

L'ÉPIGÉNÉTIQUE EN SÉLECTION ANIMALE : SI OUI, COMMENT ?

par Frédéric Hospital¹

La sélection animale s'appuie sur le modèle de la Génétique Quantitative mis au point au cours du siècle dernier, et qui a largement fait ses preuves. En simplifiant on peut dire que ce modèle décompose la variabilité des caractères d'intérêt entre d'une part ce qui est « génétique » et d'autre part ce qui ne l'est pas, appelé « environnement ». La part génétique est déduite de la comparaison entre individus apparentés : plus les caractères de deux individus se ressemblent, compte tenu de leur parenté, plus la composante génétique de la variation de ces caractères doit être élevée.

Ce modèle se base donc sur une représentation implicite (de type « boîte noire ») des bases génétiques de la variation des caractères, ce qui est à la fois sa force et sa faiblesse. C'est une force, car cette définition opérationnelle de la génétique est très robuste. Elle a permis de conduire avec succès des programmes d'amélioration réellement *génétique* des animaux d'élevage, bien avant que les biologistes disposent des outils et des concepts leur permettant de décrire les bases moléculaires de l'information génétique. C'est une faiblesse, car l'intégration des données moléculaires dans la « boîte noire » est difficile par construction. Or cette intégration est aujourd'hui indispensable car les progrès de la génomique et le gain qu'ils peuvent apporter dans l'évaluation et la sélection des animaux ne peuvent plus être ignorés.

La même problématique existe concernant l'épigénétique. Suffit-il de considérer que les effets épigénétiques sont déjà intégrés dans le modèle classique de la génétique quantitative ? N'est-ce pas prendre le risque que des effets épigénétiques (agissant sur le phénotype) soient ignorés (car considérés comme du bruit environnemental), alors qu'ils peuvent être héréditaires même s'ils ne sont pas « génétiques » ? Ne faut-il pas au contraire considérer les effets épigénétiques comme de nouvelles variables pour la sélection, aux fins de rendre cette sélection plus efficace, plus robuste, plus réactive face aux perturbations du milieu ?

L'exposé tentera d'apporter une réponse à cette question en définissant les types de données à prendre en compte et en proposant une démarche opérationnelle pour intégrer ces données dans les modèles de la génétique quantitative animale.

¹ Directeur de Recherche à l'INRA dans l'Unité de Génétique Animale et Biologie Intégrative (UMR1313) de Jouy en Josas. Il a développé des approches originales de modélisation de la variation quantitative et de l'évolution des caractères complexes dans le cadre notamment d'un programme de recherche qu'il a co-dirigé sur le contrôle épigénétique de la variabilité mutationnelle chez les plantes. Il s'intéresse maintenant chez les animaux d'élevage à l'identification de paramètres pertinents et mesurables pour mieux prédire la réponse à la sélection

Contact : Frederic.Hospital@jouy.inra.fr