INGENOMIX

LES OUTILS GÉNOMIQUES D'AIDE À LA SÉLECTION EN RACE LIMOUSINE

DOSSIER TECHNIQUE

La Limousine, première race allaitante en France à disposer de scores génomiques !

SEPTEMBRE 2013

INGENOMIX propose une gamme de 3 tests génomiques[1] d'aide à la sélection. Ces tests permettent de prédire le potentiel génomique d'un animal en analysant son ADN et en comparant le profil génomique ainsi obtenu à celui d'une **population d'animaux de référence**.

Le tableau ci-dessous résume les caractères analysés pour chaque outil génomique :

		EVALIM		FLEXILIM
Animaux analysables		Mâles	Femelles	Femelles
Caractères évalués (1)	FN - Facilités de naissance	×	×	
	CR - Potentiel de croissance	×	×	
	DM - Développement musculaire	×	×	
	DS - Développement squelettique	×	×	
	FOS - Finesse d'os	×	×	
	AV - Aptitudes au vêlage (2)	×	×	×
	AL - Aptitudes à l'allaitement	×	×	×
	Gène mh (Muscular hypertrophy) (3)	×	×	
Résultats		Scores 1 à 10	Scores 1 à 10	1 à 5 étoiles

Tableau récapitulatif des caractères analysés par les différents outils de la gamme INGENOMIX. (1) Les prédictions génomiques concernent les performances au sevrage. (2) Les aptitudes au vêlage sont indépendantes du poids du veau à la naissance. (3) Une analyse des 9 mutations majeures responsables du phénotype culard (hypermusculature) du gène de la myostatine permet de savoir si l'animal est porteur d'un allèle du gène mh.

DES SCORES GÉNOMIQUES POUR 7 CARACTÈRES + LA RECHERCHE DU GÈNE MH

Facilités de naissance (FN) : ce caractère traduit essentiellement le poids des veaux à la naissance, caractère associé notamment au risque de vêlage difficile voire à la perte du veau. Ce caractère est fortement lié au potentiel de croissance et au développement squelettique de l'animal. En revanche, les reproducteurs améliorant simultanément les caractères de facilités de naissance et de croissance sont plus rares.

NB : plus un animal a un score génomique important, et plus la facilité de naissance de ses produits sera importante.

Potentiel de croissance (CR) : ce caractère, critique pour de nombreux éleveurs, traduit le poids au sevrage de l'animal ; par extrapolation il désigne également le poids théorique de l'animal au moment de l'abattage et dans les deux cas est directement relié au revenu de l'éleveur.

Développement musculaire (DM) : le développement musculaire est également un facteur influençant directement le revenu de l'éleveur puisque des animaux mieux conformés se valoriseront mieux ; c'est d'autant plus vrai dans la filière des veaux de lait Limousins.

Développement squelettique (DS) : ce caractère décrit le développement squelettique au sevrage (taille, longueur de corps et de bassin, largeur aux hanches). Le développement squelettique est lié à la croissance

[1] *La génomique est la science qui analyse la structure et le fonctionnement du génome. En se basant sur ces nouvelles connaissances scientifiques, il est possible de connaitre le potentiel génétique d'un animal dès sa naissance à partir d'un simple prélèvement de poils.*

et aux facilités de naissance ainsi qu'à l'aptitude au vêlage ; en effet un fort DS sera fréquemment associé à un poids de naissance plus élevé mais aussi à des aptitudes au vêlage plus importantes.

Finesse d'os (FOS) : ce caractère, particulièrement important en race Limousine, car participant à un rendement de carcasse optimal, décrit la grosseur des canons. Il impacte négativement le développement squelettique et la croissance. À la lecture, un score génomique de 10 correspond à un animal avec de bonnes aptitudes à produire des animaux fins d'os (recherchés en race Limousine), tandis qu'un animal recevant un score de 1 a plutôt tendance à être associé à de gros canons.

Les aptitudes au vêlage (AV) : composante maternelle, ce caractère traduit l'aptitude d'une femelle à vêler facilement. Compte tenu d'une corrélation négative entre ce caractère et les facilités de naissance, il faudra éviter, dans ses choix de sélection, de ne sélectionner ses animaux que sur ce caractère, au risque d'obtenir une augmentation du format des veaux (et donc des vêlages difficiles).

Les aptitudes à l'allaitement (AL) : ce caractère correspond à l'effet génétique maternel sur le poids au sevrage ; il traduit l'efficacité d'une mère à allaiter son veau. Il est important pour l'efficacité d'un troupeau ; il est aussi le caractère dont l'expression est la plus tardive et dont l'évaluation est la plus longue. L'analyse génomique de ce caractère, au même titre que l'aptitude au vêlage, est donc un atout important pour choisir précocement les futures productrices.

Recherche du gène *mh* : le phénotype « culard » est dû à une mutation sur la séquence codante du gène de la myostatine ; les 9 mutations principales (**F94L**, **nt821**, **nt419**, **Q204X**, D182N, E291X, S105C, E226X et C313Y), sont analysées afin de déterminer si l'animal est porteur ou non d'un ou plusieurs allèles mutés. Les 4 mutations en rouge sont essentiellement celles que l'on rencontre en race Limousine. Les porteurs homozygotes de ces mutations (hors F94L) présentent une hypertrophie musculaire caractéristique pouvant notamment s'accompagner de difficultés de vêlage.

EVALIM® : UN OUTIL D'AIDE À LA SÉLECTION GÉNOMIQUE EN RACE LIMOUSINE

INGENOMIX, en collaboration étroite avec le Herd-Book Limousin et l'OS France Limousin Sélection, a développé le **premier outil génomique dédié à une race allaitante en France.** La race Limousine est donc actuellement la seule race allaitante à disposer d'indicateurs génomiques permettant aux éleveurs de sélectionner spécifiquement et de manière précoce les animaux qui correspondent à leurs objectifs.

PRINCIPE DES ÉVALUATIONS GÉNOMIQUES

Jusqu'à récemment, le seul moyen d'évaluer le potentiel génétique d'un animal était de se baser sur le pédigrée de l'animal et d'analyser les performances de ses produits, pour produire un index au moyen de la méthode BLUP. Cet index IBOVAL prédit correctement la valeur génétique « vraie » d'un animal, à condition que celui-ci ait eu suffisamment de produits évalués dans des cheptels différents. Cela nécessite donc un certain temps pour obtenir des prédictions fiables, souvent 5 à 6 ans.

Avec le développement de la génomique, il devient possible de prédire efficacement le potentiel génomique d'un animal à partir de **quelques milliers ou dizaines de milliers de marqueurs moléculaires** répartis sur son génome ; cette information peut être obtenue dès **la naissance de l'animal**.

Pour cela, une **population de référence** constituée d'animaux **génotypés** (c'est-à-dire dont l'ADN a été analysé à l'aide des puces de génotypage) et disposant de **phénotypes** fiables.

Les animaux choisis pour la population de référence sont donc des taureaux largement diffusés, évalués dans plusieurs cheptels de manière à s'assurer d'une bonne fiabilité des index IBOVAL utilisés. Cette population de référence doit être **représentative de la population totale**[2] et contenir **le plus grand nombre** d'animaux possible de manière à capturer le maximum de variabilité génétique.

En 2013, la population d'animaux Limousins comprend environ **2700 taureaux Limousins** au total. Tous les animaux de la population de référence ont été génotypés à l'aide de la puce de génotypage 54K d'Illumina. Grâce à cette puce ADN, il est possible de disposer, pour chaque animal, des génotypes pour 54 000 marqueurs moléculaires appelés SNP répartis sur l'ensemble du génome bovin.

Race	Collaborations internationales	Nb d'animaux
Holstein	Eurogenomics	24 000
Brune	Intergenomics	4 000
Limousine	-	2 673
Montbéliarde	-	2 300
Normande	-	2 100

Tableau des populations de références utilisées pour calculer les évaluations génomiques dans les principales races françaises (mars 2013). Thomasen, J.R. (2013). Genomic selection in small dairy cattle populations. Aarhus University, Faculty of Science and Technology.

À ce jour, il s'agit de la plus grande population de référence disponible pour une race allaitante en France, et l'une des populations de référence les plus larges actuellement utilisées pour calculer des prédictions génomiques. Cette population est amenée à s'enrichir avec le temps de manière à produire des indicateurs de plus en plus précis.

LES ÉQUATIONS DE PRÉDICTION GÉNOMIQUES

La population de référence est utilisée pour construire les équations de prédiction génomique ; l'idée générale sur laquelle repose les outils d'aide à la sélection génomique est que **les différences phénotypiques observées entre deux individus peuvent être, au moins en partie, expliquées par la somme des différences observées sur leur ADN.** Ainsi, il a été montré qu'un ensemble suffisamment dense de marqueurs génétiques doit permettre de prédire efficacement la valeur génétique additive d'un animal[3,4].

La précision des prédictions génomiques est liée au nombre d'animaux inclus dans la population de référence (plus il y a d'animaux et plus les prédictions seront précises), mais également à la proportion de la variabilité génétique capturée au sein de cette population. La précision des outils dépend également du modèle statistique[5] de prédiction utilisé, de la fiabilité et de l'héritabilité des phénotypes utilisés pour construire ce modèle.

La précision des outils correspond à **la corrélation entre la valeur génomique prédite et la valeur réelle de l'animal** pour un ensemble d'animaux distinct (= population de validation). Plus la corrélation s'approche de 1 et plus les valeurs prédites sont proches de la réalité. En fonction des caractères, cette corrélation s'échelonne de 0,45 à 0,68.

---

[2] *La population de référence est composée de 100% de taureaux français, largement diffusés. Les équations de prédiction qui ont été construites sont donc principalement adaptées à des animaux français.*

[3] *Meuwissen, T.H.E., Hayes, B.J., and Goddard, M.E. (2001).Prediction of Total Genetic Value Using Genome-Wide Dense Marker Maps. Genetics 157, 1819–1829.*

[4] *VanRaden, P.M., Van Tassell, C.P., Wiggans, G.R., Sonstegard, T.S., Schnabel, R.D., Taylor, J.F., and Schenkel, F.S. (2009).Invited review: reliability of genomic predictions for North American Holstein bulls.J DairySci 92, 16–24.*

[5] *Les modèles de prédiction développés par INGENOMIX s'appuient sur une méthodologie bayésienne éprouvée dans le domaine de la sélection génomique.*

Les valeurs de corrélations obtenues sont similaires à celles publiées par d'autres équipes dans la littérature scientifique internationale[6].

Comme tout indicateur prédictif, ces scores génomiques ne rendent compte que d'une partie de la variabilité génétique (celle « capturée »par le modèle dans le cadre de la population de référence). Dans notre cas, on estime que le modèle de prédiction prend en compte et explique de 35% à 55% de la variance génétique totale en fonction du caractère.

Quelque soit la manière dont s'exprime le caractère d'un animal, il convient de se rappeler que c'est son patrimoine génétique, son génome, qui sera transmis à sa descendance. À ce titre, les scores génomiques sont donc une information importante à prendre en compte pour raisonner ses accouplements.

	$R(V_g,V_r)$	$R^2(V_g,V_r)$	$P(V_g,V_r)$
FN	0,45 ± 0,02	0,38 ± 0,05	0,97 ± 0,02
CR	0,49 ±0.03	0,39 ± 0,06	0,96 ± 0,02
DM	0,63 ±0.02	0,47 ± 0,04	0,96 ± 0,01
DS	0,65 ±0.02	0,55 ± 0,05	0,98 ± 0,01
FOS	0,54 ±0.02	0,41 ± 0,04	0,96 ± 0,02
AV	0,68 ±0.02	0,52 ± 0,03	0,97 ± 0,01
AL	0,51 ±0.03	0,35 ± 0,04	0,94 ± 0,02

Précision des outils EVALIM® : la précision des outils génomiques s'apprécie en calculant la corrélation $R(V_g, V_r)$ *entre les valeurs génomiques prédites Vg et les valeurs de référence* V_r *(performances IBOVAL des animaux de la population de validation). Le* R^2 *(estimated reliability[7]) : correspond à la fiabilité estimée du modèle de prédiction (il équivaut à un CD génomique moyen sur l'ensemble de la population). Il est calculé à partir du carré de la corrélation* $R(V_g,V_r)$ *normalisée par l'héritabilité génomique du caractère (les composantes de la variance génétique et de la variance d'erreur sont estimées par la méthode statistique BayesCπ). Ces valeurs de précision et de fiabilité sont des valeurs moyennes calculées sur la base de la population de validation[8] construite pour valider les équations de prédiction. Le* $P(V_g,V_r)$ *est le coefficient de régression (pente de régression) de* V_r *par rapport à* V_g *qui mesure le biais du modèle de prédiction. Plus la pente de régression* $P(V_g,V_r)$ *est proche de 1, moins le modèle de prédiction est biaisé.*

DES SCORES DE 1 À 10 POUR TOUS LES CARACTÈRES

Le score génomique calculé pour EVALIM® est **une interprétation du patrimoine génétique** de l'animal sur la base **exclusive** des informations contenues dans son génome, sur son ADN. Ce score génomique reflète la capacité de l'animal à exprimer son potentiel génétique s'il est mis dans des conditions adéquates, mais également sa capacité à transmettre ses qualités (ou ses défauts) à sa descendance.

Il est utilisé pour connaître précisément le potentiel génétique des animaux d'un cheptel. Les résultats permettent 1/ **d'orienter les décisions** d'utilisation de l'animal et 2/ de raisonner **au mieux les accouplements** à réaliser pour faire progresser le cheptel en fonction de ses propres objectifs de sélection.

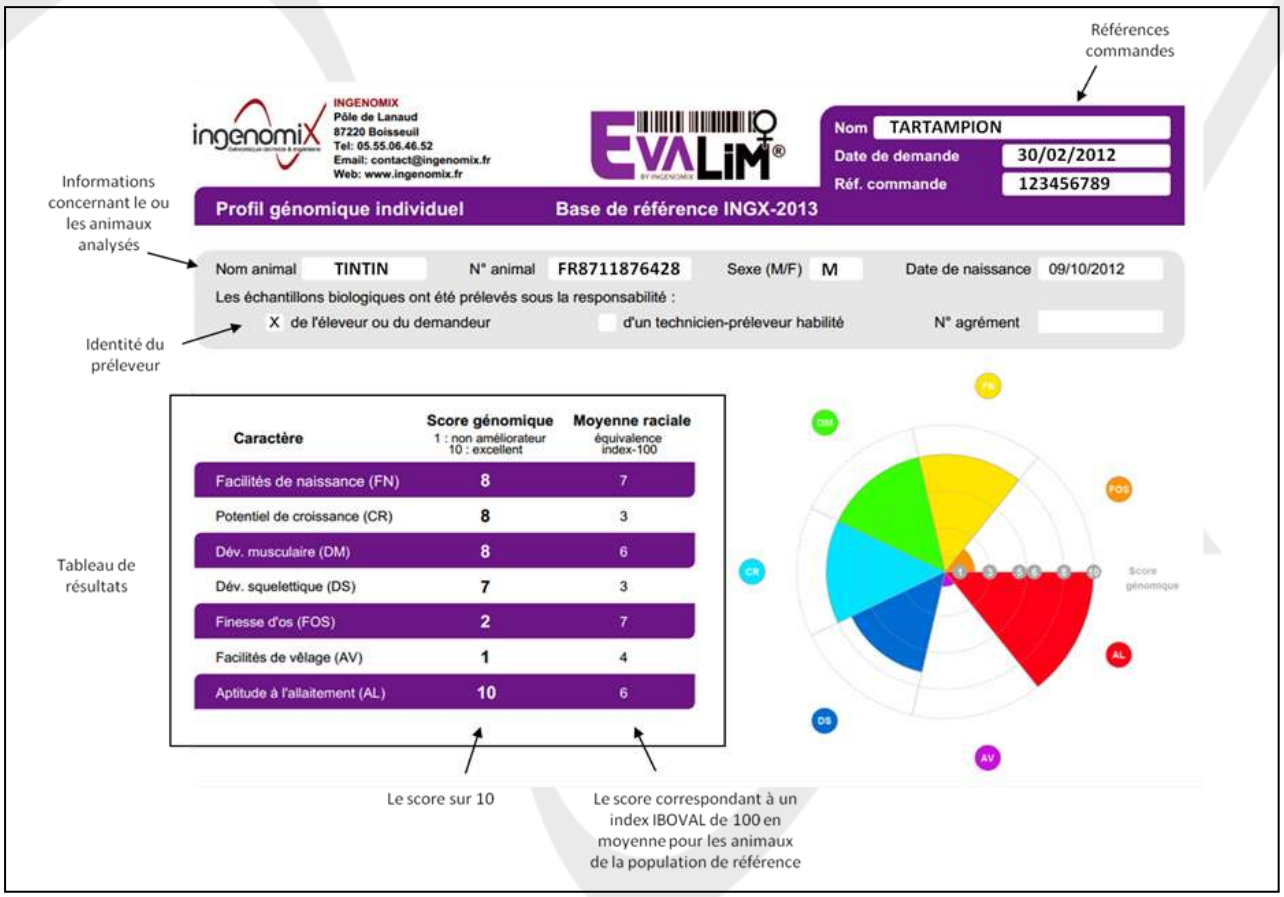
Tous les animaux analysés avec EVALIM® disposent d'un **Profil Génomique Individuel** affichant les scores génomiques obtenus (sous la forme d'un tableau) ainsi qu'une visualisation graphique de leurs résultats sous la forme d'un radar. L'ensemble des informations relatives à la commande et à l'animal analysé est repris sur ce document (voir figure ci-dessous).

---

[6] *La validation des équations de prédiction et le calcul de la précision des prédictions génomiques suivent les recommandations publiées dans une revue exhaustive en 2013 : Daetwyler, H.D., Calus, M.P.L., Pong-Wong, R., Campos, G. de los, and Hickey, J.M. (2013). Genomic Prediction in Animals and Plants: Simulation of Data, Validation, Reporting, and Benchmarking. Genetics 193, 347–365.*

[7] *Legarra, A., Robert-Granie, C., Manfredi, E., and Elsen, J.-M. (2008). Performance of Genomic Selection in Mice. Genetics 180, 611–618.*

[8] *Plusieurs populations de validation ont permis de valider les équations de prédictions et évaluer la précision des prédictions d'INGENOMIX ; les valeurs de précisions et de fiabilités publiées dans ce document sont issues des populations de validation de type nxk cross. Pour plus d'informations : Daetwyler et al., 2013. Référence ci-dessus.*



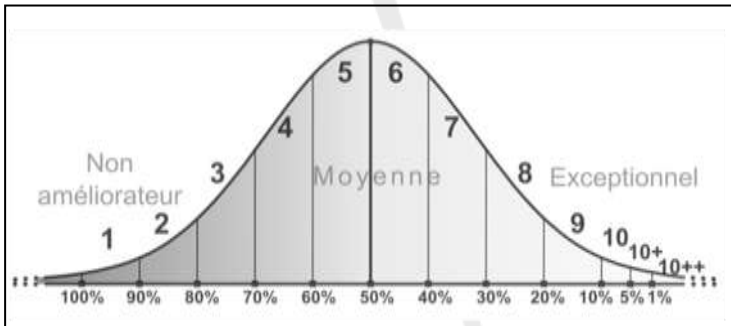
Compte tenu du prix des analyses génomiques, EVALIM® doit être considéré comme un **investissement** à moyen et long terme. Il convient de l'utiliser pour des animaux qui seront conservés et utilisés dans le cheptel, et les plus jeunes possible pour avoir un maximum de retours sur investissement. Une fois qu'un animal est génotypé sur EVALIM®, il n'aura plus à l'être à l'avenir et pourra bénéficier des mises à jour des résultats qui seront réalisées à l'avenir lorsque les bases de référence évolueront. De même, il sera inutile de les génotyper à nouveau pour évaluer des nouveaux phénotypes qui seraient intégrés à l'outil EVALIM®.

INTERPRÉTATION DES RÉSULTATS

Les scores obtenus s'échelonnent de 1 à 10, avec 2 distinctions pour les plus prometteurs : 10^{+} et 10^{++}, qui correspondent respectivement au TOP 5% et au TOP 1% de la population de référence. Il est important de se souvenir que **les scores EVALIM® prennent toujours comme repère les animaux de cette population de référence**, ce qui permet de classer les animaux analysés par rapport à la distribution d'animaux connus et très largement diffusés.

La médiane de la population de référence est fixée entre les scores 5 et 6 ; cela signifie qu'un animal qui reçoit un score de 5 (ou 6) se situe à un niveau moyen en comparaison avec les animaux de cette population. Il y a donc 5 classes en dessous de cette moyenne (notes de 1 à 5) et 5 classes au-dessus de cette moyenne (classes 6 à 10). Ainsi, un animal recevant un score de 1 ou 2 aura un profil génomique proche de celui des animaux les plus médiocres de la population de référence, et à ce titre ne sera que peu améliorateur pour le caractère concerné. Au contraire, un animal recevant un score de 9 ou 10 se rapprochera des animaux les plus remarquables de la race et pourra être utilisé pour sélectionner et améliorer ce caractère.

La population de référence étant composée d'animaux très sélectionnés (puisque très diffusés), **les moyennes des scores génomiques pour cette population ne correspondent pas à un index IBOVAL de 100**, et il est possible d'avoir des animaux ayant reçu une note relativement basse qui restent malgré tout améliorateurs pour le caractère considéré.



Répartition schématique des scores génomiques en fonction de la distribution globale de la population pour un caractère. Les animaux avec un score de 10 pour un caractère sont considérés comme faisant partie des 10% meilleurs animaux de la race ; au contraire un animal recevant un score de 1 à 3 sera plutôt en dessous de la moyenne de la population de référence, qui se situe entre les scores génomiques 5 et 6.

Pour tous les caractères, les scores obtenus se lisent toujours dans le même sens, un score de 10 étant associé aux animaux les plus prometteurs.

Pour illustrer ce point, prenons l'exemple du potentiel de croissance (CR) : la table de référence ci-dessous montre qu'un animal ayant reçu avec EVALIM® un score de 4/10, score inférieur à la moyenne de la population de référence, est déjà potentiellement améliorateur puisque, en moyenne, l'index IBOVAL des animaux ayant reçu un score de 4/10, est de 101,4. Alternativement, il faudra qu'un animal obtienne un score de 7/10 pour les facilités de naissance (FN) pour que, en moyenne, l'index IBOVAL des animaux de référence soit à 100.

Le score génomique correspondant à un index IBOVAL moyen de 100 peut donc être utilisé pour positionner un animal par rapport à la moyenne raciale[9]. Ce score moyen est reporté sur le profil génomique individuel ; il permet de déterminer si un animal est améliorateur ou non (au-dessus ou en dessous de la moyenne de la race).

Score	IFNAIS	CRsev	DMsev	DSsev	FOSsev	AVel	ALait
1	86.6	91.9	84.9	90.1	86.8	88.0	90.0
2	92.2	97.8	92.3	96.8	92.2	95.2	95.2
3	95.1	99.8	94.9	99.7	94.6	97.6	96.9
4	95.7	101.4	96.8	101.4	96.1	99.5	98.0
5	97.5	102.8	98.6	103.0	97.7	101.1	99.1
6	98.9	103.9	100.3	104.9	98.8	102.6	100.1
7	100.1	105.6	102.0	106.7	100.4	103.8	101.0
8	100.9	106.9	104.3	109.0	102.0	105.8	102.1
9	103.3	108.7	106.6	111.7	103.7	107.9	103.8
10	105.0	111.2	109.9	114.6	105.7	110.6	105.7
10+	107.1	114.0	114.3	118.7	107.8	113.5	108.3
10++	112.3	119.2	124.3	124.8	114.0	119.3	113.0

Table de référence EVALIM®. Cette table décrit, pour chaque score génomique obtenu, la moyenne réelle des index IBOVAL des animaux constituant la population de référence. La valeur la plus proche de 100 en IBOVAL est entourée en rouge pour mieux appréhender l'échelle de scores. Elle est reportée sur le profil génomique individuel de chaque animal.

[9] Une valeur de 100 en IBOVAL correspond à la moyenne des veaux nés au cours des 5 dernières années.

RÈGLES D'UTILISATION

Toutes les femelles peuvent être analysées via EVALIM®, sans aucune restriction. Nous conseillons EVALIM® pour toutes les femelles utilisées en reproduction (optimisation des choix d'accouplements) ainsi que pour sélectionner et orienter les génisses de renouvellement.

En revanche, seuls les jeunes mâles ayant été déclarés candidats dans une des stations d'évaluation limousines (Lanaud, Gelioc, Gevial ou ABL) peuvent bénéficier d'une analyse génomique, même si le veau n'a finalement pas été recruté en station. Nous conseillons l'utilisation d'EVALIM® pour tous les mâles éligibles pour connaître le potentiel génétique des reproducteurs et orienter les accouplements en fonction de vos objectifs de sélection.

Lorsque des informations génomiques sont disponibles pour les mâles et pour les femelles, il est possible d'utiliser ces informations pour maximiser les probabilités d'obtenir des produits correspondant aux orientations de sélection du cheptel ; c'est la meilleure façon d'accélérer le progrès génétique dans les cheptels.

FLEXILIM : UN OUTIL DE TRI POUR GÉRER SON RENOUVELLEMENT

L'outil FLEXILIM est dédié au tri des génisses à conserver pour le renouvellement ; il permet d'analyser exclusivement 2 caractères : AV et AL.

Ce test ADN exploite une méthodologie statistique différente de celle utilisée pour EVALIM®, développée par INGENOMIX, qui passe par la sélection d'un panel restreint de marqueurs moléculaires informatifs pour chaque caractère. Cette méthodologie, basée sur les arbres de décision[10], est particulièrement efficace lorsque le nombre de marqueurs est réduit[11].

Compte tenu du nombre restreint de SNP utilisés, les animaux sont répartis en **5 classes, représentées par autant d'étoiles**. Ce classement simplifié permet de visualiser facilement les points forts et les points faibles des animaux analysés. S'ils restent moins précis[12] que les résultats de l'outil EVALIM®, ces deux tests génomiques permettent de classer efficacement les animaux les uns par rapport aux autres, et seront donc des outils de choix pour pré-trier les meilleurs animaux à conserver pour le renouvellement.

	AVEL	ALAIT
★★★★★	110,1 ± 5,1	105,5 ± 5,7
★★★★	105,3 ± 5,5	102,2 ± 5,5
★★★	102,4 ± 5,8	99,8 ± 5,3
★★	99,3 ± 6,2	98,5 ± 5,4
★	94,1 ± 7,8	94 ± 6,4

Tables de référence FLEXILIM. A l'instar de la table publiée ci-dessus pour EVALIM, pour chaque caractère, la valeur moyenne des index IBOVAL des animaux de la population de référence est indiquée pour les différentes classes génomiques (de 1 à 5 étoiles). Pour chaque valeur moyenne, l'écart-type de la distribution est précisé.

[10] *Les méthodologies développées par INGENOMIX pour le test FLEXILIM s'appuient sur des méthodologies appelées « boosting d'arbres » et « forêts aléatoires ». Pour plus d'informations sur ces méthodologies, il est possible de consulter les revues de Friedman, J. H. (2002) Stochastic Gradient Boosting. Computational Statistics and Data Analysis 28 (4), Wouter G. T et al (2013). Data mining in the Life Sciences with Random Forest: a walk in the park or lost in the jungle? Briefings in Bioinformatics 14(3) et Bureau A. et al (2005). Identifying SNPs predictive of phenotype using random forests. Genetic Epidemiology 28 (2).*

[11] *Les panels de SNP utilisés pour FLEXILIM ont été choisis spécifiquement en fonction de leur pertinence pour les caractères étudiés et utilisent des outils de génotypage spécialement développés pour ces tests (puces dédiées utilisant la technologie Fluidigm). Par ailleurs, les équations de prédiction utilisées pour FLEXILIM ont été créés à partir d'une population de référence restreinte de 1 657 individus Limousins.*

[12] *Les précisions des prédictions obtenues pour AV et AL sont respectivement de 0,36 et 0,54.*

NOTEZ BIEN : l'outil FLEXILIM est réservé à une utilisation comme **outils de pré-tri**, utilisables au moment du choix des animaux à conserver (à la naissance, au sevrage ou au moment de la mise en reproduction). Seules les femelles peuvent être analysées et il est conseillé pour aider au choix des femelles à conserver parmi un grand nombre de génisses candidates en fournissant une information supplémentaire sur des caractères de qualités maternelles difficilement évaluables par ailleurs.

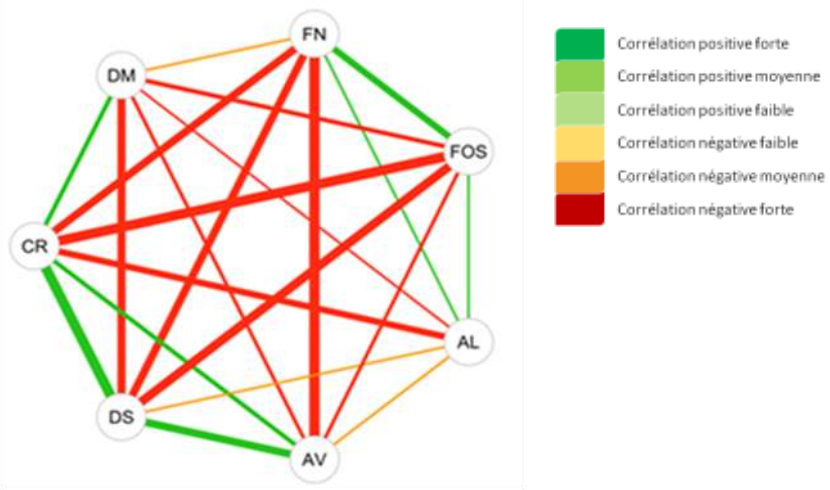
QUELQUES RÈGLES D'INTERPRÉTATION

Il faut toujours garder à l'esprit que les scores génomiques, à l'instar d'un index IBOVAL ou d'un index station, sont une **estimation** du potentiel génétique de l'animal. Contrairement aux autres, ces indicateurs ne prennent en compte que l'information moléculaire disponible, sans ajout d'aucune part d'ascendance ou de descendance. À ce titre, les scores génomiques ne doivent pas être considérés comme LA valeur génétique de l'animal mais doivent être considérés comme une information supplémentaire, objective et précoce.

L'animal parfait n'existe pas ! Il est rare d'obtenir un animal avec des 9 ou des 10 sur tous les postes. Dans la plupart des cas, les animaux ont été spécifiquement sélectionnés sur certains postes, souvent au détriment de certains autres… En effet, il existe des antagonismes génétiques entre les caractères qui impactent forcément les choix de sélection réalisés et il convient de les prendre en compte, que ce soit pour faire ces choix, mais également pour raisonner de futurs accouplements. Ces antagonismes génétiques sont directement liés aux régions du génome qui impactent ces différents caractères, ainsi qu'à la nature des animaux qui composent notre population de référence.

Comme le montre la figure ci-dessous, la croissance (CR) est corrélée positivement au développement squelettique (DS) et aux aptitudes au vêlage (AV). Cela signifie qu'un animal sélectionné spécifiquement sur son DS et sa CR aura de grandes chances d'avoir conjointement été sélectionné pour les aptitudes au vêlage. En revanche, il est probable que ce même animal exceptionnel en DS/CR soit négativement impacté au niveau des facilités de naissance et de la finesse d'os.

Illustration des corrélations génétiques existant entre les différents caractères. Il est possible de se référer à cette figure pour interpréter et moduler les résultats génomiques. Par exemple, il sera relativement rare (mais pas impossible) d'obtenir des animaux très bons à la fois en croissance et en facilités de naissance. Au contraire, des animaux très bons en développement squelettique auront tendance à avoir des scores élevés en croissance ou en aptitude au vêlage.



Bien sûr, ces constatations statistiques ne sont pas une fin en soi, et certains animaux pourront être prometteurs sur des caractères habituellement opposés ; de tels animaux seront alors particulièrement utiles pour dépasser ces limites par le jeu de la sélection et des accouplements.

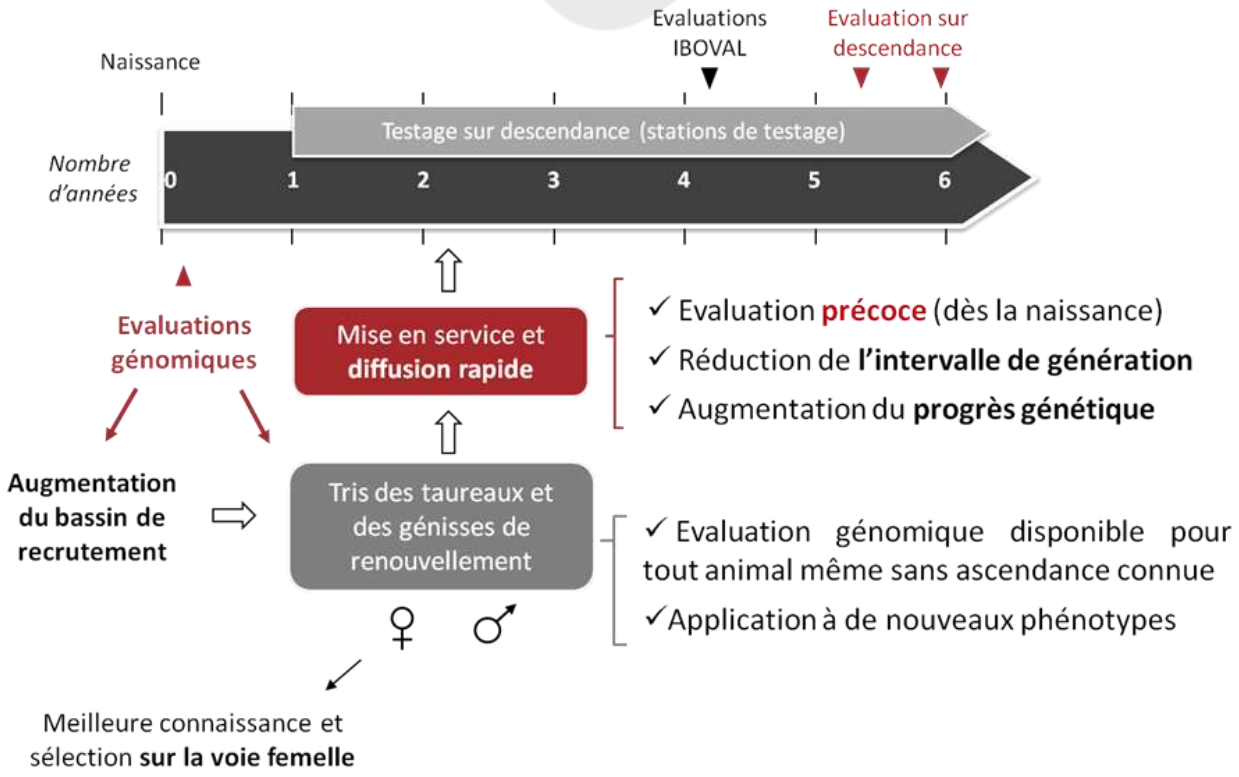
LES AVANTAGES LIÉS À L'UTILISATION DE LA GÉNOMIQUE EN SÉLECTION

Le principal avantage lié à l'utilisation d'outils génomiques d'aide à la sélection concerne la possibilité de sélectionner plus **précocement** et plus **précisément**, les animaux à conserver pour atteindre plus **efficacement** et plus **rapidement** des objectifs de sélection. Avec les outils traditionnels (performances, index sur ascendance, puis sur descendance), il faut attendre 5 à 6 ans avant de disposer d'évaluations précises. Grâce à ces outils génomiques, il est possible d'en disposer dès la naissance de l'animal.

Par ailleurs, en se basant sur l'ADN des animaux pour déterminer leur potentiel génétique, il est possible de produire des évaluations sur les mâles comme sur les femelles, avec la même précision ! Compte tenu du nombre de descendants nécessaires pour obtenir des évaluations fiables pour les femelles, ces outils génomiques sont une réelle opportunité d'organiser une sélection efficace sur la voie femelle.

En bovins laitiers, l'utilisation de la sélection génomique a été massivement adoptée dans de nombreux pays pour choisir précocement les futurs reproducteurs à diffuser et les futures mères à taureaux. En France, cette technologie a remplacé les stations d'évaluation sur descendance. Avec quelques années de recul, les premiers résultats sont très encourageants : ils montrent qu'en utilisant la génomique pour sélectionner les animaux les plus prometteurs, il est possible de réduire l'intervalle de génération de 2 ans, ce qui induit une augmentation de la vitesse du progrès génétique de 60% à 120%[13,14] !

Les avantages à utiliser la génomique en race allaitante sont aussi importants, voire plus que pour les races laitières, il faut simplement se saisir des outils.



[13] *Buch, L.H., Sørensen, M.K., Berg, P., Pedersen, L.D., and Sørensen, A.C. (2011). Genomic selection strategies in dairy cattle: Strong positive interaction between use of genotypic information and intensive use of young bulls on genetic gain. Journal of Animal Breeding and Genetics.*

[14] *Schaeffer, L.R. (2006). Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle. J Anim Breed Genet 123, 218–223.*

UNE PREMIÈRE UTILISATION COLLECTIVE À LA STATION DE LANAUD

Depuis la campagne 2013-2014, les professionnels de la race Limousine ont pris la décision d'utiliser les scores génomiques pour trier les futurs reproducteurs en amont de la station de Lanaud. L'objectif est de 1/ fiabiliser le recrutement des veaux à la station de Lanaud en limitant le nombre d'animaux ne correspondant pas aux objectifs de sélection de la race, et 2/ recruter et présenter des veaux correspondant aux attentes des éleveurs notamment en ce qui concerne les qualités maternelles. Tous les veaux entrés en station ont donc été génotypés à l'aide de l'outil génomique EVALIM® et les résultats génomiques seront dorénavant publiés sur les catalogues au moment des ventes de Lanaud afin d'aider les acheteurs à choisir leurs veaux avec un maximum d'informations.

CONFIDENTIALITÉ DES RÉSULTATS

INGENOMIX considère que les résultats des analyses génomiques menées doivent apporter un avantage concurrentiel aux éleveurs qui les demandent. Les résultats des tests génomiques fournis par INGENOMIX sont donc exclusivement réservés au client ayant commandé l'analyse et ne sont en aucun cas communiqués à des tiers, sauf en cas d'autorisation par le client.