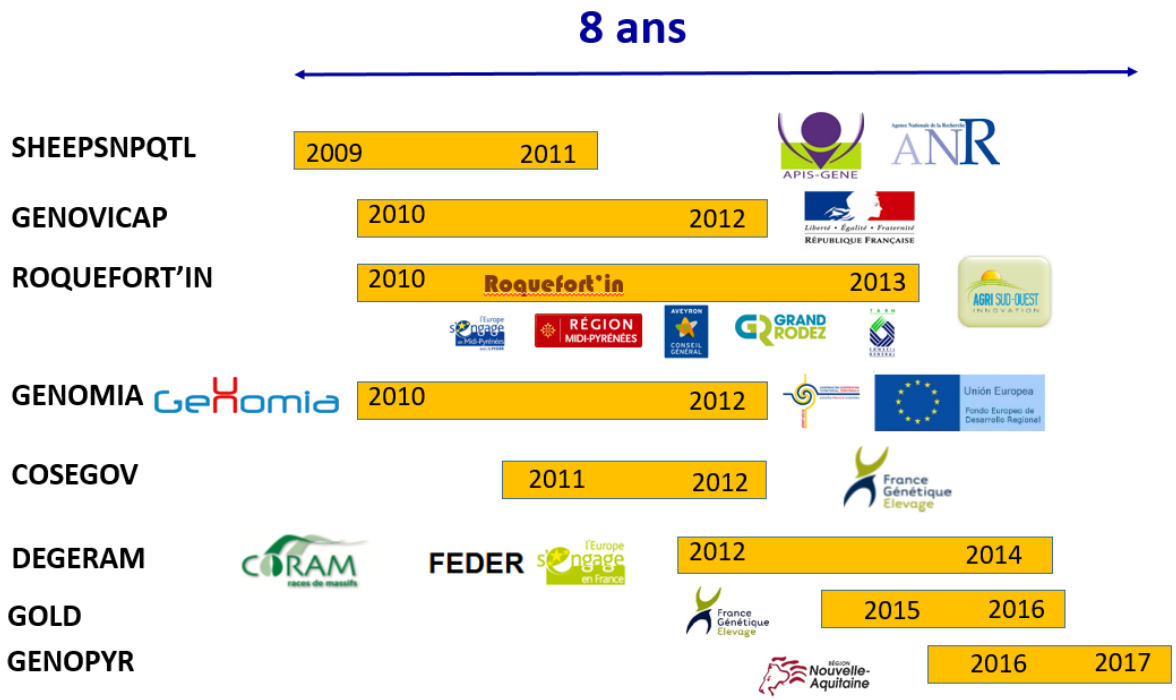
Jean-Michel Astruc, Diane Buisson
Décembre 2018

Le développement de la sélection génomique en ovins laitiers

Les activités de recherche x développement (R&D) sur la sélection génomique des brebis laitières ont débuté à partir de fin 2009, avec la mise sur le marché par Illumina d'une puce « OvineSNP50® (54241 SNP). En parallèle, le contexte foisonnant en bovin lait sur le sujet et les perspectives de gain génétique accru ont fortement stimulé les acteurs de la génétique ovine laitière française et les ont poussés à mettre en œuvre, à partir de 2010, une série de programmes de R&D pour évaluer la faisabilité de la sélection génomique en ovin lait. Le terreau était favorable. Outre la bonne à très bonne efficacité des schémas de sélection français (voir fiche sur les programmes de sélection), la structuration de la RxD articulée dans un continuum étroit avec la profession (l'INRA et l'Institut de l'Elevage, regroupés au sein de l'UMT génétique des petits ruminants et des professionnels motivés au sein du Comité National Brebis Laitière) constituaient un atout indéniable. Divers programmes (dont les noms et la chronologie sont donnés dans le figure ci-après), d'ampleur et de nature diverses, ont été complémentaires et ont permis l'investissement initial (population de référence et ingénierie) indispensable pour monter dans le train en marche de la mutation génomique.

8 ans de recherche et développement



Avant de passer en revue les différents programmes de R&D et leurs apports respectifs, signalons 2 actions qui ont été précurseurs de la génomique.

-Le programme national pour l'amélioration génétique de la résistance à la tremblante mis en place en 2003 chez l'ensemble des populations ovines. En juin 2018, plus de 1023000 typages PrP ont été réalisés et stockés dans la base nationale moléculaire dédiée, dont 305000 pour les ovins laitiers. Les Organismes en charge de la sélection ont donc mis en place très tôt un programme de génomique avec tout ce que cela sous-entend de logistique et d'ingénierie nécessaires, mais aussi de sensibilisation aux différentes notions.

-Un programme de primo-détection de détection de QTL en ovins laitiers a été conçu en 1997 par l'INRA et la Sardaigne, dans le cadre d'un projet Européen, à partir de marqueurs microsatellites. Sa mise en œuvre était fondée, d'une part sur des brebis back-cross Sarde x Lacaune, d'autre part sur 22 familles de "petites-filles", constituées de 783 béliers d'IA, résultant des noyaux de sélection en races pures françaises Basco-Béarnaise, Lacaune et Manech.

Le programme *SheepSNPQTL* (ANR-Apis-Gene) était destiné à une première valorisation de la puce 50k, pour détecter et cartographier finement des QTL, mais aussi pour jeter les bases d'une population de référence Lacaune en vue d'une sélection génomique. Dans ce cadre, 1000 génotypages Lacaune ont été réalisés, première marche d'une population de référence qui, en 2017, atteint plus de 10000 béliers. Le passage des marqueurs microsatellites aux marqueurs SNP n'ayant pas permis une augmentation remarquable du nombre de QTL détectés pour les caractères d'intérêt en OL, il était difficile d'envisager d'utiliser la méthode BLUP-QTL d'évaluation génomique mise en œuvre en France pour les trois grandes races bovines laitières

Le programme *Roquefort'in* (FUI, labellisation pôle de compétitivité Agri Sud Ouest – ex Agrimip - Innovation, 2010-2013). En race Lacaune, les maîtres d'œuvre des schémas de sélection ont fait de la génomique un axe fort de Roquefort'in, avec l'ambition de tester la faisabilité de la sélection génomique au travers de l'amélioration de la précision des index génomiques (augmentation conséquente de la population de référence), d'une expérimentation de la sélection génomique originale sur 2 cohortes de béliers, et de la conception de schémas génomiques dans les 2 Entreprises de Sélection Lacaune.

L'objectif de *Genomia* (Poctefa) était d'évaluer la complémentarité des races ovines laitières du Pays Basque Nord (France) et du Pays Basque Sud (Espagne), dont les populations (à l'exception de la Manech tête rousse) sont de taille limitée, dans une évaluation multi-raciale, en comparaison à l'évaluation intra-race.

Le programme CASDAR *GENOVICAP*, porté par l'UMT GGPR de Toulouse, était destiné à poser des jalons en termes d'ingénierie de la génomique, mais aussi à évaluer, via un doctorat, l'intérêt technico-économique de la sélection génomique en petits ruminants.

Degeram « Lacaune lait » (porté par le CORAM sur des financements Massif Central) était orienté vers la mise en place d'un centre d'élevage génomique, avec, d'une part la mise à jour

de la population de référence Lacaune, d'autre part la mise en place et la valorisation de phénotypes collectés en centre d'élevage.

Le projet *COSEGOV* (refondation des COntrats de SElection et d'utilisation en OVin en lien avec l'émergence de la Génomique), financé par FGE, visait de façon prospective à accompagner les acteurs des schémas ovins laitiers des 5 races ovines laitières (Lacaune, Manech tête rousse, Manech tête noire, Basco-Béarnaise et Corse) dans leur réflexion sur l'évolution du fonctionnement organisationnel des schémas et l'adaptation des contrats de sélection dans le cas du développement de la sélection génomique (Labatut *et al* 2014).

L'action innovante *GOLD* (Genomic Ovine Low Density) avait pour but principal d'intégrer des génotypages sur la puce basse densité (LD, 15K) ovine (conçue par l'International Sheep Genomics Consortium et commercialisée par Illumina) dans l'évaluation génomique des races ovines laitières françaises. Pour cela l'imputation de la basse vers la moyenne densité a été évaluée (avec des résultats très positifs) et intégrée dans les traitements de routine.

Le programme *GENOPYR* a consisté en l'introduction de la sélection génomique et la prise en compte de nouveaux caractères dans le fonctionnement des schémas de sélection des races ovines laitières locales des Pyrénées. Elle a notamment permis, d'une part de mettre à jour a population de référence (génotypage des derniers millésimes de béliers testés), d'autre part de concevoir le schéma génomique optimal pour ces races locales.

Au-delà de leur diversité, ces différents programmes complémentaires et financements conséquents pour les principaux ont permis au final de *i)* constituer des populations de référence fondées sur les béliers d'IA, *ii)* étudier la précision des indexations génomiques, *iii)* réaliser une expérimentation de sélection génomique, *iv)* concevoir des schémas de sélection génomique adaptés aux spécificités génétiques et physiologiques (IA en semence fraîche) des ovins lait, et chiffrer les variations de coût par rapport aux schémas classiques, *v)* réfléchir aux évolutions organisationnelles et les anticiper.