La sélection génomique des ovins laitiers en France : stratégies, premiers résultats des évaluations génomiques et perspectives

Jean-Michel Astruc, Guillaume G. Baloche, Helene H. Larroque, Ignacia Beltran de Heredia, Julie Labatut, Gilles Lagriffoul, Carole Moreno-Romieux Moreno, Christèle Robert-Granié, Marie-Yvonne Boscher, Céline Chantry-Darmon, et al.

▶ **To cite this version:**

Jean-Michel Astruc, Guillaume G. Baloche, Helene H. Larroque, Ignacia Beltran de Heredia, Julie Labatut, et al.. La sélection génomique des ovins laitiers en France : stratégies, premiers résultats des évaluations génomiques et perspectives. 19. Rencontres Recherche Ruminants, Dec 2012, Paris, France. pp.81-84. hal-02750263

HAL Id: hal-02750263
https://hal.inrae.fr/hal-02750263

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.

La sélection génomique des ovins laitiers en France : stratégies, premiers résultats des évaluations génomiques et perspectives

ASTRUC J.M. (1), BALOCHE G. (2), LARROQUE H. (2), BELTRAN DE HEREDIA I. (3), LABATUT J. (4), LAGRIFFOUL G. (1,5), MORENO C. (2), ROBERT-GRANIE C. (2), BOSCHER M.Y. (6), CHANTRY-DARMON C. (6), AGUERRE X. (7), BOULENC P. (8), FREGEAT G. (9), GIRAL-VIALA B. (8), GUIBERT P. (10), PANIS P. (10), SOULAS C. (7), BARILLET F. (2), LEGARRA A. (2)
(1) Institut de l'Elevage, 31321 Castanet-Tolosan Cedex, France
(2) INRA, UR631-SAGA, BP 52627, 31326 Castanet-Tolosan Cedex, France
(3) Neiker, Arkaute, 01080 Vitoria-Gasteiz, Espagne
(4) INRA, UMR AGIR, BP 52627, 31326 Castanet-Tolosan Cedex, France
(5) CNBL, 31321 Castanet-Tolosan Cedex, France
(6) Labogéna, Domaine de Vilvert, 78352 Jouy-en-Josas, France
(7) CDEO, Quartier Ahetzia, 64130 Ordiarp, France
(8) Ovitest, Les Balquières, route d'Espalion, 12850 Onet-le-Château, France
(9) OS Upra Lacaune, Carrefour de l'Agriculture, 12026 Rodez cedex 9, France
(10) Confédération Générale de Roquefort, BP348, 12103 Millau, France

RESUME
Les programmes de sélection ovins laitiers français évaluent sur descendance environ 700 béliers par an, avec de fortes variations selon les races. Le stockage de sang des béliers d'IA à Labogena depuis le milieu des années 90 et la disponibilité de la puce «OvineSNP50®» d'Illumina depuis 2009 rendent envisageable la sélection génomique pour les races ovines laitières françaises. Les acteurs de la profession se sont organisés dans cette perspective, dans le cadre du Comité National Brebis Laitières, en partenariat avec l'INRA et l'Institut de l'Elevage, regroupés au sein de l'UMT génétique des petits ruminants. En race Lacaune, l'objectif des projets SheepSNPQTL et Roquefort'in est de disposer d'une population de référence d'environ 3000 béliers, et de tester la sélection génomique sur 2 cohortes de testage. Pour les races ovines laitières des Pyrénées, où les populations raciales de référence sont, à l'exception de la Manech Tête Rousse (MTR), de taille plus réduite, le projet Genomia vise à tester une sélection génomique multiraciale associant les races Manech (France) et Latxa (Espagne), grâce au génotypage de 3100 béliers d'IA en 2011 dont près de 2000 pour les populations françaises. L'état d'avancement des 2 programmes est présenté et resitué dans une stratégie globale de sélection génomique. L'évaluation génomique a été réalisée selon la méthodologie GBLUP, pour l'ensemble des phénotypes disponibles. Nous présentons les résultats de précision des évaluations génomiques réalisées, en races Lacaune et MTR, sur la base d'une population d'apprentissage respectivement de 1933 et 1002 béliers génotypés et une population de validation, respectivement de 682 et 293 jeunes béliers. Dans tous les cas, l'évaluation génomique est plus précise que l'évaluation polygénique, les gains relatifs de précision variant de 10 à 41% selon la race et le caractère considérés. Parallèlement à ces travaux, les maîtres d'œuvre des schémas de sélection s'interrogent sur les évolutions techniques que supposerait la mise en place de schémas de sélection génomiques, mais aussi sur les conséquences organisationnelles et contractuelles induites.

Genomic selection in French dairy sheep : strategies, first results of genomic evaluations and perspectives

ASTRUC J.M. (1), BALOCHE G. (2), LARROQUE H. (2), BELTRAN DE HEREDIA I. (3), LABATUT J. (4), LAGRIFFOUL G. (5), MORENO C. (2), ROBERT-GRANIE C. (2), BOSCHER M.Y. (6), CHANTRY-DARMON C. (6), AGUERRE X. (7), BOULENC P. (8), FREGEAT G. (9), GIRAL-VIALA B. (8), GUIBERT P. (10), PANIS P. (10), SOULAS C. (7), BARILLET F. (2), LEGARRA A. (2)
(1) Institut de l'Elevage, 31321 Castanet-Tolosan Cedex, France

Each year, the breeding programs in French dairy sheep breeds progeny test around 700 rams, with variations between breeds. Since the late 1990's, blood of AI rams was systematically stored by Labogena. Therefore, when the Illumina «OvineSNP50®» beadchip became available in 2009, genomic selection became possible in French dairy sheep. Stakeholders of the dairy sheep genetic industry, gathered together in the National Dairy Sheep Committee, in partnership with INRA and the Institut de l'Elevage, have organized themselves in the framework of the so-called UMT GENEpr. In the Lacaune breed, the purpose of the SheepSNPQTL and Roquefort'in project is to set up a reference population of 3,000 rams and to test genomic selection among 2 batches of rams. The aim of the Genomia project is to test multibreed genomic selection in the Pyrenean breeds, with a smaller reference population, except for the Manech Tête Rousse breed (MTR), , in association with the Spanish Latxa breed, based on 3,100 genotyped AI rams, including nearly 2,000 from the French populations. A point on both programs is presented and situated within the global strategy of genomic selection in French dairy sheep. Genomic evaluations were performed with the GBLUP methodology, for all the available phenotypes. The accuracy of genomic evaluation is presented in the Lacaune and MTR breeds, thanks to a cross-validation. In all cases, the genomic evaluation was more efficient than the polygenic evaluation, the range of gain varying from 10 to 41% according to the breed and trait. Alongside with these results, the managers of the breeding programs are working on the conception of a genomic breeding program, from the technical evolution required to the shift in contractual organizations between stakeholders.

INTRODUCTION

La disponibilité d'une puce ovine 54k en 2009 et les développements méthodologiques autour des évaluations génétiques basées sur l'information génomique en bovin laitier au cours des dernières années ont incité les acteurs des schémas de sélection et de la R&D en ovin lait, fédérés dans le cadre du CNBL, à mettre en œuvre des projets pour tester la faisabilité d'une sélection génomique dans cette espèce. En ovin laitier, la sélection génomique peut s'appuyer sur des schémas performants, fondés sur le testage sur descendance par IA de plusieurs dizaines à plusieurs centaines de béliers selon les races. Cet article vise à présenter les grandes caractéristiques des schémas de sélection ovins laitiers et la stratégie d'utilisation de l'information génomique qui a prévalu, ainsi que les principaux résultats des travaux actuels : établissement de populations de référence, évaluations génomiques. Enfin, nous dressons les perspectives en matière d'amélioration des évaluations, de mise en œuvre de schémas génomiques, tout en mettant en lumière les questions d'ordre organisationnel que se posent les acteurs des schémas de sélection.

1. STRATEGIE D'UTILISATION DE L'INFORMATION GENOMIQUE EN OVIN LAITIER

1.1. LES SCHEMAS DE SELECTION EN OVIN LAITIER EN FRANCE

L'amélioration génétique des brebis laitières s'appuie, dans les 5 races françaises, sur une structuration pyramidale des populations avec une base de sélection constituée d'environ 20% des brebis de la race, et sur le testage sur descendance de nombreux béliers d'IA permis par le recours important à l'IA. Toutefois, la taille des schémas de sélection varie selon les races (tableau 1). Les schémas Lacaune et Manech tête rousse (MTR) mettent tous les ans en testage autant de jeunes mâles que, respectivement les schémas bovins laitiers français Prim'Holstein et Montbéliard ou Normand. Les 3 autres races disposent d'une base de sélection et d'un taux d'IA leur permettant de mettre en testage 25 à 40 béliers chaque année: leurs schémas sont comparables aux schémas caprins français, ou aux schémas ovins laitiers Latxa (Espagne) ou Sarde (Italie).

Les contraintes liées à l'utilisation de la semence fraîche faiblement diluée et à la saisonnalité de la reproduction limitent fortement le pouvoir de diffusion des mâles et expliquent l'effectif important de béliers dans les haras des centres d'IA. Ainsi, la diffusion des béliers élites dépasse rarement 1500 doses par an (contre plusieurs dizaines de milliers en bovin) ce qui facilite cependant la gestion de la variabilité génétique. Autre conséquence, le testage des jeunes béliers repose sur 100 à 120 IA, soit 30 à 40 filles (contre 80 filles en bovins). Ceci limite la puissance de la population de référence (et donc la précision des valeurs génomiques estimées à partir de celle-ci). L'intervalle de génération de la voie pères à béliers est de l'ordre de 4 ans en race Lacaune et MTR (contre 8 ans dans les schémas bovins laitiers avant l'avènement des évaluations génomiques), ce qui limite sa marge de réduction dans ces races ovines laitières. Ces caractéristiques affecteront l'efficacité de la sélection génomique dont l'intérêt technico-économique sera plus difficile à atteindre en ovin qu'en bovin.

1.2. LE STOCKAGE DU MATERIEL BIOLOGIQUE

Dès la fin des années 2000, à la faveur d'un premier projet Européen de primo-détection de QTL en ovin laitier, le stockage systématique du sang des béliers d'IA des races françaises a été organisé à Labogéna. Aujourd'hui, le sang de près de 12000 béliers nés après 1995 (tableau 1) est stocké de manière pérenne et régi par une convention tripartite (BADNOL) regroupant le CNBL et les Entreprises de Sélection (ES) adhérentes, Labogéna et l'INRA.

1.3. STRATEGIE D'UTILISATION DE L'INFORMATION GENOMIQUE

La mise sur le marché de la puce «OvineSNP50®» d'Illumina fin 2009, la profondeur de stock de matériel biologique disponible, le dynamisme des schémas de sélection ovin lait, et la cohérence et l'implication de la R&D (INRA, Institut de l'Elevage, CNBL, UMT GENEpR) ont nourri la réflexion sur l'utilisation de l'information génomique dans les programmes de sélection (Astruc et al, 2010). La sélection génomique intra-race est considérée comme possible dans les races Lacaune et MTR, du fait d'une population de référence potentielle supérieure à 1000 béliers. Par contre, dans les autres races où les populations de référence sont de plus petite taille (200 à 600 béliers), la stratégie repose sur le test d'une sélection génomique multiraciale, d'autant que les races Pyrénéennes peuvent se compléter avec leurs homologues Espagnoles Latxa (proximité géographique et parenté génétique) alors que la race Corse, pour les mêmes raisons, peut envisager une collaboration avec la race Sarde. Parallèlement, les avancées en matière de cartographie fine du génome et de détection de QTL en déséquilibre de liaison intra-race, voire la découverte de gènes d'intérêt, pourront, à l'avenir, être valorisées en sélection assistée par marqueurs ou par gènes. Le projet de recherche SheepSNPQTL a permis de jeter les bases de la mise en œuvre de cette stratégie.

1.4. LE PROJET ROQUEFORT'IN

En race Lacaune, les maîtres d'œuvre des schémas de sélection ont fait de la génomique un axe fort du projet de R&D Roquefort'in (2010-2013). L'objectif est de tester la faisabilité d'une sélection génomique en race Lacaune, au travers de l'amélioration de la précision des index génomiques (augmentation de la population de référence initiée par SheepSNPQTL), de l'expérimentation de la sélection génomique sur 2 cohortes de béliers, et de la conception de schémas génomiques dans les 2 Entreprises de Sélection Lacaune. A ce jour, la constitution de la population de référence et le calcul des index génomiques sont réalisés. Les premiers résultats de l'expérimentation génomique, qui a concerné les millésimes 2011 et 2012, sont attendus à partir du printemps 2013.

1.5. LE PROJET GENOMIA

En races Pyrénéennes, le projet de R&D Genomia (2010-2012), financé dans le cadre du programme transfrontalier POCTEFA, a pour but d'étudier, d'une part la précision de l'évaluation génomique en race MTR, d'autre part une évaluation multiraciale intégrant les populations Manech (tête rousse et noire) françaises et Latxa (tête rousse et noire) espagnoles, avec la puce «OvineSNP50®», seule approche aujourd'hui possible dans ces races à population de référence limitée. L'approche multiraciale est en cours. L'évaluation génomique sur les données MTR a, elle, été réalisée.

2. RESULTATS DES EVALUATIONS GENOMIQUES

2.1. LES POPULATIONS DE REFERENCE

Fin 2011, les populations de référence disponibles pour les évaluations génomiques comptaient 2885 béliers d'IA en race Lacaune et 1295 béliers d'IA en race MTR, des millésimes 1998 à 2009 (Lacaune) ou 2008 (MTR). L'effort de génotypage a été important sur les cohortes les plus récentes : environ 95% des béliers MTR des cohortes 2000 à 2008 ont été génotypés ; en race Lacaune, 80 à 85% des béliers des cohortes 2003 à 2009 ont été génotypés. Pour les millésimes les plus anciens, seuls les pères à béliers ont été génotypés. Ces béliers sont bien connus d'un point de vue génétique avec en moyenne 75 filles (de 10 à 1683) en Lacaune et 53 filles (de 10 à 973) en MTR. Après élimination (SNP sur chromosomes sexuels, fréquence de l'allèle minoritaire, qualité des marqueurs, équilibre de Hardy-Weinberg, erreurs de filiation), 41 411 marqueurs étaient disponibles sur les 26 autosomes.

Tableau 1 : Importance des schémas de sélection ovins laitiers en France et du stockage de matériel biologique

Race	Base de sélection (% de la population)	Béliers mis en testage chaque année	% d'IA dans la base de sélection	Nombre d'IA hors base	Nombre total de béliers au centre d'IA	Nombre de béliers d'IA avec stockage de sang à Labogéna
Lacaune	170 000 (19%)	440	82%	270 000	1 500	7 655
Corse	16 000 (19%)	30	37%	ε	140	364
Manech tête rousse	76 000 (29%)	150	55%	22 000	430	2 432
Manech tête noire	13 000 (16%)	30	45%	2 000	110	564
Basco-Béarnaise	24 000 (32%)	50	55%	5 000	150	752

2.2. L'EVALUATION GENOMIQUE

L'indexation génomique a été réalisée selon une méthodologie GBLUP (ou BLUP génomique) en 2 étapes (Baloche et al, 2011). Cette méthode est largement utilisée en bovins laitiers à travers le monde, la France faisant exception (Fritz et al, 2010). Les phénotypes sont les DYD (Daughter Yield Deviations ou performances moyennes des filles préalablement corrigées pour les effets de milieu et le niveau génétique des mères) des béliers, pondérées dans l'analyse par le nombre efficace de filles. Les caractères étudiés sont les caractères indexés, à savoir la quantité de lait (LAIT), le taux de matière grasse (TB), le taux de matière protéique (TP), les comptages de cellules somatiques (CEL) et les 3 postes de pointage de la morphologie de la mamelle. Les pedigrees de l'ensemble des béliers ayant une performance (parmi les millésimes avec génotype) ont été remontés sur l'ensemble des générations disponibles.

2.3. LA VALIDATION DES INDEX GENOMIQUES

La validation des index génomiques est basée sur une validation croisée, en suivant les recommandations d'Interbull (Mäntysaari et al, 2010). Les béliers de la population de référence sont séparés en 2 groupes : (1) les béliers d'apprentissage (mâles les plus âgés) utilisés pour estimer les effets des SNP sur les phénotypes, et (2) les béliers de validation (mâles les plus jeunes) pour lesquels on va prédire l'index génomique à partir de ces effets estimés. Dans cette étude, fin 2011, les béliers de validation sont 681 béliers de millésimes 2007 et 2008 pour la race Lacaune et 293 béliers de millésime 2007 et 2008 pour la race MTR. La population d'apprentissage est constituée de 1593 béliers en race Lacaune et de 1002 béliers en race MTR. Les évaluations polygénique (BLUP) et génomique (GBLUP) sont réalisées en considérant uniquement l'information disponible au moment du choix des jeunes béliers de validation, fin 2007, alors qu'ils n'ont pas encore d'information sur leurs filles (*reduced data set* au sens Interbull). Ainsi on dispose, pour les béliers de validation d'une évaluation basée sur le pedigree et d'une évaluation basée sur les génotypes SNP. On calcule alors la corrélation, pour les béliers de validation, entre ces évaluations (BLUP et GBLUP) et les DYD estimées à partir du traitement d'indexation le plus récent (fin 2011), prenant en compte les informations de descendance (*full data set* au sens Interbull). Il est ainsi possible de mesurer le gain relatif entre la sélection sur phénotype et la sélection sur génotype. On calcule aussi la régression (*b1*) des DYD sur les index GBLUP et BLUP afin de tester le biais dans les évaluations.

Les résultats des corrélations (tableaux 2 et 3) sont toujours favorables aux évaluations génomiques. Les index génomiques sont de meilleurs prédicteurs des DYD après testage que les index polygéniques. Bien que les niveaux de corrélation soient toujours plus élevés en race Lacaune, le gain relatif (GBLUP *vs* BLUP) apparaît meilleur en race MTR, suggérant un bénéfice accru dans cette race de la sélection génomique. Concernant la pente *b1* de la régression, si les résultats pour les taux sont bons, on observe un biais sur le lait et les cellules, ce qui entraîne une surestimation des jeunes béliers.

2.4. FACTEURS DE VARIATION DE L'EFFICACITE DES CALCULS DES INDEX GENOMIQUES

La comparaison des résultats de précision des index génomiques obtenus en ovins (races Lacaune et MTR) avec ceux publiés en bovins (races Holstein et Montbéliarde) montre que le gain relatif de précision apporté par la génomique est plus faible en ovins qu'en bovins (Barillet et al, 2012). Les principaux éléments d'explication sont quantifiés dans le tableau 4: *(i)* la taille des populations de référence (plus faible en ovins qu'en bovins) ; *(ii)* la précision du phénotype sur descendance des mâles de la population de référence (plus faible en ovins qu'en bovins, du fait du nombre de filles de testage par père plus limité); *(iii)* le déséquilibre de liaison (plus faible en ovins malgré une couverture en marqueurs de densité à peu près équivalente, du fait de populations ovines génétiquement plus diverses que les populations bovines). La race MTR est de ce dernier point de vue dans une situation plus favorable que la race Lacaune, dont la gestion de la variabilité génétique a toujours été très efficace.

Tableau 2 : Résultat des tests d'indexation génomique en race Lacaune

Corrélations	LAIT	TB	TP	CEL
BLUP*DYD	0,35	0,44	0,52	0,39
GBLUP*DYD	0,42	0,50	0,57	0,45
Gain relatif	20%	14%	10%	15%
b1 BLUP	0,63	1,10	0,85	0,81
b1 GBLUP	0,70	1,00	0,86	0,74

Tableau 3 : Résultat des tests d'indexation génomique en race Manech tête rousse

Corrélations	LAIT	TB	TP
BLUP*DYD	0,27	0,32	0,43
GBLUP*DYD	0,38	0,37	0,48
Gain relatif	41%	16%	12%
b1 BLUP	0,69	0,85	0,81
b1 GBLUP	0,84	0,88	0,82

3. PERSPECTIVES

3.1. LES PERSPECTIVES EN MATIERE D'EVALUATION

Plusieurs voies d'amélioration sont en cours : la mise en œuvre de la méthode dite du single step permettant de réaliser l'évaluation génomique à partir des phénotypes « lactations » au lieu des DYD (Baloche et al, 2012) ; l'optimisation de la structure de la population de référence, en complétant si possible le génotypage des cohortes. Au plan méthodologique, d'ores et déjà, Duchemin et al (2012), ont montré que la méthode statistique n'influait que très peu pour des caractères au déterminisme clairement polygénique.

3.2. VERS DES SCHEMAS DE SELECTION GENOMIQUE

Bien que les premiers résultats d'évaluation génomique soient positifs, le gain relatif par rapport à l'évaluation classique est inférieur à celui que l'on observe en bovin. La question de la profitabilité de schémas génomiques vis à vis de schémas classiques déjà proches de l'optimum en ovin laitier (au moins en races Lacaune et MTR) se pose donc avec acuité, du fait, par rapport aux bovins laitiers, d'une moindre précision des index génomiques, d'une possibilité

plus limitée de réduire l'intervalle de génération, d'un coût de génotypage au mieux équivalent, et d'une plus faible valeur des reproducteurs. L'intérêt de la sélection génomique n'existera qu'à la condition de compenser la charge de génotypage par la diminution du cheptel de béliers au Centre d'IA (notamment, suppression des béliers en attente de résultats), tout en améliorant le niveau de gain génétique. Les premières études montrent qu'il existe un espace pour la rentabilité d'un schéma génomique en ovin laitier. Cet espace sera d'autant plus important que les centres d'élevage pourront être optimisés pour diminuer le coût des génotypages, et que les centres d'IA pourront encore améliorer leur efficience, en matière de fonction sexuelle des béliers (précocité sexuelle, production de semence). Il s'agit d'ailleurs d'un axe prioritaire du plan stratégique de la génétique ovine et de projets en cours tels que DEGERAM. Dans cette optique, les index de production de semence disponibles depuis 2 ans sont un outil permettant d'atteindre cet objectif.

3.3. QUELLES CONSEQUENCES DE LA SELECTION GENOMIQUE SUR L'ORGANISATION DES SCHEMAS DE SELECTION ?

Les perspectives de sélection génomique qui s'ouvrent (la fin du projet Roquefort'in en 2013 pourrait déboucher sur la mise en place progressive d'un schéma génomique en race Lacaune, voire MTR, dès 2014) s'accompagnent de nombreuses questions d'ordre organisationnel et contractuel. Dans le cadre du programme COSEGOV financé par FGE, les acteurs de la génétique ovine laitière des 3 bassins de production s'interrogent sur l'évolution des contrats à passer avec les sélectionneurs, voire les utilisateurs, sur la pertinence d'un service d'indexation génomique (pour les béliers de monte naturelle), sur le statut des index génomiques, sur le financement de la sélection génomique, sur les nouveaux phénotypes à mesurer et à évaluer et sur la gestion de la population de référence. Deux exemples concrets : faudra-t-il organiser des connexions entre les 2 entreprises Lacaune pour améliorer la structuration de la population de référence ? Si l'évaluation multiraciale s'avère efficace entre races Manech (françaises) et Latxa (espagnoles) avec la puce 50k, comment gérer les phénotypes et les génotypes issus de 2 pays différents ?

Tableau 4 : Comparaison des index génomiques et des principaux facteurs de variation de la précision en bovins et ovins laitiers français. Source chiffres bovins : Fritz et al, 2010 ; Mattalia et al, 2006.

Critère = Quantité de lait	Bovins		Ovins	
	Holstein	Montbéliarde	Lacaune	MTR
Corrélation DYD-BLUP	0,33	0,30	0,35	0,27
Corrélation DYD- index génomiques	0,60	0,47	0,42	0,38
Gain relatif	82%	57%	20%	41%
Population de référence	4500	1500	1900	1000
Effectif génétique de la race	42	34	230	110
Nombre de filles de testage par père	80	80	40	30
Nombre de filles par père (apprentissage)	80 à plusieurs milliers	80 à plusieurs milliers	110	80

CONCLUSION

Les premiers résultats d'évaluation génomique obtenus avec la méthodologie GBLUP, en races Lacaune et MTR, dans le cadre des programmes Roquefort'in et Genomia, sont encourageants. De jeunes béliers pourront être, grâce à des index génomiques à précision intermédiaire entre index sur ascendance et index sur descendance, décrétés améliorateurs, voire pères à béliers dès l'âge de 6 mois. Le saut « psychologique » nécessaire au passage à l'utilisation de béliers génomiques sera certainement moins important qu'en bovins : la précision d'évaluation des béliers est actuellement moindre que celle des taureaux, l'utilisation de « packs » de béliers est d'ores et déjà effective compte-tenu des particularités physiologiques des béliers (semence fraîche sans choix de l'éleveur). L'équilibre dans l'utilisation des béliers élites existe déjà. Néanmoins, le gain d'efficacité sera moindre qu'en bovin. L'exigence première est de rendre la sélection génomique rentable. Enfin, un enjeu majeur est d'intégrer les « petites » races dans cette innovation. La piste multiraciale livrera ses premiers résultats avec la puce 50k dès la fin 2012 pour les races Manech et Latxa. Le foisonnement de la recherche et l'émergence en ovin d'une puce haute densité laissent à penser que les premiers résultats actuels ne pourront que s'améliorer.

Nous remercions les financeurs des projets SheepSNPQTL (ANR et Apis-Gène), Roquefort'in (Agrimip innovation / FUI, Feder, CR Midi-Pyrénées, CG 12 et 81, Communauté d'Agglomération du Grand Rodez), Genomia (Poctefa/Feder, CG 64, CR Aquitaine), DEGERAM (FNADT, FEDER, CR Midi-Pyrénées, Auvergne et Limousin)

Astruc J.M., Lagriffoul G, Larroque H., Legarra A., Moreno C., Rupp R., Barillet F., 2010. Proc. 37ème session d'ICAR, Riga, Lettonie. ICAR, Rome, Italie.
Baloche G., Larroque H., Astruc J.M., Babilliot J.M., Boscher M.Y., Boulenc P., Chantry-Darmon C., de Boissieu C., Frégeat G., Giral-Viala B., Guibert P., Lagriffoul G, Moreno C., Panis P., Robert-Granié C., Sallé G., Legarra A., Barillet F., 2011. Proc. 62ème session de la FEZ, Stavanger, Norvège.
Baloche G., Larroque H., Astruc J.M., Robert-Granié C., Legarra A., Barillet F., 2012. Proc. 63ème session de la FEZ, Bratislava, Slovaquie.
Barillet F., Baloche G., Lagriffoul G, Larroque H., Robert-Granié C., Legarra A., Astruc J.M., 2012. Proc. 38ème session d'ICAR, Cork, Irlande. ICAR, Rome, Italie.
Duchemin S.I., Colombani C., Legarra A., Baloche G., Larroque H., Astruc J.M., Barillet F., Robert-Granié C., Manfredi E., 2012. J. Dairy Sci. 95:2723-2733.
Fritz S., Guillaume F., Croiseau P., Baur A., Hoze C., Dassonneville R., Boscher M.Y., Journaux L., Boichard D., Ducrocq V., 2010. Renc. Rech. Ruminants, 2010, 17.
Mäntysaari E ., Liu Z., Van Raden P., 2010. Interbull bulletin 41, 2010.
Mattalia S., Barbat A., Danchin-Burge C., Brochard M., Le Mézec P., Minéry S., Jansen G., Van Doormal B., Verrier E., 2006. Renc. Rech. Ruminants, 2006, 13.