



## Sommaire

N° 30 – juillet 2020

- COVID 19 : Les activités génétiques se sont maintenues
- L'indexation de la prolificité chez les Lacaune Ovitest intègre l'effet du gène majeur FeCL
- Rendez-vous dans le Lot pour les 9<sup>e</sup> Journées Techniques Ovines

Page 1

Page 2

Page 4



## COVID 19 : LES ACTIVITÉS GÉNÉTIQUES SE SONT MAINTENUES

Le contexte sanitaire de ce printemps lié au COVID 19 a bouleversé les activités des filières d'élevage et perturbé l'organisation des activités génétiques de terrain.

Le confinement national a réduit, voire arrêté certains pans d'activités, tandis que la circulation limitée des intervenants dans les élevages a complexifié la mise en œuvre des protocoles utilisés en routine. Le dispositif génétique s'est organisé pour permettre le maintien des activités de terrain dans la mesure du possible et reprendre une activité normale au sortir de la crise.

Focus sur deux activités impactées : le contrôle de performance (CPO) et les évaluations en stations.

### La réorganisation des chantiers de pesée en ferme

Les acteurs de la filière se sont rapidement accordés sur la nécessité de **maintenir l'enregistrement des événements de base** (mouvements, reproduction, mises bas, mortalité,...) fondamentaux pour assurer la continuité du service. Ces événements, enregistrés par l'éleveur et transmis au technicien responsable du CPO, sont la base du contrôle de performance. A contrario, les chantiers de pesées ont été fortement impactés avec une **suspension des déplacements des techniciens en élevage pour 2/3 des structures**. En remplacement, les éleveurs ont parfois pu mettre en place le **protocole de pesée éleveur**, voire bénéficier de prêt de balance par leurs structures CPO. Même si leur nombre a été réduit, les pesées ont continué pendant le confinement (cf. figure 1).

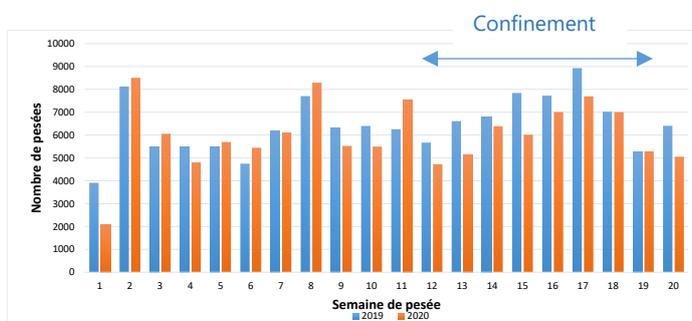


Figure 1 : Nombre de pesées réalisées par semaine comparaison 2019-2020 (jusqu'à la semaine 20)

Depuis le 11 mai, la reprise des activités de pesée par les techniciens s'est amorcée.

### Les stations ovines allaitantes

Les stations ont été affectées à **différents niveaux** : recrutement, collecte de données et commercialisation des béliers. Malgré le fait que certaines mesures d'échographies dorsales n'aient pas pu être effectuées, l'enjeu pour les races était de **maintenir les outils collectifs SCI ou CE**. Pari tenu puisque toutes **les bandes SCI-CE ont été menées à terme sans encombre**.

## L'INDEXATION DE LA PROLIFICITÉ CHEZ LES LACAUNE OVITEST INTÈGRE L'EFFET DU GÈNE MAJEUR FECL

En octobre 2019, l'indexation de la Prolificité dans l'évaluation génétique en ferme des ovins allaitants a évolué.

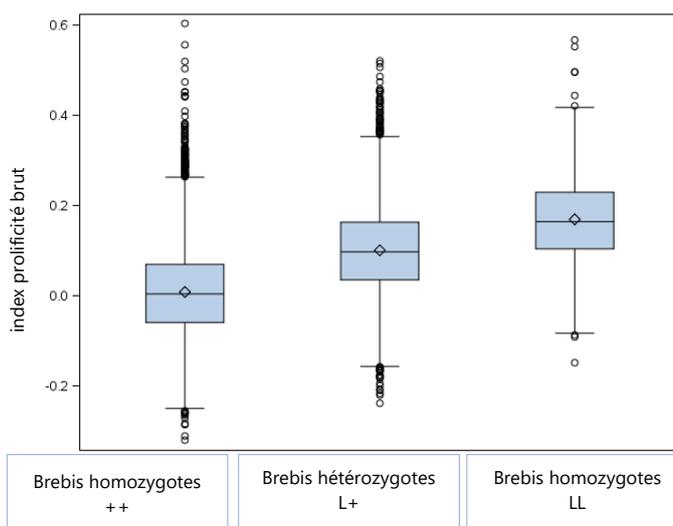
### Pourquoi ?

La valeur génétique d'un animal est la somme des effets des gènes qu'il porte et qu'il pourra transmettre à sa descendance. Ce que l'on cherche à améliorer par la sélection, c'est le fond **polygénique**, c'est-à-dire les gènes avec peu d'effet individuel mais qui, combinés, contribuent à améliorer le caractère. En basant le progrès génétique uniquement sur la présence d'un gène à effet majeur, on négligerait la progression du caractère chez les animaux non porteurs.

L'indexation a pour but d'estimer la **valeur génétique** d'un animal pour un caractère donné en se détachant des effets liés à l'environnement. La connaissance des index permettra ensuite de créer le **progrès génétique** par le biais des accouplements raisonnés.

Depuis 2010, l'entreprise de sélection Lacaune viande Ovitest génotype l'ensemble des mâles et agnelles de renouvellement pour le gène majeur d'hyper-prolificité **FecL** (appelé communément gène « Lacaune »). Ces génotypes permettent une gestion optimisée de **FecL** dans leur population. Jusqu'ici, le modèle d'indexation du caractère de Prolificité ne prenait pas en compte l'effet de gènes majeurs ce qui engendrait une évaluation biaisée des valeurs génétiques pour le programme de sélection Ovitest. Le schéma 1 illustre la répartition des index prolificité pour des brebis porteuses ou non de l'allèle hyperprolifique (**FecL<sup>L</sup>**) du gène. Avec l'ancien modèle d'indexation, les brebis porteuses (L+, LL) avaient en moyenne des index prolificité supérieurs aux non porteuses. Après correction de l'effet du gène majeur, il s'avère que les moyennes d'index (valeur génétique polygénique) par génotype sont **équivalentes**. Nous avons également observé quelques reclassements des brebis et des béliers intra-génotype.

### ➤ Sans prise en compte du gène majeur



### ➤ Avec prise en compte du gène majeur

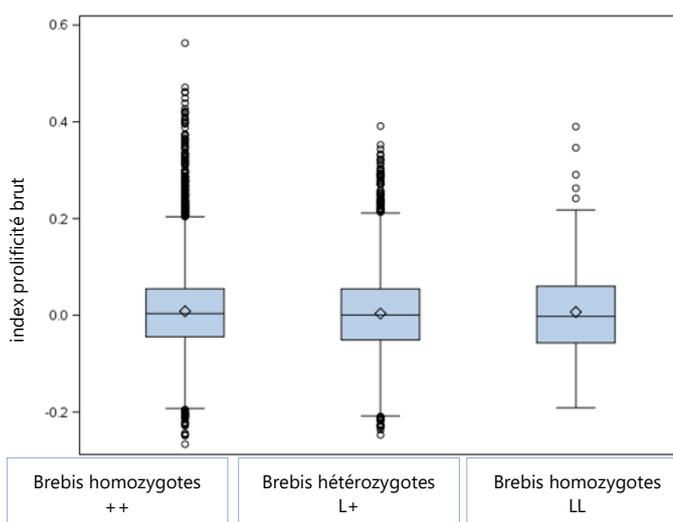


Schéma 1 : Index prolificité bruts des brebis Ovitest en fonction du génotype (avec + pour un allèle sauvage et L pour un allèle muté) selon la prise en compte ou non du gène majeur FecL<sup>L</sup> dans le calcul d'indexation.

## Quel changement ?

Pour séparer l'effet du gène majeur du reste des gènes influant sur le caractère, **un nouvel effet fixe a été ajouté au modèle d'indexation** de la Prolificité : le **génotype au gène majeur « Lacaune »**. Il y a 4 modalités pour cet effet : hétérozygote (L+), homozygote sauvage (++) , homozygote muté (LL) ou donnée manquante (animal non génotypé).

Désormais, la performance prolificité est expliquée par 6 groupes de facteurs :

- la valeur génétique (dite polygénique) de l'animal ;
- **l'effet du génotype au gène majeur Lacaune (ou LAC) ;**
- la race du père et de la mère ;
- la valeur de l'animal non transmissible, ou "effet d'environnement permanent", résultant d'effets non identifiés, propres à l'animal, et se répétant d'une mise bas à l'autre. L'effet d'environnement permanent permet de tenir compte de l'environnement commun entre les différentes performances d'une brebis
- un effet d'environnement, résultant d'effets non identifiés, spécifique d'une mise bas;
- les effets de milieu identifiés détaillés ci-dessous.

Pour rappel, les effets de milieu sont :

- le lot d'agnelage, défini au niveau du troupeau par campagne et saison d'agnelage ;
- le mode de reproduction (OI ou ON) et les modalités d'insémination ;
- le statut physiologique de la brebis au moment de la mise bas ;
- la saison de naissance des agnelles.

## Quel impact ?

### ➤ En Lacaune OVITEST

En réalité, seules les brebis Lacaune viande du schéma Ovitest nées depuis 2010 (environ 30 % des mises bas utilisées pour la dernière indexation) ont une information moléculaire pour ce gène (information obtenue par génotypage ou par prédiction en connaissant les génotypes des parents). Seuls les **index Prolificité** pour ces brebis et béliers Lacaune Ovitest sont impactés par ce changement de modèle.

La prise en compte du gène majeur dans l'indexation permet d'évaluer la valeur génétique polygénique des reproducteurs et de gommer ainsi la supériorité

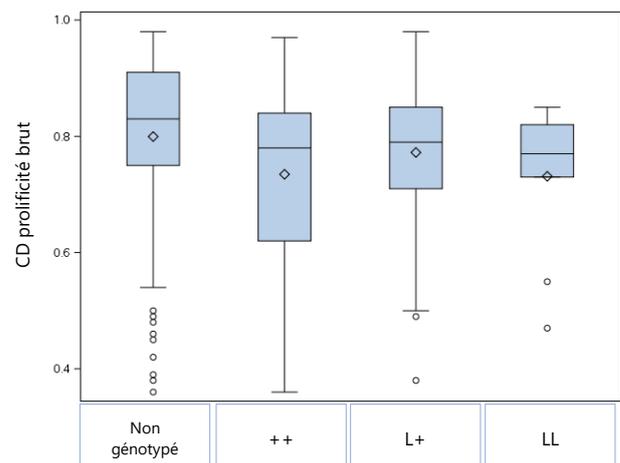
« artificielle » des performances des porteurs de **FecL<sup>L</sup>** par rapport aux non-porteurs due uniquement à l'effet de l'allèle.

Pour les CD, le modèle ne tient maintenant compte que des mises bas de brebis avec un génotype « LAC », ce qui a induit une **diminution du nombre de mises bas** considérées dans l'indexation et donc une **diminution des CD**. Le schéma 2 illustre la diminution des CD pour les béliers 4 à 11 points (en fonction du génotype) pour les béliers génotypés, mais elle est de 49 points pour les béliers non génotypés. Ces béliers, âgés, n'étant plus actifs, il n'y a pas de conséquence sur le schéma Ovitest.

Pour les brebis (schéma 3), la diminution sur le CD varie de 5 à 6 points selon le génotype.

## Béliers

### ➤ Sans gène majeur



### ➤ Avec gène majeur

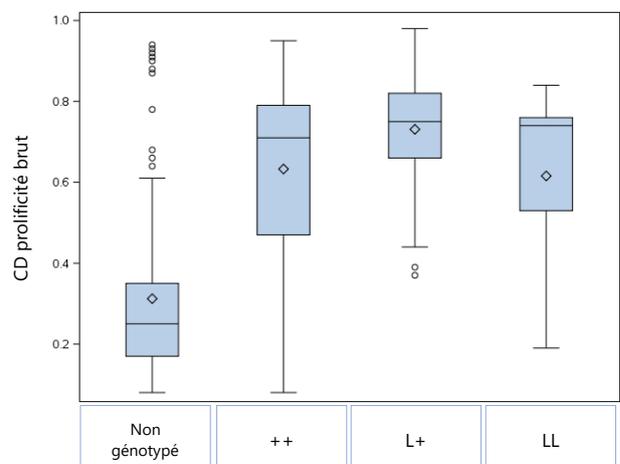
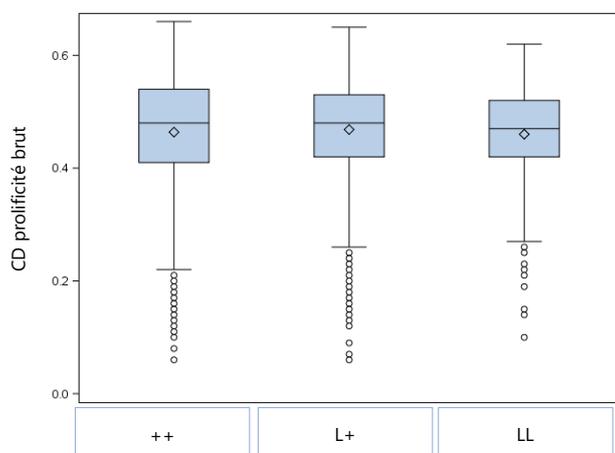


Schéma 2 : CD des béliers et brebis Ovitest (avec + pour un allèle sauvage et L pour un allèle muté)

## Brebis

### ↳ Sans gène majeur



### ↳ Avec gène majeur

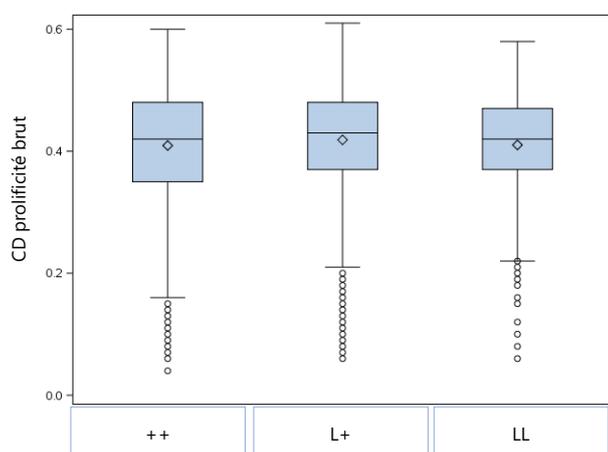


Schéma 3 : CD des brebis Ovitest (avec + pour un allèle sauvage et L pour un allèle muté)

### ↳ Pour les autres races

Pour les autres races (y compris la population Lacaune viande GID) indexées sur le caractère de Prolificité, cette évolution du modèle est transparente car tous les animaux indexés ont une donnée manquante pour ce gène majeur.

Cela revient à estimer les valeurs génétiques sans ce nouvel effet, c'est-à-dire sans changement de modèle.

## Et pour la suite ? Que faire des autres gènes majeurs ?

De nouveaux gènes majeurs avec un effet sur la prolificité sont régulièrement découverts. La prise en compte de ces gènes dans les évaluations génétiques nécessite de **connaître le génotype des femelles**, soit par génotypage, soit par prédiction si cela est possible. La situation de chacune des races étant spécifique, il y a **plusieurs étapes** à réaliser en amont avant de s'engager dans une démarche de génotypage à grande échelle :

- Estimer les fréquences alléliques du gène dans la population,
- Estimer l'effet du gène sur la prolificité et les autres caractères,
- Déterminer une stratégie de gestion de ce gène au niveau de la race (organisation des accouplements, fréquence désirée de l'allèle hyper-prolifique),
- Adapter et tester le modèle d'indexation avec prise en compte du gène.

Toutes ces étapes sont à réaliser dans le cadre d'une **collaboration avec l'UMT GPR** et nécessitent du temps. La mise en place de plateforme génomique ovine allaitante **OVIGEN** sera l'occasion d'étudier l'intégration de certains gènes majeurs affectant la prolificité.



### Rendez-vous dans le Lot pour les JTO2020

Vous êtes enseignant ou technicien en élevage allaitant ou laitier ?

Rejoignez-nous les **mercredi 14 et jeudi 15 Octobre 2020** à Gramat !

Retrouvez le programme complet et inscrivez-vous en ligne sur :

[http://idele.fr/no\\_cache/recherche/publication/idelesolr/recommends/9emes-journees-techniques-ovines.html](http://idele.fr/no_cache/recherche/publication/idelesolr/recommends/9emes-journees-techniques-ovines.html)

Au programme cette année sur la sélection génétique des ovins lait et allaitants :

- génomique et sélection : pour qui, pour quoi faire ? ,
- l'interopérabilité comme piste pour améliorer le conseil en élevage
- l'impact du changement climatique sur la sélection.