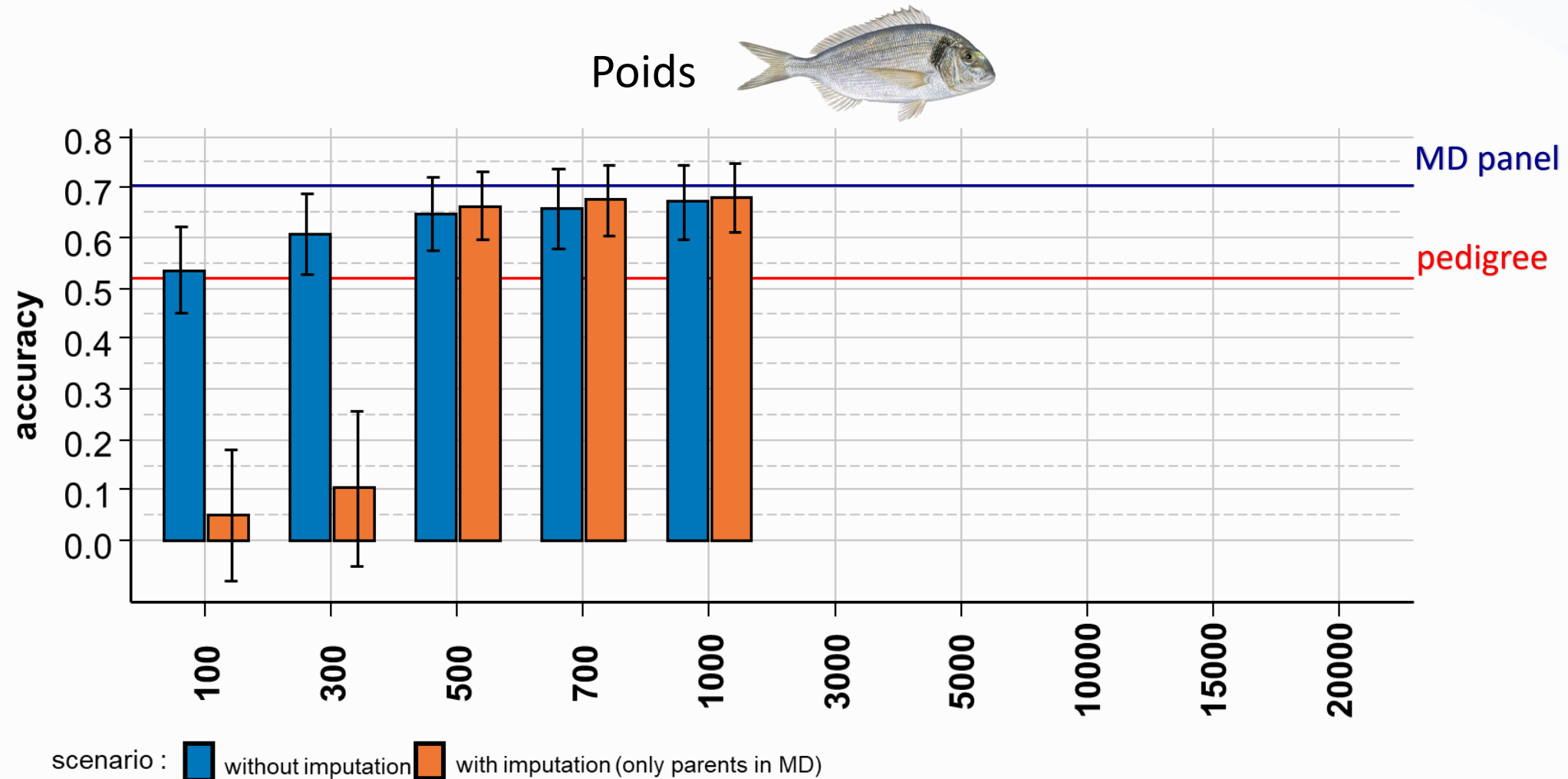


Résultats sur la précision de la sélection génomique

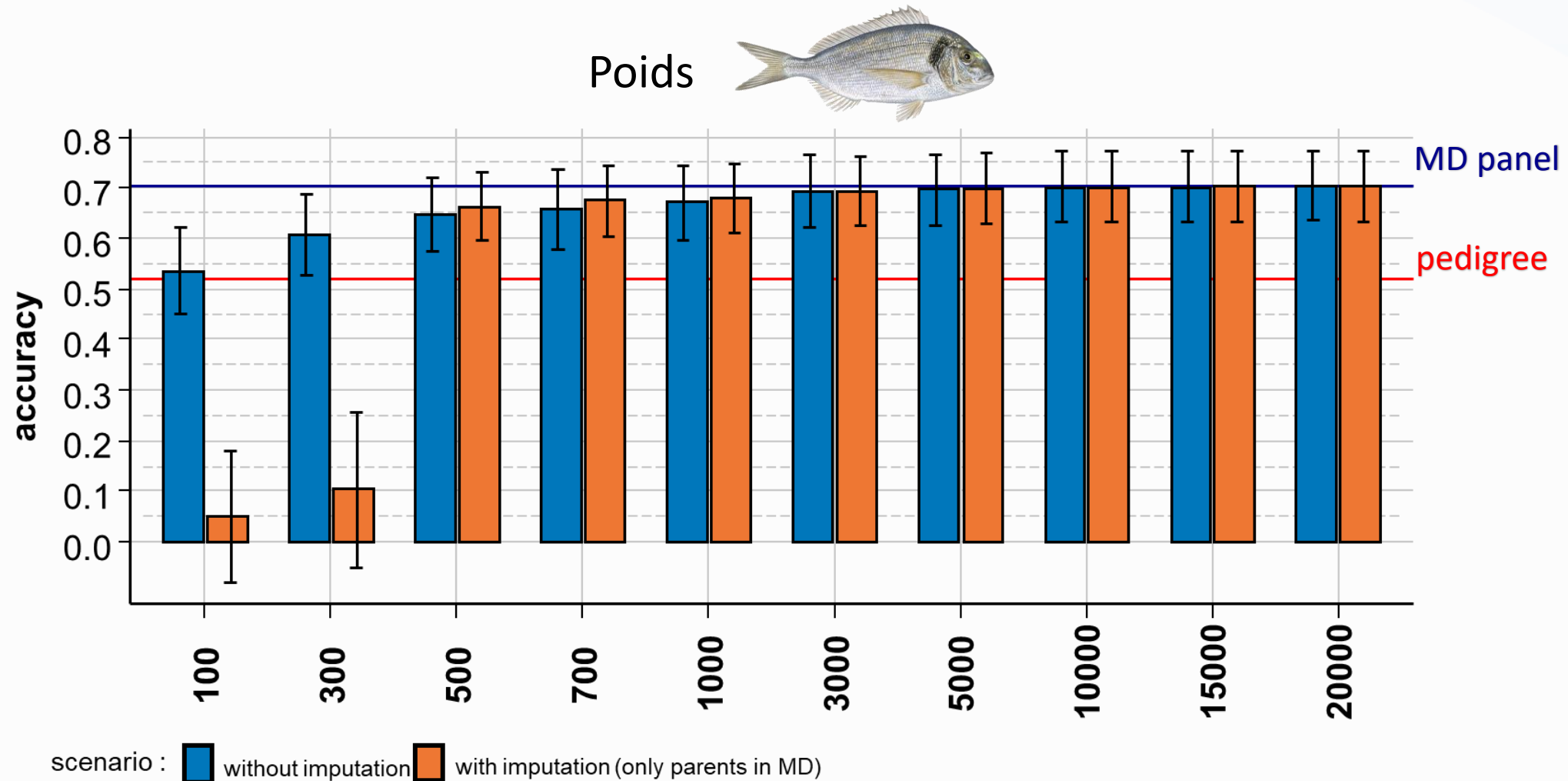
Poids



Résultats sur la précision de la sélection génomique

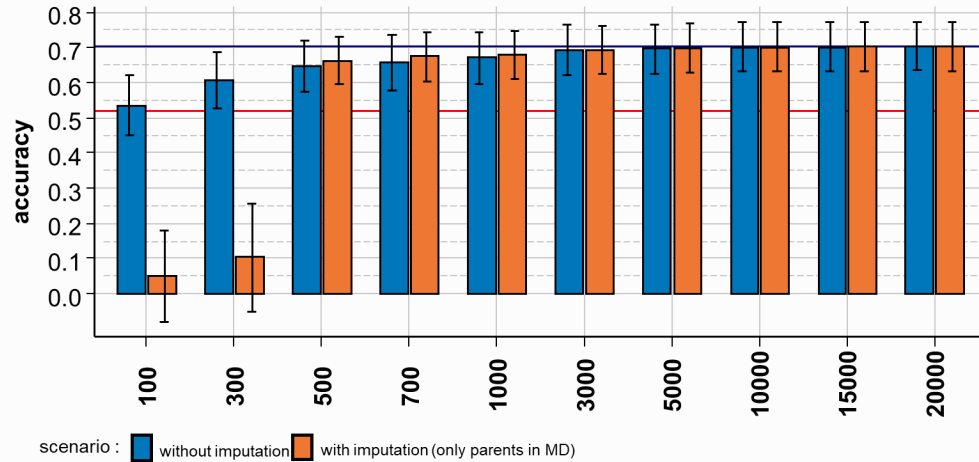


Résultats sur la précision de la sélection génomique

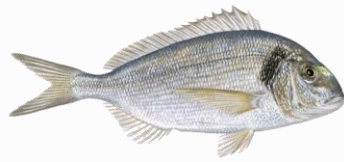
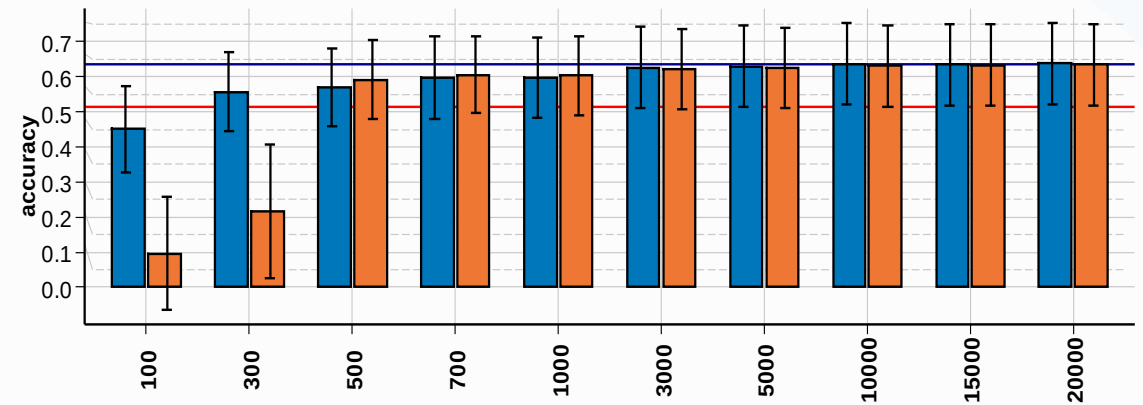


Résultats sur la précision de la sélection génomique

Poids

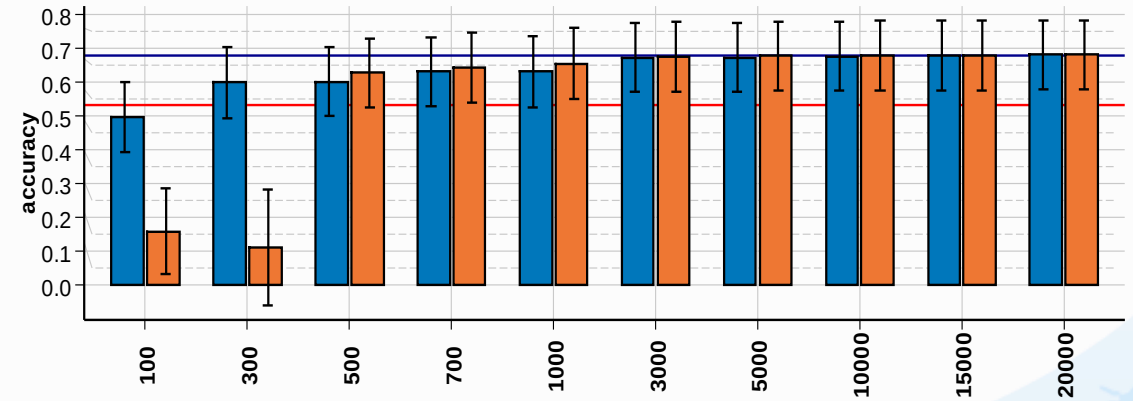


Rendement de filet



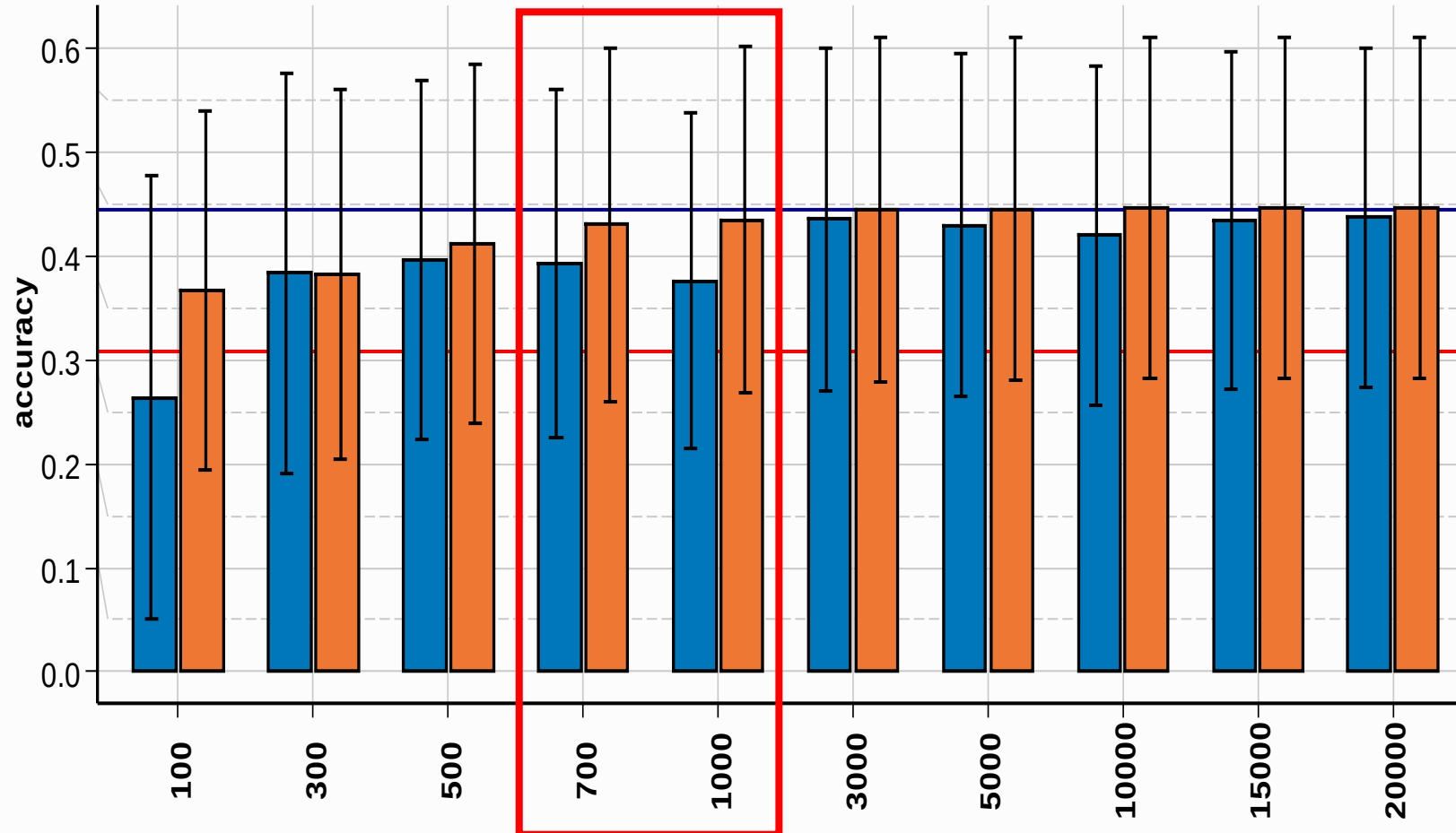
Imputation n'apporte finalement pas beaucoup dans l'exemple daurade

Rendement de carcasse



Résultats sur la précision de la sélection génomique

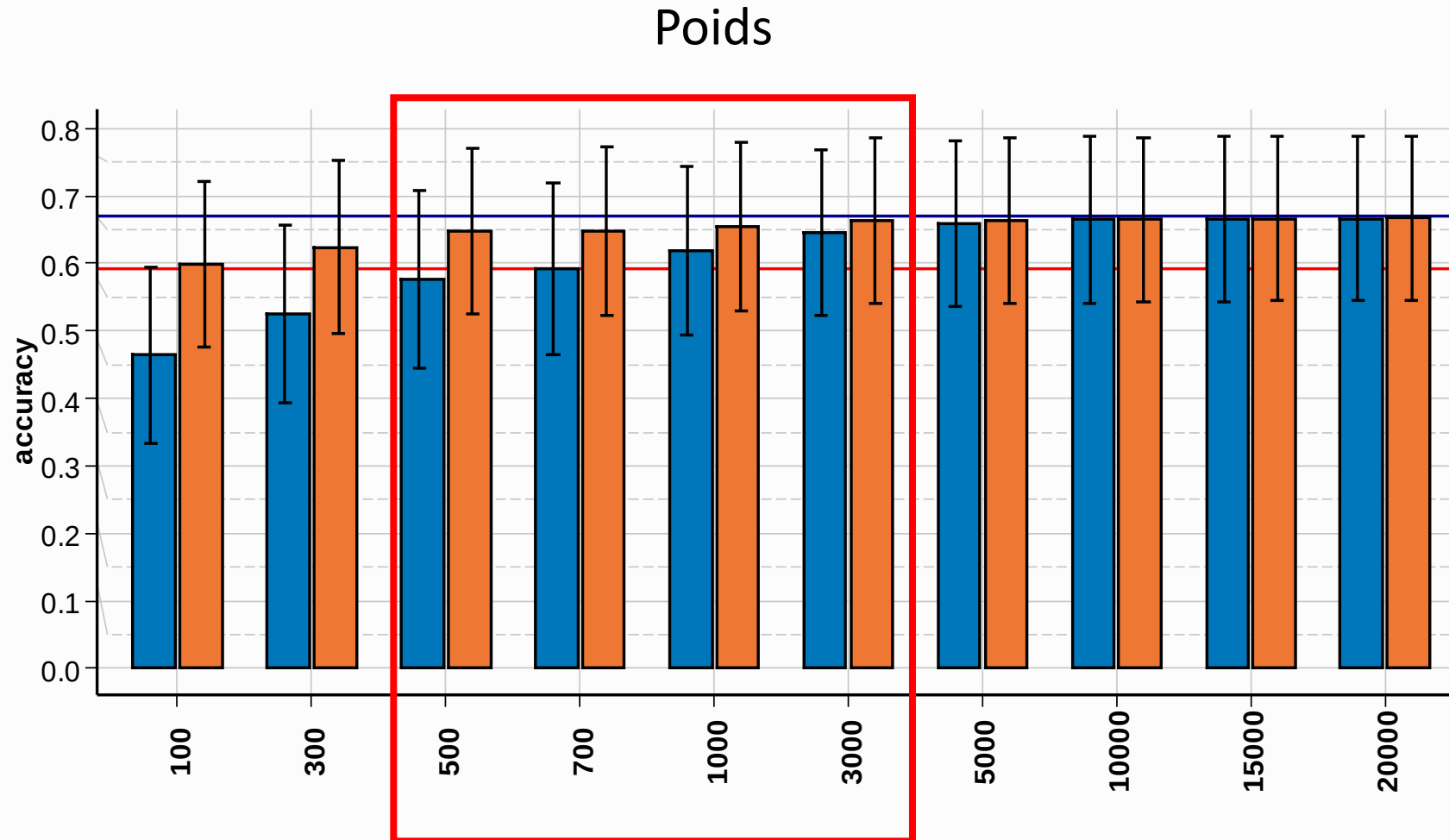
Résistance *Vibrio harveyi*



Précision de
 $LD700_{imp} \approx MD$



Résultats sur la précision de la sélection génomique



Précision de
 $LD500_{imp} \approx MD$



Conclusions

Qualité d'imputation



Précision de prédiction



$LD_{imp} > LD$ entre 0.5 à 1K SNPs





Merci de votre attention

Jonathan D'ambrosio, Mathieu Besson, Anastasia Bestin, Jean-Sébastien Bruant,
Aline Bajek, Yoannah François, Thierry Morin, Pierrick Haffray,
François Allal and Marc Vandeputte



This project has received funding from the European Union's Horizon 2020 research and innovation programme under grant agreement No 818367 – AquaIMPACT - Genomic and Nutritional Innovations for Genetically Superior Farmed Fish

