

Toute reproduction interdite sans l'autorisation de l'auteur.

Merci de ne pas diffuser ce document.

© 2016.

Plan

Les différentes méthodes de sélection



- Prédiction du progrès génétique annuel
- Les principales méthodes de sélection
 1. sans information moléculaire
 2. avec information moléculaire
- Les différentes étapes d'un programme de sélection

Conception : UFR Génétique, Elevage et Reproduction

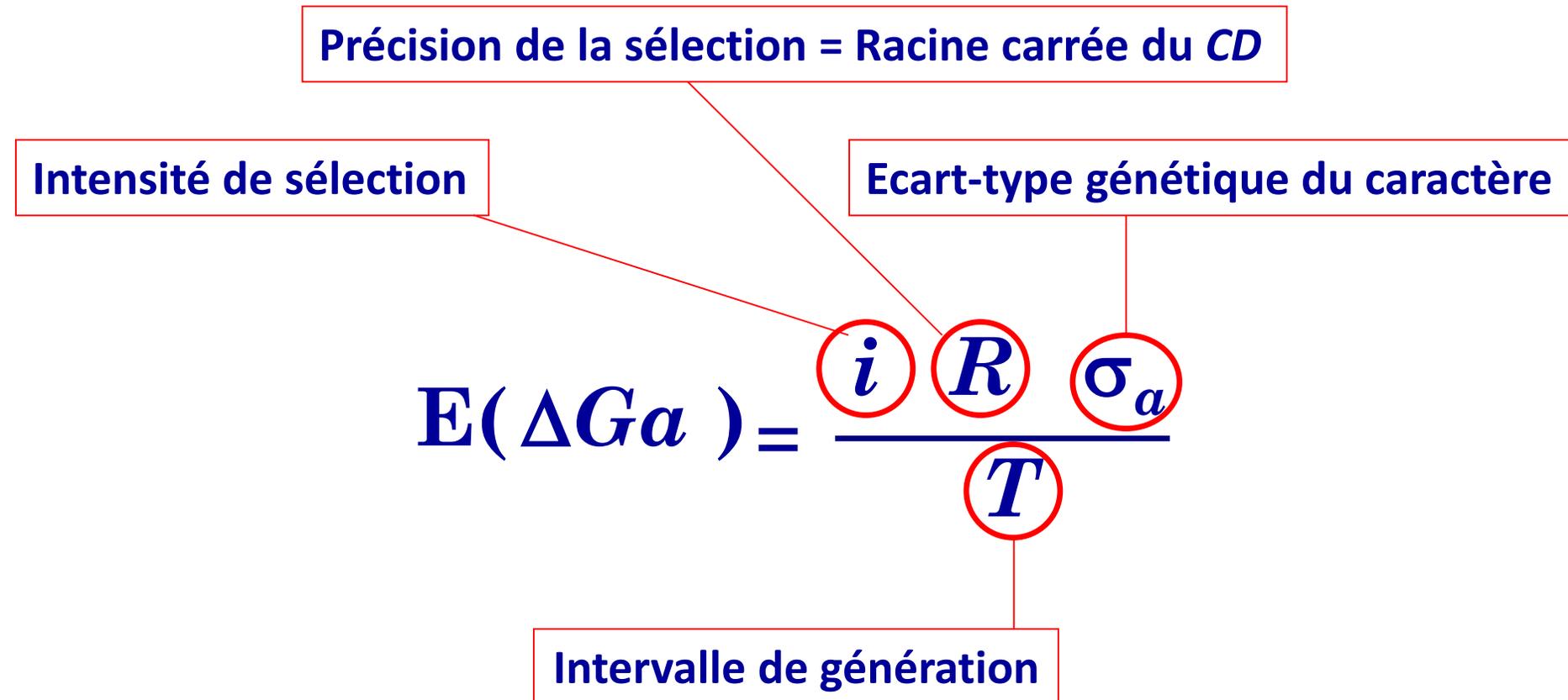
Présentation : Etienne Verrier

Mars 2016

Plan

Prédiction du progrès génétique annuel

- Prédiction du progrès génétique annuel
- Les principales méthodes de sélection
 1. sans information moléculaire
 2. avec information moléculaire
- Les différentes étapes d'un programme de sélection



Plan

Les principales méthodes de sélection (1) sans information moléculaire

- Prédiction du progrès génétique annuel
- Les principales méthodes de sélection
 1. sans information moléculaire
 2. avec information moléculaire
- Les différentes étapes d'un programme de sélection

Méthode	Information(s) valorisée(s)
Sélection massale <i>Mass selection</i>	Performance(s) individuelle(s)
Sélection généalogique - sur ascendance <i>Pedigree selection</i> - sur descendance <i>Progeny testing</i> - sur collatéraux <i>Family selection</i>	Performance(s) ou index d'apparentés - Parents - Un petit échantillon de descendants - Frères et sœurs

En pratique, différentes informations et différentes méthodes de sélection sont combinées

Plan

Les principales méthodes de sélection (2) avec information moléculaire

- Prédiction du progrès génétique annuel
- Les principales méthodes de sélection
 1. sans information moléculaire
 2. avec information moléculaire
- Les différentes étapes d'un programme de sélection

Méthode	Information(s) valorisée(s)
Sélection assistée par marqueurs (SAM) <i>Marker assisted selection (MAS)</i>	Performance(s) (individu ou apparentés) + Génotype à quelques dizaines de marqueurs de QTL jouant sur un ou plusieurs des caractères concernés
Sélection génomique <i>Genomic selection</i>	Génotype à des dizaines de milliers de marqueurs SNP, au moyen d'équations de prédiction établies sur une de population dite "de référence", composée d'animaux pour lesquels on dispose à la fois des génotypes <u>et</u> d'informations phénotypiques (prises sur eux-mêmes ou sur des apparentés)

