

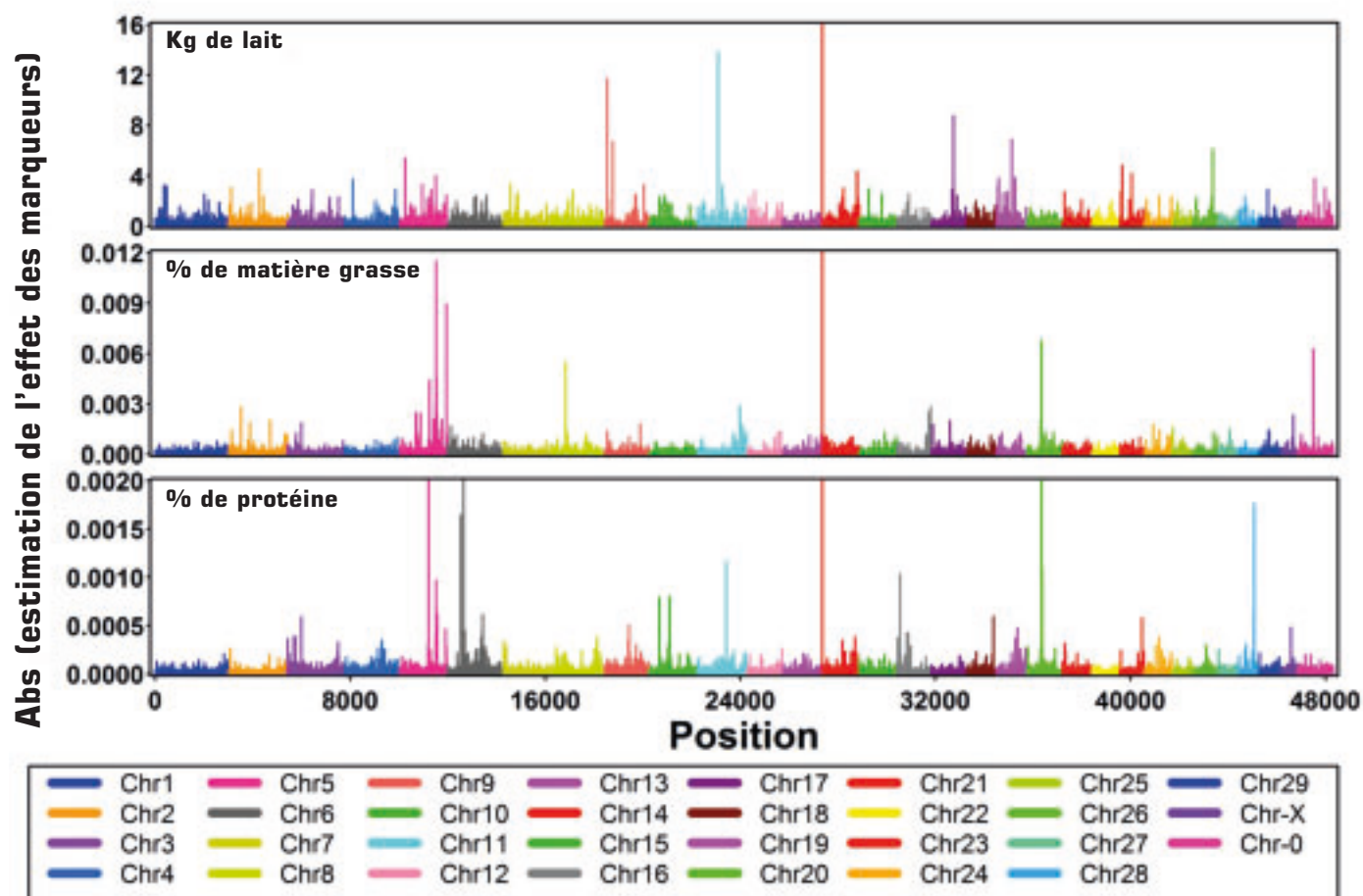
La sélection génomique permet, à travers une simple analyse ADN, d'estimer avec une bonne fiabilité le potentiel génétique d'un animal dès sa naissance. Déjà bien présente, surtout en race Holstein, la génomique commence à faire parler d'elle en races allaitantes. Un projet est ainsi en cours en race Blanc-Bleu belge. Cet article revient sur les perspectives pressenties et les contraintes spécifiques en races allaitantes

L.S.

## La génomique en races allaitantes

### Contraintes spécifiques et perspectives

Exemple de représentation de l'effet estimé des marqueurs sur un caractère donné en race laitière. Chaque couleur représente un des 30 chromosomes du bovin. Plus le pic est prononcé, plus le marqueur influence le caractère étudié.



## Petit rappel sur les valeurs d'élevage génomiques

Les valeurs d'élevage classiques traditionnellement proposées aux éleveurs permettent d'apprécier la valeur génétique d'un animal à travers l'analyse statistique des résultats du contrôle de ses performances et /ou de celles de ses apparentés (contrôle laitier, classification linéaire, pesées...).

Une première application de la génomique en races allaitantes a été l'identification des animaux porteurs ou indemnes d'anomalies génétiques. Mais la sélection génomique proprement dite va plus loin. Elle ne se base en effet plus uniquement sur certaines régions de l'ADN, mais sur tout le génome de l'animal. L'ensemble de l'information génétique est capturée grâce à des centaines de milliers de marqueurs (appelés SNP) répartis sur l'ensemble du génome (ADN). Cette information génétique permet de calculer des valeurs d'élevage génomiques.

Ces valeurs génomiques sont obtenues grâce à des équations de prédiction génomique qui permettent de faire le lien entre les marqueurs génétiques et les valeurs d'élevage traditionnelles et donc l'expression du caractère. L'établissement de ces équations de prédiction nécessite de disposer d'une population de référence qui compte un nombre suffisant d'individus (quelques milliers) dont les valeurs d'élevage classiques sont connues avec une très grande précision (ce qui implique une forte répétabilité des mesures). Une fois ces équations et leur précision respective établies, il devient possible de calculer les valeurs d'élevage génomiques d'un animal quelconque sur base de ses marqueurs ADN. Il existe donc autant d'équations que de critères de sélection et elles sont préférentiellement applicables dans le pays où elles ont été calculées.



*Les évaluations génomiques sont plus complexes en races allaitantes car la variabilité génétique est en général plus importante (moindre nombre de taureaux testés ou pénétration moindre de l'IA)*

Les équations de prédiction génomique doivent être régulièrement mises à jour sur des populations de référence sans cesse renouvelées. Cela implique donc de poursuivre le relevé des performances (pesées, classification linéaire, etc).

## Les avantages

Tout comme en races laitières, la génomique offre une série d'avantages à l'élevage allaitant. Des valeurs d'élevage d'une précision équivalente à celle d'un taureau recevant ses premiers index, mais

## De découvertes en découvertes

La génomique est une science complexe. Les processus physiologiques sont régis par un grand nombre de gènes en interaction. Pour disposer d'évaluations précises, il est nécessaire d'associer simultanément l'information issue de milliers de gènes exprimés, de protéines ou de métabolites avec les phénotypes observés dans différentes conditions environnementales. C'est ce que l'on appelle la génomique fonctionnelle.

Les avancées de la génomique remettent en question certaines certitudes. Un ADN donné ne conduit pas forcément à une même expression phénotypique. Ainsi, l'environnement et mais aussi l'histoire individuelle des animaux peuvent modifier l'expression des gènes par des mécanismes réversibles (ce que l'on appelle l'épigénétique). La technique de reproduction (naturelle, transfert d'embryon, ovum pick up) ou la période de gestation (avec des périodes de stress, et selon la nutrition) peuvent ainsi modifier l'expression de certains gènes.

Un même gène peut s'exprimer différemment selon l'animal, son stade de développement ou les conditions environnementales. Cela signifie par exemple que des clones d'un même individu ne seront jamais à 100% identiques.



*La génomique permet de sélectionner des caractères fonctionnels plus complexes comme la résistance aux pathologies ou à la fertilité, voire l'efficacité alimentaire.*

néanmoins inférieures à celles d'un taureau testé sur une centaine de filles, peuvent être calculées dès le plus jeune âge suite à un simple prélèvement pileux ou sanguin. Le gain de précision est particulièrement important pour les caractères moins héréditaires comme la fertilité. Cela signifie que davantage des taureaux proposés à l'IA voient leur potentiel confirmé. Il est donc possible d'introduire un nombre plus important de taureaux prometteurs (testés via la génomique) à l'IA avec des origines plus diverses.

La réduction de l'intervalle de génération entre les mâles reproducteurs et la possibilité de disposer de valeurs génétiques plus précises pour les femelles, permet d'accélérer les progrès génétiques.

Le testage des taureaux sur base de la génomique plutôt que sur descendance permet de réduire considérablement le coût d'indexation des taureaux. C'est particulièrement le cas pour les trois principales races françaises (Charolais, Limousin, Blonde) où pratiquement tous les taureaux d'IA sont mis en service uniquement lorsque son potentiel génétique est validé à travers les performances de ses filles (facilité de vêlage, aptitude à l'allaitement...).

Il est possible de sélectionner des caractères fonctionnels plus complexes comme la résistance aux pathologies ou la fertilité, voire de nouveaux caractères comme l'efficacité alimentaire (l'indice de consommation), les qualités organoleptiques (tendreté, flaveur, jutosité) ou diététiques de la viande (profil des acides gras), la résistance au stress ou la docilité.

## Les contraintes spécifiques aux races allaitantes

Plusieurs raisons expliquent le retard pris par les races allaitantes en matière de génomique.

Les évaluations génomiques seront plus complexes et moins précises en races allaitantes. En effet, la va-

riabilité génétique (ce qu'on appelle l'effectif génétique) d'une race allaitante est en général plus importante suite à la moindre intensité de la sélection. Cela s'explique par le moindre nombre de taureaux testés ou encore la moindre pénétration de l'insémination artificielle. La population de référence doit donc être de plus grande taille et il convient de disposer de davantage de marqueurs génétiques. D'autre part, les valeurs d'élevage disponibles sont moins précises qu'en races laitières, les effectifs sont plus réduits et les structures d'élevage disposent de moins de moyens financiers.

En France, les scientifiques de l'INRA estiment qu'une solution alternative consiste à travailler en multiracial, c'est-à-dire à élaborer des évaluations génomiques issues de plusieurs races et applicables dans chacune d'entre-elles. Cette formule a en outre l'avantage de permettre de sélectionner des caractères plus difficiles ou coûteux. Cela suppose toutefois que les allèles associés aux critères de sélection recherchés aient été présents dans les ancêtres communs à toutes ces races. Il convient alors de génotyper à haut débit (avec un grand nombre de marqueurs via une puce à haute densité de 800 k) une centaine de reproducteurs dans chacune de ces races pour établir des connexions génétiques. En France, le projet Gembal implique ainsi 4700 animaux des différentes races laitières et allaitantes. Cette approche multiraciale conduit à un niveau de précision moindre qu'en races laitières. Il sera donc particulièrement conseillé aux éleveurs allaitants d'utiliser un panel plus large de taureaux, avec un nombre de paillettes plus limité pour chacun afin de réduire le risque lié à la précision moindre des index génomiques.

## Les demandes prioritaires des éleveurs

Au cours du colloque consacré à la génomique dans le cadre du Sommet de l'Élevage de Clermont Ferrand, les représentants des éleveurs de races allaitantes ont rappelé la nécessité d'améliorer les qualités d'élevage (rusticité, longévité, docilité). La demande est particulièrement importante pour l'élevage des veaux. Cette demande forte résulte de l'évolution des races suite à une sélection fortement orientée vers les niveaux de performances et à l'augmentation de la taille des troupeaux. La facilité d'élevage, c'est aussi une source de revenu.

En BBB, la découverte et le dépistage des anomalies génétiques a déjà fortement contribué à l'amélioration de la facilité d'élevage des veaux en diminuant drastiquement la mortalité entre 0 et 6 mois (voir revue d'octobre).

Une fois les valeurs génomiques établies, vu le moindre niveau de précision attendu et la plus faible pénétration de l'IA, les progrès génétiques qui en découlent risquent d'être moindres en races allaitantes. Il sera donc important de disposer également de tests bon marché mais suffisamment précis utilisables pour les taureaux de saillie et les femelles d'élevage via des puces à moins densité.

Elaborer des valeurs d'élevage génomiques suppose de récolter des données phénotypiques précises et en grande quantité grâce à des méthodes automa-

## La génomique concerne aussi la flore digestive

La génomique concerne les bovins mais aussi leur flore digestive. Ainsi la nutrigenomique étudie les interactions entre les nutriments, les microorganismes de l'appareil digestif et l'animal. Les programmes de séquençage du génome de la flore ruminale ouvrent des perspectives nouvelles pour l'amélioration de l'efficacité alimentaire et la diminution des rejets de gaz à effet de serre et de d'azote dans l'environnement. La nutrigenomique peut également contribuer, par exemple, à apporter des solutions alternatives à l'utilisation des antibiotiques dans l'alimentation bovine.



*Les évaluations génétiques liées aux propriétés organoleptiques de la viande présentent un très grand intérêt pour l'industrie agro-alimentaire, mais la sélection assistée par marqueurs n'a jusqu'à présent pas encore permis une avancée significative.*

tisées le plus possible (ce que l'on appelle un phénotypage à haut débit). La récolte des phénotypes peut porter sur un grand nombre d'animaux en fermes ou sur un nombre moindre d'animaux en station ou dans des fermes témoins mais avec davantage de mesures. Il est également possible de combiner ces deux formules. Cela suppose aussi d'homogénéiser et de standardiser les définitions des caractères mesurés sur le terrain et dans différents laboratoires. En France, l'INRA a ainsi mis en place une collaboration en ce sens avec l'université de l'état du Iowa aux USA. Cela suppose aussi un découplage des structures raciales si l'on travaille à un niveau multiracial (grille de pointage...).

Proposer de nouvelles évaluations, comme l'efficacité alimentaire, la résistance à diverses pathologies ou la fertilité, implique de récolter les données requises. Ainsi, en ce qui concerne l'efficacité alimentaire, cela suppose d'enregistrer les quantités d'aliments ingérées par les animaux ainsi que leur gain de poids. Autre exemple, pour la fertilité, cela pourrait supposer de disposer de données sur les différentes phases de la fécondation. En ce qui concerne les rejets de gaz à effet de serre, cela suppose le relevé des gaz émis par éructation.

Les évaluations génétiques liées aux propriétés organoleptiques de la viande présentent un très grand intérêt pour l'industrie agro-alimentaire. En France, la sélection assistée par marqueurs mis en place pour ces critères n'a toutefois jusqu'à présent permis aucune avancée significative. Des chercheurs ont toutefois découvert de nouveaux marqueurs biologiques des qualités des viandes. Cependant, les marqueurs actuellement identifiés diffèrent selon la race, le muscle, le type d'animal ou les conditions d'élevage, même si l'on retrouve souvent les mêmes familles de gènes. Il est vrai que les critères de qualité de viande sont assez difficiles à mesurer car ils sont basés sur l'appréciation du produit viande par des consommateurs. De plus, l'appréciation de la notion de tendreté ou de goût par le consommateur est variable notamment en fonction de la méthode de cuisson et est liée à d'autres éléments que la génétique (comme par exemple la durée de maturation de la viande). A noter que la filière bovine australienne a développé une méthode rigoureuse d'appréciation de la qualité de la viande basée sur une approche de modélisation, cette méthode ayant été testée avec succès dans de nombreux pays (dont la France).

## Perspectives

La sélection génomique fait ses premiers pas dans les races allaitantes. Malgré les contraintes spécifiques à cette spéculation, comme en races laitières, elle permet de diminuer considérablement le coût de l'in-

## Etre très attentif à la communication grand public

La possibilité de faire évoluer la qualité de la viande ou d'autres critères par la sélection animale afin de mieux répondre à la demande des consommateurs est une attente forte de la filière viande. Améliorer l'efficacité alimentaire s'avère particulièrement intéressant dans le secteur de la viande bovine vu la croissance de la demande mondiale en protéine animale et les considérations environnementales. Toutefois, il convient de bien réfléchir la communication grand public afin d'éviter, par exemple, la confusion entre génomique (qui induit simplement une amélioration des techniques de génétique et d'élevage) et OGM (qui implique une modification du génome).

dexation des taureaux et d'accélérer le turn-over des populations utilisées en sélection. A terme, elle permettra aussi de sélectionner des caractères plus complexes que ceux sélectionnés jusqu'à présent.

La valorisation de ce nouvel outil de sélection suppose toutefois de disposer de données phénotypiques précises et en grande quantité et une meilleure compréhension du fonctionnement du génome.

Vu l'évolution rapide des techniques, l'utilisation d'outils informatiques puissants et les échanges de données entre laboratoires ou pays, les scientifiques estiment qu'il ne fait aucun doute que des progrès importants devraient être enregistrés à moyen terme.

**Source: Colloque consacré à la génomique bovine dans le cadre du Sommet de l'Elevage 2011**  
[http://www.inra.fr/audiovisuel/web\\_tv/colloques/genomique\\_bovine](http://www.inra.fr/audiovisuel/web_tv/colloques/genomique_bovine)

## Etat des lieux en France

Le programme génomique national porté par l'INRA, Races de France, l'UNCEIA et l'Institut de l'Elevage se nomme GEMBAL, explique Laurent Griffon (Institut de l'Elevage), l'animateur du comité de pilotage du projet. Ce projet multiracial ambitionne de donner accès à la sélection génomique à toutes les races allaitantes et laitières, y compris les races avec des effectifs limités. Il implique 9 races allaitantes et 11 races laitières. En ce qui concerne les races allaitantes, il porte sur les caractères soumis à l'indexation française classique Iboval (facilité de naissance, aptitude à l'allaitement, croissance, développement musculaire et squelettique au sevrage). D'autres critères de sélection sont en cours d'élaboration comme la fertilité des génisses sur IA première et la vie productive des vaches (nombre de veaux produits à un âge donné). GEMBAL a pour ambition de devenir le socle commun de la sélection génomique française étendue à toutes les races bovines.

Le programme QUALVIGENE, piloté par l'INRA, l'UNCEIA et l'Institut de l'Elevage, concerne les races Charolaise, Limousine et Blonde d'Aquitaine. Il porte sur l'évaluation de l'aptitude à l'engraissement (croissance, développement musculaire), à l'abattage (poids, conformation et rendement carcasse) et sur la qualité de la viande du taurillon. Si le volet qualité de la viande n'a pas encore permis des avancées significatives, les entreprises de sélection concernées disposent déjà de tests génomiques pour les autres caractères cités. Ces tests n'ont pas de valeurs officielles pour l'instant. Ils sont pris en compte pour présélectionner les can-

didats à l'IA mis en contrôle individuel pour être ensuite choisis pour le testage.

L'OS Limousin a développé le programme GEQUIMER et a créé sa propre société IngenomiX. La race Limousine dispose d'ores et déjà d'indicateurs génomiques propres pour l'ensemble des index Iboval qui n'ont pas non plus de valeurs officielles. Les éleveurs peuvent faire tester leurs femelles. Les jeunes taureaux candidats à l'entrée à la station raciale de Lannaud peuvent également être testés.

Le CIA Gène Diffusion a mis en place son propre programme de recherche en race Charolaise. Il porte sur de nouveaux caractères collectés en ferme.

Enfin, le programme DEGERAM est plus spécifiquement orienté vers les races à viande du Massif Central (Limousin, Charolais, Aubrac, Salers). Il est porté par l'OS Limousin, le Collectif des races des Massifs (comprenant les OS Aubrac et Salers) et l'OS Charolais. Vu le caractère plus extensif de cette région d'élevage, il est davantage orienté vers des critères liés aux qualités maternelles. De nouveaux phénotypes sont collectés et étudiés, comme par exemple la vigueur des veaux à la naissance, le comportement des mères, ou des informations complémentaires sur le vêlage. Pour Laurent Griffon, d'ici quelques années, une bonne partie voire l'ensemble des races allaitantes françaises devrait en principe disposer d'outils génomiques fiables pour les critères classiques d'indexation. Les premières applications relatives à l'évaluation génomique de nouveaux critères comme la fertilité, la résistance à certaines maladies ou encore la qualité de la viande devraient voir le jour à plus longue échéance.

# La race BBB sur la voie génomique

Comme signalé dans notre numéro d'octobre, une recherche subsidiée par le SPF santé publique, sécurité de la chaîne alimentaire, environnement et soutenue par l'AWE asbl a été mise en place en vue d'évaluer l'existence d'une composante génétique dans la résistance ou la sensibilité à la gale psoroptique en race Blanc-Bleu. Cette recherche s'intègre dans un projet plus global porté par l'AWE asbl qui vise à propulser le BBB dans les races bovines modernes disposant de l'outil génomique.

Dr Xavier Hubin, Département Recherche & Développement AWE asbl

## Une centaine de fermes pilote

Vu la distance génétique entre la race BBB et les autres races allaitantes et les différences au niveau des données phénotypiques disponibles via le programme de testage, l'approche multi-race n'a pas été envisagée. Comme la taille de la population de référence est limitée, la recherche en cours se basera sur les données récoltées dans un réseau composé à termes, d'une centaine de fermes. Cette formule de réseau de fermes permet une meilleure efficacité de la récolte des données et une diminution des coûts liés à celle-ci et aux tests ADN.

Ces fermes répondent à certains critères:

- la taille (nombre élevé de vêlages par an);
- l'engraissement de la majorité des animaux (suivi des croissances);
- la présence de pedigrees représentatifs de la race.

On retrouve dans cet échantillon les deux systèmes d'allaitement au seau ou au pis. Ce projet permettra aux éleveurs du réseau de disposer en retour de données techniques très précises sur le niveau de performance de leur troupeau. Un document de suivi de croissance des veaux au sevrage est par exemple déjà communiqué aux éleveurs du groupe après chaque visite. Entre 10.000 et 20.000 données seront récoltées par caractère selon leur héritabilité. Outre les données traditionnelles (données naissance, deuxième visite, classification linéaire), les techniciens suivent également les croissances de 3 à 5 mois, ainsi que les données carcasses (poids, classification, etc.). Un suivi de la croissance des taurillons vers 12 mois est également en cours de développement dans le réseau, de manière à disposer d'une photo intermédiaire de la croissance avant la phase d'engrais-



*La station vient d'être complètement rééquipée de nouveaux distributeurs d'aliments automatiques, ainsi que de bascules électroniques pour la pesée quotidienne des taurillons en finition.*

ment proprement dite. Les données de fertilité disponibles (bilan reproduction) seront également suivies.

## La station de Ath au cœur de la génomique

La station de Ath, où sont engraisés des taureaux BBB, est également impliquée dans cette recherche. Pour rappel, depuis plusieurs années des taureaux issus du commerce y sont engraisés avec un suivi individuel de la ration. La station vient d'être complètement rééquipée de nouveaux distributeurs d'aliments automatiques, ainsi que de bascules électroniques pour la pesée quotidienne des taurillons en finition. Une inauguration des nouvelles installations

sera organisée début 2013. L'existence de liens entre les marqueurs génétiques et la croissance ou encore l'indice de consommation sera explorée sur base des données récoltées à Ath. Vu le nombre moindre d'animaux qui transitent par la station, cette recherche se basera sur ce que l'on appelle les QTL, à savoir des allèles favorables à des caractères quantitatifs. Cette technique est semblable à celle actuellement utilisée pour la détection des animaux porteurs d'anomalies génétiques. Elle permet de sélectionner des animaux sur base de la présence (ou l'absence) de marqueurs ADN bénéfiques (ou néfastes).



## Des valeurs d'élevage génomiques attendues d'ici peu

La combinaison de ces deux approches devrait permettre de disposer de valeurs d'élevage génomiques d'ici quelques années. Par la suite, le relevé de ce type de données sera poursuivi sur quelques milliers d'animaux afin de permettre une actualisation des équations de prédiction. Le niveau de précision des valeurs d'élevage génomiques sera particulièrement intéressant en race Blanc-Bleu où les éleveurs ont pour habitude d'utiliser un grand nombre de jeunes taureaux non testés, avec une rotation assez rapide. Ce projet génomique ne perturbera pas le testage classique réalisé par les agents de terrain de l'AWE asbl, qui permet l'indexation des reproducteurs sur base de leurs descendants.