



La génétique animale à l'INRA

Pierre P. Sellier, Didier Boichard, Etienne Verrier

► To cite this version:

Pierre P. Sellier, Didier Boichard, Etienne Verrier. La génétique animale à l'INRA. Histoire de la recherche contemporaine: la revue du Comité pour l'histoire du CNRS , 2019, VIII (1), pp.86-97. 10.4000/hrc.3222 . hal-02618378

HAL Id: hal-02618378

<https://hal.inrae.fr/hal-02618378>

Submitted on 25 May 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Histoire de la recherche contemporaine

La revue du Comité pour l'histoire du CNRS

Tome VIII-n°1 | 2019

L'OPECST, trente ans d'évaluations des choix scientifiques et technologiques au Parlement

La génétique animale à l'INRA

soixante ans d'une histoire scientifique en prise avec le monde de la sélection et riche en rebondissements technologiques.

Animal genetics at INRA: sixty years of a scientific story anchored in the animal breeding sector and full of technological twists and turns

Pierre Sellier, Didier Boichard et Etienne Verrier



Édition électronique

URL : <http://journals.openedition.org/hrc/3222>

DOI : 10.4000/hrc.3222

ISSN : 2265-786X

Éditeur

CNRS Éditions

Édition imprimée

Date de publication : 1 juin 2019

Pagination : 86-97

ISBN : 978-2-271-12906-2

ISSN : 2260-3875

Ce document vous est offert par INRA Institut National de la Recherche Agronomique



Référence électronique

Pierre Sellier, Didier Boichard et Etienne Verrier, « La génétique animale à l'INRA », *Histoire de la recherche contemporaine* [En ligne], Tome VIII-n°1 | 2019, mis en ligne le 04 octobre 2019, consulté le 11 décembre 2019. URL : <http://journals.openedition.org/hrc/3222> ; DOI : 10.4000/hrc.3222

Ce document a été généré automatiquement le 11 décembre 2019.

© Comité pour l'histoire du CNRS

La génétique animale à l'INRA

soixante ans d'une histoire scientifique en prise avec le monde de la sélection et riche en rebondissements technologiques.

Animal genetics at INRA: sixty years of a scientific story anchored in the animal breeding sector and full of technological twists and turns

Pierre Sellier, Didier Boichard et Etienne Verrier

Les auteurs remercient Joseph Bonnemaire, qui a été à l'origine de ce projet et avec qui les discussions furent fructueuses, Bernard Bibé (Chef du département GA de l'INRA de 1990 à 2012) et Denis Milan (Chef de département à l'époque de la rédaction de cet article) pour leur avis et suggestions sur la base d'un premier manuscrit, ainsi que Thomas Heams pour d'utiles discussions.

- 1 Une vingtaine d'espèces de mammifères ou d'oiseaux ont été domestiquées par l'homme à des fins d'élevage, à partir de l'époque néolithique. Les mots 'génétique', 'gène' et 'génotype' apparaissent dans les premières années du XXe siècle mais l'idée d'amélioration des animaux domestiques vient de beaucoup plus loin. Une forme de sélection empirique a été opérée par les premières communautés d'éleveurs, portant sur des caractères favorisant le processus de domestication lui-même, comme la docilité. Dès l'Antiquité, des écrits témoignent de la prise de conscience, encore très confuse, de la possibilité de transmission des caractères des parents à leur descendance. Les débuts de l'histoire véritablement documentée de l'amélioration des animaux datent du XVIIIe siècle¹. Charles Darwin (1868) la considérait comme une sélection qu'il qualifiait de 'méthodique' et qui a beaucoup inspiré sa théorie de l'évolution des espèces sous l'effet de la sélection naturelle (Tort, 2004), de même pour Gregor Mendel lorsqu'il conçut les expériences qui lui ont permis de découvrir les lois qui portent son nom (Wood et Orel, 2001). Le précieux héritage de cette période ancienne a été, au sein de chaque espèce d'élevage, un ensemble très diversifié de populations – les races – qui constituera par la suite le 'matériau vivant' des sélectionneurs-praticiens et le support des recherches des généticiens s'intéressant aux animaux d'élevage.

Des controverses autour de la génétique naissante

- 2 L'émergence de la génétique, suite à la redécouverte des travaux de Mendel en 1900, a soulevé des débats passionnés au sein du monde académique (Laloë, 2011). Il s'agissait notamment de savoir s'il fallait accorder la primauté aux lois de ségrégation des caractères énoncées par Mendel, comme le pensaient les 'mutationnistes' (Bateson et autres), ou à la théorie de l'évolution des caractères proposée par Darwin, comme le pensaient les 'biométriciens' (Pearson et autres). En fait, tout le monde butait sur l'antagonisme existant entre la nature discontinue des gènes et la variation continue des caractères faisant l'objet d'une mesure (comme la taille ou le poids). Un autre débat concernait la question des parts respectifs de l'hérédité et de l'environnement dans les variations observées (Gouyon, 2002). Un apport décisif est à porter au crédit du danois Wilhelm Johannsen qui, en 1911, a introduit les concepts de phénotype² et de génotype³, attribuant à l'environnement, l'écart entre un phénotype individuel et la moyenne des individus de même génotype. A la même époque, l'américain George Shull, travaillant sur le maïs, introduisit le terme 'hétérosis' pour désigner le phénomène de vigueur hybride observé lors de croisements entre des populations génétiquement éloignées.

La sélection 'artisanale' des animaux domestiques suit son propre chemin

- 3 En parallèle des débats académiques, les éleveurs-sélectionneurs poursuivaient et confortaient leur travail d'amélioration. A partir du dernier tiers du XIXe siècle⁴, des éleveurs se sont regroupés au sein d'associations dénommées livres généalogiques, ce qui a contribué à l'institutionnalisation des races dans le paysage de l'élevage (voir Bougler et Delage, 1999, pour le cas de la France). Ayant pour mission première l'identification des animaux et l'enregistrement des généalogies, ces associations veillaient surtout à la conformité des animaux reproducteurs à un standard morphologique, avec l'objectif de 'fixer' les qualités d'une race donnée. Il est à noter que, dans une France encore très rurale, les pouvoirs publics s'impliquaient – déjà – dans l'organisation naissante de la sélection des animaux de ferme, à l'échelle du pays (Haras Nationaux pour les équidés) et, plus encore, à l'échelon régional⁵.
- 4 Parallèlement, le début des années 1900 a vu l'apparition de procédures de contrôle des aptitudes des animaux : contrôle laitier chez la vache (quantité de lait, taux de matière grasse du lait), mesure individuelle de la ponte chez des poules élevées en groupe, ouverture au Danemark de la première station de contrôle de la croissance des porcs, etc.
- 5 Les préoccupations d'amélioration des cheptels animaux et des variétés végétales expliquent que, dès le début du XXe siècle, les écoles agronomiques ont eu un rôle pionnier pour l'enseignement de la génétique en France (Gouyon, 2002). L'université française, quant à elle, mettra plusieurs décennies à considérer la génétique comme une discipline scientifique à part entière (Burian et Gayon, 1999 ; Vissac, 2002)⁶.

Naissance et essor de la génétique quantitative

- 6 La réponse au paradoxe discontinu/continu évoqué plus haut a été apportée par un article du statisticien Ronald Fisher (1918) qui a valeur, à bien des égards, d'article fondateur de la génétique quantitative (étymologiquement, la génétique des caractères dont l'observation passe par une mesure et, par extension, génétique des caractères à déterminisme complexe). Selon le modèle proposé par Fisher, le phénotype d'un individu est affecté à la fois par son environnement et par sa valeur génétique, cette dernière étant la somme des effets d'un grand nombre de gènes dont chacun a un effet de faible ampleur : un tel modèle est dit 'polygénique'. La part d'origine génétique de la variabilité définit l'héritabilité du caractère (comprise entre 0 et 100 %). Dans le domaine animal, une place toute particulière doit être accordée à l'apport considérable de l'américain Jay Lush, dont l'enseignement a eu un rayonnement mondial (Ollivier, 2008). Son célèbre ouvrage '*Animal Breeding Plans*' (1937, réédité plusieurs fois dans les années 40) faisait l'indispensable synthèse entre la génétique et la pratique de l'élevage, et c'est à Lush qu'on doit les principales bases théoriques des méthodes de sélection animale mises en œuvre à partir de la seconde moitié du XXe siècle.
- 7 La génétique quantitative, discipline nouvelle s'appuyant à la fois sur la statistique et la génétique des populations (qui étudie l'effet des facteurs de variation dans le temps et dans l'espace des fréquences des allèles au sein des populations), était donc devenue, au milieu du XXe siècle, la pièce maîtresse du corpus scientifique qui va dès lors inspirer la conception des programmes d'amélioration des animaux d'élevage. Cette intronisation de la génétique quantitative – et des pratiques de sélection qui en découlent – ne s'est pas faite sans des échanges en des termes parfois très durs entre les partisans et les détracteurs de la 'modernité'.



Taureau de race Française Frisonne Pie noir (FFPN) sur le domaine INRA du CNRZ à Jouy-en-Josas, 1958

INRA

Les débuts des recherches en génétique animale à l'Inra (1950-1965)

- 8 Les premiers chercheurs s'intéressant à l'amélioration génétique des espèces d'élevage ont été recrutés par l'Inra au tout début des années 1950 (Vissac, 2002). Certains de ces jeunes agronomes étaient localisés à Jouy-en-Josas, au sein de la Station de Recherches sur l'Elevage (autour de Paul Auriol) ou de la Station de Recherches Avicoles (autour de Philippe Mérat et J.P. Boyer). D'autres, autour de Jacques Poly, travaillaient à Paris, hébergés à l'Institut National Agronomique dans le Laboratoire de Zootechnie dirigé par André-Max Leroy, puis à l'Institut d'Hygiène Alimentaire.
- 9 En 1960, la décision fut prise par la direction de l'Inra de réunir ces deux groupes – soit une douzaine de scientifiques au total – sur le seul site de Jouy-en-Josas. La Station centrale de génétique animale vit le jour en 1961 et le Département de génétique animale (DGA) fut créé deux ans plus tard (son champ d'application, à l'époque, ne comprenait ni les volailles ni les poissons). Comme le souligne Grosclaude (1996), ces nouvelles structures, toutes deux placées sous la direction de Jacques Poly, signaient la reconnaissance officielle de la génétique animale comme une discipline à part entière à l'Inra. Cependant, le retard de l'université française en matière d'enseignement de la génétique n'a pas facilité la formation des jeunes chercheurs jusqu'au début des années 1960.
- 10 Les thèmes de recherche du tout nouveau DGA tournaient autour de trois têtes de chapitre (Poly et Vissac, 1966) : (i) gènes à fonction connue (groupes sanguins et protéines du sang et du lait, anomalies héréditaires), (ii) variabilité inter-individuelle au sein des races et son exploitation en sélection, et (iii) variabilité entre races et son exploitation dans diverses formes de croisement entre races.
- 11 Sur le terrain, l'élevage en race pure (c'est-à-dire l'union de parents appartenant à la même race) restait la règle chez les ruminants et chez le porc mais la pratique systématique du croisement (union de parents issus de deux races différentes) s'imposait peu à peu chez la poule avec l'émergence de firmes de sélection privées. L'insémination artificielle progressait régulièrement dans les races bovines laitières et allait bientôt constituer un pilier de leur sélection. Les contrôles de performances se généralisaient et leur méthodologie s'enrichissait : à titre d'exemple, une technique reposant sur l'utilisation des ultra-sons avait été mise au point à la fin des années 1950 pour estimer l'adiposité d'un porc *in vivo* et sans douleur pour l'animal.
- 12 En dépit de ces avancées significatives, l'organisation collective de l'amélioration génétique animale restait à construire à l'échelon national, et les dispositifs de sélection demeuraient trop peu efficaces pour combler le retard conséquent de notre pays en matière de compétitivité de l'élevage (pour prendre un seul exemple, et même s'il est exclu que la génétique ait été seule en cause, la production moyenne des vaches laitières était de l'ordre de 3 000 litres de lait par lactation en France, contre 5 000 litres aux Pays-Bas).



Le Figaro agricole consacre sa Une à la loi sur l'élevage, n° 183, février 1967 (D.R.)

- 13 **Le choc de modernisation de la sélection animale en France : la loi sur l'élevage de 1966.**
- 14 Comme l'ont très bien explicité à l'époque Poutous et Vissac (1962), la sélection est une activité qui a un coût (immédiat) et engendre, à terme, des recettes dues aux gains génétiques réalisés. Ils montraient, chiffres à l'appui, qu'un dispositif pertinent de sélection peut être largement rentable, fournissant ainsi un argument fort pour convaincre les décideurs publics et professionnels. Le pouvoir de persuasion de Jacques Poly auprès du Ministre de l'Agriculture et des parlementaires fit le reste et conduisit au vote, à la quasi-unanimité, de la 'Loi sur l'Élevage' du 28 décembre 1966⁷. Cette loi fut bientôt suivie par la publication de plusieurs textes d'application qui instituaient la Commission Nationale d'Amélioration Génétique (CNAG)⁸ et précisaient les attributions institutionnelles des différents acteurs de l'amélioration génétique en France.
- 15 Pour ce qui concerne l'Inra, ce cadre profondément rénové conférait au DGA un rôle-pivot, à la fois conceptuel et opérationnel, pour les quatre espèces (bovine, porcine, ovine et caprine) couvertes par la loi sur l'élevage : constitution et gestion dynamique de bases de données (généalogies et performances), avec la mise en place d'un organe central, le Centre de traitement de l'information génétique (CTIG), sur le site Inra de Jouy-en-Josas ; conception et optimisation des méthodes de choix et d'utilisation des reproducteurs ; réalisation périodique des évaluations génétiques des candidats à la sélection ; participation à la gestion collective des dispositifs génétiques mis en place dans les différentes espèces, dans le cadre de la CNAG.



Le ministre de l'Agriculture, Edgar Faure, avec à sa droite Bertrand Vissac, et à sa gauche Jacques Poly et Germain Mocquot, à l'INRA de Jouy-en-Josas, en juin 1967

INRA/jean-Josaph Weber

- 16 Bien qu'excluant de son champ la sélection avicole, précocement structurée au travers de firmes privées, la Loi sur l'Elevage de 1966 conférait à la recherche publique un rôle central dans le dispositif génétique français, situation sans équivalent dans les pays industrialisés comme dans le secteur de l'amélioration des plantes.

L'âge d'or de la génétique quantitative polygénique

- 17 Sur le plan territorial, l'Inra, resté jusque-là très ancré en Ile-de-France, a connu un grand vent de décentralisation vers la fin des années 1960. Evènement notoire dans la vie du DGA, le transfert de certaines équipes à Toulouse-Auzeville intervint en 1970, selon un partage lié aux espèces de travail : bovins, porc, cheval à Jouy-en-Josas (plus la poule pour les caractères à déterminisme simple) ; ovins, caprins, lapin et palmipèdes à Toulouse. Des travaux de recherche en génétique étaient également conduits sur des espèces avicoles à Tours et piscicoles à Saint-Pée-sur-Nivelle et Jouy-en-Josas. A partir du milieu des années 1960, les chercheurs ont bénéficié d'un ensemble particulièrement conséquent d'unités expérimentales, leur permettant de conduire des expériences de sélection de longue durée, des travaux d'évaluation approfondie de races (par exemple, de races étrangères à forte prolificité comme le mouton Romanov ou le porc chinois Meishan) ou des études sur les effets de gènes individuels sur les performances (notamment chez la poule). Ceci a débouché sur la création de lignées originales de l'Inra (Legault et al., 1996), dont certaines auront un impact significatif en élevage : la poule Vedette Inra (lignée exploitant en croisement un allèle récessif de nanisme pour un gène lié au sexe), lignée de verrats donnant naissance à des filles 'hyperprolifiques', lignées composites Inra401 (la 'brebis à deux agneaux', dénommée

aujourd'hui 'Romane') et Inra95 (hypertrophie musculaire bovine), souches de lapins A1077 et A2066 (qualités maternelles).

- 18 En matière d'évaluation génétique, le fait le plus marquant a été la véritable 'révolution' apportée par la méthode dite du Blup-modèle animal⁹, imaginée par l'américain Henderson (1975). Cette méthode mettra une bonne dizaine d'années à pouvoir être employée couramment en sélection, c'est-à-dire le temps que les ordinateurs aient une puissance compatible avec la masse de calculs requis. Alors qu'au milieu des années 1960, la France était en retard sur beaucoup de pays européens en matière de sélection animale, 20 ans plus tard, elle a été à l'avant-garde pour développer et implanter en routine cette nouvelle méthode qui, aujourd'hui encore, constitue un standard international.
- 19 D'autres domaines d'activité de l'époque concernaient l'optimisation de la sélection dans les différentes espèces (Ollivier, 1974). De même, des travaux ont été conduits pour la mise au point de stratégies de croisement visant à tirer le meilleur parti du phénomène d'hétérosis (chez les mères et leurs produits) et de la complémentarité entre des races à vocation maternelle ou paternelle, la mise en évidence et l'étude fine des effets de quelques gènes majeurs intéressant l'élevage (hypertrophie musculaire bovine et porcine, ou hyperprolificité ovine, par exemple).
- 20 Il existait aussi des travaux de génétique biochimique (notamment sur les variants génétiques des lactoprotéines, dont certains ont une influence favorable sur la qualité fromagère des laits), de cytogénétique (établissement des caryotypes des principales espèces et détection d'anomalies chromosomiques affectant la fertilité ou la prolificité) et, dans une vision plus prospective, de génétique cellulaire. Ce fut aussi le temps de l'identification des premiers marqueurs biochimiques de gènes majeurs tels que le gène porcin d'hypertrophie musculaire (Guérin et al., 1983). Sur les espèces piscicoles, des travaux sur la modification de la garniture chromosomique des animaux ont été à l'origine du développement de lignées tétraploïdes fertiles qui, en croisement avec des lignées diploïdes 'ordinaires', permettaient de produire des triploïdes stériles d'un grand intérêt pour les filières (Chevassus et Chourout, 1979).

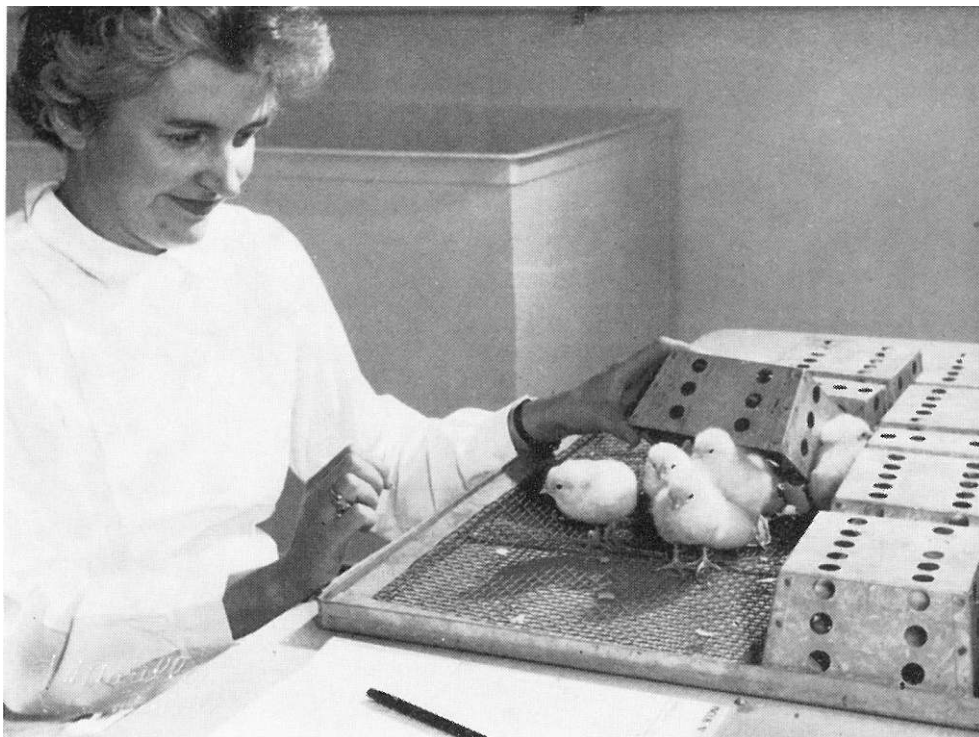
L'entrée dans la 'boîte noire' du génome : l'envol de la génétique moléculaire

- 21 L'état des effectifs de chercheurs du DGA au début des années 1980 montre qu'environ les trois-quarts d'entre eux étaient, par leur formation initiale et la teneur de leurs travaux, des 'quantitativistes'.



Une découverte de la recherche passée à l'industrie : la poule Vedette, reproductrice naine donnant des poulets à croissance normale lorsqu'elle est croisée avec un coq cornish, aux coté d'une poule de chair à croissance normale. INRA, station expérimentale d'aviculture du Magneraud, fin des années 1960.

INRA



Eclosion des enfants d'une même poule. INRA, station expérimentale d'aviculture du Magneraud, 1966.

INRA



Atelier mécanographique. INRA, station de génétique animale CNRZ Jouy-en-Josas, 1966.

INRA

- 22 A partir de là, le secteur de la génétique moléculaire ne va pas cesser de croître au sein du DGA¹⁰. Ce développement de la génétique moléculaire n'a pas entraîné de conflits majeurs entre 'quantitativistes' et 'molécularistes', comme cela a pu alors se produire dans le département de Génétique et d'Amélioration des Plantes autour de la question du recours au 'génie génétique' (Deshayes, 2014). Les chefs de département de l'époque (François Grosclaude puis Bernard Bibé) ont su gérer sans heurts cette période-charnière de l'histoire du DGA, en affichant d'emblée une orientation claire : les perspectives de la biologie moléculaire se situent beaucoup plus dans l'analyse fine des génomes que dans le génie génétique, et l'acquisition de connaissances nouvelles sur ces génomes est appelée à s'inscrire dans le cadre usuel de la sélection, en complément des autres informations recueillies depuis de nombreuses années. La détection des premiers polymorphismes de l'ADN pour des marqueurs anonymes (c'est-à-dire sans fonction connue) et jalonnant l'ensemble du génome a concerné les polymorphismes de longueur des fragments de restriction (RFLP) et les microsatellites. A partir de 1987, l'apparition de la PCR¹¹ a constitué une avancée technique décisive de la biologie moléculaire. A l'INRA et ailleurs dans le monde, cette étape a marqué le coup d'envoi des travaux de grande ampleur sur le génome des principales espèces d'élevage. Elle a, en particulier, permis l'accès au polymorphisme de l'ADN pour de nouvelles classes de marqueurs anonymes, dont en tout premier lieu les marqueurs 'microsatellites', très polymorphes¹², nombreux, bien répartis sur tout le génome et se prêtant aisément à une automatisation de leur analyse.

Le temps des cartes génétiques et des 'QTL'

- 23 Les années 1990 ont été, pour le DGA, une période d'activité intense dans plusieurs domaines de la génétique moléculaire :
- 24 - Développement des premières cartes génétiques 'à faible densité' chez les espèces d'élevage, en utilisant les microsatellites comme marqueurs de référence. Ces cartes ont été le plus souvent établies dans le cadre de projets associant le DGA aux principaux autres laboratoires européens.
- 25 - Localisation chromosomique de gènes à effet majeur et identification moléculaire de la (ou des) mutation(s) causale(s)¹³.
- 26 - Recherche systématique de QTL (*Quantitative trait locus* : portion de chromosome expliquant une part significative de la variabilité d'un caractère) en 'balayant' le génome à l'aide de 100 à 200 marqueurs microsatellites répartis sur l'ensemble des chromosomes. Ces programmes de détection de QTL, conduits soit en unité expérimentale soit en ferme, ont été un bel exemple de collaboration étroite entre chercheurs quantitatistes et molécularistes et ont sans doute initié le rapprochement aujourd'hui observé entre ces deux familles de chercheurs. Ces travaux par nature pluridisciplinaires sur des phénotypes nombreux et complexes ont également été l'occasion d'un rapprochement durable avec d'autres départements de l'INRA de productions animales (physiologie, zootechnie, pathologie, transformation des produits). Ces programmes sont longs par nature (il faut observer des ségrégations mendéliennes sur une ou deux générations) et l'essentiel de leurs résultats ont été publiés à partir du début des années 2000.
- 27 Dans ce grand mouvement d'expansion de l'outil moléculaire est intervenue en 1994, à Jouy-en-Josas, la création du Groupement d'Intérêt Economique 'Labogena', laboratoire d'analyses génétiques réunissant l'INRA et les principaux utilisateurs des résultats de génotypage pour les polymorphismes intéressant les filières d'élevage.

En parallèle, le développement des travaux relatifs aux ressources génétiques

- 28 Apparu dans les années 1960/70 pour les plantes, le concept de ressource génétique a eu sa première traduction dans le monde animal dans le cas des races menacées de disparition du fait d'effectifs très réduits. En France, une société savante, la Société d'Ethnozootechnie, a eu un rôle que l'on désignerait aujourd'hui de 'lanceur d'alerte' et, dès la fin des années 1970, des programmes coordonnés de conservation de ces races ont vu le jour sous la responsabilité des instituts techniques d'élevage et avec un soutien financier du Ministère de l'Agriculture. Afin de définir une stratégie nationale pour les ressources génétiques et de coordonner les efforts de recherche dans ce domaine, le Bureau des ressources génétiques (BRG) fut créé en 1983 par les pouvoirs publics. En ce qui concerne les ressources génétiques animales, le DGA a eu un rôle majeur, d'une part, en étant la cheville ouvrière de l'organisation du premier colloque national sur le sujet (Molénat et Verrier, 1989) et, d'autre part, au travers de l'implication assidue de certains de ses chercheurs dans les instances du BRG.



Bassin d'élevage de truites arc-en-ciel sur le site de la pisciculture expérimentale INRA des Monts d'Arrée, support de nombreux projets de recherche en génétique animale, en physiologie et santé animales, et en systèmes d'élevage.

INRA

- 29 La création d'une Cryobanque Nationale en 1999, dans laquelle le DGA s'est beaucoup investi, a visé à apporter une aide concrète à la gestion de la variabilité génétique et à constituer une sorte d'assurance sur le long terme vis-à-vis des risques de disparition ou d'érosion du patrimoine génétique. Dans un domaine avoisinant, le DGA a animé dans les années 1990, à l'initiative du Ministère de l'Agriculture, une réflexion originale sur le concept de certificat d'obtention animale (COA), s'inspirant de ce qui existait chez les plantes (certificat d'obtention végétale ou COV). L'idée était de formaliser la propriété intellectuelle de l'ensemble des populations animales sélectionnées. L'entreprise était sans doute trop ambitieuse, notamment sur le plan juridique, et le COA n'a pas vu le jour.
- 30 Les recherches du DGA ont contribué à renouveler les méthodes d'analyse de la diversité génétique (Ollivier & Foulley, 2013), et ceci sous deux angles : diversité entre populations (calcul des 'distances génétiques' entre les races, sauvegarde *in situ* des ressources rares), et diversité intra-population (gestion de la variabilité génétique dans les populations en sélection). D'autres travaux menés en collaboration avec le département Sciences pour l'Action et le Développement (SAD) de l'INRA et avec des équipes de sociologues, ont visé à identifier les conditions d'une conservation efficace des races menacées et les conséquences de leur valorisation économique (Lauvie et al., 2011). Enfin, il convient de rappeler que l'organisation nationale de l'évaluation génétique et de la sélection en général a eu un rôle favorable sur le maintien des races de ruminants qui disposaient ainsi d'outils de gestion qui n'auraient pas pu être financés en dehors de ce cadre.

Le temps du séquençage des génomes, des marqueurs 'SNP', de la génomique fonctionnelle et du développement durable

- 31 Le début des années 2000 a vu un nouveau changement d'échelle des approches moléculaires de la génétique et de leurs applications en sélection animale. Dans la foulée du premier séquençage de génome humain (en 2001), des opérations analogues ont été entreprises pour les génomes des principales espèces d'élevage, dans le cadre de vastes consortiums internationaux dont l'INRA a été partenaire la plupart du temps (Vignal, 2011).
- 32 Ces programmes de séquençage ont eu une retombée d'importance primordiale pour les recherches en génétique et pour la sélection : ils ont révélé l'existence d'une variabilité considérable de la séquence d'ADN entre individus d'une même espèce due à des changements ponctuels de nucléotides dans la séquence (SNP, *Single nucleotide polymorphisms*). Se comptant par millions pour une espèce donnée, ces SNP jalonnent le génome de façon extrêmement dense. Du fait de l'automatisation possible des opérations, au moyen notamment de 'puces à SNP', ces marqueurs sont devenus des outils d'usage courant à partir du début des années 2000, permettant de déterminer le génotype de milliers d'individus pour des dizaines de milliers de marqueurs. Ce sont ces marqueurs denses qui permettent, entre autres, la mise en œuvre de la sélection génomique.
- 33 On a assisté à la même époque à l'entrée en scène de la génomique fonctionnelle, centrée sur les gènes exprimés sous forme de transcrits (ARN messagers) puis de protéines, et à l'émergence de nouvelles démarches fondées sur l'analyse des répertoires complets des produits des gènes exprimés dans un tissu (transcriptomique, protéomique). Ceci a suscité le lancement en 2002 du Groupement d'intérêt scientifique (GIS) Agenae¹⁴, bientôt suivi de la mise en place d'un grand programme pluriannuel de l'Agence Nationale de la Recherche (ANR) baptisé 'Genanimal'. Dans les faits et comme l'avaient souhaité ses fondateurs, Agenae a induit une implication grandissante des filières d'élevage dans l'orientation et le cofinancement de la recherche. Un autre effet de ce programme a été l'accroissement des collaborations entre des chercheurs du DGA et des chercheurs d'autres départements scientifiques de l'INRA, dans le secteur animal (physiologie, santé) ou végétal (génétique et amélioration des plantes).
- 34 Concrètement, au début des années 2000, des programmes de sélection assistée par gènes (SAG, exemple du gène PrP pour l'éradication de la tremblante ovine¹⁵) ou de sélection assistée par marqueurs (SAM, exemple de la sélection des bovins laitiers, qui devint assistée à partir de 2001 par la prise en compte de 14 régions à QTL) ont été conduits avec succès (Elsen, 2011). En matière de finalités de la sélection animale, le DGA a œuvré pour revisiter les objectifs de sélection. Initialement très tournés sur la productivité, les objectifs ont progressivement introduit la qualité des produits dans les années 80 puis les caractères dit fonctionnels (reproduction, résistance aux maladies, longévité...) au cours des années 90 et ils sont régulièrement remis à jour. L'idée d'une sélection raisonnée dans une perspective de développement durable a été introduite par Olesen et al. (2000). Cette préoccupation légitime est, pour les généticiens et les sélectionneurs, une invitation à revisiter la nature et la hiérarchie des objectifs assignés à la sélection animale. A titre d'exemple, le projet pluridisciplinaire COSADD¹⁶ (Dockès

et al., 2011) a permis de préciser, par des enquêtes auprès de toutes les parties prenantes, les attentes exprimées dans les principales filières animales : enjeux de compétitivité économique, impacts environnementaux des activités d'élevage (nature et importance des rejets), bien-être animal (alternatives à la castration des porcs mâles, ...), qualités sanitaires et organoleptiques et traçabilité des produits animaux, éthique de la sélection animale, etc.

La sélection génomique : un nouvel âge d'or ?

- 35 Signe du fort intérêt porté à cette nouvelle approche de l'amélioration génétique chez les animaux comme chez les végétaux, la sélection génomique est l'un des huit 'méta-programmes' qui ont été retenus dans le document d'orientation 2010-2020 de l'INRA. Cette forme de sélection, dont la méthodologie a été proposée par Meuwissen et al. (2001), repose sur l'estimation de la valeur génétique de candidats à la reproduction à partir de leur génotype à de nombreux polymorphismes SNP. L'effet de ces polymorphismes (effet statistique car ces marqueurs n'ont généralement pas de rôle biologique propre) est préalablement évalué puis vérifié en permanence dans une population dite de référence, c'est-à-dire de taille suffisante et disposant à la fois des génotypes et des phénotypes. Le génotypage des animaux candidats est réalisable dès leur naissance et dans les deux sexes, permettant une évaluation précoce et indépendante de l'obtention des phénotypes. Le contexte des races bovines laitières réunit un maximum d'éléments jouant potentiellement en faveur de cette innovation. C'est ainsi que, grâce à un partenariat entre l'INRA, LABOGENA et la fédération française des coopératives d'insémination (UNCEIA), il a été possible dès 2009 de mettre en œuvre sur le terrain la sélection génomique pour les trois principales races bovines laitières élevées en France, à savoir la Prim'Holstein (bénéficiant par ailleurs d'un partenariat européen), la Montbéliarde et la Normande (Guillaume et al., 2011). En 2016, la sélection génomique est appliquée dans 12 races bovines, laitières ou allaitantes.
- 36 L'intérêt d'une mise en œuvre de la sélection génomique dans d'autres espèces ou contextes dépend de l'importance de ses avantages techniques (notamment la réduction des intervalles de génération), de la nature des caractères sélectionnés (cas des caractères exprimés dans un seul sexe, mesurables tardivement dans la vie de l'animal, difficiles à mesurer, ...), et surtout de paramètres économiques, en particulier du coût des génotypages comparé à celui des contrôles de performances actuellement en place, et de la possibilité pratique d'investir dans une population de référence.

De la sélection génomique 1.0 à la sélection génomique 2.0

- 37 La prochaine évolution attendue de la sélection, qui fait d'ores et déjà l'objet de programmes de recherche (Boichard et al., 2015), est l'exploitation des données de séquence du génome complet, dont l'obtention est permise à des coûts de moins en moins élevés. Outre un nécessaire accroissement des capacités de calcul informatique (encore !), cette évolution requiert un changement de paradigme : on passe d'une génétique où l'information est discontinue (des gènes ou des marqueurs plus ou moins distants sur le génome) à une génétique où l'information est continue (la séquence

nucléotidique par nucléotide). Cette évolution entraîne ainsi une nécessaire évolution des compétences des chercheurs comme des praticiens de la sélection. On peut aussi s'interroger sur les conséquences de la sélection génomique sur le devenir du socle collectif des programmes d'amélioration génétique, la motivation des éleveurs-sélectionneurs de base face à une 'externalisation' grandissante de leur mission sociale ou le régime de propriété des données nécessaires à la sélection (Guillaume et al., 2011 ; Labatut et al., 2013).



Brebis et agneaux INRA , une lignée synthétique constituée par croisement avancé entre Berrichon du Cher et Romanov, et devenue race Romane
INRA



Brebis et agneaux INRA , une lignée synthétique constituée par croisement avancé entre Berrichon du Cher et Romanov, et devenue race Romane

INRA

L'évolution des synergies entre recherche, formation et activité de sélection

- 38 L'histoire de la génétique animale à l'INRA est riche d'une forte intrication entre des recherches cognitives et le développement des programmes de sélection qui ont nourri ces recherches. Pour les ruminants et le porc, l'INRA héberge la base de données nationale, investit dans les méthodologies et fournit régulièrement des évaluations génétiques, l'outil indispensable pour conduire une sélection efficace. En contrepartie de sa contribution pour la sélection, dans ces filières, l'INRA accède à ces données pour ses recherches sur la structure du génome, le déterminisme génétique des caractères et la dynamique des populations dans leurs milieux. Cette recherche, le premier métier de l'INRA, fait avancer les connaissances et conduit régulièrement à des innovations. L'investissement de la recherche sur la sélection à l'INRA permet un transfert rapide des innovations. A titre d'exemple, seulement une année a séparé les travaux de développement de l'évaluation génomique chez les bovins laitiers de l'officialisation des évaluations génétiques correspondantes, autorisant l'utilisation commerciale de la semence de jeunes taureaux sans descendance encore connue.



L'INRA a montré l'intérêt des races chinoises pour la prolificité et la survie des porcelets. Ces races ont été intégrées dans plusieurs lignées synthétiques largement diffusées.

INRA

- 39 En parallèle, le développement du secteur de la sélection a nécessité le recrutement de jeunes formés aux outils et aux méthodes de la sélection animale. Dès ses débuts, le DGA a entretenu des liens forts avec certains établissements d'enseignement supérieur, écoles agronomiques ou vétérinaires et universités. Cela s'est traduit par l'investissement de nombreux chercheurs dans différentes formations. Les investissements les plus significatifs, prenant la forme d'une co-construction avec des enseignants-chercheurs, ont sans doute été, d'une part, la seule formation en France de type DEA ou master centré sur la génétique quantitative appliquée à l'élevage (Universités Paris-XI et de Tours, INA P-G devenu AgroParisTech) et, d'autre part, le cycle de formation continue 'CSAGAD' consacré à la sélection animale, créé en 1969 par Jacques Bougler, à l'INA P-G. Le DGA contribue également fortement à la vie de plusieurs écoles doctorales en France ainsi qu'à un programme doctoral européen (<http://www.egsabg.eu/>). Soulignons enfin la publication d'ouvrages pédagogiques, soit à titre individuel (Ollivier, 1981 ; Minvielle, 1990) ou collectif (INRA, 1992, 2000, 2011).
- 40 La loi d'orientation agricole de 2006, instaurant une plus grande concurrence entre opérateurs, d'une part, et le développement de la sélection génomique, qui implique un effort ciblé de phénotypage pour la constitution d'une population de référence, d'autre part, contribuent à une moindre mise en commun des données. A l'évidence, les évolutions en cours dans la réglementation européenne vont modifier le positionnement de l'INRA : n'occupant plus un rôle central dans l'organisation de la sélection animale et les opérateurs s'autonomisant rapidement, l'I ne maintiendra sa place, en France comme à l'international, qu'en se maintenant sur le front de l'innovation et en couplant le cognitif et l'ingénierie, selon le vieil adage de Kant : *La théorie sans la pratique est impuissante, la pratique sans la théorie est aveugle.*

Conclusion

- 41 En 65 ans de présence de la génétique animale à l'INRA dont 53 ans d'existence d'un département de recherche dédié à cette discipline, beaucoup de choses ont été, nous semble-t-il, accomplies dans un domaine qui a connu plusieurs 'révolutions' majeures au fil du temps et a produit des résultats tangibles et incontestés.
- 42 Les contours du DGA ont finalement peu changé depuis l'origine. La part croissante des effectifs de chercheurs du DGA par rapport à l'ensemble des départements de l'INRA¹⁷ atteste du dynamisme scientifique et de l'impact d'un département résolument tourné vers la recherche finalisée et fortement engagé dans l'action sur le terrain pour apporter sa pierre à l'indispensable renforcement puis au maintien de la compétitivité de l'élevage français.
- 43 La sélection animale a été parfois considérée comme trop 'productiviste' par certains ou trop 'normative' par d'autres. Ce point de vue est pour le moins à nuancer, comme en témoignent entre autres l'attention portée à des caractères d'adaptation (longévité des animaux, par exemple) ou la place significative accordée à la question des ressources génétiques et au souci de préservation de la diversité. On se doit toutefois de reconnaître qu'il y a eu, pendant quelques décennies, une certaine 'inertie' des objectifs de la sélection animale et que l'obtention de populations hautement spécialisées pour une fonction physiologique (croissance corporelle, lactation, dépôt de muscle, ...) s'est souvent faite au détriment de leurs aptitudes de reproduction ou de leur robustesse. Lorsque les virages ont été pris au cours des années 1990, ils ont pu paraître peu visibles car il faut du temps (une dizaine d'années chez les bovins) pour observer le résultat, à l'échelle de la population, d'une décision de sélection.
- 44 L'histoire de la génétique animale n'est évidemment pas terminée. De nouveaux champs de recherche s'ouvrent, faisant une part croissante à la compréhension des mécanismes biologiques (cf. remarque générale plus bas). Une évolution majeure concerne le séquençage de l'ADN. Elle rend possible l'abord de questions totalement nouvelles car considérées comme irréalistes auparavant. Par exemple, des projets sont lancés sur l'identification systématique des QTL responsables de la variabilité génétique des caractères, sur l'étude de la variabilité d'expression du génome et des phénomènes épigénétiques¹⁸, ou sur l'interaction entre l'individu et sa flore digestive. Ces évolutions technologiques et thématiques se traduisent aussi par un changement de profil du chercheur généticien, qui devient plus mathématicien, bio-informaticien, biologiste moléculaire, et qui, inévitablement, s'éloigne un peu de la zootechnie. Un enjeu fort consiste à réaliser une osmose toujours plus grande entre les composantes 'génétique quantitative et des populations' et la composante 'génétique moléculaire': le département en a fait depuis longtemps un axe majeur de sa politique et de son action. Compte tenu des évolutions réglementaires, plus 'libérales', de la sélection animale et de l'émergence croissante de grands groupes économiques en compétition entre eux, on peut supposer que son rôle d'acteur directement impliqué dans la sélection, qui a déjà diminué depuis 2006, continuera à diminuer au profit d'un rôle plus tourné d'une part vers la recherche, d'autre part vers l'expertise. Mais face à la progression spectaculaire et à la sophistication des instruments mathématiques et moléculaires de la sélection animale, il est probable que l'INRA reste un partenaire essentiel dans le dispositif génétique français. Il pourra alors continuer à jouer son rôle dans le choix des orientations de l'amélioration génétique (il faudra donc encore quelques

'zootechniciens' dans le DGA !), un sujet qui restera une question d'actualité, y compris à travers la perception de l'image de la sélection animale par nos concitoyens.

BIBLIOGRAPHIE

- Bidanel J.-P., Boichard D., Chevalet C., De la génétique à la génomique, *Inra Productions Animales*, vol. 21, 2008, p. 15-32.
- Boichard D., Ducrocq V., Fritz S., Sustainable dairy cattle selection in the genomic era, *Journal of Animal Breeding and Genetics*, vol. 132, 2015, 135-143.
- Bougler J., Delage J., Des herd-books aux Upa, *Ethnozootecnie*, vol. 63, 1999, 69-78.
- Burian R.M., Gayon J., The French school of genetic : from physiological and population genetics to regulatory molecular genetics, *Annual Review of Genetics*, vol. 33, 1999, p. 313-349.
- Chevassus B., Chourout D., Le contrôle de la reproduction chez les poissons. *Bulletin Français de Pisciculture*, Janvier 1979, p. 18.
- Darwin Ch., *The variation of animals and plants under domestication*, Murray, London, 1868.
- Deshayes A., Biologie moléculaire et biotechnologie dans les recherches végétales à l'Inra, 1979-1996, *Histoire de la Recherche Contemporaine*, tome 3, N° 2, 2014, p. 137-153.
- Dockès A.C., Magdelaine P., Daridan D., Guillaumin A., Rémondet M., Selmi A., Gilbert H., Mignon-Grasteau S., Phocas F., Attentes en matière d'élevage des acteurs de la sélection animale, des filières de l'agroalimentaire et des associations. *Inra Productions Animales*, Numéro spécial Amélioration génétique, vol. 24, 2011, pp. 285-296.
- Elsen J.-M., Sélection sur gènes et sélection assistée par marqueurs, *Inra Productions Animales*, numéro spécial 'Amélioration Génétique', vol. 24, 2011, pp. 357-362.
- Fisher R., The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance, *Philosophical Transactions of the Royal Society of Edinburgh*, vol. 52, 1918, p. 399-433.
- Gouyon P.-H., L'introduction de la génétique en France. Colloque 'L'amélioration des plantes, continuités et ruptures', Montpellier, octobre 2002.
- Grosclaude F., Le cas de l'amélioration des espèces d'élevage. In : J. Cranney, 'Inra, 50 ans d'un organisme de recherche', p. 235-250, INRA éditions, Paris, 1996.
- Grosclaude F., Mercier J.-C., Vaiman M., Levéziel H., Gellin J., La génétique moléculaire des espèces d'élevage : des groupes sanguins à la cartographie des génomes. *Inra Productions Animales*, numéro hors-série '50 ans de recherches en productions animales', 1996, p. 57-69.
- Guérin G., Ollivier L., Sellier P., Etude du groupe de liaison Hal, Phi et Pgd chez le porc : disposition relative des trois locus et estimation des taux de recombinaison, *Génétique, Sélection, Evolution*, vol. 15, 1983, p. 55-64.
- Guillaume F., Boichard D., Ducrocq V., Fritz S., Utilisation de la sélection génomique chez les bovins laitiers, *Inra Productions animales*, Numéro spécial 'Amélioration génétique', vol. 24, 2011, p. 363-368.

- Henderson C.H., Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model, *Biometrics*, vol. 31, 1975, p. 423-447.
- Hospital F., L'épigénétique en sélection animale : si oui, comment ?, Les colloques de l'Académie d'Agriculture de France, n° 1, 2013, p. 49-55.
- Inra, Génétique quantitative, *Inra-Productions Animales*, hors-série, 1992.
- Inra, Génétique moléculaire, *Inra-Productions Animales*, hors-série, 2000.
- Inra, Amélioration génétique, *Inra-Productions Animales*, hors-série, 2011.
- Johannsen W., The genotype conception of heredity. *The American Naturalist*, vol. 45, 1911, p. 129-149.
- Labatut J., Aggeri F., Allaire G., Etudier les biens communs par les changements institutionnels : régimes de propriété autour des races animales face à l'innovation génomique, *Revue de la Régulation*, 14, 2e semestre, automne 2013 (<http://regulation.revues.org/10529>).
- Laloë D., La genèse et le développement des concepts de l'évaluation génétique classique, *Inra Productions Animales*, Numéro spécial 'Amélioration génétique', vol. 24, 2011, p. 323-340.
- Lauvie A., Audiot A., Couix N., Casabianca F., Brives H., Verrier E., Diversity of rare breed management programs : Between conservation and development. *Livestock Science* 140, 2011, p. 161-170.
- Legault C., Ménissier F., Mérat P., Ricordeau G., Rouvier R., Les lignées originales de l'INRA : historique, développement et impact sur les productions animales. *Inra Productions animales*, numéro hors-série '50 ans de recherches en productions animales', 1996, p. 41-56.
- Lush J.L., *Animal Breeding Plans*, Collegiate Press, Ames, Iowa, USA, 1937.
- Meuwissen T.H.E., Hayes B.J., Goddard M.E., Prediction of total genetic value using genome-wide dense markers maps, *Genetics*, vol. 157, 2001, 1919-1829.
- Milan D., Jeon J.T., Looft C., Amarger V., Robic A., Thelander M., Rogel-Gaillard C., Paul S., Iannuccelli N., Rask L., Ronne H., Lundstrom K., Reinsch N., Gellin J., Kalm E., Le Roy P., Chardon P., Andersson L., A mutation in PRKAG3 associated with excess glycogen content in pig skeletal muscle. *Science*, vol. 288, 2000, 1248-1251.
- Minvielle F., *Principes d'amélioration génétique des animaux domestiques*, Les Presses de l'Université Laval, Québec, 1990.
- Molénat M., Verrier E. (Ed.) *La gestion des ressources génétiques des espèces animales domestiques*. Lavoisier, Paris, 1989.
- Olesen I., Groen A.F., Gjerde B., Definition of animal breeding goals for sustainable production systems, *Journal of Animal Science*, vol. 78, 2000, p. 570-582.
- Ollivier L., Optimum replacement rates in animal breeding, *Animal Production*, vol. 19, 1974, pp. 257-271.
- Ollivier L., *Eléments de génétique quantitative*, Masson, Paris, 1981.
- Ollivier L., Jay Lush, promoteur de la sélection animale moderne. Quelques réflexions à partir de ses travaux, Académie d'Agriculture de France, note académique, 2008.
- Ollivier L., Foulley J.-L., Indicateurs de diversité génétique animale, Académie d'Agriculture de France, séance du 23 janvier 2013.

Poly J., Vissac B., Les applications présentes de la génétique aux problèmes de l'amélioration des principaux mammifères domestiques. In : Regards sur la France, n° 32, p. 205-213, S.P.E.I., Paris, 1966.

Poutous M., Vissac B., Recherches théoriques des conditions de rentabilité maximum de l'épreuve de descendance des taureaux d'insémination artificielle, *Annales de Zootechnie*, vol. 11, 1962, p. 233-256.

Vignal A., Etat actuel du séquençage et de la connaissance du génome des espèces animales, *Inra Productions Animales*, numéro spécial 'Amélioration génétique', vol. 24, 2011, p. 387-404.

Wood R.J., Orel V., Genetic prehistory in selective breeding : a prelude to Mendel, Oxford University Press, 2001.

Vissac B., *Les vaches de la République*. INRA Editions, Paris, 2002.

NOTES

1. L'anglais Robert Bakewell (1725-1795), un sélectionneur de moutons, est généralement considéré comme ayant été le pionnier dans ce domaine (Wood et Orel, 2001).
2. La manière dont un individu nous apparaît. Pour un caractère quantitatif comme la taille ou le poids, le phénotype est le résultat d'une mesure de ce caractère effectuée sur l'individu considéré.
3. La nature des deux allèles que possède un individu (un d'origine paternelle et un d'origine maternelle) pour un gène donné, pour une série de gènes ou sur l'ensemble de son génome.
4. Le premier livre généalogique à voir le jour en France est celui des chevaux de pur-sang anglais, dont le tome inaugural date de 1838.
5. Le livre généalogique de la race bovine Normande, créé en 1883, a été présidé jusqu'en 1920 par le préfet du Calvados !
6. L'ouvrage, écrit en français, de Georges Malécot (Les mathématiques de l'hérédité, 1948) a connu du succès à l'étranger mais est longtemps passé inaperçu en France.
7. Cette loi n'était pas que 'génétique'. Elle comportait aussi un volet sur la création d'organismes de développement et un volet sur les subventions aux bâtiments d'élevage. On retrouvait là une idée chère à J. Poly, concernant ce qu'il appelait les '3c' : connaissances (la recherche), compétences (le développement et la formation), crédits. Pour une histoire détaillée de la mise en place de cette loi et de ses conséquences, voir par exemple Vissac 2002.
8. Réunissant à parité des représentants des pouvoirs publics, de la recherche et de l'enseignement supérieur, d'une part, et des responsables des opérateurs de la sélection, d'autre part, la CNAG constituait un dispositif tout à fait original en Europe.
9. Le grand mérite de la méthodologie Blup (*Best linear unbiased prediction*) appliqué à un modèle animal réside dans l'utilisation exhaustive des informations disponibles (parentés et performances) et la fourniture de comparaisons fiables des valeurs génétiques dans le temps et dans l'espace. Pour plus de détails, voir Laloë (2011).

10. Des mises au point très documentées sur le développement et les acquis de la génétique moléculaire des espèces d'élevage à l'INRA ont été publiées par Grosclaude et al. (1996) et Bidanel et al. (2008).
 11. La technique PCR (*Polymerase chain reaction*) permet, *in vitro*, de copier en très grand nombre une séquence d'ADN donnée.
 12. Le polymorphisme des microsatellites consiste en une variation du nombre de courtes séquences répétées d'ADN. Le nombre élevé d'allèles (souvent compris entre 5 et 10) rend les microsatellites très informatifs.
 13. Les principales réalisations des équipes Inra dans ce domaine ont concerné des gènes influençant la qualité de la viande chez le porc, la prolificité ou le développement musculaire chez le mouton, l'intersexualité chez la chèvre.
 14. Partenaires du GIS Agenae (Analyse du GENome des Animaux d'Elevage) à l'origine : deux organismes de recherche publique (Inra et Cirad) et des associations professionnelles (Apis-Gene, Bioporc, Agenavi, Cipa) représentant les quatre espèces de référence retenues par le GIS (boeuf, porc, poule et truite).
 15. Forme d'encéphalopathie spongiforme subaigüe transmissible. Le gène 'PrP' de la protéine prion présente un important polymorphisme associé à des différences substantielles de résistance ou de sensibilité à cette maladie.
 16. COSADD : critères et objectifs de sélection animale pour un développement durable.
 17. Effectifs des chercheurs titulaires du cadre scientifique dans le DGA : 19 en 1964 et 86 en 2012, soit respectivement 2,7 % et 4,7 % de l'ensemble de l'INRA.
 18. Pour plus de détails sur cette question complexe, voir Hospital (2013).
-

RÉSUMÉS

Une vingtaine d'espèces de mammifères ou d'oiseaux ont été domestiquées par l'homme à des fins d'élevage, à partir de l'époque néolithique. Les mots 'génétique', 'gène' et 'génotype' apparaissent dans les premières années du XXe siècle mais l'idée d'amélioration des animaux domestiques vient de beaucoup plus loin. Une forme de sélection empirique a été opérée par les premières communautés d'éleveurs, portant sur des caractères favorisant le processus de domestication lui-même, comme la docilité.

After briefly recalling the steps that led to the outbreak of quantitative genetics, i.e. the main theoretical framework of animal breeding, we survey the principal landmarks of the story of animal genetics at the National Institute for Agricultural Research, since the first recruitment of scientists working in this field in 1950. This story has included organizational changes, among which the creation of the Animal Genetics Division occurred in 1963. On scientific grounds, major innovations have dealt with statistical methods for predicting breeding values and the use of an increasing amount of genomic data, these changes being allowed by the dramatic increase in computing power.

AUTEURS

PIERRE SELLIER

Directeur de recherche INRA, département de génétique animale,

DIDIER BOICHARD

Directeur de recherche INRA, UMR 1313 Génétique Animale et Biologie Intégrative, Domaine de Vilvert, Bat 211, 78352 Jouy en Josas,

ETIENNE VERRIER

Professeur de génétique animale, INRA, UMR GABI, F-78350 Jouy-en-Josas.