

# La sélection génomique des ovins laitiers en France

J.-M. ASTRUC<sup>1</sup>, G. BALOCHE<sup>2</sup>, D. BUISSON<sup>1,2</sup>, J. LABATUT<sup>3</sup>, G. LAGRIFFOUL<sup>1</sup>, H. LARROQUE<sup>2</sup>,  
C. ROBERT-GRANIÉ<sup>2</sup>, A. LEGARRA<sup>2</sup>, F. BARILLET<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Institut de l'Élevage, CNBL, 31321, Castanet-Tolosan, France

<sup>2</sup> GenPhySE, Université de Toulouse, INRA, INPT, INPT-ENV, 31320, Castanet-Tolosan, France

<sup>3</sup> AGIR, INRA, Université de Toulouse, INPT ENSAT, 31326, Castanet-Tolosan, France

Courriel : jean-michel.astruc@toulouse.inra.fr

Les Entreprises et Organismes de Sélection des races ovines laitières françaises disposent aujourd'hui des outils nécessaires à la mise en place de schémas de sélection génomique. Cet article présente une synthèse des travaux de plusieurs années de recherche et développement qui ont permis d'évaluer la pertinence technique, économique et organisationnelle de la sélection génomique en ovins laitiers, aboutissant à son déploiement en race Lacaune en 2015.

L'amélioration génétique des ovins laitiers en France est fondée sur la sélection de cinq races locales par testage sur descendance des béliers d'Insémination Artificielle (IA). Ces schémas de sélection classique présentent une bonne à très bonne efficacité, avec un gain génétique compris entre 0,10 et 0,23 écart-type génétique, selon leur taille (nombre de béliers testés par an) et leur ancienneté (2 à 5 décennies) (Astruc *et al* 2010).

Depuis les articles fondateurs de Meuwissen (2001) et de Schaeffer (2006), les grandes races de bovins laitiers des principaux pays producteurs de génétique bovine laitière se sont lancées dans l'utilisation de l'information génomique pour une mise en place de la sélection génomique, avec la promesse de gains génétiques accrus initialement annoncés de 80 à 100% (Schaeffer 2006, Colleau *et al* 2015) et actuellement plutôt entre 50 et 100% (Bouquet et Juga 2013, Boichard *et al* 2015).

La sélection génomique a débuté en bovins laitiers suite à la conception et l'industrialisation de « puces » à « *Single Nucleotide Polymorphism* » (SNP) très informatives, répétables et à relativement bon marché.

La disponibilité en 2009 de la puce « *OvineSNP50* » d'Illumina et la stimulation exercée par le contexte foisonnant en bovins laitiers ont poussé les acteurs de la génétique ovine laitière française à mettre en œuvre, à partir de 2010, une série de programmes de recherche et développement pour évaluer la faisabilité de la Sélection Génomique (SG) dans leurs races. Outre la bonne à très

bonne efficacité des schémas de sélection français, la structuration de la recherche et développement articulée dans un continuum étroit avec la profession (l'INRA et l'Institut de l'Élevage, regroupés au sein de l'UMT Gestion génétique et génomique des petits ruminants (GGPR), et des professionnels motivés au sein du Comité National Brebis Laitières (CNBL)) constituait un atout indéniable. Divers programmes, d'ampleur et de nature diverses (encadré 1), ont été complémentaires et ont permis l'investissement initial (population de référence et ingénierie), indispensable pour entrer dans le vaste univers de la SG.

Ces différents programmes, par leurs financements conséquents pour les principaux et leur complémentarité ont permis au final *i*) de constituer des populations de référence fondées sur les béliers d'IA ; *ii*) d'étudier la précision des prédictions génomiques ; *iii*) de réaliser une expérimentation de SG ; *iv*) de concevoir des schémas de SG adaptés aux spécificités génétiques et physiologiques (IA en semence fraîche) des ovins laitiers et de chiffrer les variations de coût par rapport aux schémas classiques ; et *v*) de réfléchir aux évolutions organisationnelles et de les anticiper.

Après une présentation du contexte de l'amélioration génétique des races ovines laitières en France et des stratégies possibles de sélection génomique qui en découlent, cet article rend compte des différents résultats, enseignements ou décisions depuis 2010, en vue du déploiement de la sélection génomique en ovins laitiers en France, et dresse les

perspectives ouvertes par la sélection génomique.

## 1 / Les schémas de sélection et la stratégie de sélection génomique des ovins laitiers en France

### 1.1 / Les schémas de sélection en ovins laitiers en France

L'amélioration génétique des brebis laitières s'appuie, dans les 5 races françaises (Lacaune, Basco-Béarnaise - BB, Manech Tête Noire - MTN, Manech Tête Rousse - MTR et Corse), sur une structuration pyramidale des populations raciales avec un noyau de sélection constitué par un ensemble de troupeaux qui représente environ 20% des brebis de chaque race, et sur le testage sur descendance de nombreux béliers permis par le recours important à l'IA (Barillet 1997). Toutefois, la taille des schémas de sélection varie selon les races (tableau 1). En situation de sélection classique, les schémas de sélection des races Lacaune et MTR mettent tous les ans en testage autant de jeunes mâles que, respectivement les schémas de sélection des bovins laitiers français Holstein et Montbéliard ou Normand lorsqu'ils étaient en situation de sélection classique. Les trois autres races disposent d'une base de sélection et d'un taux d'IA leur permettant de mettre en testage 25 à 40 béliers tous les ans : la taille de ces schémas de sélection est comparable à celle des schémas caprins français, ou ovins laitiers des races Latxa (Espagne) et Sarde (Italie).

**Encadré 1.** Programmes de recherche et développement pour mettre en œuvre la sélection génomique en races ovines laitières.

Le programme SheepSNPQTL (ANR-Apis-Gene) était destiné à une première valorisation de la puce 54k, pour détecter et cartographier finement des « Quantitative Trait Loci » (QTL), mais aussi pour jeter les bases d'une population de référence en race Lacaune en vue d'une SG.

Le programme « Roquefort'in », labellisé au pôle de compétitivité « Agrimp Innovation », avait, pour son volet génomique, l'ambition de tester la faisabilité de la SG. Le projet prévoyait de compléter la population de référence, de mettre en place l'évaluation génomique, de réaliser une expérimentation génomique originale, et de concevoir un schéma de sélection génomique adapté aux conditions de l'espèce.

L'objectif de Genomia (programme de coopération transfrontalière Poctefa) était d'évaluer la complémentarité dans une évaluation multi- raciale des races ovines laitières Basques en France et en Espagne, qui (hormis la Manech tête rousse) sont de taille limitée, en comparaison à l'évaluation intra-race. Ces races ayant subi des échanges historiques et récents, une telle comparaison semblait utile pour l'avenir et probablement riche d'enseignement.

Le programme CASDAR GENOVICAP était destiné à poser les jalons d'ingénierie de la génomique et à évaluer l'intérêt technico-économique de la sélection génomique en petits ruminants.

Le programme Degeram « Lacaune lait » (porté par le CORAM) était orienté vers la mise en place d'un centre d'élevage génomique, avec la collecte et la valorisation de nouveaux phénotypes de béliers.

Le projet COSEGOV (refondation des Contrats de SElection et d'utilisation en OVin en lien avec l'émergence de la Génomique), financé par FGE, visait de façon prospective à accompagner les acteurs des schémas des races ovines laitières françaises dans leur réflexion sur l'évolution du fonctionnement organisationnel des programmes et l'adaptation des contrats de sélection dans le cas du développement de la sélection génomique (Labatut et al 2014).

Les contraintes liées à l'utilisation de la semence fraîche faiblement diluée et à la saisonnalité très marquée de la reproduction limitent fortement le pouvoir de diffusion des mâles et expliquent l'importance des haras de béliers dans les centres d'IA. Ces particularités peuvent faciliter, en revanche, la gestion de la variabilité génétique. En effet, la diffusion des béliers élites dépasse rarement 1 500 doses par an (contre plusieurs dizaines de milliers en bovins) ; le testage des jeunes béliers repose sur 100 à 140 IA selon les races, soit 30 à 40 filles en première lactation (contre 80-100 filles

en bovins). L'intervalle de génération de la voie père-fils est beaucoup plus faible qu'il ne l'était en bovins avant l'avènement de la génomique (4 ans en race Lacaune contre 8 ans en bovins), avec toutefois des différences significatives selon les races (7 ans en race MTN). Enfin, le testage représente 50 à 60% des IA pratiquées chez les sélectionneurs (contre 10 à 20% en bovins avant la génomique). Ces caractéristiques affecteront l'efficacité de la sélection génomique dont l'intérêt technico-économique sera plus difficile à atteindre en ovins qu'en bovins, alors qu'en situation clas-

sique, un schéma de sélection en ovins laitiers à l'optimum peut induire le même gain génétique annuel qu'en bovins laitiers.

Les situations sont donc contrastées selon la taille des populations en sélection et l'utilisation des outils de sélection, ce qui se traduit par une variabilité de l'état d'avancement des schémas de sélection et de leur efficacité. En effet, le schéma de la race Lacaune prend en compte des caractères fonctionnels depuis 2005 (poids de 50% dans le critère de sélection) en plus des caractères laitiers (lait et taux) et dégage un gain génétique de 0,23 écart-type génétique ( $\sigma_g$ ) par an sur l'index de synthèse ovin lait (ISOL, cf. Barillet et al 2016, ce numéro), alors que les races ovines laitières des Pyrénées (ROLP) ne sélectionnent en 2015 que les caractères de production (lait et taux) et dégagent un gain compris entre 0,11 et 0,17  $\sigma_g$  par an selon la race (tableau 2). Enfin la race Corse sélectionne la quantité de lait à la traite pour un progrès génétique annuel de l'ordre de 0,10  $\sigma_g$ . De plus, la sélection pour la résistance à la tremblante, *via* le génotypage du gène PrP, est effective pour les cinq races depuis au moins 15 ans. L'évolution de la consanguinité par génération est faible en races Lacaune et MTR (respectivement 0,27 et 0,43%), et plus importante en BB et MTN (respectivement 0,77 et 0,97%). Ceci se traduit par des effectifs génétiques plus limités dans les 2 dernières races citées qu'en races Lacaune et MTR (tableau 2).

On a donc 2 situations distinctes avec, d'une part, les races Lacaune et MTR disposant *a priori* de populations de référence mâles compatibles avec la Sélection Génomique (SG) intra-race et, d'autre part, les races MTN et BB (auxquelles on peut ajouter la race Corse) pour lesquelles les populations de référence sont de taille plus limitées. Dans ces races à effectifs limités, la question d'une SG multiraciale se pose et mérite d'être testée.

**Tableau 1.** Importance des schémas de sélection génétique des ovins laitiers en France en 2014 (Sources : Idele et CNBL 2015).

Races	Taille de la population ♀	Noyau de sélection ♀ (%)	Béliers d'IA mis en testage par an	Béliers dans les centres d'IA	IA dans la population (% dans le noyau)
Lacaune <sup>(1)</sup>	890 000	172 462 (19)	440 ♂	1 400 ♂	400 000 (85)
Corse	83 000	15 944 (19)	30 ♂	150 ♂	6 500 (40)
Manech tête rousse	274 000	80 260 (29)	150 ♂	600 ♂	62 000 (60)
Manech tête noire	80 000	12 438 (16)	30 ♂	175 ♂	7 000 (45)
Basco-Béarnaise	80 000	24 386 (32)	50 ♂	200 ♂	15 000 (55)

<sup>(1)</sup> Total des deux entreprises de sélection.

**Tableau 2.** Résultats des schémas de sélection génétique des ovins laitiers en France (Source : Idele et CNBL 2015).

Races	Caractères sélectionnés et inclus dans ISOL (en plus de PrP)	Progrès génétique annuel (en $\sigma g$ )	Consanguinité moyenne des béliers (taux d'évolution par génération) (%)	Intervalle de génération (ans)	Effectif génétique
Lacaune	Lait, TB, TP, CCS, morphologie de la mamelle	0,23	2,5 (0,27)	3,7	188
Corse	Lait	0,10	-	5,3	-
Manech tête rousse	Lait, TB, TP	0,17	2,9 (0,43)	3,9	117
Manech tête noire	Lait, TB, TP	0,11	4,2 (0,97)	4,9	41
Basco-Béarnaise	Lait, TB, TP	0,16	3,9 (0,77)	4,2	65

## 1.2 / Le stockage du matériel biologique

Dès les années 2000, à la faveur d'un projet Européen de primo-détection de QTL en ovins laitiers (Barillet *et al* 2003), le stockage systématique du sang des béliers d'IA des races françaises a été organisé à Labogéna. Aujourd'hui, le sang de près de 14 500 béliers nés après 1990 est stocké de manière pérenne et régi par une convention (BADNOL) regroupant le CNBL et les Entreprises de Sélection (ES) adhérentes, Labogéna et l'INRA. Début 2015, le stockage concernait 9 612 béliers Lacaune (de 1989 à 2014), 921 béliers BB (de 1988 à 2014), 771 béliers MTN (de 1989 à 2014), 2 963 béliers MTR (de 1990 à 2014) et 265 béliers Corse (de 2001 à 2014). Ce stockage qui avait été initié « à toutes fins utiles » par la recherche avec les partenaires professionnels, s'est avéré d'une importance majeure au moment de constituer les populations de référence.

## 1.3 / La stratégie d'utilisation de l'information génomique

La mise sur le marché fin 2009 de la puce « OvineSNP50<sup>®</sup> » d'Illumina (disposant de 54 241 SNP et comparable à la puce « BovineSNP50<sup>®</sup> »), la profondeur de stock de matériel biologique disponible, le dynamisme des schémas de sélection ovins laitiers, et la cohérence et l'implication de la recherche et développement (INRA, Institut de l'Élevage, CNBL, UMT GGPR) ont nourri la réflexion sur l'utilisation de l'information génomique dans les programmes de sélection. Du fait d'une population de référence potentielle supérieure à 2000 béliers, la SG intra-race est considérée comme possible dans les races Lacaune et MTR. En revanche, dans les autres races où les populations de référence sont de plus petite taille (300 à 600 béliers), la stratégie repose sur le test d'une SG multiraciale, d'autant que les races Pyrénéennes peuvent se

compléter avec leurs races homologues espagnoles Latxa (proximité géographique et parenté génétique) alors que la race Corse, pour les mêmes raisons, peut envisager une collaboration avec la race Sarde, même si la proximité entre les deux races est moins évidente. Parallèlement, les avancées en matière de cartographie fine du génome et de découverte de mutations causales sur des gènes d'intérêt, pourront, à l'avenir, être valorisées en complément de la SG qui se met en place actuellement.

La stratégie a été, dès 2009, de se lancer dans une voie de SG au sens strict, telle que pratiquée dans les grandes populations de bovins laitiers.

## 1.4 / La constitution des populations de référence

L'effort de génotypage pour constituer les populations de référence (encadré 2) s'est concentré sur les béliers d'IA mis en testage et disposant d'un nombre de filles suffisant (au moins 10 filles connues sur le lait et 10 filles connues sur les taux). Finalement, en 2015, les cinq populations Lacaune, MTR, BB, MTN et Corse ont une population de référence constituée (tableau 3). Elles sont à jour en Lacaune et Corse, alors qu'en ROLP, leur mise à jour sera réalisée en 2016 grâce au projet GENOPYR visant à préparer le déploiement de la SG en 2017.

La profession ovine laitière a convenu avec la SAS Valogène pour la gestion des génotypages, depuis la commande des puces à la société Illumina, les relations avec le laboratoire d'analyse (Labogéna actuellement) et la gestion des données de génotypage. La chaîne de traitement des génotypages a été construite dans le cadre du projet Roquefort'in et permet d'obtenir, à partir des fichiers bruts en sortie du laboratoire d'analyse, un fichier par race élaboré pour l'indexation génomique. Les échantillons présentant un taux de génotypage (ou « call rate ») inférieur à 97% ou une incompatibilité de parenté sont éliminés. Les marqueurs présentant une fréquence de l'allèle mineur < 1% ou un déséquilibre de Hardy-Weinberg significatif ( $P < 10^{-5}$ ) (estimé par le logiciel « Frequence ») sont éliminés. L'imputation des SNP incomplets est réalisée avec le logiciel « Beagle » (Browning et Browning 2007). Début 2015, les génotypages disponibles pour l'évaluation incluaient 39216 SNP.

## 2 / Les investissements en méthodes et stratégies de calculs d'index génomiques

Alors qu'en indexation classique, le BLUP appliqué à un Modèle Animal constitue la méthode de référence universellement utilisée, en évaluation

### Encadré 2. Définition de la population de référence en sélection génomique.

En sélection génomique, la population de référence est une population d'animaux disposant à la fois de génotypes et de phénotypes, à partir de laquelle on estime les relations entre les allèles aux marqueurs SNP et les phénotypes. Ces relations sont ensuite appliquées aux nouveaux animaux génotypés, ne disposant pas de mesures de performances. En ovins laitiers, la population de référence est constituée uniquement de béliers de testage, connus sur descendance pour les caractères indexés. Pour les études de précision des méthodes, on divise usuellement la population de référence en une sous-population d'apprentissage (permettant d'apprendre les relations entre génotype et phénotype) et une sous-population de validation (permettant de vérifier, indépendamment, la validité des relations apprises).

**Tableau 3.** Populations génotypées et populations de référence dans les races ovines laitières françaises en 2015.

Races	Béliers génotypés	Nombre de béliers génotypés avec filles	Profondeur de la population de référence	1 <sup>er</sup> millésime complet	Dernier millésime avec filles
Lacaune	8 305	4 716	1996-2015	2003	2013
Corse	490	197	2001-2015	2005	2012
Manech tête rousse	1 422	1 422	1998-2009	2000	2009
Manech tête noire	330	330	1996-2007	1996	2007
Basco-Béarnaise	562	562	1999-2012	1999	2012

génomique, plusieurs méthodes coexistent (Robert-Granié *et al* 2011). C'est le cas en bovins laitiers où la SG est effective dans de nombreux pays. Par exemple, la France utilise une méthode originale basée sur la détection de nombreux QTL et dont la transmission d'une génération à l'autre est suivie à travers des haplotypes de SNP (Ducrocq *et al* 2014, Croiseau *et al* 2015), alors que d'autres pays mettent en œuvre un BLUP génomique (GBLUP, VanRaden 2008), ou des méthodologies Bayésiennes.

Le passage des marqueurs microsatellites aux marqueurs SNP n'a pas permis une augmentation significative du nombre de QTL détectés pour les caractères d'intérêt en ovins laitiers, aussi bien par des dispositifs de familles de petites filles en Lacaune laitier (Rupp *et al* 2014) que de croisement Sarde × Lacaune (Carta *et al* 2014). Il était donc difficile d'envisager d'utiliser la méthode mise en œuvre en France pour les races bovines laitières (Ducrocq *et al* 2014, Croiseau *et al* 2015).

## 2.1 / Vers le choix de la méthode GBLUP

Plusieurs méthodes d'utilisation de l'information génomique ont été comparées, en race Lacaune, sur la quantité de lait, le Taux Butyreux (TB) et les Comptages de Cellules Somatiques (CCS) : le GBLUP, le BayesC $\pi$ , la régression PLS (« *Partial Least Square* ») et la régression sparse PLS (Duchemin *et al* 2012). Les phénotypes étaient constitués des DYD (« *Daughter Yield Deviation* », c'est-à-dire la performance moyenne des filles de chaque bélier, corrigée pour les effets du milieu et la valeur génétique moyenne des mères), issues de l'indexation BLUP classique. Ces DYD étaient pondérées en fonction du nombre de filles efficace (EDC ou « *Effective Daughter Contribution* », Sullivan 2007). Les méthodes ont été comparées sur la base de la précision obtenue sur une population de valida-

tion. Ainsi, la population Lacaune totale a été divisée en une population d'apprentissage de 1 886 béliers (millésimes 1998 à 2006) et une population de validation de 681 béliers (millésimes 2007 et 2008). Les DYD de la population de validation ne sont pas pris en compte dans la prédiction et servent ensuite à mesurer la corrélation avec la prédiction génomique de ces béliers. Dans tous les cas, la prise en compte de l'information génomique dans les évaluations amène un surcroît de précision par rapport au BLUP standard (prenant en compte uniquement l'ascendance mendélienne classique) de 4 à 11 points (selon le caractère et la méthode).

Il est intéressant de constater (Duchemin *et al* 2012) que toutes les méthodes génomiques donnent des résultats très similaires. Les méthodes Bayésiennes qui sélectionnent les SNP potentiellement intéressants fournissent des précisions très légèrement supérieures, mais avec un temps de calcul nettement plus long. Ces résultats sont probablement dus à l'absence de gènes majeurs et donc au faible nombre de grands QTL pour les caractères d'intérêt étudiés.

Par ailleurs les calculs réalisés ici nécessitent deux étapes : une première étape d'indexation classique BLUP fournissant les DYD considérées comme les phénotypes des béliers pour la deuxième étape de calcul d'index génomique. De plus ils posent des problèmes complexes résolu de façon approchée, pour intégrer les effets de la présélection génomique dans l'indexation polygénique classique (Patry et Ducrocq 2011).

Le choix méthodologique s'est donc porté sur le GBLUP en une étape (« *Single Step* » GBLUP ou ssGBLUP) (Larroque *et al* 2014, Legarra *et al* 2014), basée sur les performances brutes des animaux (performances utilisées dans les évaluations génétiques classiques). Cette méthode est une combinaison « en une étape » du BLUP modèle ani-

mal classique avec le GBLUP (Legarra *et al* 2009, Misztal *et al* 2009).

## 2.2 / Les différentes étapes de la sophistication du ssGBLUP

### a) Validation du ssGBLUP par rapport au GBLUP en 2 étapes

Baloche *et al* (2014a) ont comparé trois méthodes de prédiction des valeurs génétiques : la méthode « classique » pseudo-BLUP (basée sur la matrice de parenté généalogique) dans laquelle les phénotypes sont les DYD des béliers issues de l'évaluation classique ; la méthode « génomique » pseudo-ssGBLUP, intégrant la matrice de parenté génomique (Legarra *et al* 2009), dans laquelle les phénotypes sont également les DYD des béliers issues de l'évaluation classique, mais avec prise en compte à la fois des béliers génotypés et des béliers non génotypés ; enfin le ssGBLUP, intégrant en même temps les matrices de parenté génomique et généalogique (Legarra *et al* 2009), dans laquelle les phénotypes sont les performances des femelles (tableau 4).

Les différents programmes utilisés proviennent du package BLUPf90 (Misztal *et al* 2002, Aguilar *et al* 2010 et 2011), et plus spécifiquement les logiciels blup90iod2, pregsf90 et accf90.

Les méthodes ont été validées avec la même technique que décrite précédemment, conformément aux recommandations d'Interbull (Mäntysaari *et al* 2010, Mäntysaari et Koivula 2012). La population d'apprentissage comprend 1593 béliers (millésimes 1999-2005) et la population de validation est constituée de 592 béliers des millésimes 2008 et 2009. La précision des prédictions est donnée dans le tableau 4.

Les résultats (tableau 4) confirment que les méthodes utilisant l'information génomique apportent un gain de précision significatif par rapport à la méthode classique ne prenant en compte que le

**Tableau 4.** Corrélations entre les « daughter yield deviation » (DYD) observées et les DYD estimées pour la population de validation de 592 béliers Lacaune, avec les méthodes pseudo-BLUP, pseudo-ssGBLUP et ssGBLUP (Source : Baloche et al 2014a).

Caractères	Méthode de prédiction			Gain de précision par rapport au pseudo-BLUP	
	Pseudo-BLUP <sup>(1)</sup>	Pseudo-ssGBLUP <sup>(2)</sup>	ssGBLUP <sup>(3)</sup>	Pseudo-ssGBLUP	ssGBLUP
Lait	0,32	0,43	0,47	0,11	0,15
TB	0,58	0,65	0,71	0,07	0,13
TP	0,54	0,62	0,70	0,08	0,16
CCS	0,49	0,59	0,59	0,10	0,10
Angle trayon	0,47	0,58	0,66	0,11	0,19
Sillon	0,48	0,61	0,67	0,13	0,20
Plancher-jarret	0,47	0,57	0,61	0,10	0,14

<sup>(1)</sup> Pseudo-BLUP : 7 497 béliers avec DYD (sans prise en compte des génotypes).

<sup>(2)</sup> Pseudo-ssGBLUP : 7 497 béliers avec DYD (dont 1593 béliers génotypés dans la population d'apprentissage).

<sup>(3)</sup> ssGBLUP : 3 822 000 performances ; 1 262 000 animaux dans le pedigree (dont 1 593 béliers génotypés dans la population d'apprentissage).

pedigree (entre 7 et 20 points selon le caractère). Le ssGBLUP, basé directement sur les performances exprimées par les brebis, fournit des prédictions plus précises que le pseudo-ssGBLUP qui utilise les DYD des béliers issues de l'évaluation classique. Le gain de précision supplémentaire est compris entre 4 et 8 points (sauf pour les CCS où aucun gain de précision n'est observé). Par ailleurs, l'analyse des pentes de la régression des DYD sur les prédictions obtenues à partir des trois méthodes montre que le ssGBLUP est moins biaisé (dans ce contexte, le biais implique une surévaluation des meilleurs candidats à la sélection) que le pseudo-ssGBLUP.

De plus, l'indexation génomique ssGBLUP est apte à tenir compte de toute présélection génomique. Les mères n'étant pas génotypées, on introduit dans l'évaluation les génotypes de tous les candidats, y compris de ceux qui ne sont pas retenus et qui n'auront donc pas de fille. Enfin, le ssGBLUP présente comme avantage de pouvoir estimer en un calcul unique des index génomiques à la fois pour les mâles et les femelles, qu'ils soient génotypés ou pas.

Les Coefficients de Détermination (CD) des index ssGBLUP ont été calculés, selon la méthode approchée proposée par Misztal *et al* (2013a) programmée dans le logiciel accf90.

Tenant compte de l'ensemble de ces avantages (meilleure précision, moindre biais, prise en compte de la présélection génomique, simplicité d'utilisation), la méthode ssGBLUP a été retenue pour l'évaluation de routine en ovins laitiers.

#### b) Prise en compte des groupes de parents inconnus

Les effets « groupes de parents inconnus » ont été intégrés fin 2013, en incluant explicitement dans le modèle des covariables correspondant à la contribution de chaque groupe (Misztal *et al* 2013b). Les mêmes 22 groupes de parents inconnus que dans l'évaluation classique, définis sur la base de l'année de naissance uniquement, ont ainsi été pris en compte. Cette évolution a eu un effet majeur sur la bonne estimation du progrès génétique annuel (Astruc *et al* 2014). Un test de validation Interbull a été réalisé en race Lacaune sur 450 jeunes béliers d'IA génotypés de millésime 2010 en utilisant l'évaluation ssGBLUP. La population d'apprentissage était constituée de 2 415 béliers nés entre 1998 et 2007. Deux modèles de ssGBLUP ont été utilisés, omettant (modèle 1) ou incluant (modèle 2) les groupes de parents inconnus et comparés au modèle BLUP classique. Les deux modèles ont passé les tests Interbull de validation des GEBV (« Genomic Breeding Values » - prédiction des valeurs génomiques). Mais le gain génétique pour la quantité de lait, sur les 15 dernières années, était sous-estimé de 50% avec le modèle 1 par rapport à l'estimation de référence fournie par le modèle BLUP classique. En revanche, le modèle 2 qui prend en compte les groupes de parents inconnus donne des résultats similaires à l'estimation de référence. Le tableau 5 montre les résultats obtenus pour la quantité de lait et les taux.

Ces résultats sont d'autant plus remarquables que la situation relative aux

parents inconnus est plutôt favorable en race Lacaune : les mâles sont tous de père et mère connus, les femelles sont de mère connue à 99% et de père connu à 95%. Cela illustre la forte sensibilité de la prise en compte des groupes de parents inconnus sur l'estimation du progrès génétique.

#### c) Prise en compte des hétérogénéités de variance

Depuis 2002, l'évaluation BLUP classique des caractères laitiers (lait, quantité de matière et taux) prend en compte les hétérogénéités de variance, en utilisant un modèle proche de celui utilisé en bovins laitiers en France (Robert-Granié *et al* 1999) : les variances (génétiques, résiduelles et d'environnement permanent) varient en fonction du troupeau, de l'année et la parité. L'adaptation des programmes du ssGBLUP pour prendre en compte les hétérogénéités de variance a été réalisée fin 2014 et incluse dans le logiciel blupf90iod2 (Legarra, communication personnelle).

## 3 / Résultats de précision des index génomiques en races ovines laitières et comparaison avec les races bovines laitières françaises

### 3.1 / La précision des index génomiques intra-races ovines laitières

Entre 2010 et 2015, dans la phase intense de recherche et développement, la précision des prédictions génomiques

**Tableau 5.** Progrès génétique estimé sur les 15 dernières années en fonction du modèle utilisé : BLUP classique, ssGBLUP sans groupe de parents inconnus, ssGBLUP avec groupes de parents inconnus (Source : Astruc *et al* 2014).

Caractères	Progrès génétique annuel		
	BLUP (classique)	ssGBLUP sans groupes	ssGBLUP avec groupes
Lait (L)	5,26	2,71	5,24
TB (g/L)	0,20	0,16	0,20
TB (g/L)	0,17	0,12	0,16

a été évaluée à plusieurs reprises, sur la base des prédictions obtenues avec des méthodologies différentes, à partir d'échantillons d'apprentissage et de validation différents, au fur et à mesure que les populations de référence s'étoffaient. Différentes publications ont présenté des résultats (Baloche *et al* 2014a, Legarra *et al* 2014). Par souci d'homogénéité, nous présentons et comparons ici les dernières précisions obtenues dans les différentes races (Lacaune, BB et MTR), sur la quantité de lait, le TB et le Taux Protéique (TP), obtenues avec le ssGBLUP incluant les groupes de parents inconnus (tableau 6).

Les prédictions génomiques apportent toujours un gain de précision par rapport à l'ascendance classique, de l'ordre de 5 à 13 points de corrélation, à l'exception du TB en race BB. Toutefois, globalement, les index sur ascendance sont déjà relativement précis et le gain apporté par la génomique s'en trouve de fait réduit. La bonne surprise vient de la race BB où malgré une taille de population de référence limitée (395 béliers dans la population d'apprentissage), la précision des index génomiques est satisfaisante. Cela est probablement à mettre

en relation avec la plus faible variabilité génétique de cette race où l'accroissement annuel de la consanguinité est assez élevé, de 0,18% (à comparer avec un accroissement de 0,11% en race MTR) et où l'effectif génétique de la race est de 65 individus (à comparer à 120 en MTR).

Barillet *et al* (2012 et 2014b) et Astruc *et al* (2012) ont comparé les gains de précision des index génomiques obtenus en ovins (races Lacaune et MTR) avec ceux publiés en bovins (races Holstein et Montbéliarde) (Fritz *et al* 2010). La comparaison confirme le statut très favorable de la race Holstein dont le gain de corrélation est de 0,33 entre précision génomique et précision classique grâce à *i*) une grande taille de la population d'apprentissage, *ii*) une précision supérieure du phénotype sur descendance des taureaux de la population de référence (testage sur 80 filles en bovins contre 30 à 40 filles en ovins) et *iii*) un effectif génétique plus petit. En revanche, les résultats en race bovine Montbéliarde et en races ovines laitières apparaissent assez comparables pour la quantité de lait, ce qui est intéressant sachant que les mâles de la population d'apprentissage sont moins bien connus chez les ovins.

### 3.2 / Le programme GENOMIA : prédictions génomiques multi-raciales vs intra-race

Le programme GENOMIA (2010-2012), financé dans le cadre du programme transfrontalier POCTEFA, avait, pour son volet génomique, pour but de mettre en place une population de référence en races Manech (tête rousse et noire) françaises et Latxa (tête rousse et noire) espagnoles et d'étudier d'une part, la précision de l'évaluation génomique en race MTR et, d'autre part, une évaluation multiraciale intégrant les populations Manech, avec la puce 54k. Les résultats de l'approche multiraciale sont présentés dans le tableau 7, en comparaison avec l'approche intra-race.

Les précisions des prédictions génomiques en Manech et Latxa tête rousse ne sont pas améliorées, lorsqu'on passe d'une évaluation intra-race à une évaluation multi-race. Ceci, en dépit des fortes connexions entre les deux races (Legarra *et al* 2014). En revanche, les Manech et Latxa tête noire semblent toutes deux tirer profit d'une évaluation multi-race, alors que les connexions sont plus ténues entre ces deux races. Ce résultat est toutefois à relativiser au vu des faibles effectifs des populations têtes noires, et donc d'intervalles de confiance élevés de ces estimations.

L'utilisation de la puce 54k, de moyenne densité, ne s'avère donc pas réellement efficace pour tirer bénéfice d'une évaluation multiraciale, même pour des races très proches. Par ailleurs, les faibles effectifs des populations d'apprentissage et de validation de chacune des races (à l'exception de la MTR) ne permettent sans doute pas d'exprimer un gain éventuel qu'apporterait l'approche multiraciale. A noter que des résultats similaires ont été observés en race Lacaune,

**Tableau 6.** Corrélations entre les « Daughter Yield Deviation » (DYD) observées et les DYD prédites (ascendance et génomique) en races Lacaune et en ROLP (Sources : Baloche *et al* 2014a pour la race Lacaune ; résultats non publiés, novembre 2014, pour les Basco-Béarnaise et Manech tête rousse).

Races	Taille de la population ♂ : Apprentissage-A Validation-V (millésime V)	Précision = corrélations entre DYD		
		Ascendance	Génomique	Gain de précision
<b>Lacaune</b>	A : 2415			
- LAIT	V : 450 (2010)	0,32	0,47	+ 0,15
- TB		0,58	0,71	+ 0,13
- TP		0,54	0,70	+ 0,16
<b>Manech tête rousse</b>	A : 893			
- LAIT	V : 138 (2009)	0,36	0,47	+ 0,11
- TB		0,41	0,55	+ 0,13
- TP		0,62	0,70	+ 0,08
<b>Basco-Béarnaise</b>	A : 395			
- LAIT	V : 91 (2010/2011)	0,47	0,55	+ 0,08
- TB		0,68	0,69	+ 0,01
- TP		0,41	0,46	+ 0,05

**Tableau 7.** Précision des prédictions génomiques (corrélations entre « daughter yield deviation » (DYD) observées et DYD génomiques prédites) en races Manech et Latxa tête rousse ainsi que Manech et Latxa tête noire, obtenues intra-race et en multi-racial (Manech tête rousse avec Latxa tête rousse et Manech tête noire avec Latxa tête noire) (Source : Legarra et al 2014).

Races	Taille de la population ♂ : Apprentissage-A Validation-V (millésimes V)	Précision de la prédiction génomique	
		Intra-race	Multi-race
Manech tête rousse	A : 1002 V : 293 (2007/2008)	0,43	0,43
Latxa tête rousse	A : 148 V : 48 (2008/2009)	0,26	0,25
Manech tête noire	A : 306 V : 56 (2007/2008)	0,28	0,33
Latxa tête noire	A : 67 V : 24 (2008/2009)	0,48	0,51

dans le cadre du projet Roquefort'in (résultats non publiés), où le fait de mélanger les populations de référence des deux Entreprises de Sélection (ES) Lacaune (environ 1 800 béliers pour chaque ES) n'apportait pas de gain de précision par rapport à une évaluation intra ES : ces résultats sont originaux car ils concernent deux entreprises de sélection d'une même race ayant eu des échanges quasi inexistantes entre cheptels de béliers d'IA depuis 3 ou 4 décennies seulement, conduisant à deux populations relativement disjointes ; ils sont fiables car basés sur des effectifs conséquents d'apprentissage et de validation.

#### 4 / L'expérimentation génomique en race Lacaune

Afin de valider en situation réelle la pertinence des prédictions génomiques (GBLUP) et pour vérifier l'efficacité d'une présélection génomique au taux d'un tiers, une expérience de SG a été réalisée pour les béliers d'IA de race Lacaune des millésimes 2011 et 2012.

L'expérimentation a consisté, pour chacune des deux cohortes 2011 et 2012, à ventiler, intra-famille de pères à béliers, les béliers candidats à la mise en testage en deux groupes de béliers dits classiques (pas de pré-choix génomique) et génomiques (destinés à subir un pré-choix génomique). La répartition a été faite aléatoirement en veillant toutefois à ce que, pour chaque famille, la moyenne et la dispersion d'index sur ascendance des deux groupes soient similaires. Les béliers génomiques ont été génotypés et évalués (GBLUP en 2 étapes, seule méthode disponible en 2011 et 2012) et soumis, à 5 mois, à une pression de sélection d'un tiers en moyenne, à partir des prédictions génomiques. Les béliers des deux catégories ont subi un même taux d'élimination d'environ 50% sur standard et aptitude fonctionnelle, avant mise en testage à 8 mois (Baloche et al 2014b).

Les 328 béliers de 2011 et les 333 béliers de 2012 ont eu les résultats de leurs premières filles (30 à 35 filles par bélier) deux ans après la mise en testage, soit respectivement fin 2013 et fin 2014, permettant de calculer à la fois des index

sur descendance classiques (BLUP) et des index génomiques (ssGBLUP) avec les lactations des filles et les génotypes des 1 580 béliers candidats du groupe génomique (dont 262 mis en testage) et des 389 béliers du groupe classique. Le tableau 8 présente les effectifs des deux cohortes de béliers aux différentes phases.

La supériorité moyenne des index de synthèse ISOL des béliers génomiques est détectée avec les index polygénomiques classiques et génomiques, à hauteur respectivement de 0,35 et 0,62 écart-type d'index ISOL (tableau 9). Mais cette supériorité est sous-estimée de 55 % pour les index BLUP classiques. Le BLUP classique suppose en effet que l'espérance de l'index est la moyenne des index des parents, ce qui n'est pas vérifié en cas de sélection génomique (Patry et Ducrocq 2011). En revanche, le meilleur échantillonnage mendélien des béliers génomiques est correctement estimé avec les index génomiques ssGBLUP, puisque l'index génomique traduit la valeur des SNP estimée dans la population de référence. La figure 1 illustre bien le décalage des distributions des index des deux branches classique et génomique. En pratique, en appliquant le seuil habituel de 100 points d'ISOL pour choisir les béliers améliorateurs (au moins pères à filles), ce sont 46% des béliers classiques qui doivent être éliminés, contre seulement 28% des béliers génomiques, grâce à la présélection génomique de 1/3 réalisée dans cette expérimentation.

Par ailleurs, la supériorité des index génomiques est d'autant meilleure qu'on sélectionne des familles de pères à béliers au sein desquelles les pressions de sélection génomiques sont au-delà d'un tiers (entre un tiers et un quart). En-deçà, les résultats sont moins probants.

L'expérimentation génomique a permis d'apprécier concrètement l'impact du

**Tableau 8.** Expérience de sélection génomique en race Lacaune : répartition des béliers des millésimes 2011 et 2012 entre la voie génomique et la voie classique (Source : Baloche et al 2014b).

	2011		2012	
	Voie classique	Voie génomique	Voie classique	Voie génomique
<b>Nombre de pères à béliers</b>	46		45	
<b>Nombre de candidats (fils)</b>	482 ♂ (10 fils / PAB) <sup>(1)</sup>	803 ♂ (18 fils / PAB)	578 ♂ (13 fils / PAB)	777 ♂ (17 fils / PAB)
<b>ISOL <sup>(2)</sup> ascendance (âge 1 mois)</b>	498	498	498	499
<b>Présélection génomique</b>	non : 0	oui : 1/3	non : 0	oui : 1/3
<b>Nombre de ♂ en testage</b>	200 ♂ (5 fils / PAB)	128 ♂ (3 fils / PAB)	189 ♂ (4 fils / PAB)	134 ♂ (3 fils / PAB)
<b>ISOL ascendance classique (à la mise en testage)</b>	498	506	507	523

<sup>(1)</sup> PAB : Père à Béliers, <sup>(2)</sup> ISOL : Index Synthétique des Ovins Laitiers.

gain de précision des index génomiques par rapport à l'ascendance classique sur l'efficacité de la sélection. Les béliers choisis après une pré-sélection génomique d'en moyenne un tiers s'avèrent, à l'arrivée des filles, effectivement meilleurs que les béliers choisis classiquement sur ascendance. Toutefois, l'étude famille par famille (non présentée ici) montre qu'une pression de sélection génomique d'au moins un tiers apparaît comme le seuil minimum pour discriminer efficacement les meilleurs béliers.

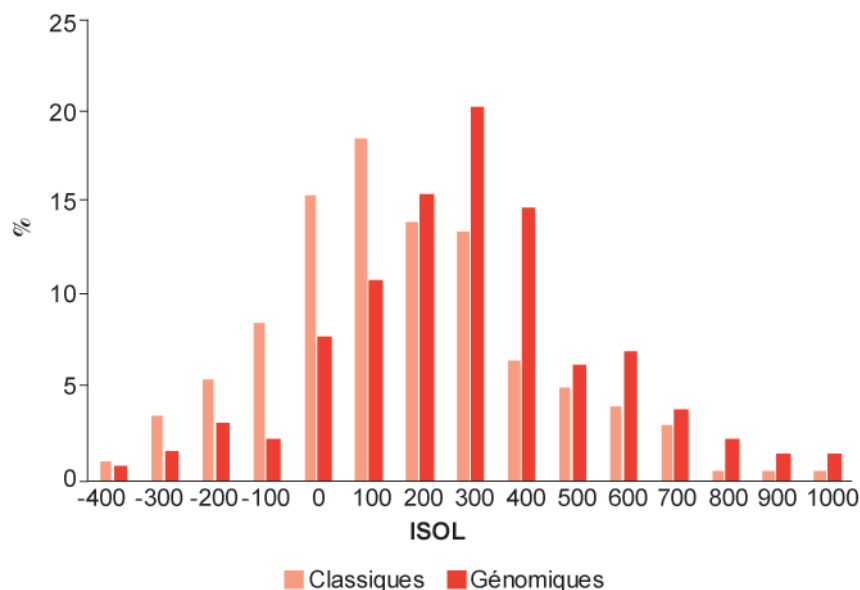
Outre ses résultats techniques, l'expérimentation a eu la vertu de favoriser et enrichir le dialogue avec les Organismes et Entreprises de Sélection, et surtout de convaincre qu'un basculement vers un schéma de SG était envisageable.

## 5 / Des schémas de sélection génomiques adaptés à la situation des races ovines laitières françaises : conception, modélisation et optimisation

### 5.1 / Quel intérêt technico-économique de la sélection génomique en ovins laitiers ?

En bovins laitiers, la question du coût/bénéfice de la SG est rarement posée, probablement du fait que son efficacité et sa rentabilité sont évidentes. Le coût du testage sur descendance, associé à une période d'attente de testage importante (autour de 4 ans), est élevé. La suppression du testage implique un gain considérable sur l'intervalle de génération, autorisant, dès lors que les populations de référence permettent de disposer

**Figure 1.** Distribution des Index Synthétique des Ovins Laitiers (ISOL) génomiques (avec filles) des béliers Lacaune lait sélectionnés par la voie classique (rouge clair) et par la voie génomique (rouge foncé) nés en 2011 (Source : Baloche et al 2014b).



d'index génomiques précis, une augmentation significative du gain génétique. La disparition des coûts de testage offre une marge de manœuvre forte pour le génotypage de nombreux taureaux, permettant une pression de sélection génomique élevée.

A l'inverse, l'organisation des schémas de sélection en ovins laitiers est contrainte par l'IA en semence fraîche faiblement diluée, sur une période fortement concentrée, avec un cheptel de béliers d'IA nécessairement conséquent. Par ailleurs, la première évaluation sur descendance peut être disponible dès l'âge de 2,5 ans. Le coût du testage s'en trouve donc mécaniquement réduit et la suppression du testage ne diminue pas sensiblement l'in-

tervalle de génération. Enfin, le rapport coût du génotypage sur valeur du bélier est beaucoup plus élevé que pour un taureau : la question de l'efficacité technico-économique de la SG est donc clairement posée en ovins laitiers.

Shumbusho *et al* (2013) ont montré qu'en petits ruminants des bénéfices modérés étaient attendus avec l'utilisation de prédictions génomiques dans le schéma de sélection, quel que soit le scénario modélisé. Shumbusho *et al* (2015) ont également montré que l'efficacité économique prédite dans un schéma ovin allaitant était d'au moins 15% supérieure en situation génomique qu'en situation classique, lorsqu'on considérait l'expression de l'augmentation

**Tableau 9.** Expérience de sélection génomique en race Lacaune : résultats de testage sur descendance des béliers nés en 2011 et 2012 sélectionnés par la voie classique et par la voie génomique (Source : Baloche et al 2014b).

	2011 et 2012	
	Voie classique	Voie génomique
<b>Nombre de béliers en testage</b>	389 ♂	262 ♂
<b>ISOL <sup>(1)</sup> BLUP</b>		
moyenne (écart-type)	109 (218)	183 (221)
supériorité des ♂ génomiques	0,35 écart-type ISOL	
% béliers < 100 ISOL	48	37
<b>ISOL <sup>(1)</sup> ssGBLUP</b>		
moyenne (écart-type)	119 (322)	284 (326)
supériorité des ♂ génomiques	0,62 écart-type ISOL	
% béliers < 100 ISOL	46	28

<sup>(1)</sup> ISOL : Index Synthétique des Ovins Laitiers (exprimés en équivalent dl).



du progrès génétique dans le noyau et dans la population commerciale. Ces résultats sont valables sous réserve qu'une population de référence initiale soit disponible pour initier la SG. On peut faire l'hypothèse que l'efficacité technico-économique est au moins aussi bonne sinon meilleure en ovins laitiers, dans la mesure où les béliers laitiers n'expriment aucun des caractères sélectionnés, contrairement aux béliers de races allaitantes. Toutefois, la question posée par les Entreprises et Organismes de Sélection des races ovines laitières était de nature différente : un schéma de SG permet-il d'obtenir au minimum le même progrès génétique qu'un schéma classique, sans surcoût ? Autrement dit, les coûts de génotypage nécessaires à l'obtention d'un gain génétique au moins équivalent au gain actuel peuvent-ils être compensés par la diminution du haras de béliers liée à la suppression du testage et donc de la période d'attente ? Le pari étant que dans l'avenir l'amélioration des techniques d'évaluation, l'expansion des populations de référence et la diminution des coûts de génotypage permettront une meilleure efficacité et un accroissement du progrès génétique espéré par rapport à la situation actuelle.

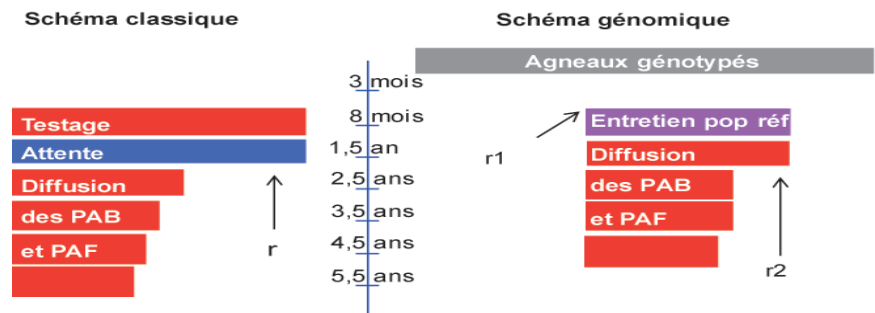
## 5.2 / La conception d'un schéma génomique en ovins laitiers

Il n'est pas possible d'envisager un schéma de SG fondé uniquement sur des jeunes béliers sans performance de filles (6 mois et 1,5 an), car ils seraient incapables de produire les doses requises pour faire face aux pics d'IA en semence fraîche. Donc seuls des schémas de SG hybrides sont envisageables, tels que décrits en petites populations bovines laitières (Thomasen *et al* 2014), pour lesquels la carrière des mâles d'IA est mixte : d'abord génomique (sans filles avec performances), puis classique (avec performances des filles). A noter que de tels schémas mixtes, pour lesquels *in fine* une partie des pères à fils est testée sur descendance, conservent la sécurité des schémas classiques vis-à-vis des risques éventuels d'interaction génotype  $\times$  environnement.

Compte-tenu du schéma pyramidal, seules deux catégories de béliers seront utilisées dans le noyau de sélection en SG : d'une part tous les jeunes béliers génomiques (6 mois, voire 1,5 ans) afin d'entretenir la population de référence ; d'autre part les pères à béliers (PAB) ou les tous meilleurs pères à filles (PAF) d'abord génomiques (1,5 voire 2,5 ans) puis classiques. A noter que les jeunes béliers génomiques (agneaux) peuvent difficilement être utilisés comme PAB du fait de leur faible production de semence.

**Figure 2.** Différentes étapes de sélection dans les schémas de sélection classique et génomique en ovins laitiers.

$r$  = taux de sélection après testage,  $r_1$  = taux de sélection sur la base de l'index génomique,  $r_2$  = taux de sélection après confirmation sur descendance ; PAB = pères à béliers ; PAF : pères à brebis.



Dans un schéma de SG en ovins laitiers (figure 2), il y aura donc une pression de sélection génomique initiale et principale à 3 mois d'âge ( $r_1$ ), complétée par une pression de sélection phénotypique modérée ( $r_2$ ) à l'arrivée des index sur descendance. Ces 2 étapes de sélection remplaceront l'étape de pression de sélection phénotypique ( $r$ ) forte (environ 50 %) à 2,5 ou 3,5 ans à l'arrivée des résultats de testage en sélection classique (Barillet *et al* 2014a, Buisson *et al* 2014).

Sur la base de ce schéma général (figure 2), plusieurs scénarios ont été modélisés de manière déterministe, avec comme contrainte de disposer de suffisamment de béliers pour répondre à la demande d'IA la semaine du pic. Les scénarios variaient en fonction de différents types de paramètres :

- la production de semence des agneaux, antenais et adultes ;
- la précision des index génomiques (CD de 0,40 ; 0,45 ; 0,50) ;
- l'âge à la réforme des béliers (2,5 ; 3,5 ; 4,5 ans en Lacaune / 3,5 ; 4,5 ; 5,5 ; 6,5 ans en ROLP) ;
- la pression de sélection génomique initiale (de 1/2 à 1/30) ;
- le taux de sélection à l'arrivée des index sur descendance (100% ; 90% ; 80% ; 70%).

Pour chaque scénario, la modélisation fournit le gain génétique annuel et ses composantes (intensité de sélection, précision, intervalle de génération pour les voies pères à béliers et père à filles), ainsi que les effectifs de béliers par âge et catégories (pères à béliers, pères à filles). Le gain génétique est surestimé par rapport à la réalité car il est calculé par seuil de troncature : on ne tient pas compte du fait que la sélection est réalisée intra-famille pour gérer la variabilité génétique. On fait toutefois l'hypothèse que la surestimation est la même quel que soit le scénario.

En fonction des races, différentes possibilités d'adaptation technique et orga-

nisationnelle des schémas génomiques ont été modélisées. Alors qu'en Lacaune, le schéma principal s'appuie sur la mise à l'IA des agneaux (schéma « agneaux »), qui sont utilisés à 6 mois pour entretenir la population de référence chez les éleveurs sélectionneurs en contrôle laitier officiel, dans les ROLP, compte-tenu d'une moindre précocité des béliers, le choix est d'utiliser les béliers pour la première fois à l'IA à 1,5 ans (schéma « antenais »), pour leur faire produire les doses nécessaires à l'entretien de la population de référence. L'intervalle de génération s'en trouve ainsi augmenté. Néanmoins, cela améliorera l'homogénéité de conduite de la cohorte (aujourd'hui une cohorte est testée pour partie à 6 mois – mais avec des difficultés d'entraînement et de production de semence –, et pour la plus grande partie à 1,5 an).

En race Lacaune, l'étalement croissant de la production alors que les cohortes de béliers destinés à l'IA restent homogènes (béliers nés d'octobre à décembre) engendrent l'exclusion des éleveurs sélectionneurs trop décalés dans leur conduite pour la fourniture des futurs béliers d'IA. Un scénario (schéma « mixte ») basé sur 2 bandes de béliers est conçu : la première bande née entre octobre et décembre est utilisée à l'IA à 6 mois (agneaux), la seconde bande née de janvier à mars est utilisée à 1,5 an (antenais) chez les éleveurs pratiquant les mises bas précoces. Les deux bandes subissent une pression de sélection génomique comparable. Ce scénario doit bénéficier à la dynamique de groupe des sélectionneurs, tous étant alors actifs pour contribuer au cheptel de béliers d'IA, y compris ceux produisant à contre saison.

## 5.3 / Principaux résultats techniques et économiques des modélisations d'un schéma génomique en ovins laitiers

En race Lacaune, à même coût du schéma de sélection qu'en sélection classique (cette contrainte était le « cahier des charges » des ES), la SG réalisée

avec des pressions de sélection  $r_1$  de 33 à 25% et  $r_2$  de 80% (âge à la réforme des béliers de 4,5 ans ; paramètres de production de semence et de précision des index génomiques médians) permet une augmentation de 16 à 19% du gain génétique annuel (Buisson *et al* 2014) par rapport à l'optimum obtenu en schéma classique. Ces résultats de modélisation sont cohérents avec ceux de l'expérimentation de SG en race Lacaune Lait (tableau 10).

En ROLP, avec des paramètres de pression de sélection similaires au cas Lacaune (33% pour  $r_1$  et 80% pour  $r_2$ , âge à la réforme des béliers à 5,5 ans), on observe une augmentation de gain génétique annuel de 17% en BB, 20% en MTR, et 33% en MTN (tableau 10).

Les modélisations déterministes n'ont pas permis de donner des éléments sur la variabilité génétique en situation génomique. La réflexion avec les maîtres d'œuvre des schémas de sélection a notamment porté sur le nombre de familles de grand-pères paternels que les ES ont finalement décidé de ne pas augmenter, alors que la hausse du nombre d'IA de pères à béliers dans le noyau due à la disparition du testage aurait pu mécaniquement le provoquer. Compte-tenu de la diminution du nombre de béliers par cohorte, la taille des familles aurait été trop faible (2 béliers retenus par famille au lieu de 6 à 8 béliers par familles en situation de schéma classique avec testage) et aurait mis en péril ce système de gestion de la variabilité génétique fondé sur une gestion équilibrée des familles élites.

Sur le plan économique, la réduction du cheptel de béliers d'IA de 25% (MTR) à 45% (Lacaune) en SG (tableau 11) permet de compenser les coûts de génotypage, plus largement en race Lacaune. La figure 3 montre que le compromis entre progrès génétique et surcoût est rapidement déraisonnable, au-delà de 1/4, avec les coûts actuels de génotypage.

Au-delà des scénarios techniques envisageables, des adaptations organi-

sationnelles ont émergé à l'occasion de la réflexion du passage en schéma de SG. C'est notamment le cas en ROLP avec le probable maintien des béliers à génotyper dans les élevages naisseurs jusqu'à l'obtention de leur index génomique. Une telle organisation a l'avantage d'éviter des investissements lourds d'agrandissement du centre d'élevage pour héberger des agneaux pendant 4 mois de l'année. Le défi est de construire une contractualisation entre le centre de sélection et les éleveurs pour combiner intérêt commun et intérêt/contrainte individuels.

La SG est donc envisageable en ovins laitiers, au moins dans la race Lacaune et dans les ROLP, sur la base d'un gain génétique augmenté de 10 à 20%, à coût similaire en race Lacaune et légèrement supérieur en ROLP. L'équilibre économique en ROLP pourra être atteint si les perspectives d'utilisation d'une puce LD (moins chère) pour le choix génomique se concrétisent.

Dans tous les cas, la SG permettra une plus grande flexibilité des schémas de sélection : abandon du testage (toutefois remplacé par la planification de l'entretien de la population de référence), participation de l'ensemble des sélectionneurs, y compris ceux aux agnelages décalés. La baisse du nombre de béliers d'IA ouvre la voie à une gestion plus individualisée des béliers, et peut-être à une meilleure maîtrise de la fonction sexuelle et de la production de semence. Or, les modélisations ont montré l'impact majeur de la production de semence, en situation de semence fraîche, sur l'équilibre économique de la SG.

Enfin, le gain de progrès génétique permis par la SG, qu'il soit dévolu à une plus grande efficacité de la sélection des caractères actuellement sélectionnés ou qu'il serve à prendre en compte de nouveaux caractères (ce qui semble être l'hypothèse privilégiée aujourd'hui avec des demandes croissantes autour des caractères de rusticité), constitue un service supplémentaire aux éleveurs et aux filières concernés.

## 6 / Les choix des Entreprises et Organismes de Sélection et les conséquences organisationnelles et contractuelles

### 6.1 / Décision des Entreprises (ES) et Organismes (OS) de sélection après cinq ans de recherche et développement en sélection génomique

Les résultats des évaluations génomiques, la validation en grandeur réelle permise par l'expérimentation génomique et les modélisations technico-économiques des schémas de SG ont convaincu les ES et OS de la race Lacaune et des ROLP de basculer en SG.

L'ensemble des béliers testés sur descendance étant génotypés, la population de référence en race Lacaune est de taille maximale. Les ES Ovitest et Confédération Générale de Roquefort et l'OS Upira Lacaune ont choisi de passer en SG début 2015 (choix de la cohorte de béliers nés fin 2014).

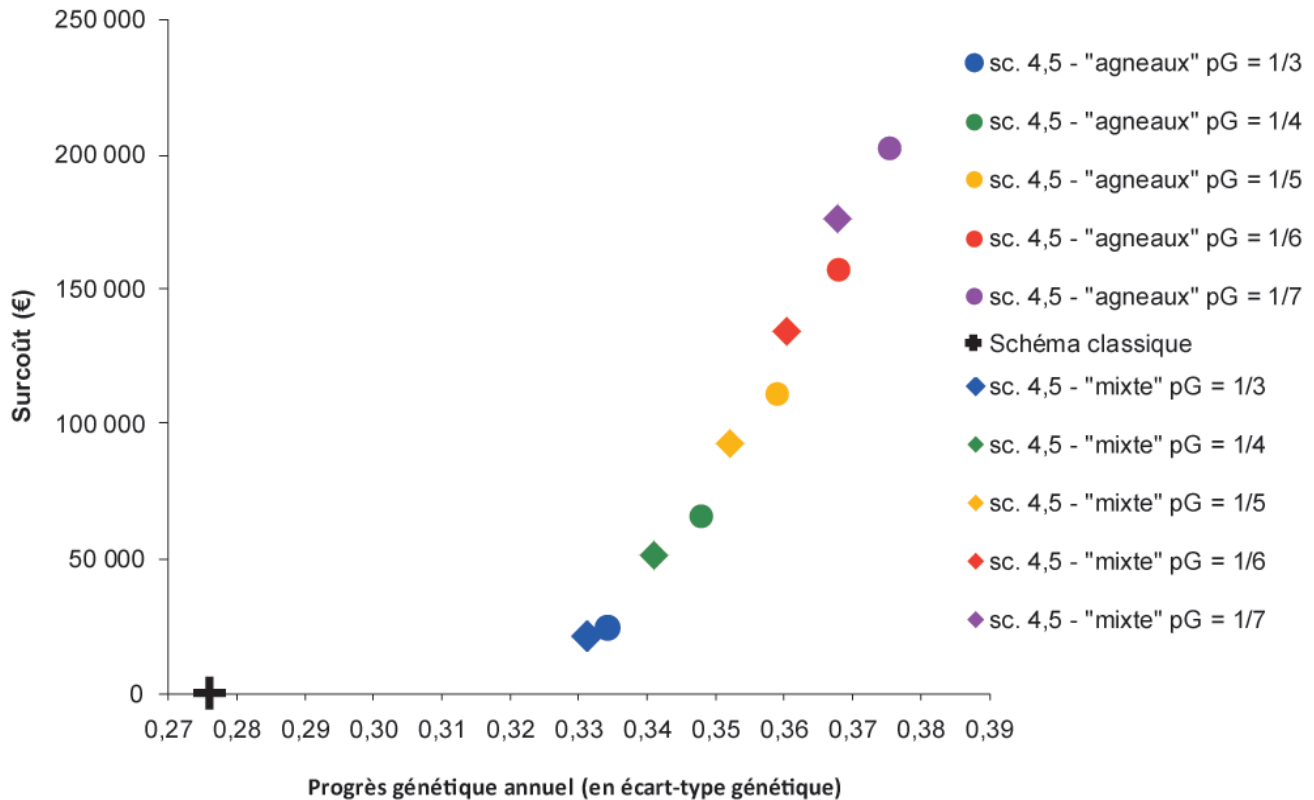
Les ROLP prévoient d'abord de mettre à jour leur population de référence avant de passer en SG planifiée en 2017 (objet du programme GENOPYR).

En race Corse, une opportunité de financement a permis de génotyper l'ensemble des béliers testés dont le sang était stocké dans la collection BADNOL (251 béliers adultes), ainsi que la totalité des béliers de millésime 2015 entrés en centre d'élevage (278 agneaux de millésime 2015). La valorisation des génotypes de race Corse est en cours : l'objectif est plus une utilisation à visée de gestion de la variabilité génétique à partir des coefficients de parenté génomique, mais un test de précision d'une évaluation génomique, même avec une population de référence que l'on sait limitée, sera réalisé.

**Tableau 10.** Progrès génétique annuel en écart-type génétique (entre parenthèses gain en situation de sélection génomique par rapport à la situation classique) pour les différentes races, en fonction des scénarios envisagés.

Scénarios	Classique	Génomique		
		1 <sup>ères</sup> IA en agneaux	1 <sup>ères</sup> IA mixtes (partie agneaux / partie antenais)	1 <sup>ères</sup> IA en antenais
Races	-			
Lacaune	0,28	0,33 (+ 19%)	0,32 (+ 16%)	
Manech tête rousse	0,20	-	-	0,24 (+ 20%)
Manech tête noire	0,12	-	-	0,16 (+ 33%)
Basco-béarnaise	0,18	-	-	0,21 (+ 17%)

**Figure 3.** Résultats technico-économiques d'un schéma de sélection génomique en race Lacaune (cas du schéma « agneaux » - 1<sup>ères</sup> IA en agneau - et du schéma « mixte » - 1<sup>ères</sup> IA en partie en agneau / en partie en antenais) : coûts d'entretien des mâles (base 0 pour schéma classique) en fonction du progrès génétique annuel, selon différentes présélections génomiques pG. Hypothèses : coût de génotypage de 80 ; 50% d'élimination sur caractères fonctionnels en centre d'élevage.



**Tableau 11.** Cheptels de béliers d'Insémination Artificielle (IA) en Sélection classique ou Génomique (SG) pour les races Lacaune et Manech tête rousse (Source : Buisson et al 2014).

Nombre de ♂	Lacaune <sup>(1)</sup>		Manech tête rousse	
	Classique	SG	Classique	SG
Candidats à génotyper (r1 = 1/3)	-	700	-	460
Par génération (millésime)	220	120	200	130
Cheptel IA total	700	400	600	450

<sup>(1)</sup> Pour 1 Entreprise de Sélection (ES) (multiplier par 2 pour la race Lacaune Lait).

### 6.2 / Des évolutions techniques aux évolutions organisationnelles et contractuelles

L'expérience bovine et les bouleversements qu'une innovation technologique telle que la SG a provoqués, ont incité les responsables des structures génétiques ovines laitières à mener une réflexion sur les conséquences potentielles de la SG sur leur organisation et sur les contrats de sélection avec les éleveurs. Cette approche s'est avérée d'autant plus pertinente que le contexte de l'organisation du dispositif génétique français, des équilibres dans l'interprofession génétique France Génétique Elevage (FGE), et du nouveau règlement zootechnique européen qui entrera en vigueur en 2017, est très incertain.

Au travers d'une action innovante portée par le CNBL et financée par FGE, les OS, ES et partenaires institutionnels des races ovines laitières ont ainsi lancé un vaste chantier de réflexion pour répertorier, trier, et si possible répondre aux questions que la SG soulevait, et ainsi définir un cadre pour revisiter les contrats de sélection en situation génomique. Plusieurs approches complémentaires ont été menées, mobilisant, outre les acteurs de terrain, des compétences de généticiens et de gestionnaires : *i)* l'organisation d'ateliers de réflexion et de conception sur les conséquences de la génomique, avec comme objectif de favoriser la construction d'un sens partagé autour de cette innovation en regroupant quelques représentants des différentes catégories d'acteurs concernés ;

*ii)* la réalisation d'entretiens semi-directifs individuels visant à approfondir les thématiques évoquées lors des ateliers de conception. Les idées force suivantes sont ressorties (Labatut et al 2014) :

- L'idée directrice est qu'il faut conserver le dispositif collectif. Néanmoins, des interrogations communes existent, sur le risque de dérives individualistes, l'entretien de la motivation du sélectionneur, l'intérêt de la recherche et développement pour les filières ovines. D'autres interrogations sont propres à chaque bassin : la gestion commune par les ES et OS de la population de référence en Lacaune, le différentiel accentué de progrès génétique et d'outils entre les différentes races ovines laitières des Pyrénées.

- La question centrale est le statut et la diffusion de l'index génomique, notamment en lien avec la nécessaire utilisation de béliers de Monte Naturelle (MN) pour la diffusion du progrès génétique en ovin et cette nouvelle catégorie qui constituent les béliers de MN avec index génomique. Cela suscite des questions sur les évolutions des marchés : marché du service de génotypage et d'indexation génomique (pour l'instant les ES et OS se refusent à ouvrir ce marché), marché du bélier de MN (quelle réaction des éleveurs du bassin et étrangers face à

cette nouvelle catégorie de béliers avec index génomique), marché de l'IA avec la crainte d'une concurrence entre l'IA et la MN. Cela suscite également des questions sur le modèle économique de la SG : quel équilibre financier ? Quel retour de plus-value vers le dispositif collectif ? En définitive, le point sensible est l'information diffusible sur les béliers de MN génomiques.

De ces constats, plusieurs recommandations émergent. Au sein de chaque bassin, il convient de s'accorder et de renforcer le dispositif collectif. Il faut décider du statut et de la diffusion de l'index génomique au niveau national. Il faut organiser la répartition de la plus-value financière générée par le travail collectif. Enfin il est fondamental de communiquer et d'informer les éleveurs sur la SG. Ces recommandations conduiront à réviser les contrats de sélection, en particulier pour renforcer la solidité du collectif.

### 6.3 / Au-delà de la réflexion, quelles décisions concrètes ?

Le déploiement de la SG par les ES et OS Lacaune début 2015 a conduit à prendre des décisions concrètes. Des évolutions ultérieures sont possibles ou probables.

L'évaluation est réalisée de manière commune pour les deux ES, qui mettent donc en commun leur population de référence (performances et génotypes). Seuls les agneaux collectifs, candidats à l'IA, peuvent être génotypés et ont un index génomique calculé dans l'évaluation officielle. Une nouvelle grille de qualification a été mise en place avec, pour chaque classe, un statut des béliers vis-à-vis de la diffusion de l'index génomique. Les jeunes béliers à ISOL négatifs (un très faible pourcentage) sont réformés, ainsi que les béliers en erreur de paternité. Les meilleurs béliers (le tiers supérieur après élimination pour défaut fonctionnel ou de standard) sont conservés pour l'IA. L'index génomique de ces béliers n'est pas diffusé lors de leur première campagne d'IA, afin que les éleveurs sélectionneurs chez qui ces béliers sont utilisés en première campagne conservent des filles de l'ensemble de ces béliers pour contribuer à l'entretien de la population de référence. En revanche, dès la deuxième année d'utilisation, leur index génomique est diffusé. Les béliers d'IA ont un index sans filles en agneaux (qualification d'agneaux améliorateurs), en antenais (qualification de béliers améliorateurs) et un index sur descendance à l'âge de 2,5 ans et au-delà (qualification de béliers confirmés). Les autres béliers, qualifiés espoirs (non éliminés et non conservés pour l'IA) sont diffusés en monte naturelle avec un

indice en 3 classes (+, ++, +++): l'index génomique précis n'est donc pas diffusé.

En ROLP, le profond changement d'organisation envisagé aura un impact sur les contrats de sélection. Alors qu'aujourd'hui, tous les agneaux candidats à l'IA entrent en centre d'élevage à un mois, en situation génomique, pour éviter la construction de bâtiments spécifiques, les agneaux seront maintenus chez les éleveurs naisseurs jusqu'au pré-choix génomique (à environ 4 mois, après l'arrivée des index). La contractualisation avec les éleveurs est donc un enjeu majeur : statut des index des béliers non conservés pour l'IA, accord financier entre l'ES et l'éleveur sur l'entretien des agneaux et le retour de plus-value sur la vente par l'éleveur.

## 7 / Les perspectives de prise en compte des nouveaux caractères en sélection ouvertes par la sélection génomique

Contrairement à la situation en bovins laitiers où l'accroissement du progrès génétique permis par la SG est de l'ordre de 50 à 100%, les modélisations de schéma de SG ovin réalisées laissent entrevoir un gain génétique augmenté de 10 à 20% par rapport au gain actuel. La possibilité de sélectionner de nouveaux caractères grâce à cette meilleure efficacité sera donc moins évidente et devra être raisonnée en fonction de la place qui leur sera dévolue dans ISOL par rapport aux caractères déjà sélectionnés. D'autant que le coût du phénotypage est, ramené à la marge brute par animal, élevé en ovins laitiers et que l'ingénierie disponible est limitée. On peut néanmoins brosser quelques pistes, en se basant sur l'article de Barillet *et al* (2016).

En ROLP, il est prévu d'inclure la résistance aux mammites subcliniques, au travers des Comptages de Cellules Somatiques (CCS), dans l'objectif de sélection en 2016, donc de manière quasi contemporaine au déploiement de la SG. De même les pointages de mamelles réalisés depuis 2015 permettront la prise en compte de la morphologie de la mamelle vers 2018. Enfin, la résistance au parasitisme gastro-intestinal, dont des travaux sont menés en particulier en MTR depuis plusieurs années, devrait être sélectionnée dans les années à venir.

L'intérêt croissant pour les caractères de rusticité et de robustesse va se concrétiser par un important effort de recherche et développement dans le cadre d'un projet CASDAR (RUSTIC, 2015-2018). L'objectif est de produire des index de longévité et de persistance laitière qui

pourraient être pris en compte dans le critère de sélection ou tout au moins (pour la longévité) servir de contrôle de l'évolution de la robustesse des races ovines laitières. Concernant la longévité, la génomique peut permettre de disposer d'index précoces, sans avoir à attendre que les béliers aient suffisamment de filles réformées pour être connus, même si les index génomiques des jeunes agneaux seront produits à partir d'une population de référence moins récentes que pour d'autres caractères. D'autres caractères de robustesse ou de standard, plus originaux, sont envisageables car déjà mesurés et étudiés : citons la forme des cornes en race Corse (caractère fonctionnel de robustesse) ou en MTN (caractère d'esthétique de la race).

La composition fine du lait, suite aux travaux du programme PhénoFinlait (Gelé *et al* 2014), qu'il s'agisse des profils en acides gras ou des fractions protéiques fines, constitue un enjeu certain pour les filières.

Jusqu'à présent, les races ovines laitières françaises ne s'intéressaient qu'à des caractères mesurés sur des femelles. Le centre d'élevage était un outil de rassemblement des béliers pour une meilleure gestion sanitaire, zootechnique et de préparation à la lutte (traitements photopériodiques, entraînement des béliers), même si une élimination était opérée sur des caractères de standard et de morphologie fonctionnelle. Outre de nouveaux caractères mesurables seulement en centre d'élevage, tels que la résistance au parasitisme déjà citée, les centres d'élevage sont d'ores et déjà et pourraient devenir encore plus dans les prochaines années, des fournisseurs de phénotypes prédicteurs de la production de semence (programme CASDAR MAXI'MALE). La production de semence revêt un intérêt d'autant plus grand en situation de schéma génomique et d'IA en semence fraîche avec une période d'IA très concentrée : le rendement économique est fortement dépendant du fait que les béliers choisis à quatre mois seront aptes à produire des doses, sachant que les cohortes de béliers doivent être calibrées au plus juste. Des index de production de semence existent déjà. Plusieurs phénotypes sont à l'étude : pesées et pointages fonctionnels (ligne de dos, jarret, rectitude des membres, pâturon, largeur d'épaule), et divers caractères novateurs tels que les échographies testiculaires. Il faudra donc raisonner un objectif de sélection à l'étape centre d'élevage, à partir de critères évalués sur les béliers, et intégrer cette étape de sélection supplémentaire dans le schéma de SG global.

Enfin, et même s'il ne s'agit pas d'un nouveau caractère, la gestion de la varia-

bilité génétique mérite d'être revisitée en situation de schéma génomique. Non qu'il y ait un risque d'utilisation abusive de certains béliers, situation impossible en ovins du fait de l'IA en semence fraîche, mais la diminution du nombre de béliers par cohorte risque de rendre la pérennisation des familles (de fait moins représentées à chaque étape de sélection) plus aléatoire. Par ailleurs, nous avons vu que si l'évolution de la consanguinité était satisfaisante en races Lacaune et MTR, on observe un accroissement important dans les petites races (MTN et BB), avec notamment une gestion du compromis progrès génétique / variabilité génétique qui mérite d'être redéfini. L'utilisation des informations génomiques (SNP) pour mieux gérer la variabilité génétique est une perspective envisagée.

## Conclusion

L'aventure de la génomique a commencé en ovins laitiers en 2009 avec la disponibilité d'une puce SNP ovine de moyenne densité 54k. De nombreux programmes de recherche et développement ont été mis en œuvre et ont mobilisé les moyens financiers et humains des organismes nationaux (INRA et Institut de l'Élevage dans le cadre de l'UMT GGPR de Toulouse) et des ES et OS membres du CNBL (cf. encadré 3). L'ensemble des travaux a abouti, 3 ans après, au déploiement de la SG en race Lacaune et à la perspective de son déploiement en ROLP en 2017. Un surcroît de gain génétique de 10 à 20% est attendu, avec un modèle économique plus (Lacaune) ou moins (ROLP) à l'équilibre. Ce supplément d'efficacité sera affecté, soit à un gain plus important sur les caractères sélectionnés, soit à l'introduction de nouveaux caractères en sélection, soit à un compromis gain/variabilité génétique plus en faveur de la variabilité génétique.

L'arrivée d'une puce de faible densité (puce LD de 12k) fin 2015 devrait améliorer la rentabilité économique de la SG et faciliter son déploiement en ROLP en 2017. L'action innovante GOLD en cours est destinée à mettre en place l'ingénierie d'imputation (de la puce LD

### Encadré 3. Les partenaires professionnels impliqués dans la sélection génomique en ovins laitiers.

Cinq ans de recherche et développement avec les ES et OS concernés : CDEO, Corsia, Ovitest, Service Elevage de la Confédération Générale de Roquefort, OS Lacaune, OS Brebis Corse, OS ROLP.

Une coopération qui débouche effectivement sur un déploiement de la SG, grâce à de acteurs de terrain volontaires, techniques et dynamiques : X. Aguerre, P. Boulenc, F. Fidelle, G. Frégeat, B. Giral-Viala, P. Guibert, P. Panis, C. Soulas, P. Teinturier.

vers la puce 54K) et à optimiser l'intégration de cette puce LD dans le dispositif de génotypage actuel. Le principe sera probablement le génotypage de tous les jeunes béliers avec la puce LD, puis, après le choix génomique, le génotypage des béliers retenus avec la puce 54k pour entretenir la population de référence d'imputation. Cette innovation sera d'autant plus intéressante qu'on disposera sur la puce LD de marqueurs de gènes majeurs dont le gène PrP. On peut donc envisager, même si la faisabilité et l'optimisation sont à l'étude, d'économiser le typage spécifique PrP des jeunes béliers.

En termes d'efficacité des évaluations génomiques, les méthodes de calcul des prédictions génomiques sont sans doute perfectibles, par exemple en valorisant au mieux toute la profondeur des populations de référence qui vont croître au fil du temps.

L'intérêt de la SG va au-delà des considérations technico-économiques. Elle va offrir aux maîtres d'œuvre des schémas de sélection une plus grande flexibilité : remplacement du testage par l'entretien de la population de référence, avec disparition de la période d'attente de testage, moins de béliers dans les centres d'IA permettant une plus grande individualisation de leur conduite (box individuels, entraînement, phénotypages), possibilité d'inclure les éleveurs aux mises-bas décalées pour une meilleure efficacité technique et une meilleure dynamique de groupe.

Finalement, les principaux risques sont d'ordre organisationnel. Comme toute innovation technologique, la SG est une occasion pour certains de vouloir rebattre les cartes. Par ailleurs, la restructuration

du cadre réglementaire, avec le futur Règlement Zootechnique Européen, ouvre plus de questions qu'elle ne donne de réponses sur l'ingénierie de l'évaluation génomique, sur le statut des données des nouveaux phénotypes, sur les relations contractuelles entre structures et éleveurs et sur les relations entre structures. Il faut bien avoir conscience que l'état des lieux dressé ici révélera un visage bien différent dans 10 ans, du fait des évolutions techniques et organisationnelles prévisibles.

## Remerciements

Les principaux financements des travaux associés à la mise en place de la SG en ovins laitiers proviennent des programmes ROQUEFORT'IN (cofinancement FUI, FEDER, Conseil Régional Midi-Pyrénées, Conseils Généraux Aveyron et Tarn, Communauté d'Agglomération Grand Rodez), GENOMIA (financé par le POCTEFA/FEDER, complété par le CG64 et le CR Aquitaine), SheepSNPQTL (ANR et Apis-Gène), DÉGERAM (FNADT, FEDER, CR Midi-Pyrénées, Auvergne et Limousin), COSEGOV (FGE), GENOVICAP (CASDAR, Ministère de l'agriculture, de l'agroalimentaire et de la forêt).

Nous remercions également vivement les partenaires professionnels qui se sont impliqués, la plate-forme de génotypages LABOGENA, ainsi que Ignacy Misztal et Shogo Tsuruta (University of Georgia, Athens), et Ignacio Aguilar (INIA, Montevideo) pour la possibilité d'utiliser des logiciels d'évaluation génomique performants (preGSf90, blup90iod2, accf90), et Vincent Ducrocq pour l'utilisation en routine du logiciel Genetix.

## Références

- Aguilar I., Misztal I., Johnson D.L., Legarra A., Tsuruta S., Lawlor T.J., 2010. Hot topic: a unified approach to utilize phenotypic, full pedigree and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. *J. Dairy Sci.*, 93, 743-752.
- Aguilar I., Misztal I., Legarra A., Tsuruta S., 2011. Efficient computation of the genomic relationship matrix and other matrices used in single-step evaluation. *J. Anim. Breed. Genet.*, 128, 422-428.
- Astruc J.M., Lagriffoul G., Larroque H., Legarra A., Moreno C., Rupp R., Barillet F., 2010. Use of genomic data in French dairy sheep breeding programs: results and prospects. Proc. 37<sup>ème</sup> session d'ICAR, Riga, Lettonie. ICAR, Rome, Italie.
- Astruc J.M., Baloche G., Larroque H., Beltran de Heredia I., Labatut J., Lagriffoul G., Moreno C., Robert-Granié C., Boscher M.Y., Chantry-Darmon C., Aguerre X., Boulenc P., Frégeat G., Giral-Viala B., Guibert P., Panis P., Soulas, Barillet F., Legarra A., 2012. La sélection génomique des ovins laitiers en France : stratégie, premiers résultats des évaluations génomiques et perspectives. *Renc. Rech. Rum.*, 19, 81-84.
- Astruc J.M., Baloche G., Barillet F., Legarra A., 2014. Genomic evaluation validation test proposed by Interbull is necessary but not sufficient because it does not check the correct genetic trend. 39<sup>th</sup> ICAR session. Berlin, Allemagne.
- Baloche G., Legarra A., Sallé G., Larroque H., Astruc J.M., Robert-Granié C., Barillet F., 2014a. Assessment of accuracy of genomic prediction for French Lacaune dairy sheep. *J. Dairy Sci.*, 97, 1107-1116.
- Baloche G., Astruc J.M., Boulenc P., Giral-Viala B., Guibert P., Panis P., Legarra A., Barillet F., 2014b. Genomic selection experiment in Lacaune dairy sheep: progeny test results of rams initially selected either on parent average or on genomic prediction. Proc. 10<sup>th</sup> World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Vancouver, 335.
- Barillet F., 1997. Genetics of milk production, Chap 20. In: *The Genetics of Sheep*. Piper I., Ruvinsky A. (Eds). CAB Int., 539-564.
- Barillet F., Carta A., Allain D., Amigues Y., Bodin L., Casu Sara, Cribiu E.P., Bed-Hom B., Boichard D., Boscher M.Y., Elsen J.M., Fragni A., Gruner L., Jacquiet P., Ligios S., Marie-Etancelin C., Mura L., Piredda G., Roig A., Rupp R., Sanna S.R., Scala A., Schibler L., Sechi T., Casu S., 2003. Détection de QTL influençant des caractères d'importance économique présente ou à venir en ovins laitiers en France et en Italie. *Renc. Rech. Rum.*, 10, 57-60.
- Barillet F., Baloche G., Lagriffoul G., Larroque H., Robert-Granié C., Legarra A., Astruc J.M., 2012. Genomic selection in French Lacaune and Manech dairy sheep breeds: comparison of BLUP and GBLUP accuracies. Proc. 38<sup>ème</sup> session d'ICAR, Cork, Irlande. ICAR, Rome, Italie.
- Barillet F., Baloche G., Buisson D., Lagriffoul G., Aguerre X., Boulenc P., Fidelle F., Frégeat G., Giral-Viala B., Guibert P., Panis P., Soulas C., Larroque H., Legarra A., Astruc J.M., 2014a. Genomic selection in French dairy sheep: main results and design to implement genomic breeding schemes. 39<sup>th</sup> ICAR session. Berlin, Allemagne.
- Barillet F., Baloche G., Buisson D., Lagriffoul G., Aguerre X., Boulenc P., Fidelle F., Frégeat G., Giral-Viala B., Guibert P., Panis P., Soulas C., Robert-Granié C., Larroque H., Legarra A., Astruc J.M., 2014b. Sélection génomique en ovins laitiers en France : principaux résultats et conception pour la mise en place de schémas de sélection génomique. *Renc. Rech. Rum.*, 21, 249-252.
- Barillet F., Lagriffoul G., Marnet P.G., Larroque H., Rupp R., Portes D., Bocquier F., Astruc J.M., 2016. Objectifs de sélection et stratégie raisonnée de mise en œuvre à l'échelle des populations de brebis laitières françaises. In: *Brebis laitières en France : 50 ans de recherche et développement*. Barillet F., Hassoun P., Astruc J.M., Lagriffoul G., Morin E. (Eds). Dossier, INRA Prod. Anim., 29, 19-40.
- Boichard D., Ducrocq V., Fritz S., 2015. Sustainable dairy cattle selection in the genomic era. *J. Anim. Breed. Genet.*, 132, 135-143.
- Bouquet A., Juga J., 2013. Integrating genomic selection into dairy cattle breeding programmes: a review. *Animal*, 7, 705-713.
- Browning S.R., Browning B.L., 2007. Rapid and accurate haplotype phasing and missing-data inference for whole-genome association studies by use of localized haplotype clustering. *Am. J. Hum. Genet.*, 81, 1084-1097.
- Buisson D., Lagriffoul G., Baloche G., Aguerre X., Boulenc P., Fidelle F., Frégeat G., Giral-Viala B., Guibert P., Panis P., Soulas C., Astruc J.M., Barillet F., 2014. Genomic breeding schemes in French Lacaune and Manech dairy sheep: design and expected genetic gain. In: *Proc. World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod.*, Vancouver, Canada, 898.
- Carta A., Usai M.G., Sechi T., Miari S., Sechi S., Salaris S.L., Mulas G., Barillet F., Elsen J.M., Casu S., 2014. Exploring the genetic variation between Sarda and Lacaune dairy sheep breeds by genome wide association study on economic traits. In: *Proc. World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod.*, Vancouver, Canada, 339.
- Colleau J.J., Fritz S., Guillaume F., Baur A., Dupassieux D., Boscher M.Y., Journaux L., Eggen A., Boichard D., 2015. Simulation des potentialités de la sélection génomique chez les bovins laitiers. *INRA Prod. Anim.*, 28, 251-258.
- Croiseau P., Baur A., Jonas D., Hoze C., Promp J., Boichard D., Fritz S., Ducrocq V., 2015. A new Marker-Assisted BLUP genomic evaluation for French dairy breeds. *Interbull Meet.*, Orlando, Florida, USA.
- Duchemin S.I., Colombani C., Legarra A., Baloche G., Larroque H., Astruc J.M., Barillet F., Robert-Granié C., Manfredi E., 2012. Genomic selection in the French Lacaune dairy sheep breed. *J. Dairy Sci.*, 95, 2723-2733.
- Ducrocq V., Croiseau P., Baur A., Saintilan R., Fritz S., Boichard D., 2014. Genomic evaluation using QTL information. In: *Proc. World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod.*, Vancouver, Canada, 1-6.
- Fritz S., Guillaume F., Croiseau P., Baur A., Hoze C., Dassonneville R., Boscher M.Y., Journaux L., Boichard D., Ducrocq V., 2010. Mise en place de la sélection génomique dans les 3 principales races françaises de bovins laitiers. *Renc. Rech. Rum.*, 17, 455-458.
- Gelé M., Minéry S., Astruc J.M., Brunschwig P., Ferrand-Calmels M., Lagriffoul G., Larroque H., Legarto J., Leray O., Martin P., Miranda G., Palhière I., Trossat P., Brochard M., 2014. Phénotypage et génotypage à grande échelle de la composition fine des laits dans les filières bovine, ovine et caprine. In: *PhénoFinlait : Phénotypage et génotypage pour la compréhension et la maîtrise de la composition fine du lait*. Brochard M., Boichard D., Brunschwig P., Peyraud J.L. (Eds). Dossier, INRA Prod. Anim., 27, 255-268.
- Idele et CNBL, 2015. Groupe génétique du CNBL : Journées des 15 et 16 octobre 2014. Collection Résultats. Compte-rendu n° 00 15 202 001, janvier 2015.
- Labatut J., Astruc J.M., Barillet F., Boichard D., Ducrocq V., Griffon L., Lagriffoul G., 2014. Implications organisationnelles de la sélection génomique chez les bovins et ovins laitiers en France : analyses et accompagnement. In: *PhénoFinlait : Phénotypage et génotypage pour la compréhension et la maîtrise de la composition fine du lait*. Brochard M., Boichard D., Brunschwig P., Peyraud J.L. (Eds). Dossier, INRA Prod. Anim., 27, 303-316.
- Larroque H., Barillet F., Baloche G., Astruc J.M., Buisson D., Shumbusho F., Clément V., Lagriffoul G., Palhière I., Rupp R., Carillier C., Robert-Granié C., Legarra A., 2014. Toward genomic breeding programs in French dairy sheep and goats. In: *Proc. World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod.* Vancouver, Canada, 332.
- Legarra A., Aguilar I., Misztal I., 2009. A relationship matrix including full pedigree and genomic information. *J. Dairy Sci.*, 92, 4656-4663.
- Legarra A., Baloche G., Barillet F., Astruc J.M., Soulas C., Aguerre X., Arrese F., Mintegi L., Lasarte M., Maetzu F., Ugarte E., 2014. Within- and across-breed genomic predictions and genomic relationships for Western Pyrenees dairy sheep breeds Latxa, Manech, and Basco-Béarnaise. *J. Dairy Sci.*, 97, 3200-3212.
- Mäntysaari E., Koivula M., 2012. GEBV validation test revisited. *Interbull Bull.*, 45, 1-5.
- Mäntysaari E., Liu Z., Van Raden P.M., 2010. Interbull validation test for genomic evaluations. *Interbull Bull.*, 41, 17-21.
- Meuwissen T.H.E., Hayes B.J., Goddard M.E., 2001. Prediction of total genetic value using genome wide dense marker maps. *Genetics*, 157, 1819-1829.
- Misztal I., Tsuruta S., Strabel T., Auvray B., Druet T., Lee D.H., 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). Proc. 7<sup>th</sup> WCGALP, Montpellier, France. CD-ROM communication 28, 07.
- Misztal I., Legarra A., Aguilar I., 2009. Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. *J. Dairy Sci.*, 92, 4648-4655.

- Misztal I., Tsuruta S., Aguilar I., Legarra A., Van Raden P.M., Lawlor T.J., 2013a. Methods to approximate reliabilities in single-step genomic evaluation. *J. Dairy Sci.*, 96, 647-654.
- Misztal I., Vitezica Z.G., Legarra A., Aguilar I., Swan A.A., 2013b. Unknown-parent groups in single-step genomic evaluation. *J. Anim. Breed. Genet.*, 130, 252-258.
- Patry C., Ducrocq V., 2011. Evidence of biases in genetic evaluation due to genomic preselection in dairy cattle. *J. Dairy Sci.*, 94, 1011-1020.
- Robert-Granié C., Bonaïti B., Boichard D., Barbat A., 1999. Accounting for variance heterogeneity in French dairy cattle genetic evaluation. *Livest. Prod. Sci.*, 60, 343-357.
- Robert-Granié C., Legarra A., Ducrocq V., 2011. Principes de base de la sélection génomique. *INRA Prod. Anim.*, 24, 331-340.
- Rupp R., Palhière I., Maroteau C., Baloché G., Sallé G., Tircazes A., Moréno C., Foucras G., Tosser-Klopp G., 2014. Mapping QTL controlling milk somatic cell counts in sheep and goat support the polygenic architecture of mastitis resistance. *Proc. World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod.*, Vancouver, Canada, 105.
- Schaeffer L.R., 2006. Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle. *J. Anim. Breed. Genet.*, 123, 218-23.
- Shumbusho F., Raoul J., Astruc J.M., Palhière I., Elsen J.M., 2013. Potential benefits of genomic selection on genetic gain of small ruminant breeding programs. *J. Anim. Sci.*, 91, 3643-3656.
- Shumbusho F., Raoul J., Astruc J.M., Palhière I., Lemarié S., Fugerey-Scarbel A., Elsen J.M., 2015. Economic evaluation of genomic selection in small ruminants: a sheep meat breeding program. *Animal*, 8, 1-9.
- Sullivan P.G., 2007. MTEDC software available for standardized EDC calculations. *Interbull Bull.*, 37, 78-81.
- Thomasen J.R., Egger-Danner C., Willam A., Guldbandsen B., Lund M.S., Sørensen A.C., 2014. Genomic selection strategies in a small dairy cattle population evaluated for genetic gain and profit. *J. Dairy Sci.*, 97, 458-470.
- VanRaden P.M., 2008. Efficient methods to compute genomic predictions. *J. Dairy Sci.*, 91, 4414-4423.

## Résumé

Après une présentation du contexte de la sélection ovine laitière française et de la stratégie de sélection génomique qui en découle, cet article retrace l'ensemble des travaux de recherche et développement entrepris depuis 2009 pour mettre en œuvre cette stratégie et qui débouchent sur le déploiement de la sélection génomique en 2015. Sont abordés successivement la constitution des populations de référence, les investissements en méthodes et stratégies de calcul d'index génomique, les résultats de précision des index génomiques en ovins laitiers, l'expérimentation génomique originale mise en œuvre en race Lacaune, la conception, la modélisation et l'optimisation de schémas de sélection génomique adaptés aux spécificités des races ovines laitières, les choix opérés par les entreprises et organismes de sélection et leurs conséquences organisationnelles et contractuelles. Les perspectives ouvertes par la sélection génomique sont évoquées : inclusion de nouveaux caractères, plus grande flexibilité, meilleure gestion de la variabilité génétique. La sélection génomique est effective depuis 2015 en race Lacaune et devrait être déployée en 2017 dans les races Pyrénéennes.

## Abstract

### *Genomic selection in French dairy sheep*

After a presentation of the background of French dairy sheep selection and the resulting strategy of genomic selection, this article considers the different research x development achievements undertaken since 2009 in order to assess the feasibility of this strategy and which results in the implementation of genomic selection in 2015. The following topics are successively reviewed: the constitution of the reference populations, the methods and strategies of genomic evaluation, the accuracy obtained for genomic prediction in the different dairy sheep breeds, the original experiment conducted in the Lacaune breed, the conception, modeling and optimization of dairy-sheep-customized genomic breeding schemes, the decisions made by the breeding societies and their organizational and contractual implications. The main expectations opened by this new field of genomic selection are highlighted: selection for new traits, increased flexibility in the breeding programs, more efficient management of genetic variability. The Lacaune breed has been switched to genomic selection in 2015, whereas in the Pyrenean breeds, breeders intend to do it by 2017.

ASTRUC J.-M., BALOCHE G., BUISSON D., LABATUT J., LAGRIFFOUL G., LARROQUE H., ROBERT-GRANIE C., LEGARRA A., BARILLET F., 2016. La sélection génomique des ovins laitiers en France. In : *Brebis laitières en France : 50 ans de recherche et développement*. Barillet F., Hassoun P., Astruc J.M., Lagriffoul G., Morin E. (Eds). Dossier, *INRA Prod. Anim.*, 29, 41-56.