



HAL
open science

Simulation des potentialités de la sélection génomique chez les bovins laitiers.

J Jacques Colleau, Sebastien Fritz, Francois Guillaume, Aurélia Baur, D.
Dupassieux, Marie Yvonne Boscher, L. Journaux, Andre Eggen, Didier
Boichard

► **To cite this version:**

J Jacques Colleau, Sebastien Fritz, Francois Guillaume, Aurélia Baur, D. Dupassieux, et al.. Simulation des potentialités de la sélection génomique chez les bovins laitiers.. 16èmes Rencontres Recherches Ruminants, Dec 2009, Paris, France. hal-01193367

HAL Id: hal-01193367

<https://hal.science/hal-01193367>

Submitted on 3 Jun 2020

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.

Simulation des potentialités de la sélection génomique chez les bovins laitiers

Simulating the potential of genomic selection in dairy cattle breeding

COLLEAU J.J. (1), FRITZ S. (2), GUILLAUME F. (1,3), BAUR A. (2), DUPASSIEUX D. (4), BOSCHER(5) M.Y., JOURNAUX L. (2), EGGEN A. (1) BOICHARD D. (1)

(1) INRA, GABI, 78352 Jouy-en-Josas Cedex (2) UNCEIA, 149 Rue de Bercy 75595 Paris Cedex 12

(3) Institut de l'élevage 149 Rue de Bercy 75595 Paris Cedex 12 (4) UMOEST BP2 01250 Ceyzeriat (5) LABOGENA, 78352 Jouy-en-Josas Cedex

INTRODUCTION

La sélection génomique est une méthode de sélection assistée par marqueurs (SAM) qui normalement devrait permettre de contrôler une grande part de la variance génétique (actuellement 40 % pour la SAM2, qui n'est pas encore la sélection génomique, Fritz *et al.*, 2008). De ce fait, la précision de l'évaluation des jeunes taureaux sur ascendance et marqueurs devrait être suffisante pour envisager leur utilisation rapide sans passer par le testage sur descendance, étape longue et coûteuse. On peut attendre une augmentation sensible du progrès génétique annuel en raison de la réduction de l'intervalle de génération. Au prix peut-être d'une consanguinité plus grande, précisément en raison de cet intervalle. Pour apporter des réponses quantitatives à ces questions, on utilise la simulation aléatoire sur une population analogue à celle de l'entreprise de sélection UMOTEST, en race Montbéliarde (100 000 nouvelles femelles par an).

1. MATERIEL ET METHODES

La sélection est supposée s'exercer pendant vingt ans sur l'ISU, combinaison synthétique de divers caractères, d'héritabilité 0,20. Le rythme annuel de croisière tant pour le niveau génétique (Δg) que pour la consanguinité (ΔF) est apprécié d'après les évolutions constatées entre les années 15 et 20. Le modèle génétique pose que la valeur génétique de chaque animal est la somme de deux composantes : la valeur génomique (en fait elle-même somme de nombreuses valeurs élémentaires) et la valeur polygénique, non prédictible par marqueurs. On considère que 50 % de la variance génétique est sous contrôle génomique (plus qu'au démarrage de la SAM2, mais sans doute pessimiste à long terme). Dans le cas des individus typés (jeunes mâles en ferme, mères à taureaux), les valeurs génomiques simulées sont supposées pouvoir être estimées sans erreur par le dispositif national d'évaluation SAM. L'évaluation BLUP modèle animal est donc conduite dans l'ensemble de la population à partir des généalogies, de toutes les performances et de certaines valeurs génomiques connues, ce qui préfigure l'évolution de la méthode d'indexation nationale prévue en 2010. Trois scénarios sont comparés, impliquant tous la SAM, bien entendu, mais avec des modes d'emploi différents. Chaque scénario est répliqué dix fois aléatoirement.

Le scénario de référence (REF) est le scénario où l'on continue le programme habituel de contrôle sur descendance. Cent trente taureaux sont testés par an mais ne pratiquent que 11 % des IA (80 filles par taureau). Ces taureaux sont auparavant sélectionnés en deux étapes : à l'entrée en station (400 / 800 issus de 430 mères à taureaux) puis à un an (130 / 400). Les onze et quinze meilleurs des 130 sont utilisés en pères à taureaux et à vaches respectivement. Ces vieux taureaux sont utilisés deux années de suite.

Dans le scénario d'accélération maximum (AXMAX), on n'utilise que des jeunes taureaux (80, avec 1250 filles par taureau) sélectionnés en deux étapes : ferme (400 / 2400 issus de 1290 mères à taureaux) et un an (80 / 400). De

plus, les mesures d'encadrement de la consanguinité sont énergiques puisque ces taureaux sont également tous pères à taureaux et qu'on met en place des plafonds pour l'origine paternelle et maternelle tant à l'entrée en station qu'à la sortie.

Le scénario mixte (AXMIX) conserve l'utilisation de vieux taureaux testés et introduit deux types de diffusion pour les jeunes taureaux, en conformité avec les conceptions exprimées par la plupart des entreprises de sélection à la mi-2009. Comme dans AXMAX, quatre vingt jeunes taureaux génomiques sont utilisés chaque année mais n'assurent que 50 % des IA. Les vingt meilleurs sont utilisés pour la diffusion large (1300 filles par taureau) tandis que les soixante autres sont en diffusion restreinte (400 filles), ce qui correspond à 26 % des IA. A six ans, les vingt meilleurs parmi les quatre vingt sont réutilisés pendant deux ans (2500 nouvelles filles par taureau et par an). Une année donnée, soixante pères à taureaux sont donc utilisés : les vingt meilleurs jeunes pour la moitié des IA, et les vingt meilleurs des six et sept ans (un quart par classe d'âge). Par ailleurs les effectifs de mères à taureaux, de mâles en ferme et en station sont les mêmes que pour AXMAX, mais il n'y a pas de filtrage strict des origines parentales.

2. RESULTATS ET CONCLUSION

Les scénarios AXMAX et AXMIX conduisent tous deux à une augmentation très conséquente du progrès génétique annuel (+80 %) mais AXMAX est nettement plus économe de la variabilité génétique. Ce qui montre qu'en sélection génomique, il est parfaitement possible de 'booster' le progrès génétique sans conséquence néfaste pour la consanguinité, grâce à l'utilisation plus équilibrée d'un plus grand nombre de reproducteurs.

Tableau 1 : performances générales des scénarios

Scénario	$\Delta g(\sigma_g)$	$\Delta F(\%)$	CD1	CD6
REF	0,25	0,13	0,69	0,94
AXMAX	0,46	0,10	0,61	0,99
AXMIX	0,47	0,22	0,67	0,99

CD1 : coefficient de détermination des index taureaux à 1 an ; CD6 : CD des index taureaux à 6 ans

Le schéma AXMIX mime en quelque sorte l'effet de la poursuite de pratiques et d'habitudes mentales qui se sont mises en place depuis des décennies, bien avant l'arrivée de la SAM. Il n'est guère plus générateur de progrès génétique qu'AXMAX, tout en doublant le taux d'accroissement de la consanguinité. Sur la synthèse (Δg et ΔF), AXMAX est donc le schéma le plus performant mais il est potentiellement frustrant pour les éleveurs et même les techniciens ou les ingénieurs impliqués en sélection. On passe en effet d'une sélection centrée sur quelques individus phares à une sélection de groupes de nombreux individus, un peu à l'instar de la sélection avicole ou aquacole. On peut penser que, vu les enjeux, les sélectionneurs et éleveurs sauront s'adapter à cette nouvelle culture, non seulement en France mais aussi dans le monde entier.

Fritz *et al.*, 2008. 3R, 15, 423-426.