

La génomique : un outil collectif pour la sélection ovine aujourd'hui et demain

Diane BUISSON (Institut de l'élevage)

Anne DUCLOS (OS ROM)

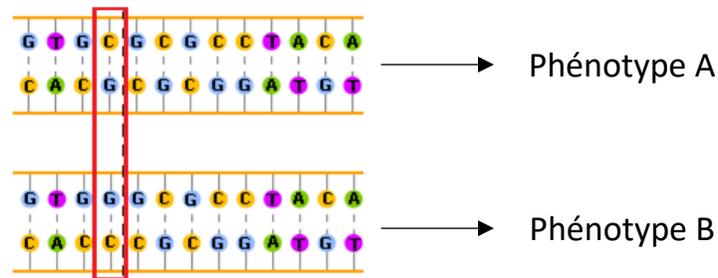
Valérie LOYWYCK (Institut de l'élevage)



Introduction

Qu'est-ce qu'une information moléculaire ?

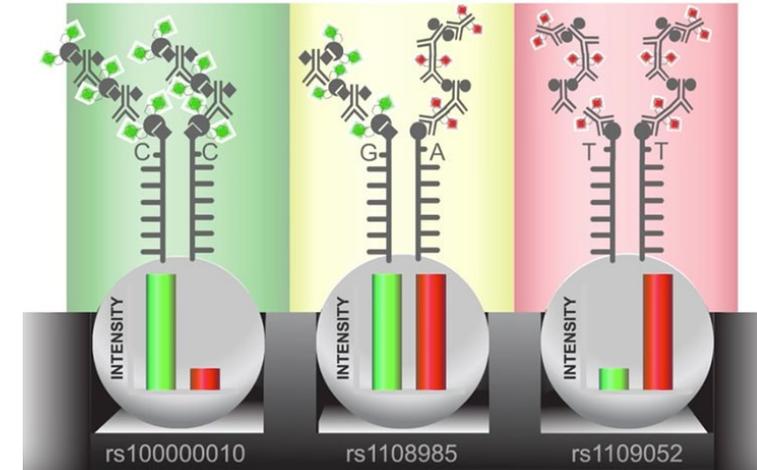
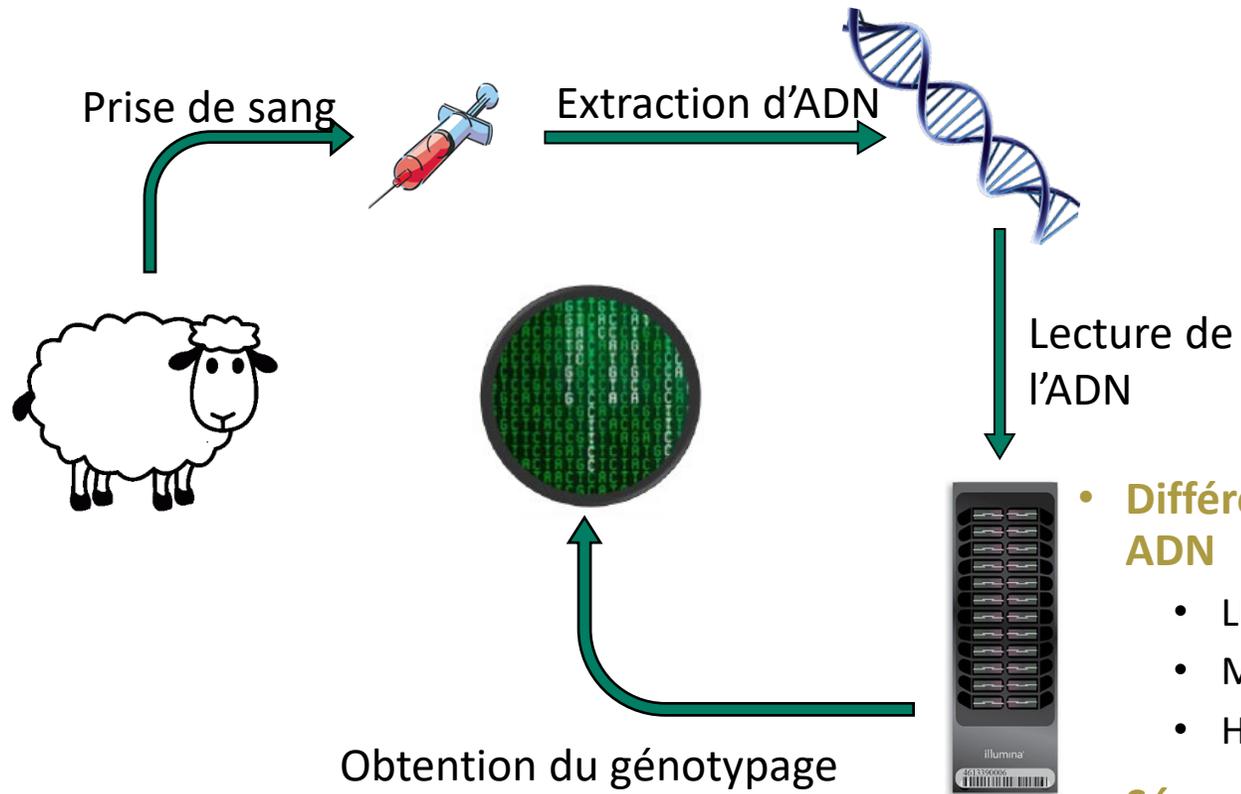
Un marqueur moléculaire est une séquence particulière d'ADN qui est corrélée à un caractère observable et mesurable.



La caractérisation de ces marqueurs grâce à la lecture de l'ADN a ouvert de nouvelles voies en génétique animale

Introduction

Comment sont collectées les données moléculaires ?



- **Différents types de puces à ADN**
 - LD : $\approx 10\ 000$ marqueurs
 - MD : $\approx 50\ 000$ marqueurs
 - HD : $\approx 600\ 000$ marqueurs
- **Séquençage**

Introduction

A quoi ces données moléculaires peuvent-elles servir ?

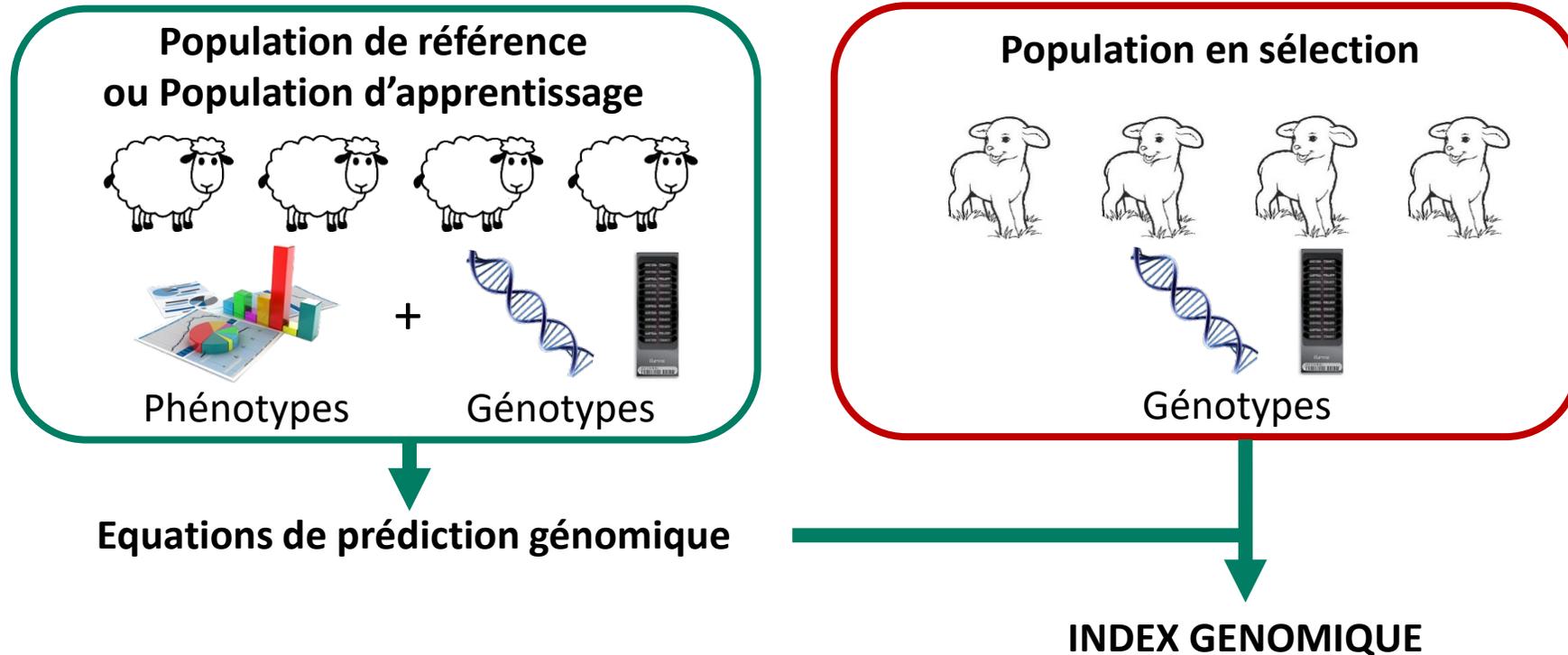
Les données génomiques sont avant tout un outil **COLLECTIF** qui va servir :

1. A mettre en place la sélection génomique
2. A faire de l'assignation de parenté et du contrôle de filiations
3. A faire de la sélection assistée par gènes



1. La sélection génomique

Principe de la sélection génomique



Les équations de prédictions sont d'autant plus fiables que :

- La taille population de référence \nearrow*
- Les phénotypes sont bien connus*
- Les deux populations sont connectées*

**IMPORTANCE DU CONTRÔLE
DE PERFORMANCES**

L'index génomique

Précision intermédiaire entre ascendance et descendance

Connaissance plus précoce des animaux

Index disponible dès l'âge de 3 mois

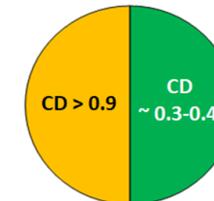
Optimisation de la gestion des béliers en CIA

L'index génomique seul ne suffit pas !

En Lacaune : sur 4-5 agneaux génotypés, 1 seul est gardé pour l'IA

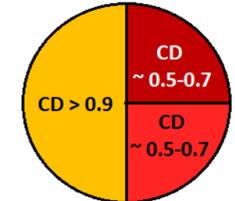
En ROLP et en C : ce ratio est de 1 pour 2-3

Doses d'IA d'un élevage
CLO moyen en sélection
"classique"



■ Agneaux en testage
■ PAB testés

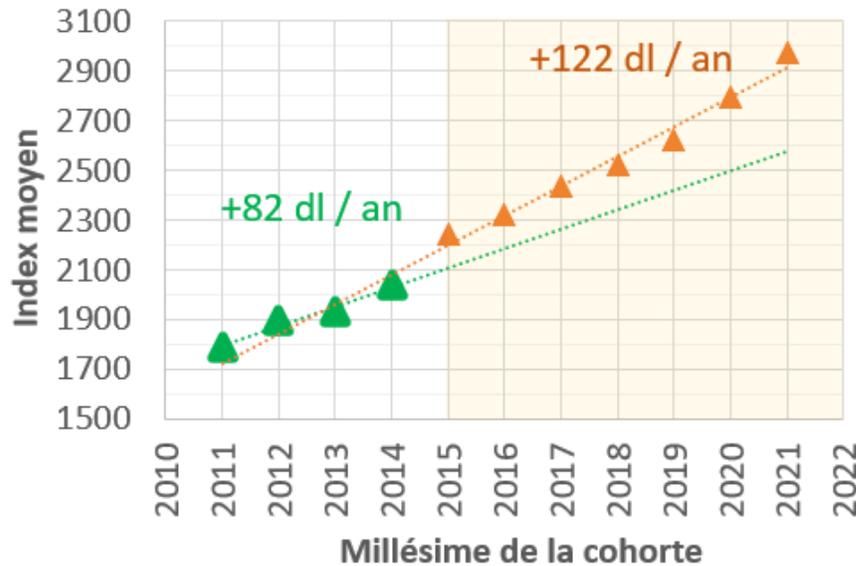
Doses d'IA d'un élevage
CLO moyen en sélection
"génomique"



■ Agneaux génomiques
■ PAB-PAF génomiques
■ PAB testés

Application en ovins lait

Une sélection génomique efficace : l'exemple de la race Lacaune



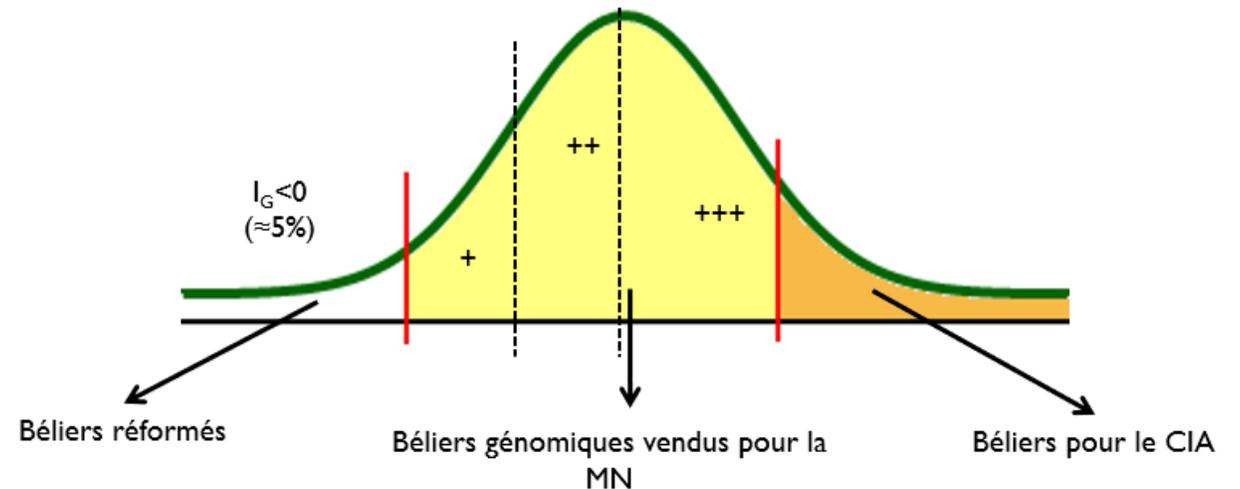
Accroissement du progrès génétique en CLO...

- Progression plus rapide sur les caractères en sélection
- Sélection de nouveaux caractères (*rusticité, thermo-tolérance, résistance au parasitisme, ...*)

... Et diffusion vers les utilisateurs

IA

Vente de béliers de MN génotypés





2. Assignation de parenté et contrôle de filiation

Quelle différence entre les deux ?

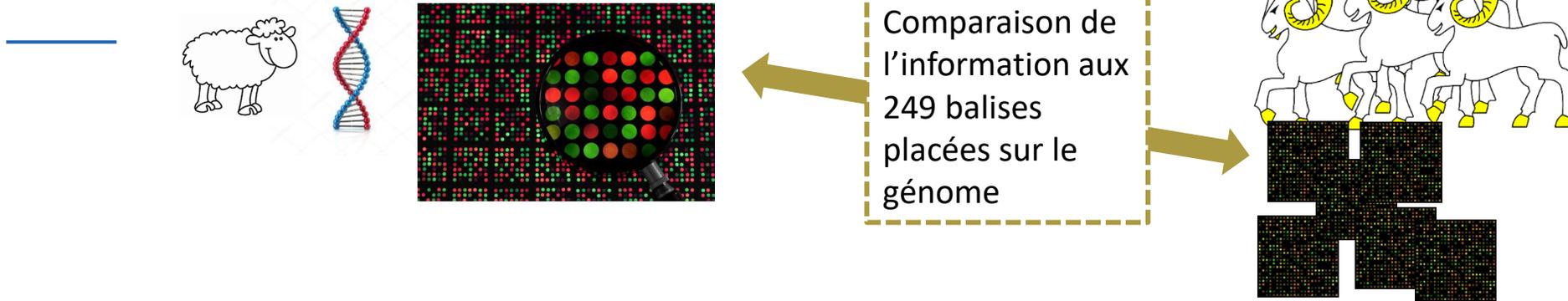
**Assignation
de parenté**



**Contrôle
de filiation**



L'assignation de parenté



Taille grandissante des élevages

+

Main d'œuvre rare et chère

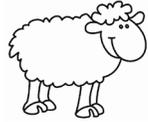
→ **Obtention des paternités = une contrainte**

- monte naturelle majoritaire
- lutte en paternité coûteuse en temps, en organisation et difficile à mettre en place pour certains élevages (pâturage, grands troupeaux)

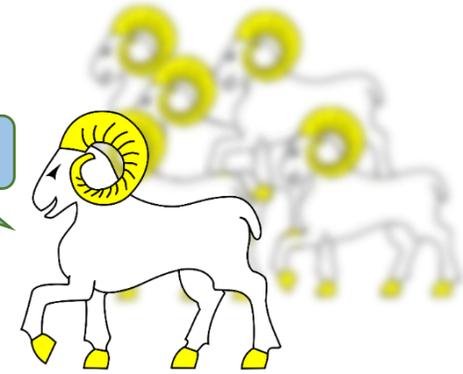
% de femelles de paternité connue dans le noyau de sélection



L'assignation de parenté



Je suis ton père *



* Fiabilité de 96%

Pourquoi vouloir les parentés ?

Augmentation du nombre d'animaux avec une paternité connue

Amélioration
du tri sur
ascendance

Meilleure
gestion de la
consanguinité
dans l'élevage

Meilleure
précision des
index

ELEVAGE



- ✓ Progrès génétique
- ✓ Diversité génétique
- ✓ Connexion entre les élevages

RACE



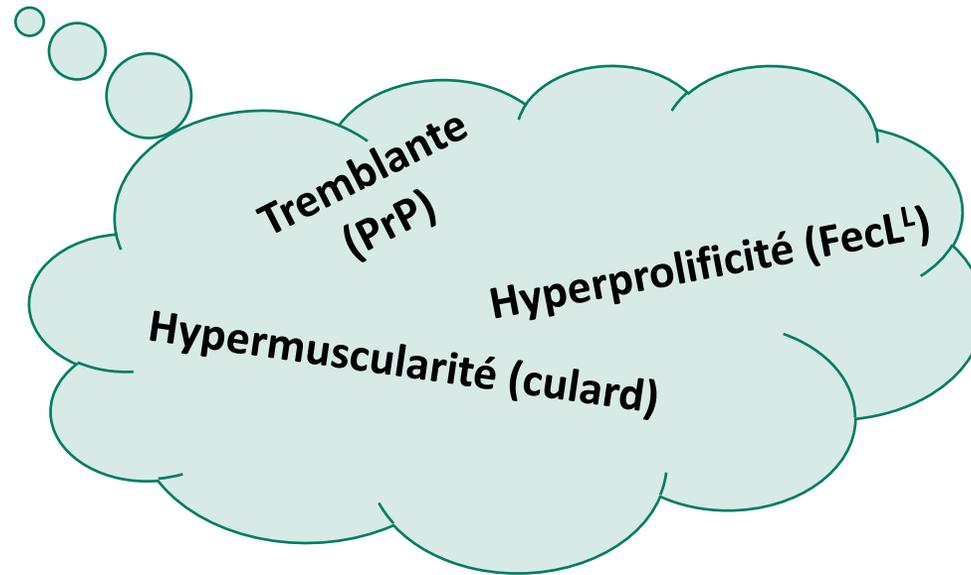
3. La sélection assistée par gènes

Quels sont les caractères concernés ?

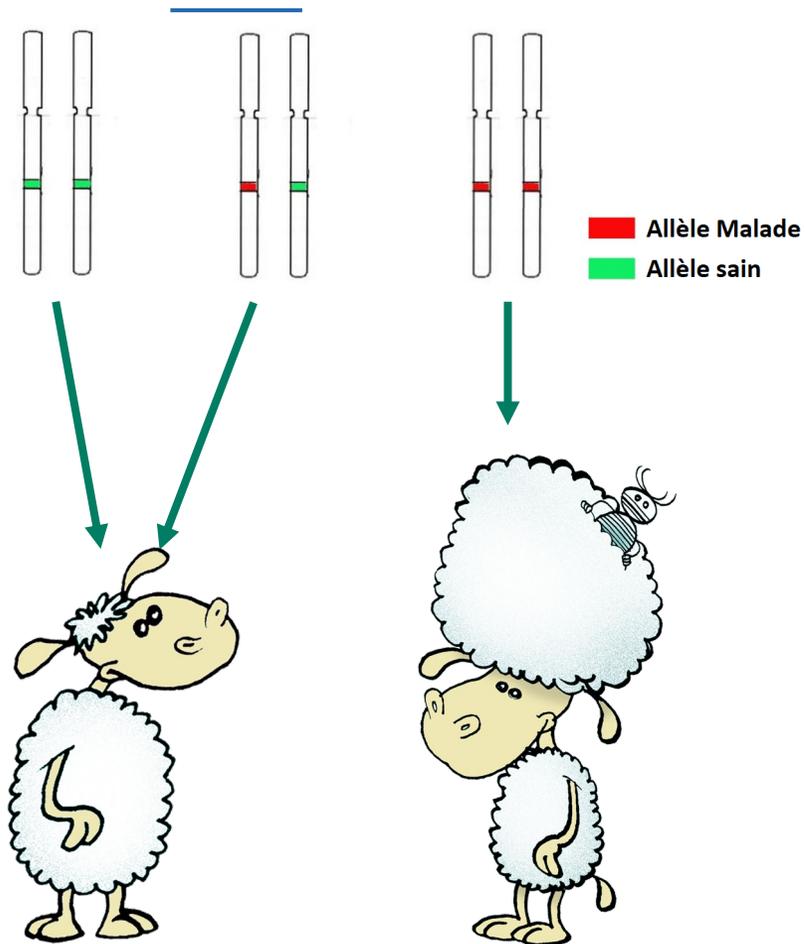
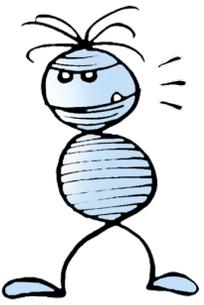
Les caractères sous contrôle d'un gène majeur

La plupart des caractères sont sous contrôle de milliers de gènes...

... mais dans certains cas, il peut exister 1 gène majeur qui affecte fortement le caractère



Un outil intéressant pour la gestion des anomalies génétiques



En cas d'anomalie récessive :

Les individus porteurs de l'allèle malade ne présentent pas de symptômes (porteurs sains)

→ *Diffusion de l'anomalie dans la population*

Grâce à la SAG, il est alors possible :

*d'intégrer les marqueurs moléculaires liés aux anomalies sur les puces à ADN
D'éradiquer les allèles malades, donc l'anomalie*

Projet CASDAR PRESAGE (2021-2024) pour préparer la création d'un observatoire des anomalies génétiques en petits ruminants





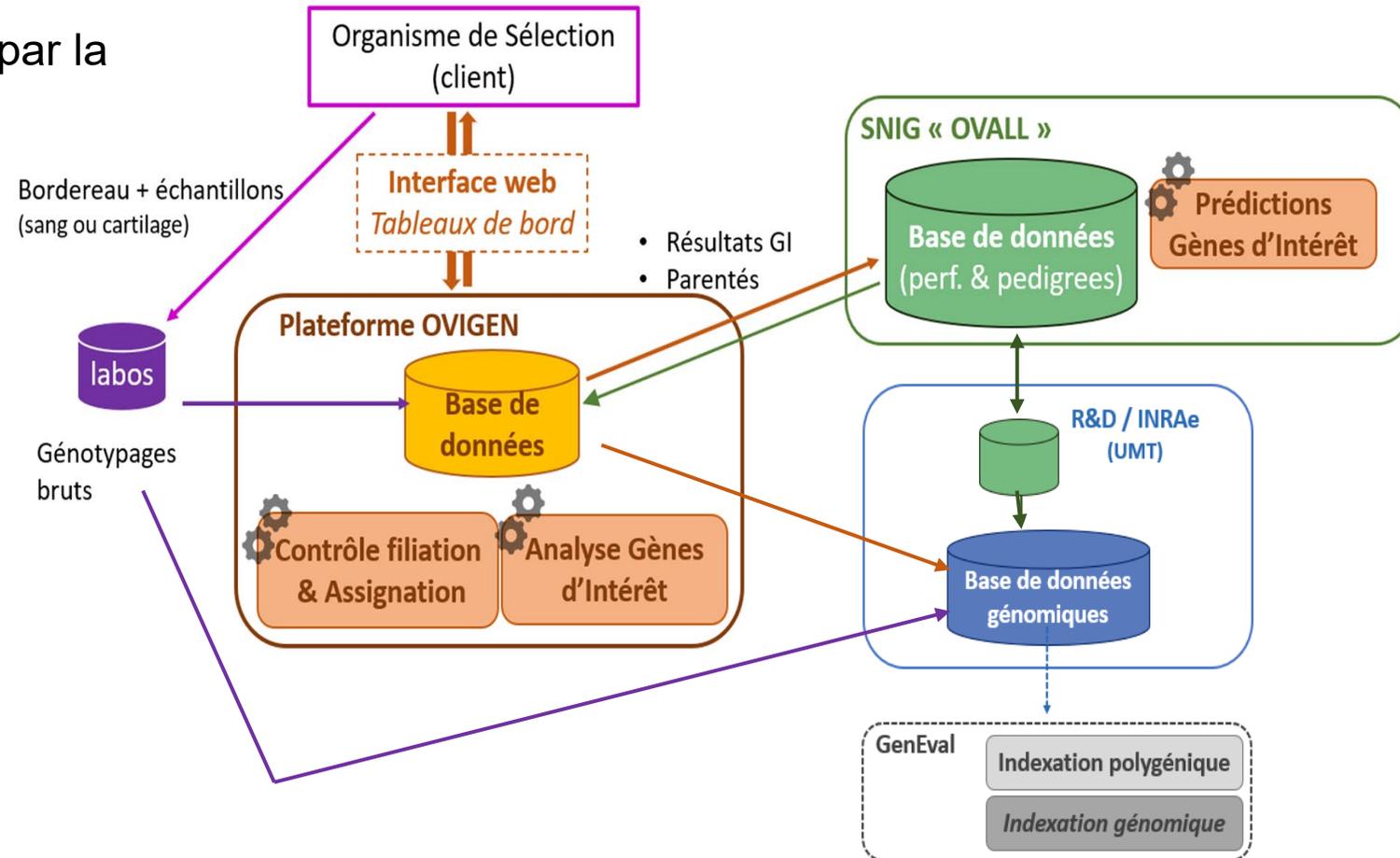
4. Outils collectifs

Plateforme OVIGEN



Service ouvert aux OES ovines représentées par la Commission Ovine de FGE

- Récupération des prélèvements et envoi des génotypages bruts par les laboratoires (puce *AgResearch*)
- Interfaces Web
- Assignment
- Gènes d'intérêt : analyse et prédiction
- Echanges de données avec OVALL
- Envoi des données pour l'indexation génomique





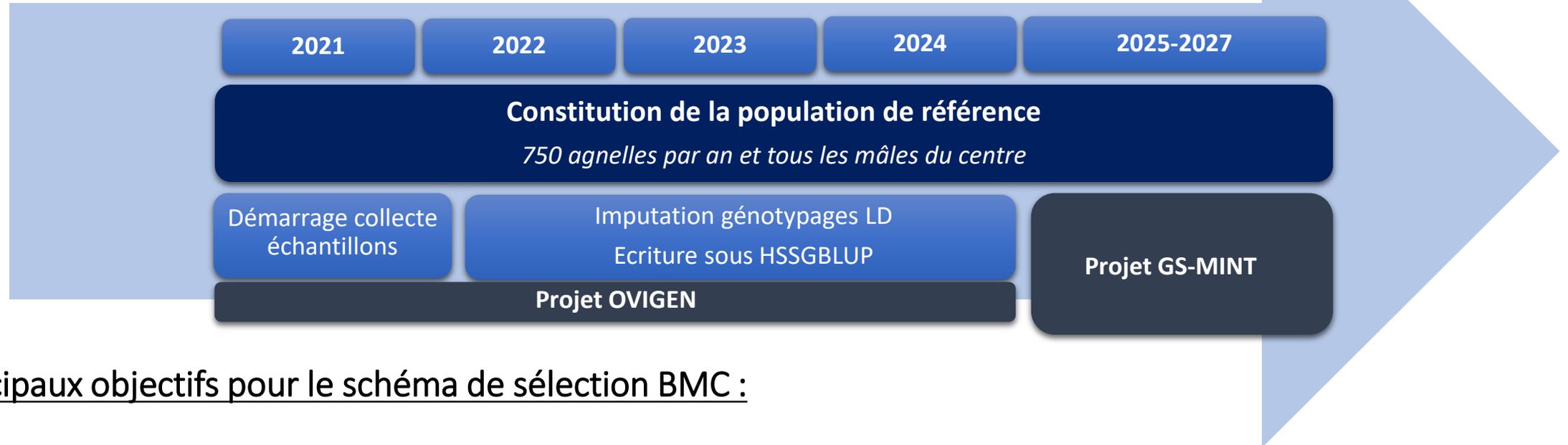
5. Témoignage OS ROM

Utilisation de la génomique en routine à l'OS ROM

					
BIZET	Blanche du MC	Grivette	Noire du Velay	Limousine	RAVA
50 ♂ 3300 ♀	600 ♂ 21 500 ♀	50 ♂ 5600 ♀	80 ♂ 6400 ♀	95 ♂ 7800 ♀	80 ♂ 11000 ♀

- **Sélection assistée par gènes** : PrP pour toutes les races et hyper-prolificité pour les schémas Noire du Velay (FecXN et FecL), BMC (FecXN) et Grivette (FecXGr)
- **Assignation de parenté** (quelques lots de femelles) et **contrôle de filiation** (tous les mâles qui rentrent au centre)

La sélection génomique en BMC



Principaux objectifs pour le schéma de sélection BMC :

- Estimation de la valeur génétique d'un animal dès sa naissance à partir d'un prélèvement, sans attendre de performances. Diminution de l'intervalle de génération et optimisation de la gestion des béliers d'IA.
- Nouvelles perspectives pour la sélection d'autres caractères

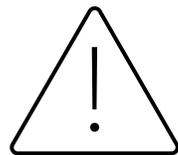


Conclusion & perspectives

Un outil très puissant pour la sélection

- Importance majeure pour améliorer la sélection
 - ✓ Meilleure **gestion des généalogies** grâce au contrôle des filiations et à l'assignation de parentés
 - ✓ Possibilité d'étudier et d'intégrer des **caractères complexes** dans les objectifs de sélection
- Un rôle clé pour repérer, comprendre et gérer les anomalies génétiques
 - ✓ **Trouver les mutations** causales et comprendre le déterminisme génétique des anomalies
 - ✓ Possibilité de **gérer les anomalies** grâce

Le **contrôle de performances est indispensable** à la sélection génomique, qu'il soit réalisé :



- En ferme
- En station
- Sur des plateformes de phénotypages



Perspectives - autres projets génomiques

GS-MINT : poursuite de l'indexation génomique

- ✓ adaptation aux spécificités OA
- ✓ intégration des mutations situées sur le chromosome X

PHENOPASTO :

- Résistance au parasitisme
- Efficience alimentaire
- Aptitude à la marche
- Survie des agneaux



La génétique comme levier d'adaptation des races locales de brebis au changement climatique : un enjeu économique, social et environnemental



MERCI DE VOTRE ATTENTION !