



Biological Resource Centers
for Domestic Animals

3rd International Seminar of CRB-Anim Infrastructure
Domestic Animals, Biobanks and Biodiversity

November 26th, 2019

Dynamique temporelle de la diversité génétique dans des lignées commerciales de porc

Simon Boitard^{1,*}, Cyriel Paris¹, Patrice Dehais¹, Alban Bouquet²,
Laurence Liaubet¹, Juliette Riquet¹, Marie-José Mercat²

¹ : GenPhySE, Université de Toulouse, INRA, ENVT, Castanet-Tolosan, ² : Alliance R&D/IFIP, Le Rheu

La détection des locus sous sélection positive dans le génome d'une population est une alternative intéressante aux approches de détection de QTLs. Elle permet d'identifier des zones du génome fonctionnellement importantes sans a priori sur le phénotype concerné. Cette détection se base le plus souvent sur des données génétiques observées chez des individus contemporains et consiste à rechercher des régions du génome présentant une diversité génétique atypique, peu compatible avec une évolution sous neutralité. Cependant, l'analyse rétrospective d'échantillons conservés en cryobanque permet d'accéder plus directement à la dynamique temporelle récente des fréquences alléliques. La détection mais aussi l'annotation des événements de sélection sont ainsi améliorées. Nous présentons ici les résultats d'une analyse rétrospective de ce type dans le cas des lignées commerciales françaises de porcs Large White lignée mâle et Large White lignée femelle, créées en 1995 à partir d'une même population et sélectionnées depuis avec des objectifs différents. Dans le cadre du projet LW_DivSeq financé par CRB Anim, nous avons séquençé le génome de 13 animaux contemporains (nés entre 2012 et 2016) dans chacune de ces lignées et de 10 animaux nés en 1977 issus de la population ancestrale. En comparant les génotypes de ces différents échantillons, nous avons évalué l'érosion de la diversité génétique intervenue dans les deux lignées depuis 1977 et avons identifié 30 régions sous sélection. Plusieurs de ces régions semblent avoir été sélectionnées de manière convergente dans les deux lignées, comme par exemple la région du gène IGF2. D'autres montrent des signatures de sélection spécifiques à une lignée. Dans quelques rares régions, comme par exemple celle du gène SOX5, la sélection semble avoir été divergente avec un haplotype différent sélectionné dans chaque lignée. Une analyse plus détaillée des gènes inclus dans les régions candidates est actuellement en cours ; la comparaison de ces gènes avec les objectifs de sélection poursuivis depuis 1977 devrait permettre d'affiner l'annotation fonctionnelle de ces régions..





Biological Resource Centers
for Domestic Animals

3rd International Seminar of CRB-Anim Infrastructure

Domestic Animals, Biobanks and Biodiversity

November 26th, 2019

Time trends in genomic variation for commercial pig lines

Simon Boitard^{1,*}, Cyriel Paris¹, Patrice Dehais¹, Alban Bouquet²,
Laurence Liaubet¹, Juliette Riquet¹, Marie-José Mercat²

¹ : GenPhySE, Université de Toulouse, INRA, ENVT, Castanet-Tolosan, ² : Alliance R&D/IFIP, Le Rheu

Detecting the loci under positive selection in a population is a promising alternative to QTL detection approaches, which allows identifying functionally relevant genomic regions without focusing on a pre-defined phenotype. Such detection is generally based on the observation of genetic data from contemporary individuals and looks for genomic regions whose genetic diversity is not consistent with neutral evolution. However, the retrospective analysis of samples stored in cryobanks provides a more direct access to the recent temporal dynamics of allele frequencies, which improves the detection and the annotation of past selection events. Here we illustrate this approach by considering the case of the French dam and sire Large White breeding lines, which have been created in 1995 from a single ancestral population and have been selected since then using different objectives. Whole genome sequences from 13 contemporary animals of each line (born from 2012 to 2016) and 10 animals from the ancestral population (born in 1977) were produced thanks to a CRBAnim funding (project LW_DivSeq). The comparison of genotypes from these three populations allowed quantifying the decrease of genetic diversity from 1977 to current lines and detecting 30 regions under selection. Several of these regions, including the one around IGF2, showed a signature of convergent selection between lines. Some other were most likely selected only in one line. Finally, a few regions including the one around SOX5 showed evidence of divergent selection with distinct haplotypes selected in the two lines. A more detailed study of the genes included in candidate regions is ongoing; the comparison of these genes with the selection objectives applied in the two Large White lines is expected to improve the functional annotation of these regions.

