

CONNAITRE ET UTILISER LES GÉNOMES DES ANIMAUX D'ÉLEVAGE : UNE CO-CONSTRUCTION AUJOURD'HUI À REDEFINIR.

par Jean-Paul **Renard**¹

Le programme de développement d'un organisme vivant désigne la séquence d'informations à la fois prédéterminée dans le génome, mais aussi dépendante du temps qui permet la construction d'un être vivant à partir de la cellule-œuf originelle. En se divisant cette cellule voit son noyau se réorganiser progressivement par remodelage de sa chromatine, avec une cinétique différente selon les espèces. Dès sa mise en activité le programme génétique de développement est étroitement régulé par l'environnement cellulaire, une régulation qui implique un contrôle épigénétique des activités géniques. L'environnement maternel joue un rôle important dans ce contrôle notamment chez les mammifères où une programmation métabolique du développement associée à l'apposition de marques moléculaires sur le génome participe à la variation à l'âge adulte des caractères phénotypique des animaux. L'analyse à haut débit de ces marques (méthylation) dans les tissus d'intérêt ouvre la voie à une mesure de la part des modifications épigénétiques dans la variabilité des caractères phénotypiques d'intérêt zootechnique et à la recherche de leur transmission à la génération suivante.

Le fait que le programme de développement puisse maintenant être réinitialisé *in vitro* par l'induction de cellules souches pluripotentes, ou *in vivo* par le transfert de noyaux (clonage), offre la possibilité de caractériser pour un génotype donné les limites physiologiques compatibles avec un développement fonctionnel normal dans des environnements variés (robustesse).

La sélection génomique par marqueurs et QTLs qui s'appuie maintenant sur des populations de référence de quelques milliers d'animaux, notamment chez le bovin, pousse à prendre en compte le plus finement possible le phénotype de chaque individu. La mesure individuelle du statut épigénétique de leurs tissus et l'évolution de ce statut en fonction du temps et de l'environnement (nutritionnel, climatique etc...) contribueront à poursuivre le décryptage de la part de la variabilité génétique à prendre en compte en sélection. Le développement de technologies de mesures physiologiques non ou peu invasives poussera à ce que chaque animal devienne lui-même un référent à la fois pour exploiter la plasticité des variations phénotypiques en fonction de l'environnement et en décrypter la part dans une sélection durable. Quels que soient les modèles génétiques qui seront utilisés pour expliquer les interactions entre le génotype et le milieu, des approches systémiques sont nécessaires pour prendre en compte chaque phénotype particulier qui se révélera capable dans des conditions environnementales données d'assurer le maintien d'une production à un niveau stable. Ces perspectives pour la sélection pousseront à associer encore plus étroitement les différents partenaires qui participent à la construction de la sélection génomique en France, INRA, Instituts techniques, UNCEIA, entreprises de sélection et fédérations d'éleveurs.

¹ Directeur de Recherche INRA, a créé et dirigé L'UMR de Biologie du développement et reproduction, centre INRA de Jouy-en-Josas, département Physiologie animale et systèmes d'élevage jusqu'en 2009. Ses recherches sur la régulation de l'expression des gènes au début de l'embryogénèse chez les mammifères ont notamment contribué à démontrer que le programme de développement d'un génome pouvait être réinitialisé tout en lui permettant de se dérouler à nouveau jusqu'à son terme. Médaille d'or de l'Académie d'Agriculture en 2000, Il a reçu le Grand Prix Collery de l'Académie de Médecine en 2006 et le laurier d'excellence de l'INRA en 2010.

Contact : jean-paul.renard@jouy.inra.fr