



HAL
open science

Intérêt potentiel de la sélection génomique pour les programmes d'amélioration génétique des ovins et caprins

Fidele Shumbusho, Jérôme Raoul, Jean Michel Astruc, Isabelle Palhiere,
Jean-Michel Elsen

► To cite this version:

Fidele Shumbusho, Jérôme Raoul, Jean Michel Astruc, Isabelle Palhiere, Jean-Michel Elsen. Intérêt potentiel de la sélection génomique pour les programmes d'amélioration génétique des ovins et caprins. Innovations Agronomiques, 2014, 34, pp.297-308. 10.17180/8b0y-5r65 . hal-04690195

HAL Id: hal-04690195

<https://hal.inrae.fr/hal-04690195v1>

Submitted on 6 Sep 2024

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.



Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial - NoDerivatives 4.0 International License

Intérêt potentiel de la sélection génomique pour les programmes d'amélioration génétique des ovins et caprins.

Shumbusho F.¹, Raoul J.¹, Astruc J.M.¹, Palhiere I.², Elsen J.M.²

¹ Institut de l'Élevage, F-31321 Castanet-Tolosan, France

² INRA, UR631 SAGA, F-31326 Castanet-Tolosan, France

Correspondance : jerome.raoul@idele.fr

Résumé :

Le projet GENOVICAP a constitué un projet fédérateur entre les filières de petits ruminants qui partagent la problématique commune d'utilisation des outils génomiques dans les schémas de sélection. Outre le déploiement de l'ingénierie génomique, GENOVICAP a contribué à l'étude de différentes stratégies de prise en compte d'information génomique dans les schémas de petits ruminants. Ainsi deux orientations permettent d'obtenir un progrès génétique annuel prédit supérieur : l'optimisation des programmes dans leur fonctionnement actuel et la prise en compte d'information génomique.

Mots-clés : génétique, génomique, programme de sélection, petits ruminants

Abstract: Potential interest of genomic selection for genetic improvement programs of sheep and goats.

The GENOVICAP project has been a unifying project between small ruminant sectors who share the common problematic of using genomic tools in breeding programs. In addition to the development of genomic engineering, GENOVICAP has contributed to the study of different strategies including genomic information in the specific case of small ruminants breeding programs. Thus, two ways to obtain a higher annual genetic gain predicted have been reported: optimizing programs in their current organization and including genomic information in breeding programs.

Keywords: genetics, genomics, breeding program, small ruminants

Introduction :

Le projet Casdar RFI GENOVICAP « Stratégie d'utilisation et de gestion de l'information génomique pour la sélection des ovins et caprins » est un véritable projet fondateur en matière de la génomique des petits ruminants. Ce projet réalisé sur trois années (2010 à 2012) a associé de façon étroite l'Institut de l'Élevage et l'INRA au sein de l'UMT GGPR « Gestion Génétique et génomique des Petits Ruminants » et a bénéficié du concours financier du Ministère de l'Agriculture, de France Génétique Elevage et du dispositif CIFRE. Les résultats de ce programme sont nombreux, (i) le partage des résultats et la coordination des différents programmes de recherche en matière de génomique, (ii) l'information et la formation des acteurs techniques et professionnels sur le thème de la génomique avec plus de 40 communications répertoriées sur les trois années du projet, (iii) la contribution aux enjeux stratégiques liés à l'ère de la génomique (constitution des banques de matériel biologique en ovin allaitant, populations de référence caprine), (iv) le développement d'une « ingénierie génomique » adaptée aux situations des petits ruminants, gestion collective et règles d'utilisation du matériel biologique stocké, élaboration des systèmes d'information du matériel biologique stocké et des informations de génotypes, gestion des nouveaux phénotypes dans les systèmes d'information génétique.

De plus, des réponses scientifiques et techniques sur les stratégies d'utilisation de l'information génomique dans les schémas de sélection de petits ruminants ont été apportées. Des résultats spécifiques par espèce ont été produits, notamment sur la stratégie de gestion du gène « lacaune » dans la population Ovi-test en ovin allaitant et l'analyse de la structure génétique des populations Saanen et Alpine en caprin. Par ailleurs, un travail, réalisé dans le cadre d'une thèse a permis d'étudier les stratégies d'amélioration génétique incluant de l'information génomique tout en prenant en compte les spécificités des programmes de petits ruminants. Cet article propose une présentation des premiers résultats de cette étude.

L'évaluation génomique est largement adoptée dans les programmes de sélection des bovins laitiers (e.g. Boichard et al, 2012). En incluant l'information génomique, les valeurs génétiques des animaux d'élevage peuvent être estimées avec précision sans connaître les performances des candidats. Cela signifie qu'il est désormais possible de sélectionner des caractères qui sont coûteux ou difficiles à mesurer, de sélectionner les reproducteurs très précocement, de choisir des mâles pour des caractères exprimés chez la femelle et vice-versa et, finalement, augmenter le gain ou progrès génétique annuel (PGA). Des études de simulation indiquent que le PGA est plus élevé avec la sélection génomique (SG) par rapport à la sélection traditionnelle pour les bovins laitiers (e.g. Schaeffer, 2006 ; König et Swalve, 2009), les bovins viande (Pimentel et König, 2012) et les chevaux (Haberland et al, 2012). Chez les ovins et caprins, des facteurs spécifiques pourraient limiter le PGA obtenu à partir de la SG, principalement en raison d'une quantité limitée d'individus disposant de valeurs génétiques connues sur descendance (réduisant la précision des valeurs génomiques prédites), d'un intervalle de génération déjà relativement court et le coût élevé du génotypage rapporté à la valeur de l'animal. Cependant, avec l'évolution de la génomique et de la réduction possible des coûts de génotypage, la SG pourrait être une stratégie intéressante pour les programmes de sélection ovins et caprins.

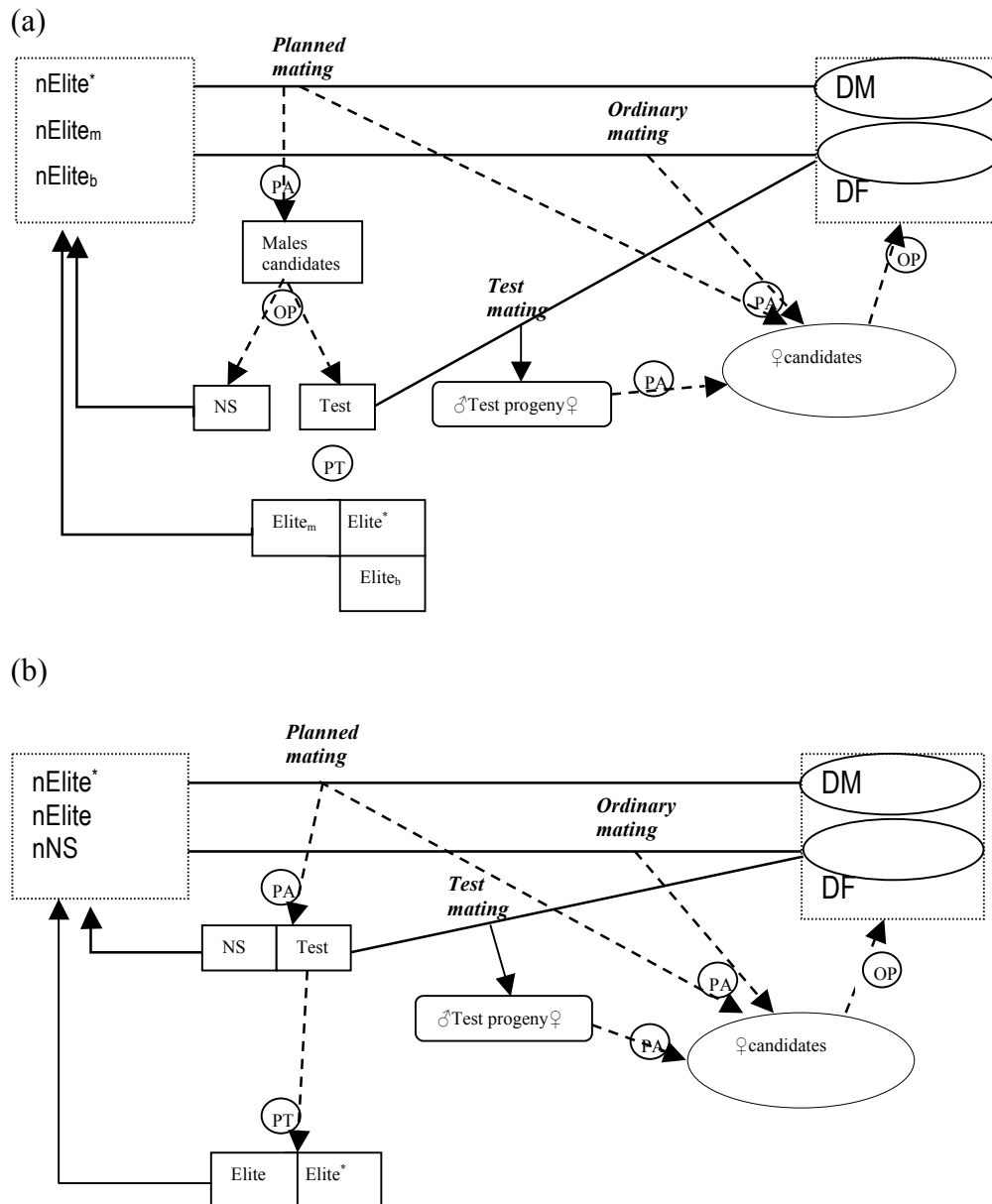
Le but de cette étude était donc de modéliser, optimiser et comparer le PGA de scénarios de sélection génomiques et conventionnelles relatives à trois programmes de sélection petits ruminants. Une population de référence de taille moyenne a été retenue pour les scénarios SG et les formules déterministes décrites par Daetwyler et al (2008) et Goddard (2009) ont été utilisées pour estimer la précision des valeurs génomiques. Les facteurs qui pourraient affecter la précision de la prédiction génomique n'ont pas été analysés dans cette étude.

1. Matériel et méthodes

Dans cette étude, les programmes de sélection ovin viande, ovin et caprin laitiers ont été modélisés afin d'évaluer des fonctionnements actuels, optimisés et génomiques.

1.1 Programmes de sélection

Les différents éléments des programmes de sélection petits ruminants sont représentés dans la Figure 1a et 1b. Le programme de sélection indiqué dans la Figure 1a, basé sur l'exemple de la race ovine allaitante Ile de France, se compose de plusieurs étapes de sélection et utilise différentes sources d'information. Une première étape consiste à sélectionner les agneaux sur ascendance, c'est-à-dire en fonction des valeurs génétiques moyennes de leurs parents pour les caractères maternels. Une deuxième étape consiste à sélectionner des jeunes béliers sur leur valeur génétique bouchère estimée à partir de leurs propres performances bouchères. Enfin, dans une dernière étape les béliers sont choisis sur la base de leurs valeurs génétiques estimées à partir des performances bouchères et maternelles de leur descendance. Pour les petits ruminants laitiers, le schéma, indiqué dans la Figure 1b et basé sur les exemples des races Alpines (caprin) et Manech tête rousse (ovine) est simplifié. Les mâles sont d'abord sélectionnés sur ascendance puis de nouveau sélectionnés sur descendance. Dans tous les programmes de sélection, les femelles sont tout d'abord sélectionnées sur ascendance et, dans une deuxième phase, sur leurs valeurs génétiques incluant leurs phénotypes.

Figure 1. Structuration de la population et étapes de sélection des programmes de sélection petits ruminants.

Les traits complets indiquent les accouplements et les flèches en pointillés indiquent les étapes de sélection basées sur la moyenne des parents (PA), les performances propres (OP) et le testage sur descendance (PT). Les catégories de mâles pour le programme de sélection ovin viande (a) sont : mâles de lutte naturelle (NS), mâles de testage (test) et les mâles améliorateurs : Elite_b, Elite_m et Elite* se référant respectivement aux meilleurs animaux pour les aptitudes bouchères, maternelles et les deux aptitudes. Les catégories sélectionnées pour les programmes laitiers (b) sont : mâles de monte naturelle (NS), mâles de testage (test) et les mâles améliorateurs : Elite et Elite* se référant à des niveaux génétiques croissants. Les catégories de femelles sélectionnées sont des mères de mâles (DM) et des mères de femelles (DF) pour tous les programmes de sélection. Ces candidats sont sélectionnés chaque année pour renouveler une partie des reproducteurs mâles et femelles.

1.2 Scénarios de programmes de sélection

Pour évaluer les impacts potentiels de la SG en ovins et caprins, nous avons modélisé, optimisé et comparé neuf scénarios pour le programme de sélection ovin viande et trois scénarios pour chacun des programmes de sélection caprin et ovin lait en incluant ou non de l'information génomique. Seuls les résultats des scénarios listés dans le Tableau 1 et décrits ci-après seront présentés. Le Tableau 1

donne également les sources d'informations utilisées et les types de sélection appliqués aux mâles pour chaque scénario. Pour tous les scénarios, les jeunes mâles et femelles ont été considérés comme des candidats à la sélection en fonction des valeurs génétiques de leurs parents pour chaque caractère, à savoir la viande et les aptitudes maternelles en ovin viande et les aptitudes laitières pour les petits ruminants laitiers.

Tableau 1. Résumé des scénarios simulés

Scenario	Informations disponibles sur les mâles	Etape de sélection et modalités ¹
Petit ruminant allaitant²		
Class-PT-culling	Phénotype boucher des jeunes mâles	1 ^{er} sur le phénotype boucher
	Testage sur descendance – aptitudes bouchères et maternelles	2 nd sur des seuils de sélection indépendants pour les deux caractères.
GS	Génotypes des jeunes mâles	1 étape de sélection, sur index bi-caractère.
GS-pheno	Génotypes des jeunes mâles	1 étape de sélection, sur index bi-caractère.
	Phénotype boucher sur les jeunes mâles	
GS -PT-index	Génotypes des jeunes mâles	1 st sur index bi-caractère
	Testage sur descendance – aptitudes bouchères et maternelles	2 nd sur index bi-caractère
Petits ruminants laitiers³		
Class-PT-index	Testage sur descendance	1 étape de sélection, sur index
GS-PT-index	Génotypes des jeunes mâles	1 ^{er} sur index
	Testage sur descendance	2 nd sur index
GS	Génotypes des jeunes mâles	1 étape de sélection, sur index

¹ les étapes de sélection énumérées ici ont été appliquées après une sélection basée sur ascendance pour les aptitudes maternelles. Cette sélection a été prise en compte dans les contributions de chaque catégorie de reproducteurs aux candidats. ² pour les races allaitantes, la sélection vise l'amélioration des aptitudes bouchères et maternelles. ³ pour les races laitières, la sélection vise l'amélioration des aptitudes maternelles.

1.3 Programme de sélection ovin allaitant : sélection sur deux caractères.

Class-PT-culling. Ce scénario reflète le programme de sélection actuel et a été utilisé comme référence pour les petits ruminants allaitants. Ainsi, après sélection sur ascendance, les jeunes mâles sont choisis en fonction de leurs valeurs génétiques estimées sur leurs performances bouchères individuelles. Enfin, ils sont sélectionnés sur seuils de sélection indépendants pour les aptitudes bouchères et maternelles à partir de leurs valeurs génétiques estimées sur les performances de leurs descendance. Cette méthode est couramment utilisée dans les programmes de sélection allaitants en France parce que les valeurs génétiques pour les aptitudes bouchères sont obtenues plus tôt dans la carrière de l'animal. En effet, lorsque les enregistrements sont disponibles à des âges différents ou quand il y a des différences dans les coûts d'obtention des phénotypes, utiliser des seuils de sélection indépendants peut donner une efficacité économique plus élevée que la sélection sur index combiné (Ducrocq et Colleau, 1989).

GS. Il s'agissait d'un scénario de sélection génomique pure. Les jeunes candidats mâles à la sélection ont été génotypés et les meilleurs reproducteurs sélectionnés sur leur valeur bouchère et maternelle à un âge précoce. Ce scénario était similaire au « turbo scheme » proposé pour une utilisation chez les bovins laitiers (Buch et al, 2012) pour quantifier l'effet de la réduction de l'intervalle de génération et l'utilisation de l'information génomique

GS-phéno. Les jeunes candidats mâles à la sélection ont été génotypés et phénotypés pour le caractère boucher. En effet, dans les programmes de sélection ovin allaitant, un phénotype boucher peut être enregistré avant l'âge de mise à la reproduction. Ce scénario est donc similaire au scénario GS avec un phénotype de viande supplémentaire. Ce scénario visait à évaluer l'utilité de la stratégie de la sélection génomique pour deux caractères quand un phénotype boucher est disponible à un âge précoce.

GS-PT index. Ce scénario a également utilisé les procédures de scénario GS comme une étape de présélection. Ensuite, après testage sur descendance, les béliers élite ont été sélectionnés à l'aide d'un indice combinant les aptitudes maternelles et bouchères.

Pour tous les scénarios qui ont inclus de l'information génomique, le nombre de mâles génotypés était égal au nombre actuel de candidats mâles à la sélection (soit 300 tel qu'indiqué dans le Tableau 2) ou optimisé avec une limite maximale de 500 mâles.

1.4 Programmes de sélection petits ruminant laitiers : sélection d'un seul caractère.

Classe-PT-index. Ce scénario reflète le programme de sélection actuel et a été utilisé comme référence pour les petits ruminants laitiers. Après la sélection sur ascendance, les mâles candidats sont testés sur descendance pour leurs aptitudes maternelles et les mâles élite sélectionnés à l'issue de ce testage.

GS-PT-index. Dans ce scénario, l'information génomique a été utilisée pour présélectionner les candidats pour le testage sur descendance. Après une sélection sur ascendance, les jeunes mâles ont été génotypés et sélectionnés sur index génomique. Les mâles retenus ont été testés sur descendance puis les mâles élite sélectionnés à l'issue du testage. Ce scénario était similaire au scénario class-PT-index en matière d'intervalle de génération.

GS. C'était un scénario génomique pur. Après la sélection sur ascendance, les mâles candidats ont été génotypés et les mâles élite sélectionnés sur la base de leur index génomique.

Dans tous les scénarios génomiques, on a supposé le nombre de candidats génotypés par an était respectivement de 500 mâles pour le programme Alpine (caprin) et 1000 pour le schéma Manech Tête Rousse (ovin lait). Ces chiffres sont proches des disponibilités actuelles de candidats et des capacités de chaque programme.

1.5 Hypothèses sur les paramètres

Les principaux paramètres démographiques et les variables utilisées dans le modèle sont présentés au Tableau 2. Les équations décrivant les relations entre les paramètres, les variables de décision et les variables internes du modèle ainsi que les contraintes sur les variables internes ne sont pas présentées dans cet article mais sont décrites dans Shumbusho et al (2013). Pour les programmes ovin viande, deux caractères ont été considérés, (i) un caractère maternel tel que la prolificité ($h^2=0.09$ et $rep=0.12$) et un caractère boucher tel que la croissance après sevrage ($h^2=0.30$). Trois niveaux de corrélations génétiques entre les deux caractères ont été examinés, 0,20 ; 0,00 ou 0,20. Actuellement, il est considéré qu'il n'existe aucune corrélation entre ces caractères. Toutefois, une faible corrélation génétique entre la taille de la portée et le poids au sevrage en race mérinos a été rapportée (Safari et al, 2007).

Ainsi, nous avons voulu étudier les répercussions de faibles valeurs de corrélation génétique sur le PGA. Seuls les résultats sous une hypothèse d'indépendance génétique des caractères sont présentés dans cet article. Dans les programmes de petits ruminants laitiers, un caractère maternel tel que la production laitière a été considéré ($h^2 = 0,30$ et $rep = 0,50$). Les variables de décision ont été optimisées pour des comparaisons équitables entre les différents scénarios. Les résultats sont également fournis pour un volume de doses d'insémination animale (IA) limité à son niveau actuel d'utilisation. En effet,

l'utilisation de l'IA dans les programmes de sélection pour les petits ruminants est encore limitée par de nombreux facteurs tels que le coût et l'utilisation en frais pour les ovins. Ainsi, un programme induisant une augmentation importante de l'IA ne pourrait pas être facilement adopté en pratique.

Tableau 2. Paramètres des programmes de sélection étudiés.

Paramètres	Nom	Valeur		
		Mouton Ile de France	MTR	Alpine
<i>Démographique</i>				
Nombre de femelles contrôlées	F	14,000	70,000	90,000
% de femelles qualifiées pour être mère des futurs béliers.	pF	70%	70%	50%
Age des femelles à la première mise-bas	ageF	2.5	2.5	2.5
Age des males améliorateurs (élites) à la naissance des premiers descendants.	ageAI	3.5	3.0	3.0
Age des males de monte naturelle à la naissance des premiers descendants.	ageNS	1.0	1.0	1.0
Durée d'utilisation des males	tm	3	3	3
Durée d'utilisation des femelles	tf	6	4	4
Nombre Maximum de doses d'IA par mâle améliorateur (élite)	AI_{max}	350	350	700
Taille de la population de référence	nref	2,000	2,000	2,000
Mâles génotypés par an	Mg	300 ¹	1,000	500
Taux de survie des adultes	surl	0.7	0.75	0.7
Fertilité en IA	ferAI	0.6	0.6	0.6
Fertilité en Monte Naturelle	ferNS	0.9	0.9	0.9
Prolificité	pr	1.4	1.4	1.8
<i>Génétique</i>				
Héritabilité – caractère boucher	h^2	0.3	-	-
Héritabilité (Répétabilité) – caractère maternel	h^2 (rep)	0.09 (0.12)	0.3 (0.5)	0.3(0.5)
<i>Variables de décision</i>				
Candidats mâles à la sélection	Ms	300	-	-
Mâles testés sur descendance / an	Test	20	150	40
Nombre de descendants / mâle testé	nT	20	30	80
Nombre total d'élite	nElite	~40	~110	~60
Nombre total de male de Monte Naturelle	nNS	~300	~300	~1500
Quantité d'IA en % des femelles contrôlées	pAI	~35%	~47%	~40%

¹ Le nombre de mâles génotypés en ovin viande était toujours égal à la sélection des candidats mâles (Ms)

1.6 Modèle de sélection génétique.

Le modèle a été développé de telle sorte qu'il puisse inclure les différentes composantes observées dans les programmes de sélection actuels. Il s'agit d'un modèle déterministe qui décrit la sélection et prédit le progrès génétique annuel en prenant en compte des intensités de sélection, précision des valeurs génétiques et/ou génomiques sur les quatre voies de transmission des gènes (père-fils, mère-fils, père-fille et mère-fille). En ovin viande, deux caractères sont considérés (boucher et maternel), un seul caractère (maternel) est considéré pour les ovins lait et caprins lait. Plusieurs catégories de reproducteurs ont ainsi été caractérisées en tenant compte de leur sexe, de leur niveau génétique et de leur âge à chacune des étapes de la sélection. Ce modèle prend en compte les générations

chevauchantes et inclut une ou deux étapes de sélection pour les mâles et une sélection par troncature avec un seuil unique pour les femelles, leurs valeurs génétiques suivant une distribution multi-normale permettant de tenir compte de leur classe d'âge. La diminution de variance génétique due aux étapes successives de sélection, l'effet Bulmer, a été estimée en fonction des intensités et précisions (Bulmer, 1971). Une description plus détaillée du modèle génétique utilisé est disponible dans Shumbusho et al. (2013). Pour chacun des scénarios, les procédures d'optimisation utilisées ont permis de maximiser le PGA en optimisant, dans une certaine gamme de valeurs, le nombre de candidats mâles, le nombre de mâles testés sur descendance, le nombre de descendants par mâle testé, le taux d'IA dans le programme, le nombre de mâles retenus après sélection (mâles d'insémination appelés élites et mâles de Monte Naturelle) et les poids relatifs des caractères pour les ovins viande.

2. Résultats

2.1 Progrès génétique annuel prédit dans les programmes « actuels » et optimisés.

Le Progrès génétique annuel prévu dans les programmes de sélection classiques et génomiques actuels et optimisés est donné dans le Tableau 3 pour la race Ile de France et dans le Tableau 4 pour les races laitières. Tous les résultats présentés sont les moyennes de dix générations de sélection en tenant compte des effets Bulmer (réduction de la variance génétique due à la sélection) sur le progrès génétique. Une comparaison équitable des GS et des scénarios de sélection classiques doit être fondée sur les mêmes conditions optimales. Comme l'utilisation actuelle des variables décisionnelles des programmes de sélection étudiés peut ne pas être optimale, des comparaisons ont été effectuées avec des valeurs de variables décisionnelles actuellement utilisées et optimisées.

2.2 Programme de sélection ovin viande.

Dans sa forme actuelle, le programme de la race à viande "Ile de France" devrait donner un progrès génétique annuel de $0,095 \sigma_a$ pour le caractère boucher et $0,061 \sigma_a$ pour le caractère maternel. Ces résultats sont très faibles par rapport aux programmes de sélection laitiers modélisés dans cette étude ou pour les progrès généralement prédits chez les bovins laitiers. En effet, comme mentionné précédemment, les programmes de sélection pour les petits ruminants, notamment les ovins viande, comportent des facteurs inhérents qui limitent les gains génétiques (par exemple l'utilisation limitée de l'IA, un nombre limité de mâles mis en testage, etc.) et ont également un fonctionnement qui n'est pas optimal. Ces modèles doivent donc être optimisés afin de garantir une comparaison équitable des différents scénarios. Le Tableau 3 montre que l'optimisation du scénario « actuel » augmente significativement le gain génétique pour les deux caractères. La plus forte augmentation a été observée pour le scénario de référence, pour lequel le PGA a été augmenté respectivement de 57,4% et 46,3% pour les caractères bouchers et maternels. L'optimisation a conduit à une amélioration supérieure du gain génétique pour le caractère boucher par rapport au caractère maternel pour lequel l'augmentation peut être inférieure à 10%. La même tendance est observée pour les optimisations à volume d'IA constant. Ceci suggère que le gain génétique peut être amélioré sans évolution du volume d'IA en optimisant les paramètres tels que le nombre de candidats mâles à la sélection ou le nombre de descendants par mâle testé.

La comparaison des gains génétiques obtenus, pour des variables décisionnelles optimisées, avec différents scénarios a montré que la prise en compte d'information génomique fournit généralement de meilleurs résultats. Le gain génétique total (boucher et maternel) était supérieur d'environ 5% pour le scénario GS et 14 % pour les scénarios GS-phéno et GS-PT- index par rapport à la référence. Par contre, les résultats par caractères ne suivent pas forcément la même évolution que le gain total. Ainsi, le gain génétique pour le caractère maternel stagne pour les scénarios GS et GS-phéno.

Lorsque l'on compare les scénarios optimisés à volume d'IA constant, des tendances similaires ont été observées, avec une référence inférieure et une supériorité des scénarios purement génomiques (sans

testage). Pour ces cas, le gain génétique pour le caractère maternel évolue également favorablement (+12% minimum).

Tableau 3. Progrès génétique annuel pour les caractères bouchers (AGGb) et maternels (AGGm) pour différents scénarios du programme Ile de France.

scénario	Actuel ¹		Optimisé_IA ²		Optimisé ³	
	AGGb	AGGm	AGGb	AGGm	AGGb	AGGm
Class-PT-culling [§]	0.095	0.061	0.121	0.087	0.139	0.096
GS	0.115	0.091	0.143	0.102	0.151	0.097
GS-pheno	0.146	0.093	0.169	0.098	0.173	0.095
GS-PT-index	0.113	0.095	0.131	0.115	0.146	0.123

¹ les valeurs des variables décisionnelles sont celles utilisées dans les programmes actuels, sauf pour l'information génomique; ² les valeurs des variables décisionnelles ont été optimisées mais le volume d'IA a été limitée à son niveau actuel; ³ pas de restriction sur le % d'IA; § Class-PT-culling était le scénario de référence. Il n'y avait pas de corrélation génétique entre les caractères bouchers et maternels. Pour les scénarios génomiques, la précision des index a été estimée par la formule proposée par Daetwyler et al. avec Ne=200, une taille du génome de 27 Morgan et nref=2000.

2.3 Programmes de sélection des petits ruminants laitiers

Les résultats pour les deux programmes de sélection sont présentés dans le Tableau 4. Le programme de la race MTR, dans son fonctionnement actuel, devrait donner un PGA de 0,147 σ_a . L'optimisation des variables décisionnelles a augmenté de 18,4% le gain génétique soit un résultat théorique relativement proche des gains génétiques réalisés. Le PGA de la production de lait a été calculé à 4,33 kg/an, ce qui équivaut à 0,173 σ_a (Astruc et al, 2002). Pour la chèvre « Alpine », l'optimisation permet un accroissement du PGA prédit de 52,5 % (de 0,120 à 0,183 σ_a). Dans ce programme, le gain génétique pour la production laitière a été estimé à 8,63 kg/an, ce qui équivaut à 0,112 σ_a (Montaldo et Manfredi, 2002).

En race MTR, les comparaisons, pour des variables décisionnelles optimisées, ont montré que le gain génétique a été augmenté de façon significative en incluant de l'information génomique : jusqu'à 26,9% pour le scénario GS-PT-index où l'information génomique a été utilisée pour présélectionner des candidats pour le testage, et 51,7% pour la scénario GS « pur » où la sélection des béliers d'élite a été exclusivement basée sur l'information génomique. Les résultats pour la chèvre « Alpine » ont montré une tendance similaire, avec une augmentation de 18.6% pour le scénario GS-PT-index et 26.2% pour le scénario GS. Les tendances étaient similaires lorsque les scénarios ont été comparés à volume d'IA constant.

Tableau 4. Progrès génétique annuel pour différents scénarios des programmes Manech Tête Rousse (ovin) et Alpine (caprin).

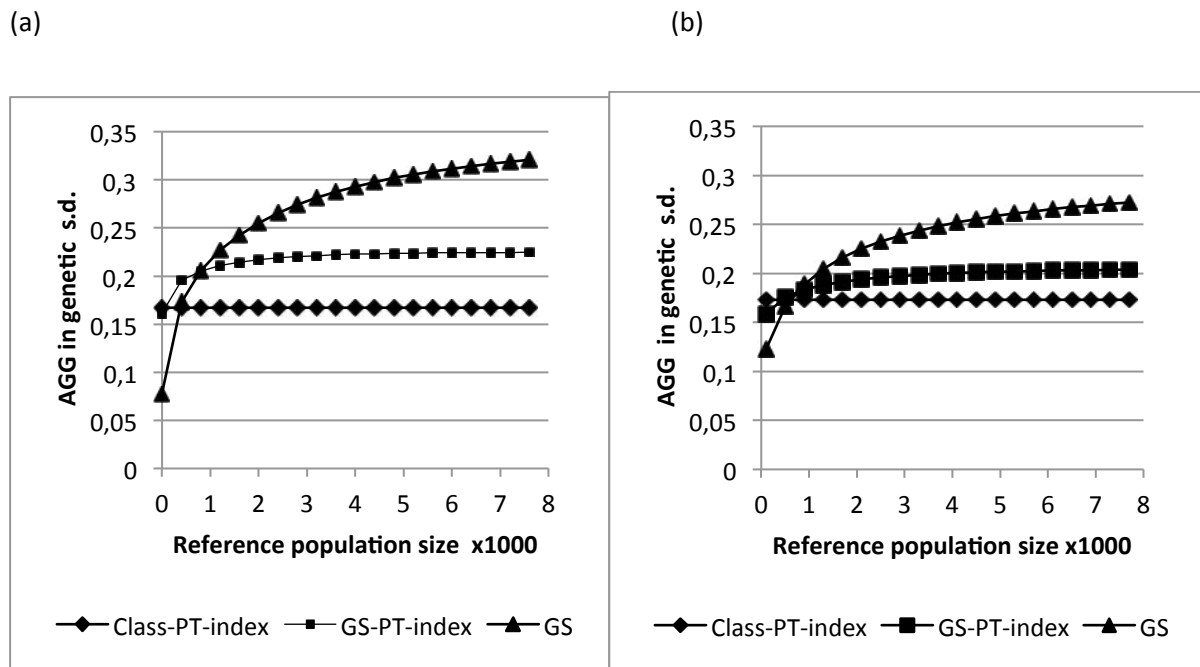
scénarios	Manech Tête Rousse (MTR)			Alpine		
	Actuel ¹	Optimisé_IA ²	Optimisé ³	Actuel ¹	Optimisé_IA ²	Optimisé ³
Class-PT-index	0.147	0.167	0.174	0.120	0.173	0.183
GS-PT-index	0.205	0.217	0.221	0.176	0.193	0.216
GS	0.248	0.254	0.264	0.207	0.223	0.231

¹ les valeurs des variables décisionnelles sont celles utilisées dans les programmes actuels, sauf pour l'information génomique; ² les valeurs des variables décisionnelles ont été optimisées mais le volume d'IA a été limité à son niveau actuel; ³ pas de restriction sur le % d'IA. Pour les scénarios génomiques, la précision des index a été estimée par la formule proposée par Daetwyler et al (2008) avec Ne=200, nref=200 et une taille du génome de 27 Morgan pour les MTR et 30 Morgan pour les Alpines.

2.4 Effet de la taille de la population de référence

Les effets de la taille de la population de référence sur le gain génétique annuel des programmes de petits ruminants laitiers sont présentés dans la Figure 2. Comme attendu, les résultats montrent que la réponse génétique augmente avec la taille de la population de référence dans tous les scénarios dans lesquels de l'information génomique a été incluse. Dans toutes les races, la variation de gain génétique obtenu en augmentant la taille de la population de référence était sensiblement plus grande pour le scénario dans lequel la sélection dépend uniquement de l'information génomique, c'est à dire le scénario GS. Dans tous les scénarios, l'accroissement de la population de référence a entraîné une augmentation de rendement décroissant de gain génétique, ce qui est particulièrement le cas pour les scénarios utilisant à la fois de l'information phénotypique et génomique (par exemple, GS-phéno et GS-PT-index). Pour une taille de 1000 individus (2000 individus pour les ovins viande – résultats non développés dans cet article), les scénarios génomiques ont dépassé les scénarios classiques.

Figure 3. Effet de la taille de la population de référence sur le gain génétique des programmes de sélection. (a) – Manech tête Rousse et (b) – chèvre Alpine. La précision des index a été estimée par la formule proposée par Daetwyler et al (2008) avec $N_e=200$, $n_{ref}=200$ et une taille du génome de 27 Morgan pour les MTR et 30 Morgan pour les Alpines.



3. Discussion

L'objectif de cette étude était de prédire les avantages potentiels de la sélection génomique sur le gain génétique pour les petits ruminants. Les comparaisons des stratégies de sélection classiques et génomiques ont été basées sur le progrès génétique annuel. Une population de référence de taille moyenne, composée d'individus évalués sur performances propres, a été considérée pour le calcul de la précision des index génomiques. Tous les scénarios de sélection ont été optimisés afin d'assurer des comparaisons justes. Les effets de la taille de la population de référence sur le gain génétique ont également été évalués.

3.1 Le modèle de sélection

Les précisions des index génomiques utilisés ont été calculées comme suggéré par Daetwyler et al (2008) et Goddard (2009). En utilisant ces méthodes, la précision est plus élevée lorsque la taille efficace de la population (N_e) et celle du génome sont réduites et que la taille de la population de

référence est importante. Les études publiées sur la diversité génétique chez les ovins (Palhiere et al, 2008; Garcia- Gamez et al, 2012) et les caprins (Araújo et al, 2006; Ribeiro et al, 2012) ont montré que les populations de petits ruminants sont hétérogènes et présentent des tailles de population efficaces élevées par rapport aux grandes races bovines en sélection. Ces caractéristiques sont favorables pour la réponse à la sélection à long terme, mais, avec les méthodes utilisées ici, elles affectent négativement la précision des prédictions génomiques. En outre, ces méthodes supposent que les populations de référence et de validation ne sont pas étroitement liées, ce qui pourrait sous-estimer la précision de la prédiction génomique. En effet, des études ont montré que les prédictions génomiques sont plus précises lorsque les candidats de sélection sont étroitement liés à la population de référence (Habier et al, 2007; Habier et al, 2010).

Les résultats obtenus dans cette étude confirment la nécessité d'optimiser les programmes : par rapport au niveau prédit pour le fonctionnement actuel, le PGA a été considérablement augmenté par l'optimisation notamment pour les scénarios sans utilisation d'information génomique : + 50,6 % chez les ovins viande, 18,4% chez les ovins laitiers et 52,5 % chez les chèvres laitières. En ovin viande, l'augmentation obtenue par optimisation était à peu près équivalente à celle attendue par l'utilisation de l'information génomique. Les principaux résultats indiquent (i) des programmes de sélection actuels sous-optimaux, (ii) l'importance d'utiliser des phénotypes boucher obtenus à un âge précoce dans les critères de sélection. Le modèle développé ici pourrait être étendu pour inclure la sélection dans les populations finies, l'évolution du taux de consanguinité et les aspects économiques des stratégies de sélection.

3.2 Le gain génétique

Dans le programme ovin viande, l'information génomique a augmenté le PGA de 5% à 14% selon le scénario. Les scénarios génomiques combinant un phénotype boucher précoce pour sélectionner les mâles élites ou présélectionner les mâles de testage ont été les plus efficaces. Ces deux stratégies, équivalentes si on considère le PGA total, divergent cependant par les gains relatifs pour les deux caractères. La seconde donne des gains plus « équilibrés » entre caractères boucher et maternel. Le scénario purement génomique (GS) est moins avantageux et ne procure qu'un accroissement de 5,5% par rapport au programme de référence. Ce résultat démontre l'importance d'un phénotype, dans des situations où il est enregistré à un âge précoce et lorsque la population de référence est limitée ($n_{ref} = 2000$). Pour tous les scénarios ovin viande, le PGA prédit était inférieur à celui reporté pour les bovins laitiers (e.g. Schaeffer, 2006; König et Swalve, 2009; Pryce et al, 2010) principalement en raison de certaines limites inhérentes aux programmes ovins viande tel que la taille limitée des bases de sélection, la faible utilisation de l'IA et la taille limitée des séries de testage, qui ont une incidence négative sur l'intensité et la précision de la sélection.

Dans les programmes de petits ruminants laitiers, lorsque les paramètres ont été optimisés, les scénarios génomiques permettent une augmentation du PGA prédit jusqu'à 51,7 % pour les brebis laitières et 26,2% pour les chèvres laitières. La supériorité des scénarios génomiques est principalement due à la diminution de l'intervalle de génération et l'utilisation de l'information génomique pour présélectionner les mâles testés sur descendance. L'augmentation du PGA était plus élevée lorsque le testage sur descendance a été éliminé, signifiant que le gain lié au faible intervalle de génération était plus élevé que la perte due à la moindre précision. Ce résultat est en accord avec ceux rapportés pour les bovins laitiers (e.g. Schaeffer, 2006; König et Swalve, 2009; Pryce et al, 2010). L'augmentation de 51,7 % pour les Manech Tête Rousse était proche de celle rapportée dans ces études, mais pas aussi élevée que les résultats indiqués par Schaeffer (2006). En effet, contrairement à notre étude, Schaeffer (2006) a inclus une intensité de sélection génomique sur la voie mère-fils, une réduction supérieure de l'intervalle de génération et une précision génomique supérieure. La précision génomique utilisée dans notre étude est relativement faible par rapport à celle utilisée chez les bovins laitiers mais pourrait toutefois être réaliste chez les petits ruminants (Duchemin et al, 2012).

Le gain de précision génomique, permis par des tailles croissantes de la population de référence, a nettement amélioré la supériorité des scénarios génomiques. En outre, l'effet de l'information phénotypique obtenue à un âge précoce et du maintien du testage sur descendance diminue voire limite le PGA lorsque la taille de la population de référence augmente.

Dans cette étude, seuls les candidats mâles ont été génotypés parce que nous supposons, en raison du coût du génotypage et de la valeur des reproducteurs, que les premières utilisations de l'information génomique seront ciblées sur les mâles. En effet, une étude décrivant une stratégie de génotypage pour la sélection génomique par Henryon (2012) a montré que les génotypages des mâles apportent à eux seuls la plupart des avantages attendus de la sélection génomique.

Pour conclure, le progrès génétique annuel a été augmenté par l'optimisation des variables décisionnelles et la prise en compte d'information génomique. Toutefois, ces bénéfices sont évalués uniquement en matière d'avantages techniques. Des études en cours évaluent l'intérêt économique de ces stratégies de sélection.

Références bibliographiques

Araújo A.M.d., Guimarães S.E.F., Machado T.M.M., Lopes P.S., Pereira C.S., da Silva F.L.R., Rodrigues M.T., Columbiano V. de S., da Fonseca C.G., 2006. Genetic diversity between herds of Alpine and Saanen dairy goats and the naturalized Brazilian Moxotó breed. *Genetics and Molecular Biology* 29: 67-74.

Astruc J.M., Barillet F., Barbat A., Clement V., Boichard D., 2002. Genetic evaluation of dairy sheep in France. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Montpellier, France, 231-234

Boichard D., Guillaume F., Baur A., Croiseau P., Rossignol M. N., Boscher M. Y., Druet T., Genestout L., Colleau J. J., Journaux L., Ducrocq V., Fritz S., 2012. 2012. Genomic selection in French dairy cattle. *Animal Production Science* 52, 115-120.

Buch L. H., Sorensen M.K., Berg P., Pedersen L.D., Sorensen A.C., 2012. Genomic selection strategies in dairy cattle: Strong positive interaction between use of genotypic information and intensive use of young bulls on genetic gain. *J Anim Breed Genet* 129, 138-151.

Bulmer M.G., 1971. The effect of selection on genetic variability. *Am. Nat.* 105, 201-211.

Daetwyler H. D., Villanueva B., Woolliams J.A., 2008. Accuracy of predicting the genetic risk of disease using a genome-wide approach. *PLoS One* 3: e3395.

Duchemin S. I., Colombani C., Legarra A., Baloché G., Larroque H., Astruc J.M., Barillet F., Robert-Granie C., Manfredi E., 2012. Genomic selection in the French Lacaune dairy sheep breed. *J Dairy Sci* 95, 2723-2733.

Ducrocq V., Colleau J. J., 1989. Optimum truncation points for independent culling level selection on a multivariate normal distribution, with an application to dairy cattle selection. *Genetics Selection Evolution* 21, 1-14.

Garcia-Gamez E., Sahana G., Gutierrez-Gil B., Arranz J.J., 2012. Linkage disequilibrium and inbreeding estimation in Spanish Churra sheep. *BMC Genet* 13, 43.

Goddard M., 2009. Genomic selection: prediction of accuracy and maximisation of long term response. *Genetica (Dordrecht)* 136, 245-257.

Haberland A.M., König von Borstel U., Simianer H., König S., 2012. Integration of genomic information into sport horse breeding programs for optimization of accuracy of selection. *Animal* 6, 1369-1376.

Habier D., Fernando R.L., Dekkers J.C., 2007. The impact of genetic relationship information on genome-assisted breeding values. *Genetics* 177, 2389-2397.

Habier D., Tetens J., Seefried F.-R., Lichtner P., Thaller G., 2010. The impact of genetic relationship information on genomic breeding values in German Holstein cattle. *Genetics Selection Evolution* 42, 5.

- Henryon M., Berg P., Ostersen T., Nielsen B., Sorensen A.C., 2012. Most of the benefits from genomic selection can be realized by genotyping a small proportion of available selection candidates. *J Anim Sci* 90, 4681–4689.
- Konig S., Swalve H.H., 2009. Application of selection index calculations to determine selection strategies in genomic breeding programs. *J Dairy Sci* 92, 5292-5303.
- Montaldo H.H., Manfredi E., 2002. Organisation of selection programmes for dairy goats. Commun. No. 01–35. In: Proc. 7th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Montpellier, France.
- Palhiere I., Brochard M., Moazami-Goudarzi K., Laloë D., Amigues Y., Bed'hom B., Neuts E., Leymarie C., Pantano T., Cribiu E.P., Bibé B., Verrier E., 2008. Impact of strong selection for the PrP major gene on genetic variability of four French sheep breeds (Open Access publication). *Genetics Selection Evolution* 40: 663 - 680.
- Pimentel E.C., Konig S., 2012. Genomic selection for the improvement of meat quality in beef. *J Anim Sci* 90, 3418-3426.
- Pryce J.E., Goddard M.E., Raadsma H.W., Hayes B.J., 2010. Deterministic models of breeding scheme designs that incorporate genomic selection. *Journal of Dairy Science* 93, 5455-5466.
- Ribeiro M.N., Bruno-de-Sousa C., Martinez-Martinez A., Ginja C., Menezes M.P., Pimenta-Filho E.C., Delgado J.V., Gama L.T., 2012. Drift across the Atlantic: genetic differentiation and population structure in Brazilian and Portuguese native goat breeds. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 129, 79-87.
- Safari E., Fogarty N.M., Gilmour A.R., Atkins K.D., Mortimer S.I., Swan A.A., Brien F.D., Greeff J.C., van der Werf J.H., 2007. Genetic correlations among and between wool, growth and reproduction traits in Merino sheep. *J Anim Breed Genet* 124, 65-72.
- Shumbusho F., Raoul J., Astruc J.M., Palhiere I., Elsen J.M., 2013. Potential benefits of genomic selection on genetic gain of small ruminant breeding programs. *J Anim Sci* 91(8), 3644-3657
- Schaeffer L.R., 2006. Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle. *J Anim Breed Genet* 123, 218-223.