



HAL
open science

Sélection génomique en ovins laitiers en France : principaux résultats et conséquences pour la mise en place de schémas de sélection génomique

Francis F. Barillet, Guillaume G. Baloché, Diane Buisson, Gilles Lagriffoul,
Xavier Aguerre, Patrick Boulenc, Francis Fidele, Gilles Frégeat, Béatrice
Giral-Viala, Pascal Guibert, et al.

► To cite this version:

Francis F. Barillet, Guillaume G. Baloché, Diane Buisson, Gilles Lagriffoul, Xavier Aguerre, et al..
Sélection génomique en ovins laitiers en France : principaux résultats et conséquences pour la mise en
place de schémas de sélection génomique. 21. Rencontres autour des Recherches sur les Ruminants,
Dec 2014, Paris, France. pp.411. hal-02743895

HAL Id: hal-02743895

<https://hal.inrae.fr/hal-02743895>

Submitted on 3 Jun 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.

Sélection génomique en ovins laitiers en France: principaux résultats et conséquences pour la mise en place de schémas de sélection génomique

BARILLET F. (1), BALOCHE G. (1), BUISSON D. (1, 3, 5), LAGRIFFOUL G. (2), AGUERRE X. (3), BOULENC P. (4), FIDELE F. (3), FREGEAT G. (5), GIRAL-VIALA B. (4), GUIBERT P. (6), PANIS P. (6), SOULAS C. (3), ROBERT-GRANIE C. (1), LARROQUE H. (1), LEGARRA A. (1), ASTRUC J.M. (2)

(1) INRA-UMR1388, F-31326 Castanet-Tolosan, France

(2) Institut de l'Elevage, F-31326 Castanet-Tolosan, France

(3) CDEO, F-64130 Ordiarp, France

(4) Ovitest, F-12850 Onet-le-Château, France

(5) OS Upra Lacaune, F-12026 Rodez, France

(6) Service Elevage de la Confédération Générale de Roquefort, F-12103 Millau, France

RESUME

La sélection des brebis laitières en France est fondée actuellement sur le testage sur descendance de 440, 50, 30, 30 et 150 béliers d'IA par an, respectivement en races Lacaune lait (LL), Basco-Béarnaise (BB), Corse, Manech tête noire (MTN) et Manech tête rousse (MTR). Depuis 2010 nous avons conduit des programmes de recherche-développement sur la faisabilité de la sélection génomique (SG) en ovins laitiers en France. Les principaux résultats sont les suivants: (1) les populations de référence atteignent en 2013 un nombre de béliers d'IA de 4841 LL, 509 BB, 361 MTN, et 1425 MTR; (2) étant donné que la précision des index génomiques varie peu avec les méthodes testées, la méthode GBLUP en une seule étape (ssGBLUP) a été retenue; (3) le gain de précision des prédictions génomiques par rapport au choix sur ascendance est compris entre 0.10 et 0.20 point, selon le caractère et la race considérés; (4) le gain de précision génomique est plus limité que celui constaté pour les grandes races bovines laitières, en accord avec des effectifs génétiques plus importants en ovins laitiers.

Les schémas de sélection génomique conçus en ovins laitiers sont comparables aux schémas hybrides des petites races bovines scandinaves, qui combinent sélection génomique précoce et sélection phénotypique modérée à l'arrivée des index sur descendance. Avec une pression de sélection génomique comprise entre 1/3 et 1/4 pour les jeunes béliers, le gain génétique annuel est accru de 10 % à 15 %, avec une réduction du cheptel de béliers d'IA de 20 à 40 % permettant de compenser les coûts de génotypage. Une expérimentation de sélection génomique en race LL a permis de valider les pressions de sélection minimales à réaliser pour de tels schémas hybrides. Les organisations de sélection ont décidé de basculer en sélection génomique en 2015 en race LL et dans un futur proche en races ovines laitières des Pyrénées (ROLP), misant sur une meilleure flexibilité des schémas de sélection génomique. La SG débouche donc sur des modifications majeures des modalités de sélection des ovins laitiers en France, dont nous évoquons les évolutions techniques, économiques et organisationnelles.

Genomic selection in French dairy sheep: main results and design for the implementation of genomic breeding schemes

BARILLET F. (1), BALOCHE G. (1), BUISSON D. (1, 3, 5), LAGRIFFOUL G. (2), AGUERRE X. (3), BOULENC P. (4), FIDELE F. (3), FREGEAT G. (5), GIRAL-VIALA B. (4), GUIBERT P. (6), PANIS P. (6), SOULAS C. (3), ROBERT-GRANIE C. (1), LARROQUE H. (1), LEGARRA A. (1), ASTRUC J.M. (2)

(1) INRA-UMR1388, F-31326 Castanet-Tolosan, France

SUMMARY

The selection of French dairy sheep breeds is presently based on annual progeny-testing of 440, 50, 30, 30, and 150 AI rams, respectively in Lacaune (LL), Basco-Bearnaise (BB), Corse, black-faced Manech (BFM), and red-faced Manech (RFM) breeds. Since 2010 we have been studying the feasibility of genomic selection (GS) in the above breeds. The main results are the following: (1) the size of the reference populations reached in 2013 4841 (LL), 509 (BB), 331 (BFM), 1424 (RFM) AI rams; (2) since the accuracies of different genomic evaluation methods were shown to be similar, the single step GBLUP method was chosen; (3) a gain in accuracy of genomic predictions over parent average ranged from 0.10 to 0.20, depending on the trait and breed; (4) a gain in accuracy was more limited than in large breeds like dairy cattle, in agreement with a larger effective population size in French dairy sheep breeds.

The design of a genomic breeding scheme in dairy sheep is comparable to hybrid schemes implemented in small Scandinavian dairy cattle populations, which combine an initial genomic selection with a moderate phenotype selection at the arrival of the first proofs. With a genomic selection pressure between 1/3 and 1/4 in 3 month-old rams, the annual genetic gain will be increased by 10 to 15 % with a reduction of the AI livestock in the range of 20-40 %, hardly balancing genotyping costs. A genomic experiment carried out in AI LL rams born in 2011 and 2012 validated such a GS pressure around 1/3. Finally, the breeding organizations decided to move towards genomic selection in 2015 in Lacaune and in a near future in Pyrenean breeds, expecting a greater flexibility from the genomic scheme. SG therefore leads to major changes in terms of selection of dairy sheep in France with upcoming changes in technical, economic and organizational aspects.

INTRODUCTION

L'amélioration génétique des ovins laitiers (OL) en France est fondée sur la sélection de 5 races locales par testage sur descendance des béliers d'IA (tableau 1). Ces schémas de sélection classique présentent une bonne à très bonne efficacité, avec un gain génétique annuel compris entre 0,10 et 0,23 écart-type génétique (tableau 1), selon leur taille (nombre de béliers testés par an) et leur ancienneté (2 à 5 décennies).

La disponibilité en 2009 de la puce ovine Illumina 50K SNP et les évolutions en sélection génomique des bovins laitiers ont stimulé les études de faisabilité de la sélection génomique (SG) en OL, via une série de contrats, mis en œuvre à partir de 2010 (Roquefort'in, Genomia, Cosegov, Degeram). Les tâches techniques suivantes ont été abordées : (1) constituer des populations de référence fondées sur les béliers d'IA ; (2) étudier la précision des indexations génomiques ; (3) réaliser une expérimentation de sélection génomique ; (4) concevoir des schémas de SG adaptés aux spécificités génétiques et physiologiques (IA en semence fraîche) des OL ; et chiffrer les variations de coûts par rapport aux schémas classiques.

Nous passons en revue les principaux résultats et les enseignements ou décisions qui ont ainsi été prises depuis 2010, en vue du passage éventuel à la SG en OL en France.

1. SCHEMAS ACTUELS DE SELECTION DES OVINS LAITIERS EN FRANCE

L'amélioration génétique des ovins laitiers repose sur une gestion pyramidale de la population avec, d'une part un noyau de sélection (éleveurs en contrôle laitier officiel (CLO)) constitué d'au moins 15 à 20 % des brebis de la race (Barillet, 1997), d'autre part des éleveurs utilisateurs (en contrôle laitier simplifié ou hors contrôle) bénéficiant de la génétique du noyau de sélection (principalement via l'IA ou les béliers de MN fils de béliers d'IA). Le noyau de sélection adhère au CLO et pratique un taux minimum d'IA pour contribuer à la fois à la procréation et au testage des béliers.

Tableau 1 : Importance des schémas de sélection des ovins laitier en France

Race	Taille de la population ♀	Noyau de sélection ♀ (%)	Nombre de béliers d'IA en testage par an	Nombre total de béliers aux CIA	Nombre total d'IA dans la population (% dans le noyau)	Caractères (**) dans l'index de synthèse (ISOL) + gène PrP (gain génétique annuel en σ)
Lacaune (*)	890 000 ♀	172 462 (19 %)	440 ♂	1400 ♂	400 000 (85 %)	Lait, tb, tp, ccs, mamelle (0,23 σ)
Corse	83 000 ♀	15 944 (19 %)	30 ♂	150 ♂	6500 (40 %)	Lait (0,10 σ)
Manech tête rousse	274 000 ♀	80,260 (29 %)	150 ♂	600 ♂	62 000 (60 %)	Lait, tb, tp (0,17 σ)
Manech tête noire	80 000 ♀	12 438 (16 %)	30 ♂	175 ♂	7000 (45 %)	Lait, tb, tp (0,11 σ)
Basco-Béarnaise	75 000 ♀	24 386 (32 %)	50 ♂	200 ♂	150 (55 %)	Lait, tb, tp (0,16 σ)

(*) Somme des 2 entreprises de sélection (ES) (**) tp=taux protéique, tb=taux butyreux, ccs=comptage de cellules somatiques

Elles concernent actuellement des béliers nés de 1999 à 2013 en race LL, de 1999 à 2009 en races MTR et MTN, et de 2000 à 2012 en race BB. Au moins 90 % des béliers de chaque millésime est génotypé à partir du millésime 2003 en race LL (génotypages partiels des millésimes antérieurs pour détection de QTL) et pour tous les millésimes des ROLP.

Il y a donc 2 situations distinctes avec, d'une part les races LL et MTR qui disposent *a priori* de populations de référence compatibles avec la SG intra-race, d'autre part les races MTN et BB pour lesquelles les populations de référence sont de taille plus limitées (tableau 2).

L'IA étant pratiquée en semence fraîche, avec une saisonnalité marquée, un schéma de sélection classique en OL suppose donc un cheptel important de béliers vivants, moyennement connus à l'issue du testage (sur 30 à 40 filles) et à capacité individuelle de diffusion modérée.

L'éleveur ne peut choisir individuellement les béliers d'IA (contrainte liée à l'IA en semence fraîche), qui sont répartis par catégories : les béliers en testage et les pères à béliers (PAB) pour les éleveurs en CLO ; les pères à filles (PAF) et en partie les PAB (si disponibles) pour les éleveurs utilisateurs.

Dans la situation classique actuelle (tableau 1), on distingue une grande population en race Lacaune (LL), une population de taille moyenne en race Manech tête rousse (MTR) et trois populations de plus petite taille en races Corse, Manech tête noire (MTN) et Basco-Béarnaise (BB). Le cheptel total de béliers d'IA varie donc de 1400 (2 x 700 avec 2 entreprises de sélection (ES)) en race LL, à près de 200 pour les 3 plus petites populations, en passant par 600 en race MTR.

2. LES POPULATIONS DE REFERENCE DISPONIBLES FIN 2013

La pratique de l'IA à grande échelle en semence fraîche entraîne une conservation non systématique de paillettes de semence congelée pour tous les béliers d'IA. Aussi à la fin des années 90, le stockage du sang des béliers d'IA a été organisé à LABOGENA. Fin 2013, ce stockage comprend 13 416 béliers d'IA des 5 races ovines laitières françaises (de millésime 1990 pour les plus anciens).

Le génotypage a été réalisé avec la puce Illumina 50k, qui inclut 54 241 SNP. Après nettoyage, ce sont 42 039 (77 %) et 38 287 (70 %) SNP qui sont utilisables pour des calculs génomiques respectivement en race LL et en ROLP (tableau 2). Les populations de référence, correspondant aux béliers testés sur descendance et génotypés avec la puce ovine 50K, comprennent, fin 2013, respectivement 4841, 1424, 331 et 509 béliers des races LL, MTR, MTN et BB.

Tableau 2 : Taille des populations de référence disponibles en ovins laitiers fin 2013.

Race	Nombre de Béliers d'IA avec sang stocké	Nombre de béliers génotypés (millésimes)	Nombre de SNP utilisables pour calculs
Lacaune	8 873	4841 (1999-2013)	42 039
Corse	200	0	
MTR	2 635	1424 (1999-2009)	38 287
MTN	614	331 (1999-2009)	
BB	824	509 (2000-2012)	

3. EVALUATIONS GENOMIQUES EN RACES OVINES LAITIÈRES FRANÇAISES

3.1. DEMARCHE / DECISIONS

Le passage des marqueurs microsatellites aux marqueurs SNP n'a pas permis une augmentation remarquable du nombre de QTL détectés pour les caractères d'intérêt en OL, aussi bien en familles de petites filles LL (Rupp et al., 2013) qu'en croisements Sarde x Lacaune (Carta et al., 2014). Il était donc difficile d'envisager d'utiliser la méthode BLUP-QTL mise en œuvre en France pour les trois grandes races bovines laitières (Ducrocq et al., 2014).

Nous avons alors vérifié, en race LL, que d'autres méthodes (GBLUP, Bayes Cπ, PLS, sPLS) fournissaient des index génomiques aux précisions très comparables (Duchemin et al., 2012), probablement en raison du faible nombre de gènes majeurs ou grands QTL pour les caractères d'intérêt. Par ailleurs ces calculs nécessitent deux étapes : première étape d'indexation classique BLUP fournissant les Daughter Yield Deviations (DYD) considérés comme phénotypes des béliers pour la deuxième étape de calcul d'index génomiques. De plus, ils posent des problèmes complexes résolus de façon approchée, pour intégrer les effets de présélection génomique dans l'indexation polygénique classique (création de pseudo-filles pour les mâles éliminés par la présélection génomique (Patry et Ducrocq, 2011)). Nous avons donc choisi d'utiliser la méthode Single Step GBLUP (ssGBLUP).

L'objectif était donc de comparer les index génomiques GBLUP calculés en 2 étapes (avec les DYD des seuls béliers génotypés), avec les index génomiques pseudo-ssGBLUP en 2 étapes (avec les DYD de tous les béliers, génotypés ou pas), et avec les index génomiques obtenus en une seule étape ssGBLUP (à partir des performances des brebis, des pedigrees et de tous les animaux génotypés). On estime ainsi en un calcul unique des index génomiques à la fois pour les béliers et les brebis qu'ils soient génotypés ou pas. Par ailleurs, cette indexation génomique en une étape ssGBLUP est apte à tenir compte de toute présélection génomique, sous réserve d'inclure dans l'indexation les génotypes de tous les candidats (Patry et Ducrocq, 2011). L'expérience de sélection génomique présentée au paragraphe 4 ci-après en fournit une illustration claire.

3.2. PRECISION DES INDEX GENOMIQUES

Les tests de gain de précision des index génomiques GBLUP par rapport à l'ascendance classique BLUP, présentés dans les tableaux 3 et 4, ont été réalisés conformément aux méthodes préconisées par Interbull (Mäntysaari et al., 2010). Les index génomiques en race LL apportent un gain de précision compris entre 0,10 et 0,20 points, selon le caractère considéré (Baloche et al., 2014a), plus marqué pour les index ssGBLUP calculés en une seule étape (tableau 3).

Tableau 3 : Gain de précision des index génomiques en race LL pour les caractères laitiers, les CCS et la morphologie. (Baloche et al., 2014a).

[♂ génotypés: apprentissage 1593 ♂ - validation : 592 ♂]

trait	Précision des index			
	BLUP (ascendance)	pseudo ssGBLUP	ssGBLUP	Gain de précision ssGBLUP
LAIT	0,32	0,43	0,47	0,15
TB	0,58	0,65	0,71	0,13
TP	0,54	0,62	0,70	0,16
CCS	0,49	0,59	0,59	0,10
SILLON	0,48	0,61	0,67	0,20

La comparaison des gains de précision des index génomiques entre bovins et ovins laitiers en France (tableau 4) confirme le statut très favorable en race Holstein

(Hol) tant pour la grande taille de la population d'apprentissage que de l'effectif génétique (Ne) plus petit (mais consanguinité plus élevée de la population). Les résultats en race bovine Montbéliarde (Mon) et ovines LL ou MTR apparaissent comme assez comparables pour le LAIT, ce qui est intéressant pour les OL français, d'autant que les mâles de la population d'apprentissage sont moins bien connus en OL (testage sur 30 à 40 filles) qu'en BL (testage sur 80 filles) dans les schémas classiques.

Tableau 4 : Comparaison pour le LAIT du gain de précision des index génomiques en bovins et ovins laitiers en France. (Fritz et al., 2010 ; Baloche et al., 2014 a; Legarra et al. 2014).

LAIT	Bovins		Ovins		
	Hol	Mon	LL	MTR	BB
ascendance génomique	0,33	0,30	0,32	0,29	0,46
Gain de précision	0,60	0,47	0,47	0,43	0,52
♂ apprentissage	13 000	1 500	1 593	1 002	194
Effectif génétique	50	80	200	120	65

3.3. EVOLUTIONS ET PERSPECTIVES

Nous avons intégré fin 2013 un effet « groupe de parents inconnus » dans les index ssGBLUP (dans le package BLUPF90 de l'Université de Géorgie, USA), ce qui a un impact majeur sur la bonne estimation du gain génétique annuel (Astruc et al., 2014). Nous travaillons actuellement à la prise en compte des hétérogénéités de variance, pour disposer d'une indexation ssGBLUP aboutie en 2015.

4. EXPERIMENTATION DE SELECTION GENOMIQUE EN RACE LL

Une expérience de sélection génomique a été réalisée pour les béliers d'IA de race LL des millésimes 2011 et 2012, visant, à la fois à valider en situation réelle la pertinence de nos prédictions génomiques (GBLUP) et à vérifier l'efficacité d'une présélection génomique au taux de un tiers.

Pour l'instant seuls les résultats des béliers 2011 sont disponibles: l'expérimentation a consisté à ventiler les 1285 béliers candidats à la mise en testage, issus de 46 pères à béliers (PAB) (28 fils par PAB), en 2 groupes de *béliers classiques* (482 fils ou 10 par PAB) et de *béliers génomiques* (803 fils ou 18 par PAB), à index de synthèse (ISOL) sur ascendance (BLUP) identiques (environ 500). Compte-tenu du même taux de 50 % d'élimination sur standard et de la pression de sélection génomique de 1/3 à partir de nos prédictions génomiques GBLUP à l'âge de 3 mois pour les *béliers génomiques*, ce sont 200 *béliers classiques* (5 par PAB) et 128 *béliers génomiques* (3 par PAB), à index ISOL sur ascendance identiques (BLUP) d'environ 500, qui ont été mis en testage (tableau 5).

Ces 328 béliers 2011 ont eu les résultats de leurs premières filles de testage, 30 par bélier, fin 2013, permettant de calculer à la fois des index sur descendance classiques (BLUP) et des index génomiques (ssGBLUP) avec les lactations des 30 filles par bélier et les génotypes des 803 béliers candidats du groupe génomique (dont 128 mis en testage) et des 200 béliers du groupe classique.

La supériorité moyenne des index de synthèse ISOL des *béliers génomiques* est détectée avec les index polygéniques classiques et génomiques, respectivement 0,27 et 0,52 écart-type d'index ISOL (tableau 5).

Mais cette supériorité est sous-estimée de 58 % pour les index BLUP classiques : la connaissance des lactations de 30 filles par bélier ne suffit pas à compenser l'ascendance classique, incapable de tenir compte du meilleur échantillonnage mendélien des *béliers génomiques* (Patry et Ducrocq, 2011). En revanche, ce meilleur échantillonnage est

Tableau 5 : Résultats de testage sur descendance des béliers LL classiques et génomiques nés en 2011 : index de synthèse ISOL (exprimés en dl). (Baloche et al., 2014b)

	Béliers classiques (200 ♂)	Béliers génomiques (128 ♂)
Nombre de PAB	46	
Nbre de candidats (fils)	482 ♂	803 ♂
ISOL BLup (âge 1 mois)	498	498
Présélection génomique (âge 3 mois)	non : 0	oui : 1/3
Nbre de ♂ en testage	200 ♂	128 ♂
ISOL BLup (âge 6 mois)	498	506
Nombre de filles par ♂ (âge 2,5 ans)	30	29
ISOL BLUP		
moyenne (écart-type)	124 (215)	183 (220)
supériorité ♂ génomiques	0,27 écart-type ISOL	
% béliers < 100 ISOL	45 %	32 %
ISOL ssGBLUP		
moyenne (écart-type)	133 (259)	274 (269)
supériorité ♂ génomiques	0,52 écart-type ISOL	
% béliers < 100 ISOL	48 %	24 %
sous estimation du BLUP pour les ♂ génomiques	58 %	

correctement estimé avec les index génomiques ssGBLUP grâce aux génotypes SNP des 803 candidats, dont les 128 béliers génomiques sélectionnés. En pratique, en appliquant le seuil habituel de 100 points d'ISOL pour choisir les béliers améliorateurs (au moins PAF), ce sont usuellement 48 % des béliers classiques qui doivent être éliminés, contre seulement 24 % des béliers génomiques, grâce à la présélection génomique de 1/3.

5. CONCEPTION DE SCHEMAS DE SELECTION GENOMIQUE EN OVINS LAITIERS

Nous savons que le cheptel de béliers d'IA est conséquent en OL (tableau 1). La première indexation sur descendance peut être disponible à l'âge de 2,5 ans. Il n'est pas possible d'envisager un schéma de SG fondé uniquement sur des jeunes béliers génomiques (6 mois et 1,5 ans), car ils seraient incapables de produire (semence fraîche) l'ensemble des doses nécessaires pour faire face aux pics d'IA. Donc seuls des schémas de SG hybrides sont envisageables, comme en petites populations bovines laitières (Thomassen et al., 2014), pour lesquels la carrière des mâles d'IA est mixte : d'abord génomique sans filles, puis classique (connus sur descendance). A noter que de tels schémas mixtes, pour lesquels *in fine* une partie des pères à fils est testée sur descendance, conservent la sécurité des schémas classiques vis-à-vis des risques éventuels d'interaction G x E.

Compte-tenu du schéma pyramidal en OL (Barillet, 1997), seules 2 catégories de béliers seront utilisés dans le noyau de sélection en SG : d'une part *tous* les jeunes béliers génomiques (6 mois, voire 1,5 ans, qui ont une très forte probabilité d'être au moins des PAF, cf tableau 5) *afin d'entretenir la population de référence*, d'autre part les PAB d'abord génomiques (1,5 voire 2,5 ans) puis classiques.

Dans un schéma de SG en OL, il y aura donc une pression de sélection génomique initiale et principale à 3 mois d'âge (r1), complétée par une pression de sélection phénotypique modérée (r2) à l'arrivée des index sur descendance (entretien de la population de référence). Ces 2 étapes de sélection en SG remplaceront l'étape de pression de sélection phénotypique (r) forte (environ 50 %) à 2,5 ou 3,5 ans à l'arrivée des résultats de testage en sélection classique. A même coût de sélection (prérequis des ES en OL), comparée à l'optimum en sélection classique avec une sélection (r) de 50 % à l'arrivée des résultats de testage, en SG des valeurs de 33 % à 25 % pour r1 et de 80 % pour r2 permettent une

augmentation de 10 à 15 % du gain génétique annuel (Buisson et al., 2013 et 2014). Ces résultats de modélisation sont cohérents avec ceux de l'expérimentation de SG en race LL (tableau 5).

Tableau 6 : Cheptels de béliers d'IA en sélection classique (C) ou génomique (SG) (Buisson et al., 2014)

nombre de ♂	race LL (*)		race MTR	
	C	SG	C	SG
candidats à génotyper (r1=1/3)	-	700	-	460
par génération (millésime)	220	120	200	130
cheptel IA total	700	400	600	450
PAB	35	80	30	90

(*) Pour 1 ES (multiplier par 2 pour la race LL)

La réduction du cheptel de béliers d'IA, de 25 % (race MTR) à 45 % (race LL) en SG (tableau 6) permet de compenser les coûts de génotypage, avec une fenêtre de faisabilité plus grande en race LL. Des adaptations techniques ou organisationnelles en SG sont envisagées en race LL (réintroduction des naisseurs tardifs dans le schéma), et en ROLP (probablement maintien des béliers à génotyper dans les élevages en CLO jusqu'à l'obtention de leurs génotypes et entretien de la population de référence en antenais). Les modalités de gestion du cheptel de PAB et la gestion de la variabilité génétique en SG sont actuellement à l'étude.

CONCLUSION

Au final, l'ensemble des travaux conduits depuis 2010 aboutit effectivement au passage à la SG en race LL en 2015 et dans un avenir proche en ROLP, après mise à jour des populations de référence. Le leadership international de la génétique des brebis laitières françaises est ainsi conforté. Le passage à la SG en OL va induire une actualisation des relations contractuelles entre ES/OS et éleveurs sélectionneurs/utilisateurs (Labatut et al., 2014). La SG, avec sa meilleure flexibilité et une augmentation pour l'instant de 10 à 15 % du gain génétique annuel, entrouvre la possibilité de sélectionner d'autres caractères que ceux actuellement inclus dans ISOL de la race LL (tableau 1). Si, à moyen terme, l'optimisation de la gestion des centres d'élevage et la baisse probable du coût des génotypages permettent de réaliser des pressions de sélection génomique comprises entre 1/4 et 1/5, avec alors une augmentation de 15 à 20 % du gain génétique annuel, la fenêtre pour sélectionner de nouveaux caractères sera ainsi grande ouverte.

Ces résultats sont issus des projets ANR-SheepSNPQTL (2009-2011), ROQUEFORT'IN (2010-2013) et GENOMIA (2011-2013), cofinancés par ApisGene, le FUI, le FEDER, le Conseil Régional de Midi-Pyrénées, les Conseils Généraux de l'Aveyron et du Tarn, la Communauté d'Agglomération du Grand Rodez, POCTEFA.

- Astruc J.M., et al., 2014.** Berlin, 39th ICAR session.
Baloche G., et al., 2014a. J. Dairy Sci. 97 :1107-116.
Baloche G., et al., 2014b. 10th WCGALP, Vancouver, p335.
Barillet F., 1997. The Genetics of Sheep. CAB International.
Buisson D., et al., 2013. Nantes EAAP Book, Abstracts p369.
Buisson D., et al., 2014. 10th WCGALP, Vancouver, p898.
Carta A., et al., 2014. 10th WCGALP, Vancouver, p339.
Duchemin S., et al., 2012. J. Dairy Sci. 95:2713-2733.
Ducrocq V., et al., 2014. 10th WCGALP, Vancouver, p054.
Fritz S., et al., 2010. Renc. Rech. Ruminants, 455-458.
Labatut., et al., 2014. INRA Prod. Anim. (à paraître).
Legarra A., et al., 2014. J. Dairy Sci. 97 :3200-3212.
Mäntysaari E., et al., 2010. Interbull Bull. 41 :17-21.
Patry C., Ducrocq V., 2011. J. Dairy Sci. 94:1011-1020.
Rupp R. et al., 2013. Nantes, EAAP Book Abstracts, p597.
Thomassen J.R., et al., 2014. J. Dairy Sci. 97 :458-470