

COMMENT SONT UTILISÉES LES INFORMATIONS GÉNOMIQUES DANS LA GESTION DES POPULATIONS D'ÉLEVAGE ?

par Jean-Michel Elsen¹

La mise en évidence en grand nombre des polymorphismes de type SNP et la mise au point de techniques permettant le génotypage simultané de dizaines ou centaines de milliers de ces SNP sur des effectifs élevés d'animaux sont des révolutions scientifiques et technologiques dont une des applications est la sélection génomique.

Cette sélection est basée sur l'estimation, pour toutes sortes de caractères mesurés dans des populations de référence, des effets apparents des SNP, dus le plus souvent à la présence de gènes à effet quantitatif (QTL) localisés à proximité et en déséquilibre de liaison avec ces locus marqueurs. Plusieurs méthodes statistiques pour estimer ces effets ont été proposées, et font actuellement l'objet de comparaisons sur le plan de leur efficacité prédictive. A partir de ces estimations il est possible de trier des candidats à la reproduction en utilisant des informations génotypiques (leurs génotypes aux différents SNP) dès le plus jeune âge, dans les deux sexes et sans mesurer les phénotypes. Ceci permet de réduire considérablement les intervalles de générations, de sélectionner précisément les femelles par ailleurs mal connues, d'accélérer, jusqu'à doubler, le progrès génétique et de réduire les coûts de la sélection. Les premières applications à grande échelle concernent les bovins laitiers, et connaissent un véritable engouement dans le milieu de la sélection. Elles reposent sur des méthodes d'indexation des reproducteurs innovantes, sur des réorganisations des plans de sélection aux plans nationaux et supranationaux.

A ce jour, seuls les effets additifs de gènes supposés sans interactions sont déduits des informations génomiques fournies par ces technologies de puces SNP. Dans le futur, on peut imaginer que d'autres phénomènes, interactions épistatiques, et peut être variations épigénétiques, pourront être appréciés par des techniques à haut débit et valorisés en sélection. Les opérateurs de l'amélioration génétique, qui ont su passer sans difficulté de la SAM à la sélection génomique, seront certainement réceptifs à ces évolutions.

¹ Directeur de Recherches à l'INRA, Département de Génétique animale. Au cours de sa carrière, il a élaboré et développé des méthodes et outils mathématiques innovants d'aide à l'analyse de la variabilité génétique, notamment en utilisant les informations fournies par les marqueurs, et d'aide à la gestion génétique des populations d'animaux de rente. Il a participé à la mise en évidence, à l'étude et à la valorisation de plusieurs gènes significatifs chez les animaux de rente, dont le gène Booroola provoquant l'hyperovulation de brebis, le gène Texel lié au caractère culard des ovins et le gène Prp qui contrôle la sensibilité à l'encéphalopathie spongiforme chez la souris et le mouton. Chez cette dernière espèce il a aussi contribué à l'analyse des composants génétiques de divers caractères dont la résistance à la salmonellose. Il a été directeur scientifique de l'INRA pour l'Animal et les Produits Animaux de 2002 à 2005, avant de revenir au laboratoire pour contribuer aux travaux sur l'utilisation des informations moléculaires à haut débit pour l'analyse des caractères zootechniques et l'amélioration des populations d'animaux de ferme.

Contact : Jean-Michel.Elsen@toulouse.inra.fr