

La gestion de la variabilité génétique

En 2014, un bilan de la gestion de la variabilité génétique a été réalisé afin de dresser un état des lieux de la situation avant la mise en place de la sélection génomique. L'évolution de la consanguinité moyenne des mâles d'IA est présentée sur la figure 1.

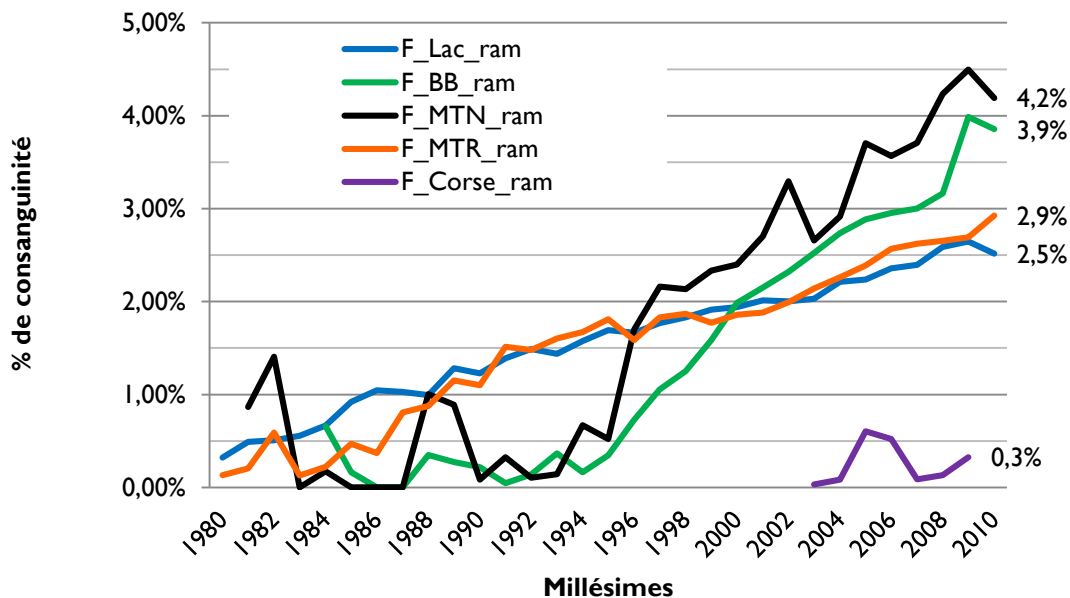


Figure 1: Évolution de la consanguinité moyenne des mâles d'IA et de monte naturelle du CLO depuis 1980

On peut voir que la consanguinité moyenne augmente très fortement en Basco-Béarnais (BB) et Manech Tête Noire (MTN) depuis quelques années : + 0,2% par an environ en BB et MTN contre + 0,1% par an environ en Lacaune (LAC) et Manech Tête Rousse (MTR) entre 2000 et 2010, soit des effectifs génétiques de 65 en BB, 51 en MTN, 117 en MTR et 188 en LAC. Un accompagnement a été mis en place pour aider les Entreprises de Sélection à mieux gérer la variabilité génétique, et plus particulièrement en BB et MTN, où la petite taille des populations représente un frein fort.

Ce travail apparaît d'autant plus important avec l'arrivée de la Sélection Génomique (SG) que le turn-over des béliers se fait un peu plus rapidement, que le nombre de béliers d'IA est réduit par rapport au schéma classique, et que le travail en semence fraîche ne permet pas d'utiliser les méthodes de Sélection à Parenté Minimum pour gérer la variabilité génétique.

La gestion de la variabilité génétique basée sur les familles de pères à béliers

En SG, si on veut appliquer une pression de sélection sur les jeunes béliers génomiques comprise entre 1/3 et 1/4, il est nécessaire de génotyper environ 5 à 8 agneaux selon les races pour pouvoir en sélectionner un seul pour le CIA. En augmentant le nombre de Pères à Béliers (PAB) en génomique par rapport au schéma classique, la probabilité de voir une famille disparaître, et donc de voir apparaître des déséquilibres entre familles, est plus importante. Il a donc été décidé de maintenir le nombre de PAB avec le passage à la SG pour faciliter la gestion des familles et l'équilibre entre elles à chaque étape de la sélection : choix des PAB, accouplements raisonnés, choix des agneaux génotypés, et sélection des agneaux sur index génomique.

Compte tenu du déséquilibre important entre familles de PAB constaté dans les races pyrénéennes, un redécoupage des familles a été réalisé en 2014 en race BB, et certains PAB ont été écartés. Depuis, un bilan est réalisé au moment du choix des PAB dans chacune des trois races afin de vérifier leurs niveaux de consanguinité et d'apparentements, ainsi que l'évolution des tailles de familles, pour valider ou non leur statut de mâle élite.

La sélection des agneaux génomiques tient compte des familles

Le choix des agneaux est raisonné intra-famille de PAB et résulte d'un compromis entre valeur génétique et diversité génétique. Dans la mesure du possible, les agneaux trop consanguins ou trop apparentés aux autres sont écartés, et les responsables des ES veillent à maintenir l'équilibre entre les familles pour éviter la disparition de certaines familles ou l'apparition de familles majeures.

Pour cela, une fois les accouplements raisonnés réalisés, les consanguinités des produits à naître sont calculées et diffusées aux responsables des schémas afin de les aider à choisir les futurs mâles d'IA. Une fois le choix fait, un bilan est également réalisé pour vérifier la consanguinité et l'apparentement moyen des mâles ainsi que l'équilibre entre familles.

Vers une prise en compte des données moléculaires

Le déploiement de la sélection génomique pose la question de la prise en compte des données moléculaires pour étudier la variabilité génétique. En effet, outre la possibilité de révéler l'originalité des individus, il a été démontré que pour contrôler de manière efficace la consanguinité d'une population en sélection génomique, il est souhaitable de se baser sur les informations moléculaires, l'utilisation des seuls pedigrees impliquant une surestimation de l'accroissement de consanguinité. Le bilan de la variabilité génétique des races ovines laitières françaises en sélection, fondé pour l'instant sur des indicateurs issus de généalogies, sera complété par des indicateurs issus de génotypages dans le cadre d'un travail en cours. Un bilan

à venir de l'évolution au fil des dernières décennies de la variance génétique additive des caractères en sélection, estimée à partir d'informations phénotypiques et généalogiques, contribuera également à établir un état des lieux complet de la variabilité génétique des ovins laitiers français.