Sélection génomique des races ovines laitières françaises : analyse des schémas actuels, première modélisation de scénarios génomiques et bilan technico-économique

Diane Buisson

▶ **To cite this version:**

Diane Buisson. Sélection génomique des races ovines laitières françaises : analyse des schémas actuels, première modélisation de scénarios génomiques et bilan technico-économique. Sciences agricoles. 2012. dumas-00801194

HAL Id: dumas-00801194

https://dumas.ccsd.cnrs.fr/dumas-00801194

Submitted on 15 Mar 2013

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

AGROCAMPUS OUEST

CFR Rennes

65 rue de Saint-Brieuc CS
84215
35042 RENNES CEDEX

UMT GENEpR (Amélioration Génétique des petits Ruminants)

CENTRE INRA de TOULOUSE MIDI-PYRENEES

24 chemin de Borde Rouge
CS 52627
31326 CASTANET-TOLOSAN CEDEX

Mémoire de Fin d'Etudes

DIPLOME D'INGENIEUR DE L'INSTITUT SUPERIEUR DES SCIENCES AGRONOMIQUES, AGROALIMENTAIRES, HORTICOLES ET DU PAYSAGE

Année universitaire : 2011 - 2012
Spécialisation: Ingénierie Zootechnique

SELECTION GENOMIQUE DES RACES OVINES LAITIERES FRANÇAISES : ANALYSE DES SCHEMAS ACTUELS, PREMIERE MODELISATION DE SCENARIOS GENOMIQUES ET BILAN TECHNICO-ECONOMIQUE.

Par : Diane BUISSON

Bon pour dépôt (version définitive) ❑
Date : / / Signature :
Autorisation de diffusion : Oui ❑ Non❑

Soutenu à Rennes le 17/09/2012 devant le jury :

Sous la présidence de :

Catherine DISENHAUS
(*Enseignante chercheur à Agrocampus-Ouest*)

Enseignant référent :

Frédéric LECERF
(*Enseignant chercheur à Agrocampus-Ouest*)

Autre membre du jury :

Sophie ALLAIS

Maîtres de stage :

Francis BARILLET
(*Ingénieur de Recherche INRA*)

Jean-Michel ASTRUC
(*Ingénieur Institut de l'élevage*)

"Les analyses et les conclusions de ce travail d'étudiant n'engagent que la responsabilité de son auteur et non celle d'AGROCAMPUS OUEST".

REMERCIEMENTS

Je tiens avant tout à remercier mes maîtres de stage, Francis Barillet (INRA SAGA) et Jean-Michel Astruc (Institut de l'élevage), pour l'attention qu'ils ont portés à mon travail, leur disponibilité, leurs conseils, leurs encouragements et leur gentillesse.

Je tiens aussi à mettre en avant l'aide précieuse que m'a apportée Guillaume Baloche (cheville ouvrière de Roquefort'In) tout au long du stage et la patience dont il a fait preuve lors de mes débuts avec SAS®.

Mes remerciements vont également à l'ensemble des responsables des trois ES qui m'ont permis de mener à bien mon travail (Patrice Panis et Pascal Guibert, pour le service élevage de la Confédération générale de Roquefort, Béatrice Giral-Viala et Patrick Boulenc pour la coopérative Ovitest, et Xavier Aguerre, Francis Fidelle et Claude Soulas pour le CDEO d'Ordiarp), pour m'avoir fourni tous les fichiers nécessaires à la réalisation de cette étude, pour leur disponibilité, pour la rapidité avec laquelle ils ont répondu à chacune de mes interrogations, et pour avoir validé chaque étape de mon travail.

Je remercie de même tous les professionnels de la filière que j'ai pu rencontrer au cours de ce stage.

Un grand merci à Gilles Lagriffoul, dont j'ai partagé le bureau pendant ces sept mois, pour son aide et sa bonne humeur quotidienne.

Enfin, merci à tous les membres INRA et Institut de l'élevage, aux stagiaires et aux thésards que j'ai pu côtoyer pendant ces six mois et qui ont enrichi ce stage et l'ont rendu des plus agréables : Benjamin, Céline, Charlotte, Chloé, Sophie…, avec une pensée toute particulière pour ma « super coloc' », Lydie.

LISTE DES ABREVIATIONS

BB : Basco-Béarnaise

BL : Bovin Laitier

CCS : Comptage de Cellules Somatiques

CD : Coefficient de Détermination

CD_G : Coefficient de Détermination Génomique

CDEO : Centre Départemental de l'Elevage Ovin

CE : Centre d'Elevage

CIA : Centre d'Insémination Artificielle

CLO : Contrôle Laitier Officiel

CLS : Contrôle Laitier Simplifié

CNBL : Comité Nationale des Brebis Laitières

CONF : CONFédération de Roquefort

CTIG : Centre de Traitement de l'Information Génétique

DYD : Daughter Yield Deviation

ES : Entreprise de Sélection

FF : voie mère-fille (femelle-femelle)

FM : voie mère-file (femelle-mâle)

IA : Insémination Animale

INRA : Institut National de Recherche Agronomique

ISOL : Index Synthétique des Ovins Lait

LL : Lacaune Lait

MAB : Mère A Béliers

MF : voie père-fille (mâle-femelle)

MM : voie père-fils (mâle-mâle)

MTN : Manech Tête Noire

MTR : Manech Tête Rousse

OL : Ovin Lait

OS : Organisme de Sélection

OVIT : OVI-Test

P-A : Pyrénées-Atlantiques

PAB : Père A Béliers

PAF : Père A Filles

QMG : Quantité de Matière Grasse

QMP : Quantité de Matière Protéique

ROLP : Races Ovines Laitières des Pyrénées

SG : Sélection Génomique

SIEOL : Système d'Information en Elevage Ovin Lait

SNP: Single Nucleotid Polymorphism

TB: Taux Butyreux

TP : Taux Protéique

SOMMAIRE

Introduction **1**

La Sélection en ovin lait : Etat des lieux et Perspectives **3**
I. Les schémas de sélection Ovin Lait Français 3
1. Un schéma pyramidal créateur et diffuseur de progrès génétique 3
2. Des schémas de sélection bien rodés, efficaces et adaptés à chaque race 3
II. L'Europe, et plus particulièrement la France, occupent une place prépondérante dans la génétique Ovine Laitière mondiale 4
III. Le passage à la Sélection Génomique 5
1. La faisabilité de la Sélection Génomique varie selon les Races 5
2. Un contexte moins favorable aux Ovins Laitiers qu'aux Bovins Laitiers 5

Sélection Génomique et modélisation des schémas **7**
I. Détermination des capacités maximales de production de paillettes des béliers 7
1. Matériel et Méthode 7
2. Un schéma de sélection sous contraintes 7
3. Une gestion des béliers dépendante de leur statut génétique 9
4. Une production de semence bridée par le statut génétique du bélier 10
II. Modélisation de schémas de sélection classique et génomique : cas de l'Entreprise de Sélection Lacaune Lait 1 12
1. Méthode de calcul du Progrès Génétique Annuel 12
2. Calcul du Progrès Génétique Annuel du schéma actuel 14
3. Modélisation de Schémas Génomiques 15
4. Discussion des résultats et pistes pour l'amélioration du modèle 19

Conclusion **20**

Références **21**
Publications Scientifiques 21
Sites Internet 22
Notes Techniques et Communications Internes 22

Annexes **23**
Annexe I : Organisation de la Génétique Ovin Lait 23
Annexe II : Le contrôle de performances (CLO et CLS) 24
Annexe III : SIEOL 25
Annexe IV: Evolution des objectifs de sélection en France 26
Annexe V : Résistance à la Tremblante : une Sélection Assistée par Gène 27
Annexe VI : « Tables for Statisticians and Biometricians » par K.Pearson (1931) 28

TABLE DES ILLUSTRATIONS

1. Liste des tableaux

Tableau 1: Principaux producteurs mondiaux de lait de brebis: les chiffres à retenir.....4
Tableau 2: Comparaison des bovins et ovins laitiers pour les principaux facteurs affectant le calcul des index génomiques 6
Tableau 3: Demande annuelle en IA pour chacune des races étudiées, et nombre maximum d'IA réalisé sur une semaine 8
Tableau 4: Nombre d'IA réalisées en 2011 par chaque groupe de béliers dans les différentes races / ES étudiées. 9
Tableau 5: Nombre de béliers utilisés par statut dans chacune des races / ES étudiées (année 2011).....10
Tableau 6: Nombre moyen d'IA par collecte et par groupe de béliers (noir) et nombre moyen d'IA par béliers (vert), sur l'année ou la semaine de pic, pour chacune des races ou ES étudiées (campagne 2011) 10
Tableau 7: Etude du schéma actuel LLES.1 pour les voies MM et MF.....14
Tableau 8: Calcul du progrès génétique annuel pour le schéma actuel LLES.1 (années 2008 à 2010).....14
Tableau 9 : Description des béliers d'IA en schémas classique ou génomique (Lacaune Lait)....15
Tableau 10: Valeurs retenues pour la production de semence et le CD pour chaque scénario (Lacaune Lait, ES.1).....15
Tableau 11: Modélisations génomiques réalisées 16
Tableau 12: Nombre de béliers génomiques (N_0 à 6 mois), nombre total de béliers au centre d'IA (N_{tot}) et nombre de PAB (PAB tot) dans les différents scénarios génomiques proposés (Lacaune lait, ES.1) 18

2. Liste des figures

Figure 1: Gestion des béliers dans les schémas de sélection classique (exemple de la race Lacaune) 1
Figure 2: Comparaison sélection classique / sélection génomique pour le gain de temps avant la diffusion des béliers 1
Figure 3: La précision des index (CD) génomiques est intermédiaire entre celle des index polygéniques et celle des index sur descendance 2
Figure 4: Présentation des races étudiées dans leur bassin de production 3
Figure 5: Organisation du schéma pyramidal 3
Figure 6: Evolution du nombre d'IA par semaine pour chacune des races étudiées 8
Figure 7: Evolution du nombre d'IA au cours de l'année selon le statut des béliers, ... 9
Figure 8: Evolution des gains génétiques annuels et du nombre d'agneaux à génotyper dans différents scénarios de SG 17
Figure 9 : Evolution des coûts du schéma pour les différents scénarios génomiques étudiés (Lacaune lait, ES.1) 18

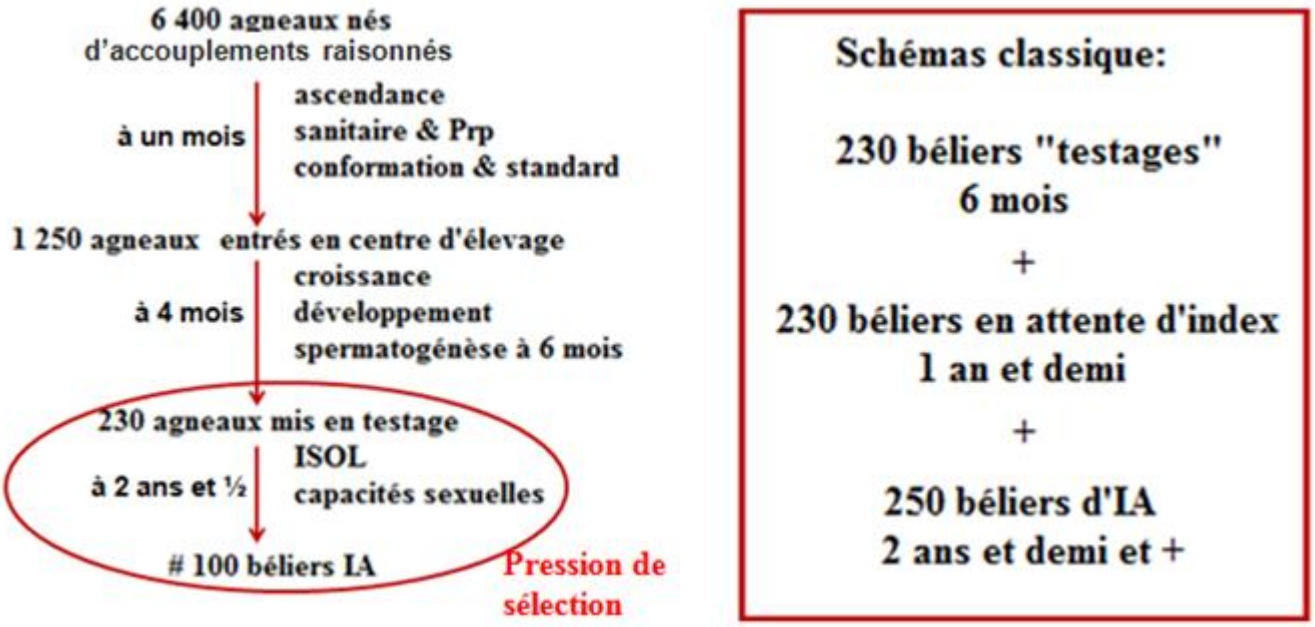


Figure 1: Gestion des béliers dans les schémas de sélection classique (exemple de la race Lacaune)
(*Adapté de : Ovi-Test, la force du collectif : 40 ans d'aventure génétique, 2012, p.110*)

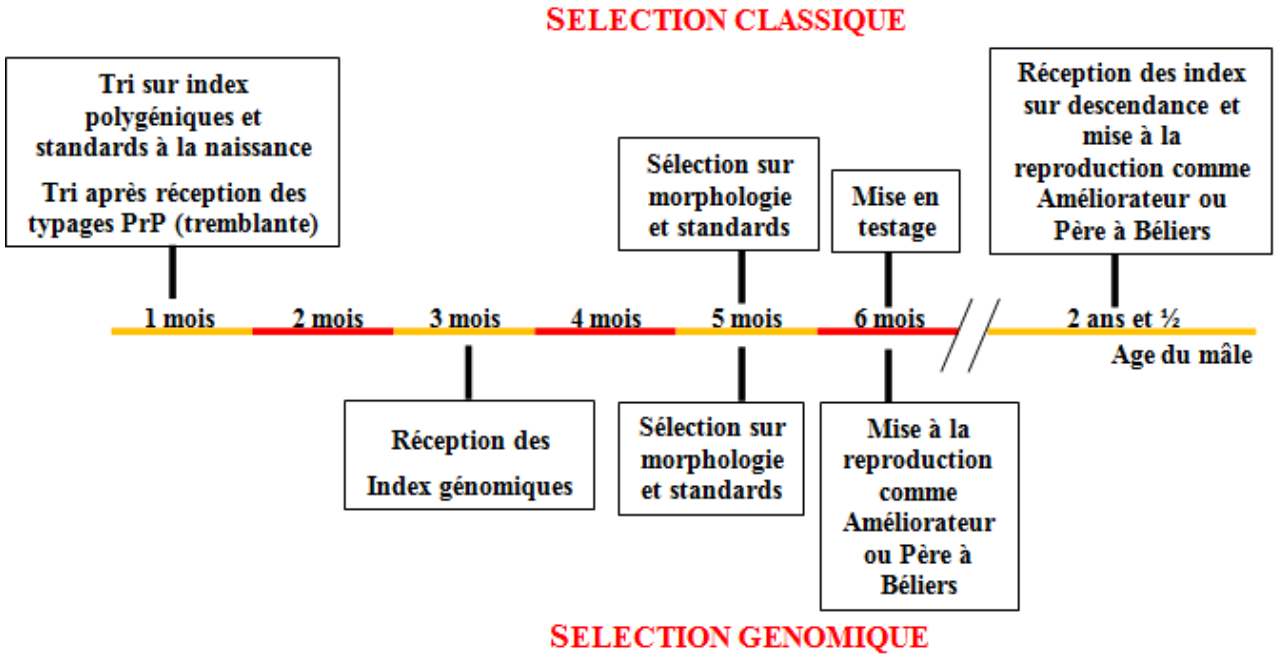


Figure 2: Comparaison sélection classique / sélection génomique pour le gain de temps avant la diffusion des béliers (typage PrP : voir Annexe 5)

INTRODUCTION

Au cours des dernières années, une nouvelle discipline s'est peu à peu imposée dans le monde de la sélection animale grâce au développement des outils informatiques et statistiques mais aussi à une avancée conceptuelle : la génomique. Celle-ci s'appuie sur les techniques de séquençage à haut débit et la caractérisation du génome pour expliquer les différences phénotypiques par les différences entre génotypes. Dans le domaine des productions animales, l'objectif majeur consiste alors à établir des relations entre génotypes et performances afin de pouvoir ensuite, grâce à un génotypage précoce, estimer la valeur génétique des animaux dès leur naissance.

C'est pourquoi, à l'heure de ce que beaucoup appellent désormais la « révolution génomique » animale, les différentes filières s'interrogent sur la possibilité d'utiliser ces nouvelles technologies et méthodologies. Réduction de l'intervalle entre générations et augmentation du progrès génétique annuel sont les arguments avancés en faveur de la sélection génomique (SG). Cependant, bien que cette transition soit possible et déjà bien avancée chez les bovins laitiers (BL), elle ne semble pas évidente pour toutes les filières : c'est le cas de la filière ovine laitière.

Des projets d'envergure ont donc été mis en place dans cette filière pour étudier les possibilités et la faisabilité du passage à la SG pour les différentes races ovines laitières françaises (Lacaune, Manech Tête Rousse, Manech Tête Noire et Basco-Béarnaise). Deux d'entre eux, les projets GENOMIA et ROQUEFORT'IN, présentent un volet d'étude concernant la conception d'un schéma génomique, et notamment la meilleure façon de gérer le haras de béliers d'insémination animale (IA). C'est cet aspect qui a été abordé au cours de ce stage.

Comme dit précédemment, l'un des objectifs du passage à la SG consiste à rechercher une efficacité égale ou supérieure à celle du schéma de sélection classique, donc avec un progrès génétique supérieur ou égal. Ce dernier se définit de la manière suivante :

$$\text{Progrès génétique annuel} = \frac{\text{Intensité de sélection} \times \text{Précision de sélection} \times \text{Ecart-type génétique du caractère}}{\text{Intervalle entre générations}}$$

Trois paramètres influencent donc le progrès génétique annuel : l'intensité de sélection (ou pression de sélection) et la précision des index de façon positive, et l'intervalle entre générations de façon négative.

Actuellement, pour la principale voie de sélection (voie père-fils), la pression de sélection s'exerce tardivement : à 2 ans et demi ou plus, à l'issue des résultats de testage sur descendance des béliers (**Figure 1**). Cette organisation implique l'entretien d'un nombre conséquent de béliers en attente d'index qui sont présents au centre d'IA (CIA), alors qu'ils ne sont pas (ou très peu) utilisés en attente des dits index sur descendance.

Le basculement vers la SG permettrait donc d'exercer la pression de sélection plus tôt, dès la disponibilité des index génomiques (à 3 mois), et de décréter les agneaux améliorateurs (ou Pères à Filles, PAF), voire Pères à Béliers (PAB) dès l'âge de 6 mois (**Figure 2**). Ceci permettrait alors de réduire l'intervalle entre générations, ce qui est favorable au gain génétique annuel et permet d'utiliser tous les béliers présents au CIA. Cependant, la réduction de l'intervalle entre générations serait plus limitée qu'en BL : gain de 2 à 3 ans en ovins laitiers (OL) contre 4 à 6 ans en bovins.

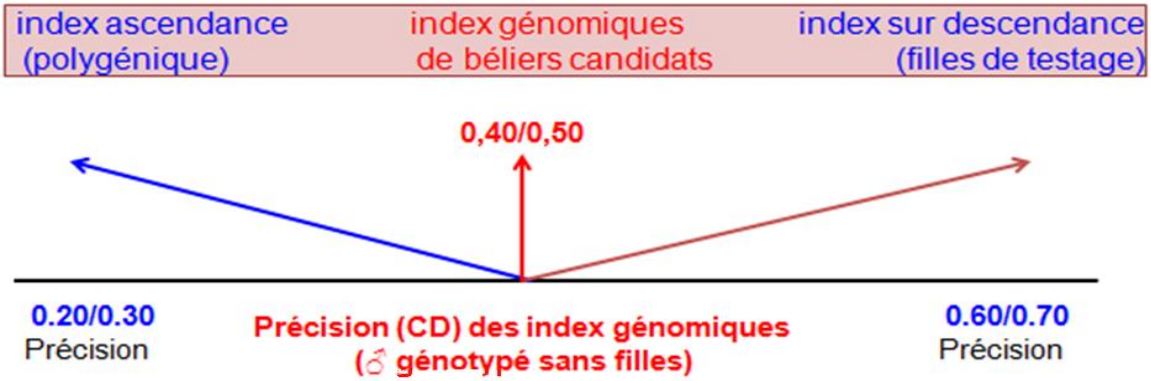


Figure 3: La précision des index (CD) génomiques est intermédiaire entre celle des index polygéniques et celle des index sur descendance (*Source : CR CNBL, 2012*)

Concernant la précision des index génomiques en OL, elle apparait comme intermédiaire entre la précision des index sur ascendance et des index sur descendance (**Figure 3**) (**CR CNBL, 2012**). Ainsi, les béliers de moins de 2,5 ans seront mieux connus que dans les schémas classiques, mais moins bien connus qu'à l'issue du testage sur descendance, contrainte à intégrer pour le choix des PAF et PAB.

L'intervalle entre générations sera donné par l'organisation du schéma génomique (contribution des différents millésimes). C'est donc le troisième paramètre, la pression ou intensité de sélection, sur lequel les maîtres d'œuvre des programmes de sélection auront le plus de latitude, aux contraintes économiques près, pour améliorer le progrès génétique.

Dans le cas d'un schéma génomique, cette intensité de sélection s'applique dès l'âge de 3 mois, alors que le choix définitif des agneaux à entrer en CIA n'a lieu qu'à 5 mois. En effet, certains défauts morphologiques peuvent avoir un impact négatif sur la carrière des béliers, défauts qui ne sont visibles que vers 4 ou 5 mois. Les caractères ainsi évalués correspondent à la ligne de dos et aux aplombs, dont les défauts s'accentuent avec l'âge et influent sur la qualité des sauts et la longévité des béliers, et les anomalies testiculaires (cryptorchidie…) qui ont un effet direct sur la production de semence. Sont également éliminés les agneaux ne répondant pas aux standards de la race : type et couleur de la laine, cornes (présence ou absence), forme de la tête… En race Lacaune lait, environ 50% des agneaux entrés en Centre d'Elevage (CE) sont ainsi éliminés sur caractères fonctionnels et morphologiques. La prise en compte de ces éliminations est donc indispensable pour déterminer le nombre d'agneaux à génotyper à la naissance et le coût du schéma de SG.

Les génotypages sont relativement coûteux (# 115€ /unité en 2012) et il est désormais admis de tous que le contrôle de performances doit être maintenu afin d'actualiser la population d'apprentissage[1]. Il est donc nécessaire de compenser l'augmentation des coûts liés aux génotypages par la réduction de certaines dépenses de fonctionnement du CIA de manière à maintenir les coûts du schéma génomique à un niveau comparable au schéma classique. Il faut donc tabler sur une réduction suffisante de la taille du cheptel de béliers d'IA pour atteindre cet objectif.

Se pose alors la question suivante : **quelle pression de sélection génomique faut-il appliquer à 3 mois pour maintenir un gain génétique au moins égal à celui observé dans les schémas classiques tout en maintenant les coûts à un niveau comparable ?**

La présente étude a donc pour premier objectif de déterminer les capacités maximales de production de paillettes des mâles afin de déterminer le nombre de béliers nécessaires au bon fonctionnement d'un schéma génomique, et notamment pour faire face à la période de pic d'IA. Il s'agira ensuite de proposer des scénarios de schémas génomiques adaptés à chaque race et/ou Entreprise de Sélection (ES), puis de déterminer la gamme des pressions de SG compatibles avec les objectifs de gains génétiques annuels.

Aussi, après avoir, dans une première partie, présenté la filière génétique ovine laitière et détaillé le contexte et les enjeux du passage à la SG, nous étudierons les données mises à disposition par les différentes ES afin de décrire précisément la gestion actuelle des béliers d'IA : nombre de béliers utilisés, production de semence sur l'année selon le statut ou l'âge des béliers… Nous disposerons ainsi de paramètres techniques et physiologiques utilisables pour envisager divers scénarios génomiques. Après validation de ces paramètres avec les ES concernées, nous proposerons différents scénarios de gestion des béliers en situation de SG permettant des calculs de gain génétique à comparer avec ceux des schémas actuels.

[1] Population à partir de laquelle on établit les équations de prédiction des phénotypes à partir des génotypes. Cette population d'apprentissage doit impérativement être actualisée chaque année afin d'avoir des équations de prédictions pertinentes.

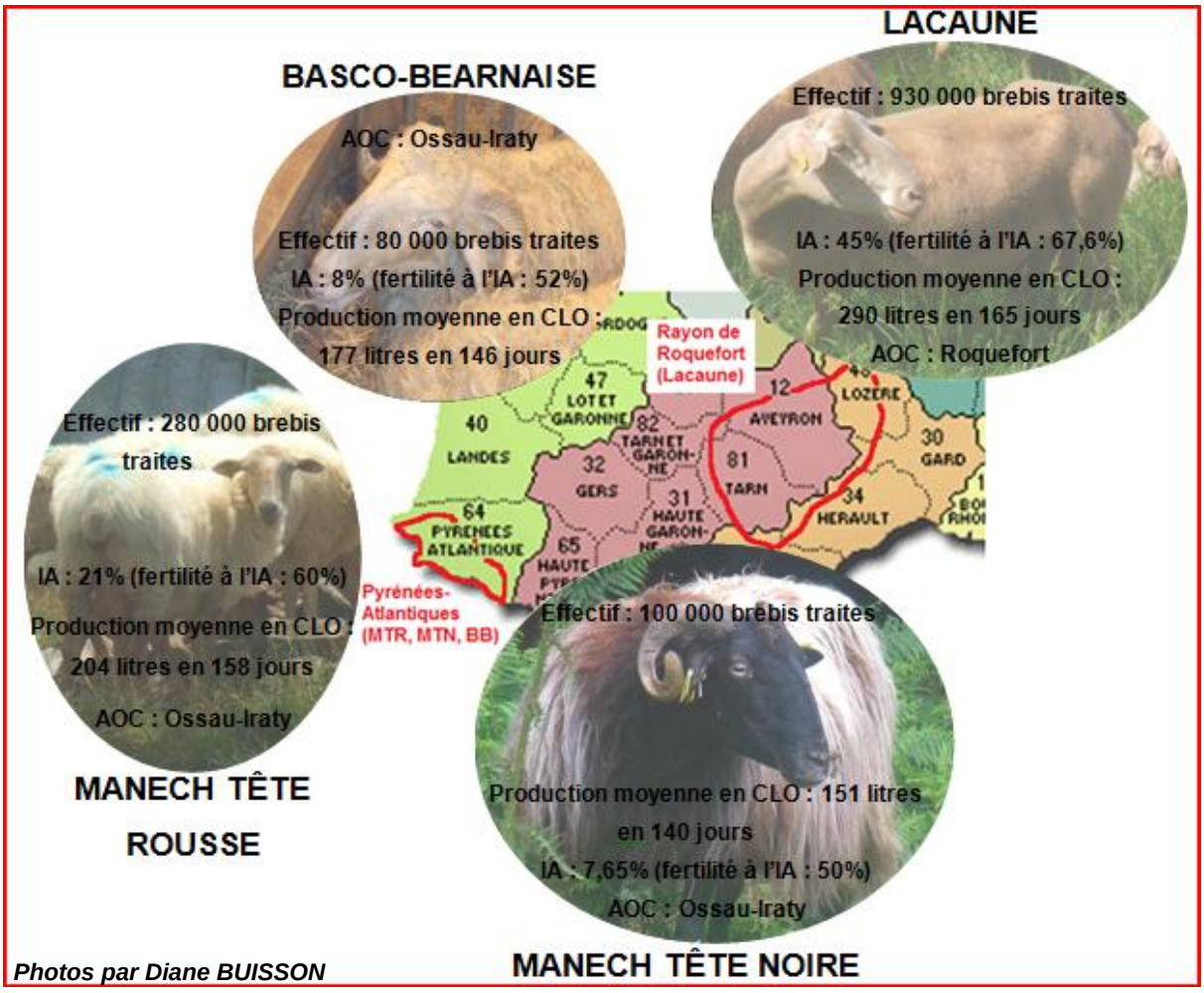


Figure 4: Présentation des races étudiées dans leur bassin de production (*adapté de : CR CNBL, 2012*)

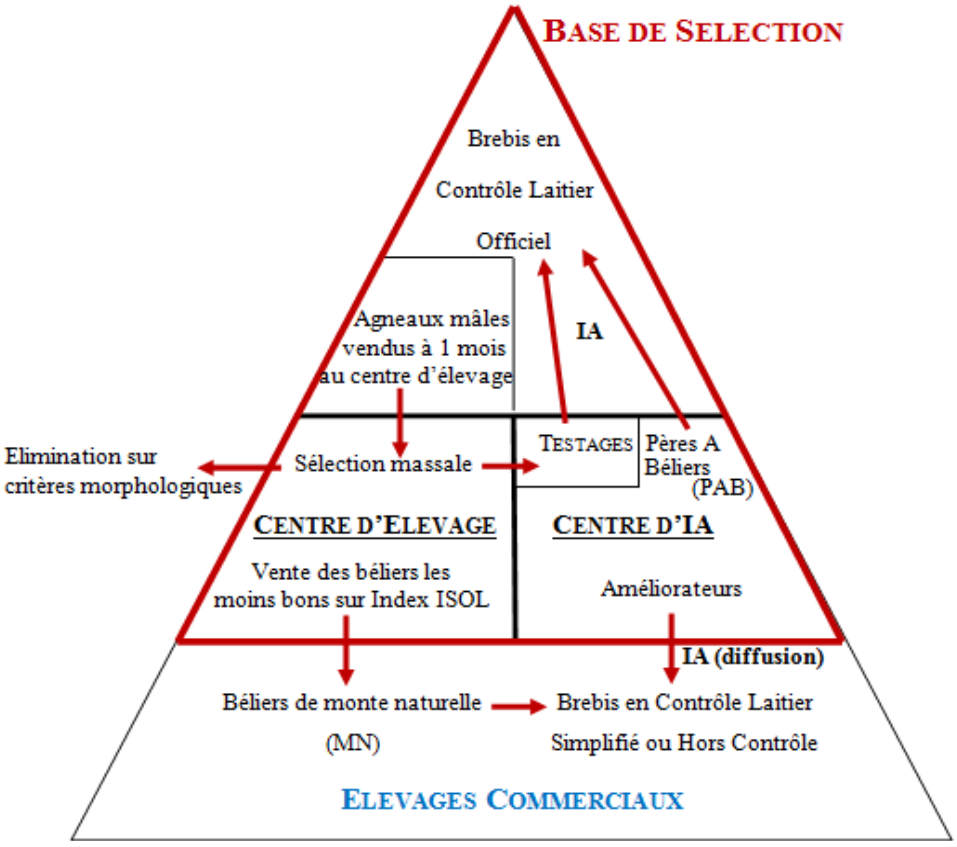


Figure 5: Organisation du schéma pyramidal

LA SELECTION EN OVIN LAIT : ETAT DES LIEUX ET PERSPECTIVES

I. LES SCHEMAS DE SELECTION OVIN LAIT FRANÇAIS

1. UN SCHEMA PYRAMIDAL CREATEUR ET DIFFUSEUR DE PROGRES GENETIQUE

Dans les années 60, la production française de lait de brebis était largement insuffisante (**Ovitest, la force du collectif, 2012**). Les professionnels de la filière génétique (**Annexe I**) ont alors dû faire face à la nécessité de redresser la situation via un effort de sélection qui fut orienté vers la sélection des races locales dans leur bassin de production respectif : la Lacaune Lait (LL) dans le Rayon de Roquefort, la Manech Tête Rousse (MTR), la Manech Tête Noire (MTN) et la Basco-Béarnaise (BB) dans les Pyrénées-Atlantiques (P-A), et la Corse en Corse (**Figure 4**).

A partir des années 70-80, grâce au travail réalisé, on voit émerger en France des schémas de sélection organisés de manière pyramidale. Ils s'appuient sur le testage sur descendance de béliers d'IA (l'IA étant réalisée en semence fraîche après synchronisation des chaleurs) et le Contrôle Laitier. Les élevages y sont répartis en deux catégories : les éleveurs sélectionneurs de la base de sélection (ou noyau de sélection), générateurs du progrès génétique, et les éleveurs utilisateurs, bénéficiaires du progrès génétique (**Figure 5**). Les éleveurs utilisateurs ne participent pas au testage sur descendance des béliers d'IA. Néanmoins, ils peuvent, s'ils le désirent, pratiquer l'IA et adhérer au Contrôle Laitier Simplifié (CLS) (**Annexe II**) pour mieux gérer leur troupeau. Les éleveurs sélectionneurs adhèrent quant à eux au Contrôle Laitier Officiel (CLO) (**Annexe II**) et ont une obligation de faire de l'IA (accouplements raisonnés, testage sur descendance et connexion entre élevages sélectionneurs). Les données collectées en CLO permettent de sélectionner d'une part les brebis dites Mères à Béliers (MAB), et d'autre part les PAB et PAF à l'issue du testage sur descendance, ce dernier aboutissant au calcul des index sur descendance présentant une bonne précision.

L'ensemble des données génétiques, et notamment le contrôle laitier, approvisionnent la base centrale, située au Centre de Traitement de l'Information Génétique (CTIG) de Jouy-en-Josas, et le système d'indexation via le système d'informations (collecte, vérification et stockage de l'information). Celui-ci a été rénové en 2005 sous le nom de SIEOL (Système d'Information en Elevage Ovin Lait) (**Annexe III**). Il gère les données génétiques, technico-économiques et sanitaires.

2. DES SCHEMAS DE SELECTION BIEN RODES, EFFICACES ET ADAPTES A CHAQUE RACE

Les objectifs de sélection sont établis pas les Organisations de Sélection (OS), en concertation étroite avec les ES qui mettent en œuvre les schémas de sélection. En race Lacaune, il existe deux ES : le Service Elevage de la Confédération Générale de Roquefort (CONF) et la coopérative Ovi-Test (OVIT). Dans les Pyrénées-Atlantiques, il n'existe qu'une ES pour les trois races : le CDEO (Centre Départemental de l'Elevage Ovin). Corsia est l'ES de la race Corse.

En France, les objectifs de sélection ne sont pas les mêmes pour les cinq races laitières officielles des trois bassins de production. Ils traduisent l'ancienneté et des évolutions plus ou moins rapides des schémas de sélection et du progrès génétique selon les races (**Annexe IV**).

La race Lacaune est la race la plus représentée avec 930 000 brebis traites en 2010 (**CR CNBL, 2012**). C'est également la race française dont le schéma de sélection est le plus élaboré. Actuellement, les caractères suivants sont intégrés dans l'Index Synthétique Ovin Lait ISOL :

Tableau 1: Principaux producteurs mondiaux de lait de brebis: les chiffres à retenir
(*Adapté de FAO-STAT, 2010 et communication personnelle avec Anne Motet*)

Rang mondial	Pays	Production laitière (1.000.000 t/an)	Rendement laitier (L/an/brebis)	Nombre de brebis (millions de têtes)	% au contrôle de performances	Nombre d'IA
1	**Chine**	**1,7**	**43**	**40**	**-**	**-**
2	**Grèce**	**0,9**	**106**	**9**	**1,3 %**	**-**
3	**Turquie**	**0,8**	**77**	**10**	**-**	**-**
4	**Roumanie**	**0,7**	**83**	**8**	**-**	**-**
5	**Italie**	**0,6**	**106**	**6**	**8,5 %**	**15 000**
6	**Espagne**	**0,6**	**183**	**3**	**10 %**	**75 715**
7	**France**	**0,3**	**200**	**2**	**57,6 %**	**480 905**
Echelle Mondiale		**≈ 10**	**-**	**213**	**-**	**-**

- Les caractères de production laitière : quantité de lait et composition (taux butyreux TB, taux protéique TP, quantité de matière grasse QMG et quantité de matière protéique QMP) ;
- Des caractères fonctionnels liés à la sphère mammaire : Comptages de Cellules Somatiques (CCS) et conformation de la mamelle.

L'ISOL en race Lacaune est égal à :

ISOL = [1/2 (QMG + 1,85 QMP) + 1/16 TB + 1/8 TP] + 0,5 Cellules + 0,5 Mamelle
= 50 % (caractères de production) + 50 % (caractères fonctionnels)

Concernant les races ovines laitières des Pyrénées (ROLP), elles comptent à elles trois 450 000 brebis traites, soit 280 000 en MTR, 90 000 en MTN et 80 000 en BB (**FGE, 2010**). Les critères de sélection inclus dans ISOL concernent actuellement les caractères de production laitière, mais une intégration des CCS est prévue prochainement (**CR CNBL, 2012**).

L'ISOL, adapté à la situation de chaque ROLP, est donc égal à:

ISOL (MTR) = 1/2 (QMG + 1,85 QMP) + 1/10 TB + 1/5 TP
ISOL (MTN) = 1/2 (QMG + 1,85 QMP) + 1/16 TB + 1/8 TP
ISOL (BB) = 1/2 (QMG + 1,85 QMP) + 1/14 TB + 1/7 TP

II. L'EUROPE, ET PLUS PARTICULIEREMENT LA FRANCE, OCCUPENT UNE PLACE PREPONDERANTE DANS LA GENETIQUE OVINE LAITIERE MONDIALE

Afin de bien comprendre l'enjeu que représente le passage à la sélection génomique, il est important d'analyser la place que l'Europe et la France occupent au niveau mondial en OL.

Ainsi, la France s'inscrit comme le cinquième producteur de lait de brebis en Europe, derrière la Grèce, la Roumanie, l'Italie et l'Espagne. Elle se classe donc au septième rang mondial avec 0,3 millions de tonnes de lait de brebis produit par an contre 1,7 millions de tonnes en Chine (1er rang) (**Tableau 1**) (**FAO-STAT, 2010)**. Malgré un cheptel de seulement 1,5 millions de têtes, c'est pourtant en France que l'on observe les rendements laitiers les plus élevés du monde : jusqu'à 200 L/brebis/an contre seulement 43 L/brebis/an en Chine. Ces observations traduisent les efforts de sélection réalisés en France depuis 30 à 50 ans.

En effet, trois pays méditerranéens, l'Espagne, la France et l'Italie, ont développé l'IA à partir des années 1970 afin de tester sur descendance des béliers d'IA contribuant à connecter génétiquement les élevages des sélectionneurs pour permettre de comparer entre élevages les béliers de monte naturelle (MN), fils de béliers d'IA, qui restent le vecteur privilégié de diffusion vers les éleveurs utilisateurs. Seuls les schémas de sélection des races ovines laitières françaises présentent une pénétration importante de l'IA chez les éleveurs sélectionneurs et, pour partie, vers les élevages utilisateurs. On remarquera que l'IA est très peu, voire pas du tout, développée en dehors de ces trois pays d'Europe du Sud : la France réalise à elle seule 84% des IA ovines laitières (**Astruc *et al.*, 2010**).

Par ailleurs, la France est le seul pays utilisateur d'IA où le contrôle de performances est largement développé (près de 60% des brebis sont contrôlées) (**Tableau 1**). L'efficacité de ses schémas a ainsi fait de la France le leader en sélection ovine laitière dans le monde entier.

Compte tenu de l'efficacité des schémas français et du fort développement de l'IA et du contrôle laitier, il apparaît logique que la question de la SG en OL se pose d'abord en France. En effet, le fort taux d'IA observé et le développement du contrôle de performances permettent d'envisager la constitution d'une population de référence (béliers d'IA testés et génotypés), indispensable pour la SG. Il apparait ainsi qu'à l'heure actuelle, la France est le pays le plus à même d'envisager la SG en OL, même si l'Italie (Sarde) et l'Espagne (Latxa) commencent à s'y intéresser. Ceci explique également le peu de bibliographie étrangère disponible à ce sujet.

Cependant, même en France, la transition ne semble pas si évidente pour toutes les races ovines laitières.

III. LE PASSAGE A LA SELECTION GENOMIQUE

1. LA FAISABILITE DE LA SELECTION GENOMIQUE VARIE SELON LES RACES

A l'heure actuelle, la race Lacaune est la race la plus à même de basculer vers la SG à partir de 2014, à l'issue du programme ROQUEFORT'N (2010-2013) : l'ADN des béliers d'IA ayant été conservé depuis 1995 (stockage d'échantillons de sang à Labogena), la population de référence s'élève fin 2009 à 2 840 béliers testés et génotypés (**Astruc *et al.*, 2012**), sachant qu'il est couramment admis qu'une population de référence doit compter au minimum 1 000 individus pour permettre d'établir des équations suffisamment précises. Par ailleurs, la reproduction par l'IA est très développée dans cette race (taux d'IA de 82% dans le noyau, 50% hors noyau) et la fertilité à l'IA des brebis se situe autour de 68% (**CR CNBL, 2012**). Dans ce contexte, une expérimentation de SG sur les béliers nés en 2011 et 2012 a été mise en place dans le cadre du projet ROQUEFORT'IN. Elle fournira dès 2013 des réponses utiles aux deux ES pour leur prise de décision en 2014.

Concernant les ROLP, le passage à la SG suppose de faire face à plus de questions. Compte tenu de la taille des 3 populations de ROLP et du taux d'IA d'environ 50% dans les noyaux de sélection, seule la MTR présente une population de référence de taille suffisante pour le calcul d'index génomiques : il y a, fin 2009, 302 et 337 béliers génotypés en BB et MTN respectivement, et 1342 béliers génotypés en MTR. Il apparait que seule cette dernière race peut potentiellement basculer en SG sur la base d'un schéma de sélection intra-race, c'est pourquoi le projet GENOMIA (2010-2012) a été mis en place entre les Pays-Basques français et espagnol. Une partie de ce projet concerne en effet le test de la faisabilité d'une SG multi-raciale regroupant les races basques françaises et espagnoles historiquement relativement proches (MTR, Latxa à tête rousse, MTN et Latxa à tête noire), ce qui permettrait d'obtenir une population de référence suffisante pour établir des équations de prédictions assez précises (**CR CNBL, 2012, Beltran de Heredia *et al.*, 2011**), avec toutefois la contrainte de n'utiliser pour l'instant que des puces ovines Illumina 50k alors que les bovins étudient la sélection multiraciale en utilisant des puces haute densité de 777k.

2. UN CONTEXTE MOINS FAVORABLE AUX OVINS LAITIERS QU'AUX BOVINS LAITIERS

Bien que le passage à la génomique soit envisageable, tout du moins en races Lacaune et Manech Tête Rousse, il apparaît cependant moins évident qu'en bovins laitiers, et ce pour diverses raisons.

Tableau 2: Comparaison des bovins et ovins laitiers pour les principaux facteurs affectant le calcul des index génomiques

(**++** : plus important, **- -** : moins important, **=** : égal dans les deux espèces)

(*Source : Baloche et al., 2011)*

	bovins	ovins
Taille population de référence	++	- -
Précision phénotypes mâles	++	- -
Densité de marqueurs (si puce 50k)	=	=
Variabilité génétique *	- -	++
Parenté entre référence et candidats	=	=
Méthodes	=	=

(*) une variabilité plus faible est un avantage pour les calculs d'index génomiques

En effet, dans les deux espèces, la méthode utilisée et la densité de marqueurs sont généralement les mêmes. En OL, seule une puce Illumina 50k SNP (Single Nucleotid Polymorphism) est disponible depuis 2009, à l'instar de l'homologue bovine depuis 2007. En BL, deux autres puces (7k et 777k) sont également sur le marché alors que la puce haute densité ovine ne sera disponible qu'en 2013. Il existe d'autres paramètres qui jouent en défaveur des ovins laitiers (**Tableau 2**). Le premier paramètre concerne la taille de la population de référence, qui peut atteindre 16 000 individus au plus en Holstein, race qui bénéficie de consortiums internationaux avec les populations de référence de plusieurs pays, contre au mieux 3 000 en race Lacaune actuellement. Ce paramètre est d'ailleurs un point discriminant pour le passage à la génomique en races Manech Tête Noire et Basco-Béarnaise dans le cas où une sélection multiraciale ne serait pas efficace avec la puce ovine 50k actuelle.

La variabilité génétique est également un paramètre qui est défavorable aux OL. En effet, toujours en référence à la Holstein, les races ovines laitières françaises présentent une variabilité génétique supérieure, avec un taux moyen de consanguinité voisin de 2% contre 3 à 4% en BL (**Mattalia *et al.*, 2006**). Cet atout de l'espèce ovine versus la race bovine Holstein devient paradoxalement un inconvénient en terme de SG : plus le taux de consanguinité est faible, donc plus les déséquilibres de liaisons sont faibles, et moins les SNP sont prédictifs.

Enfin, les béliers sont moins bien connus sur descendance que les taureaux, avec des Coefficients de Détermination (CD) plus faibles, d'où une précision des phénotypes mâles plus faible en OL, ce qui est préjudiciable pour l'apprentissage : l'index sur descendance (ou plus exactement les DYD ou Daughter Yield Deviation), qui est le phénotype à mettre en relation avec les génotypes SNP, est connu sur 30 à 40 filles pour les béliers en testage, contre 80 filles pour les taureaux en testage. Plus particulièrement, les mâles améliorateurs ayant diffusé (schéma classique), qui constituent les populations d'apprentissage actuelles, sont connus sur 80 à 100 filles en OL (LL ou MTR) contre des milliers de filles en BL. En effet, l'IA ovine est pratiquée en semence fraîche faiblement diluée, sur une période très courte et très saisonnée, ce qui limite la capacité de diffusion des béliers.

Du fait de ces différences, il apparaît que l'efficacité des index génomiques est plus faible en ovins qu'en bovins laitiers : constat maintenant bien établi en comparant les résultats Lacaune ou Manech en OL versus Holstein ou Montbéliarde en BL (**Baloche *et al.*, 2011 ; Barillet *et al.*, 2012 ; Astruc *et al.*, 2012**). Il est donc indispensable d'étudier les différents aspects de la SG appliquée aux ovins laitiers afin de déterminer la pertinence d'une telle transition. La réflexion autour des schémas génomiques réalisée au cours de ce stage est une étape clé du processus de décision car elle va produire des éléments de faisabilité technico-économique de la SG.

SELECTION GENOMIQUE ET MODELISATION DES SCHEMAS

I. DETERMINATION DES CAPACITES MAXIMALES DE PRODUCTION DE PAILLETTES DES BELIERS

1. MATERIEL ET METHODE

Différents fichiers ont été mis à notre disposition pour réaliser cette étude :

- **des fichiers d'IA de 2003 à 2011** fournis par les ES, organisés à la brebis, et contenant les informations relatives à la brebis (numéro individuel et numéro de cheptel, âge, race, type de contrôle …) et à l'insémination (campagne de lutte, date, numéro et race du bélier, …). Ces fichiers correspondent aux IA effectives. Elles prennent donc en compte les pertes de production de paillettes liées à la mauvaise qualité de la semence de certains éjaculats (concentration, volume ou motilité trop faibles, anomalies des spermatozoïdes) ou aux béliers adultes que l'on n'arrive pas à collecter. Seuls les mâles qui ne sont pas utilisés en agneau ne peuvent pas être piégés avec les présents fichiers d'IA ;
- **des fichiers de statut des mâles de 2003 à 2011**, organisés au bélier avec, pour chaque campagne, le numéro du bélier et le statut génétique (testage, PAB…) qui lui a été affecté ;
- **des fichiers de pedigrees depuis 1992**, organisés à l'individu, présentant les numéros et la race de l'individu et de chacun de ses parents et la date de naissance de l'individu ;
- **des fichiers d'index de 2003 à 2011**, organisés par individu, dans lesquels sont stockés, pour chaque campagne, les index élémentaires (lait, TB, TP, QMG, QMP, mamelle, CCS), les index de synthèse et les données sur les filles (nombre de filles en lactation, ou connues sur les taux…) de chaque bélier d'IA pour les indexations de printemps et d'automne ;
- **des fichiers issus de SIEOL** contenant les données du contrôle laitier ;
- **des fichiers d'ADN** indiquant les béliers dont l'ADN est stocké à Labogena.

A partir de ces fichiers de données, on a créé différents fichiers d'études adaptés aux types d'analyses que l'on souhaitait réaliser : approche transversale (à un moment ou événement donné) ou longitudinale (évolution d'une cohorte de béliers au cours du temps pour l'ensemble de leur carrière).

La description de ces fichiers d'études a ensuite été réalisée avec le logiciel SAS® au travers de procédures simples : proc means, proc summary, proc freq, boucles macro, comptage. Celles-ci ont permis de comptabiliser le nombre de béliers utilisés et d'IA réalisées, de décrire la répartition des IA sur l'année, la gestion des béliers au cours du temps, leurs capacités de diffusion, l'évolution des index…

Pour des raisons de simplification, seules les données de la campagne 2011 sont présentées dans le mémoire. Pour différencier les deux ES Lacaune, elles seront notées ES.1 et ES.2.

2. UN SCHEMA DE SELECTION SOUS CONTRAINTES

Les contraintes physiologiques liées à l'organisation de l'appareil génital de la brebis sont telles que l'IA se pratique en semence fraîche faiblement diluée (délai entre collecte des béliers et IA : 8 à 10h maximum). Par ailleurs, la production de lait de brebis est fortement saisonnée, avec toutefois une tendance de la filière vers un certain étalement de la production au moins pour la race Lacaune.

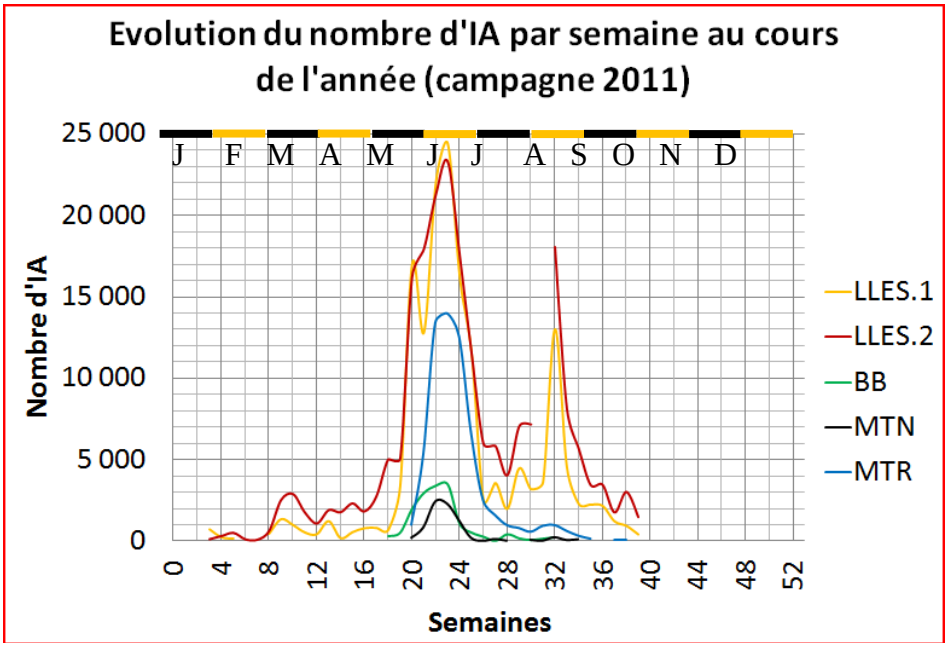


Figure 6: Evolution du nombre d'IA par semaine pour chacune des races étudiées (LLES.1=Lacaune Lait de l'ES.1, LL ES.2=Lacaune Lait de l'ES.2, BB=Basco-Béarnaise, MTN=Manech Tête Noire et MTR=Manech Tête Rousse)

Tableau 3: Demande annuelle en IA pour chacune des races étudiées, et nombre maximum d'IA réalisé sur une semaine

	2011			
	Année	*Dont intra noyau de sélection*	*Dont hors noyau de sélection*	**Semaine de pic**
LLES.1	162 870	*63 853 (39%)*	*99 017 (61%)*	24 412
LLES.2	212 578	*66 574 (31%)*	*146 004 (69%)*	23 262
BB	15 406	*10 975 (71%)*	*4 431 (29%)*	3 448
MTN	7 723	*5 463 (70%)*	*2 330 (30%)*	2 404
MTR	62 104	*37 916 (61%)*	*24 568 (40%)*	13 991

La grande majorité des IA se pratique donc sur un laps de temps réduit à quelques semaines autour du mois de juin. Il en résulte plusieurs contraintes :

- disposer d'un cheptel de béliers d'IA vivants en adéquation avec la demande en IA ;
- les béliers doivent être prêts pour une production de semence au printemps, alors que la saison sexuelle normale est à l'automne. Ils doivent donc être préparés grâce à des traitements photopériodiques ou des implants de mélatonine mimant les jours courts, et à une alimentation adaptée ;
- l'impossibilité pour les éleveurs de choisir les béliers. Contrairement à la filière bovine, ce sont les CIA qui décident des accouplements en fonction de la production de semence et des béliers collectés chaque jour, en équilibrant le niveau génétique des bonbonnes de paillettes entre élevages d'une même catégorie (sélectionneurs ou utilisateurs).

Pour caractériser la saisonnalité de la campagne de lutte, des comptages d'IA par semaine ont été réalisés pour les campagnes 2008 à 2011.

Quelle que soit la race, on observe clairement un « pic » d'IA d'environ 2-3 semaines aux mois de mai - juin qui traduit une forte saisonnalité de la demande en IA, donc de la période de reproduction (**Figure 6**). Dans le cas des ROLP, les 3 semaines de pic (semaines 21 à 23 en BB et 22 à 24 en MTR et MTN) représentent à elles seules plus de 60% de la campagne de lutte. Le centre d'insémination doit alors faire face à des semaines où la demande avoisine les 20 000 IA toutes ROLP confondues (**Tableau 3**). Pour répondre à la demande sur les 3 semaines de pic, le CIA doit alors passer à 6 jours de collecte par semaine contre 1 à 4 hors pic.

En race Lacaune, la campagne est nettement plus étalée (surtout avril à août, soit cinq mois) avec près de 40% des IA réalisées pendant les 3 semaines de pic (semaines 22 à 24). Là encore, la demande avoisine les 25 000 IA sur la semaine de pic et les ES doivent ainsi réaliser jusqu'à 5 000 IA par jour. Comme en ROLP, les semaines de pic imposent 6 jours de collecte par semaine, contre 3 à 5 hors pic. De plus, l'étude comparée des campagnes 2008 à 2011 indique une tendance à la baisse et à l'étalement du pic. Cette observation traduit une volonté des éleveurs de la filière d'étaler la production laitière pour répondre à la demande des industriels. De ce fait, la demande d'IA au pic ne devrait pas augmenter dans les prochaines années : **on peut donc tabler sur le nombre actuel d'IA pendant la semaine de pic, soit 20 à 25 000 IA par ES, pour établir les scénarios génomiques**.

On remarquera que l'impact de l'IA est beaucoup plus important en Lacaune que pour les ROLP (où la monte naturelle est encore répandue), tant du point de vue des sélectionneurs (82% d'IA en LL *vs* 50% pour les ROLP) que des utilisateurs (environ 50% d'IA en LL *vs* 10% pour les ROLP). Concernant la répartition des IA entre CLO et CLS, 60 à 70% des IA réalisées sont en CLO dans les Pyrénées-Atlantiques contre environ 30% dans le Rayon de Roquefort (**Tableau 3**).

Compte tenu de l'importance de la demande en IA au pic (plus de 20 000 IA à assurer sur la semaine), **le haras de béliers nécessaire dans un schéma génomique devra être calibré pour permettre le passage de la semaine de pic** dans l'hypothèse où ce dernier restera le même dans les années à venir.

Actuellement, tous les béliers ne sont pas utilisés de la même façon, selon la valeur de leur ISOL et de son degré de précision. Il s'agit donc de décrire précisément ces catégories.

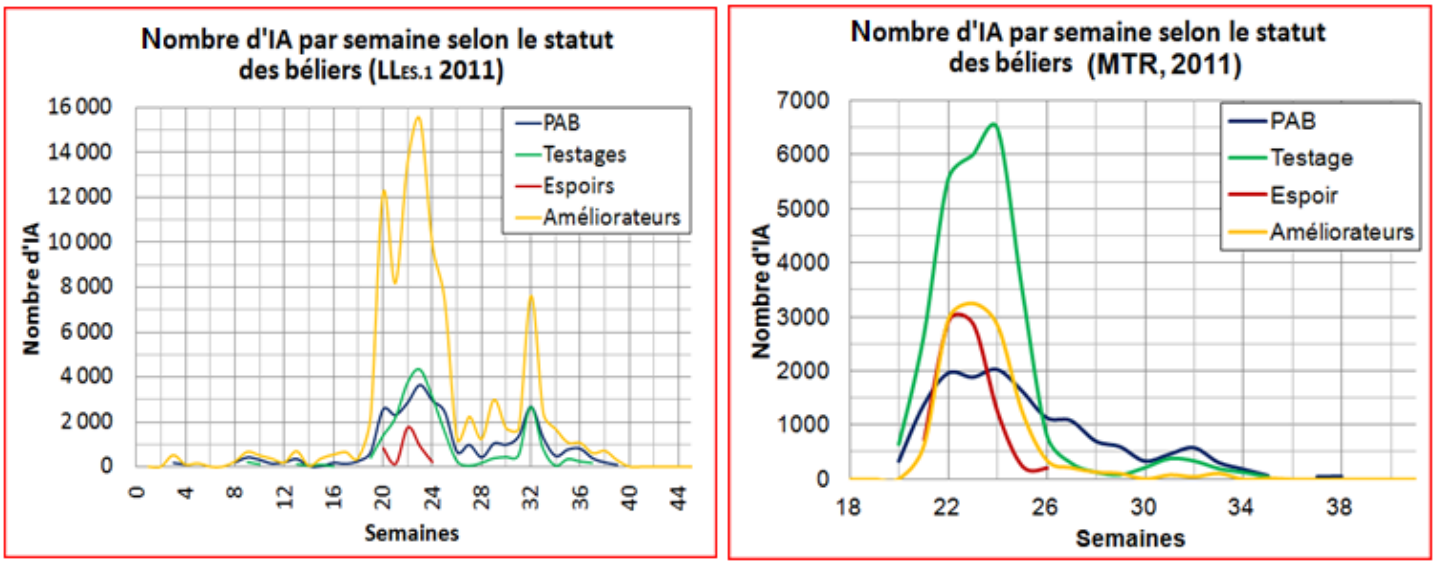


Figure 7: Evolution du nombre d'IA au cours de l'année selon le statut des béliers, en race Lacaune lait (ES.1, à gauche) ou en race Manech Tête Rousse (Ordiarp, à droite)

Tableau 4: Nombre d'IA réalisées en 2011 par chaque groupe de béliers dans les différentes races / ES étudiées.

	LLES.1	LLES.2	BB	MTN	MTR
PAB	33 488 *(20%)*	43 807 *(21%)*	5 436 *(35%)*	1 453 *(19%)*	14 650 *(24%)*
Améliorateurs	100 992 *(62%)*	134 696 *(63%)*	1 259 *(8%)*	1 358 *(18%)*	11 953 *(19%)*
Testages	23 979 *(15%)*	17 005 *(8%)* *	7 039 *(46%)*	3 663 *(47%)*	27 326 *(44%)*
Espoirs	4 165 *(3%)*	?	1 672 *(11%)*	1 249 *(16%)*	8 175 *(13%)*
Statut non renseigné	246	17 070 *(8%)* **	-	-	-
TOTAL	**162 870**	**212 578**	**15 406**	**7 723**	**62 04**

*** IA d'agneaux uniquement**
**** IA de testage en antenais et IA d'espoirs**

3. UNE GESTION DES BELIERS DEPENDANTE DE LEUR STATUT GENETIQUE

Quelle que soit l'ES ou la race, les béliers se voient attribuer chaque année un statut génétique en fonction de la valeur et la précision de leur index, un reclassement ayant lieu à chaque indexation. On distingue ainsi :

- **les mâles pas encore connus sur descendance :**
  - **les testages**, qui sont les agneaux (6 mois) ou antenais (un an et demi) en cours de testage sur descendance. Le nombre d'IA réalisées par ces derniers doit permettre d'atteindre le seuil de 25-40 filles en lactation à 2,5 ou 3,5 ans. En Lacaune, l'essentiel du testage est réalisé en agneau (80 à 95% des cas). En revanche, en ROLP, le testage apparait difficile en agneau (précocité sexuelle plus tardive, difficulté à collecter, mauvaise semence) et s'étale sur 2 voire 3 années. Compte tenu des paramètres démographiques, l'optimisation des schémas de sélection actuels avait en effet fixé à 50% et 60% le taux d'IA testage respectivement en race Lacaune (**Barillet, 1997**) et pour les ROLP. C'est pourquoi les mâles de testage ne sont utilisés que sur des femelles non MAB du noyau de sélection ;
  - **les mâles en attente d'index**, qui ont terminé le testage. Une partie d'entre eux peut réaliser des IA hors noyau, ils sont alors qualifiés d'**espoirs**. Afin de minimiser les risques de diffusion des moins bons de la série, en attente de leur index sur descendance et donc de leur classement individuel, leur usage et leur production de semence est volontairement limitée. Par exemple, à Ovitest, il n'y a pas plus de 13 IA espoir par troupeau (communication de Patrick Boulenc). Le choix de ces espoirs parmi l'ensemble des mâles en attente d'index est basé sur deux critères : la production de semence et l'index sur ascendance ;
- **les mâles connus sur descendance (2,5 ans ou plus) :**
  - **les PAB**, ou béliers élites, sont ceux dont l'ISOL est le plus élevé (ISOL>250). Ils sont utilisés majoritairement dans le noyau de sélection, prioritairement pour les accouplements raisonnés avec les MAB, en vue de fournir les futurs béliers d'IA. Le choix des PAB est établi par famille afin de gérer au mieux la variabilité génétique de la population
  - **les améliorateurs, ou PAF**, qui sont utilisés majoritairement pour les IA hors noyau, c'est-à-dire pour les IA de diffusion. Leur index est généralement moins élevé que celui des PAB. Ils sont classés en sous-catégories selon leur niveau génétique d'ISOL.

On a cherché ici à décrire précisément l'utilisation des béliers selon leur statut tout au long de la campagne. L'organisation par statut étant sensiblement la même dans les deux ES Lacaune d'une part, et pour les trois ROLP d'autre part, seule une courbe par bassin sera présentée : la LLES.1 pour le Rayon de Roquefort et la MTR pour les P-A (**Figure 7, Tableau 4**).

La première différence majeure entre les deux bassins concerne la gestion des testages et des PAB. Dans le Rayon, ces deux catégories de béliers réalisent respectivement 15% et 20% des IA de la campagne et le nombre d'IA réalisées chaque semaine au pic par chacun de ces deux groupes est sensiblement le même. Si on s'intéresse plus particulièrement aux IA en CLO, on s'aperçoit que la répartition est de l'ordre de 50% IA testage - 50% IA PAB. En revanche, dans les Pyrénées, les testages réalisent environ 45% des IA de la campagne, contre 20 à 35% pour les PAB selon les races, soit, dans le CLO, environ 60% IA testage - 40% IA améliorateurs et PAB. La répartition des IA entre testages et PAB est donc très proche de l'optimum.

Concernant les espoirs, on distingue deux logiques très différentes. En race Lacaune, ces béliers espoirs réalisent très peu d'IA (3% en 2008 et 2011, moins de 1% en 2009 et 2010) et sont utilisés uniquement au pic.

Tableau 5: Nombre de béliers utilisés par statut dans chacune des races / ES étudiées (année 2011)

	LLES.1	LLES.2	BB	MTN	MTR
PAB	29	29	20	10	30
Améliorateurs	204	203	16	18	74
Testages	236	226	79	48	191
Espoirs	28	?	17	22	83
Statut non renseigné	20	253 *	-	-	-
TOTAL utile	**517**	**711**	**132**	**98**	**378**

*** Ces béliers correspondent à des testages et espoirs**

Tableau 6: Nombre moyen d'IA par collecte et par groupe de béliers (noir) et nombre moyen d'IA par béliers (vert), sur l'année ou la semaine de pic, pour chacune des races ou ES étudiées (campagne 2011)

	LLES.1		LLES.2		BB		MTN		MTR	
	Année	**Pic**	**Année**	**Pic**	**Année**	**Pic**	**Année**	**Pic**	**Année**	**Pic**
PAB	**32,7 ±6,4** **1155 ±318**	**40,3 ±10,3** **127 ±45**	**20,9 ±3,1** **1510 ±607**	**20,8 ±4,0** **107 ±32**	**13,3 ±2,3** **272 ±135**	**19,3 ±7,1** **51 ±27**	**9,1 ±3,1** **145 ±100**	**11,0 ±6,3** **35 ±28**	**17,6 ±4,6** **493 ±180**	**23,3 ±7,9** **70 ±24**
Amélio.	**27,2 ±8,8** **495 ±381**	**31 ±11,5** **91 ±56**	**19,3 ±4,3** **664 ±524**	**20,3 ±4,8** **89 ±40**	**9,7 ±3,1** **79 ±98**	**11,3 ±4,3** **22 ±17**	**9,7 ±3,0** **77 ±71**	**10,5 ±4,3** **25 ±18**	**16,6 ±5,5** **162 ±109**	**18,7 ±6,6** **48 ±24**
Testage	**10,5 ±2,9** **101 ± 35**	**11,2 ±4,9** **27 ±15**	**11,1 ±2,3** **75 ±29**	**11,0 ±3,2** **16 ±9**	**9,7 ±4,1** **89 ±61**	**12,3 ±6,1** **26 ±15**	**9,8 ±3,7** **77 ±45**	**10,6 ±4,7** **26 ±14**	**11,8 ±3,5** **144 ±78**	**14,7 ±5,7** **38 ±17**
Espoir	**25,1 ±7,3** **149 ±67**	**27,4 ±8,7** **48 ±32**	**?**	**?**	**10,4 ±2,3** **98 ±49**	**9,9 ±4,3** **21 ±11**	**8,8 ±3,5** **58 ±47**	**9,2 ±4,5** **20 ±12**	**16,6 ±5,2** **99 ±57**	**16,1 ±7,5** **28 ±19**

Les campagnes 2008 et 2011 apparaissent comme exceptionnelles : fortes chaleurs dans un cas, conséquences d'un épisode de Border Disease dans l'autre. Les espoirs servent donc de variable d'ajustement pour répondre à la demande au pic lors d'années difficiles. En effet, les ES Lacaune préfèrent utiliser les mâles connus sur descendance plutôt que les antenais en attente de leur index sur descendance. Pour les ROLP en revanche, l'utilisation des espoirs est systématique (10 à 15% des IA selon la race) et s'étale sur une période presque aussi longue que celle des améliorateurs. Les IA hors CLO étant peu développées, le CDEO a choisi d'utiliser les béliers espoirs afin de limiter le nombre d'améliorateurs à entretenir sur le centre. De cette façon, un plus grand nombre de béliers présents sur le CIA est utilisé et les coûts de fonctionnement sont réduits. **Dans le Rayon, la gestion des espoirs est donc liée à la valeur et la précision de leur index ISOL, alors qu'en ROLP, elle suit une logique économique. Dans l'optique d'un schéma génomique, la réduction du cheptel d'IA sera donc plus limitée dans les Pyrénées-Atlantiques et le surcoût engendré par les génotypages sera peut-être moins facile à compenser qu'en race Lacaune.**

Enfin, **dans le Rayon, les améliorateurs sont les béliers qui diffusent le plus** : ≈62% des IA de la campagne. **Pour les ROLP, compte tenu de l'impact modéré de l'IA hors du noyau de sélection (environ deux fois moins d'IA hors noyau de sélection que intra noyau), leur utilisation est moindre** (<20%). En effet, dans l'ES Lacaune, compte tenu de l'importance du CLS (1,5 à 2 fois plus d'IA hors du noyau de sélection que dans le noyau), les IA hors testage du noyau sont réalisées quasi exclusivement avec les PAB qui sont donc également des PAF. Chez les utilisateurs, les IA sont réalisées principalement avec des béliers améliorateurs non PAB. En ROLP en revanche, les IA d'améliorateurs intra noyau sont réalisées pour partie avec des PAB et pour partie avec des améliorateurs, tandis que hors noyau, les IA sont réalisées à 30% par des améliorateurs et à 70% par les espoirs. L'analyse détaillée des IA d'améliorateurs (non présentée ici) a permis d'observer une utilisation différente selon leur niveau génétique. Ainsi, les meilleurs améliorateurs sont utilisés toute l'année, comme les PAB, tandis que les moins bons ne sont utilisés que pour permettre le passage du pic.

Il apparait donc que la gestion des béliers n'est pas du tout la même dans les deux bassins de production et qu'elle est dépendante de leur statut génétique. Cependant, ces résultats doivent être ramenés au nombre de béliers dans chacun des groupes pour déterminer les capacités de production de semence des différents béliers.

4. UNE PRODUCTION DE SEMENCE BRIDEE PAR LE STATUT GENETIQUE DU BELIER

Si on compare maintenant le nombre de béliers utilisés au nombre d'IA réalisées, on s'aperçoit que les productions de semences varient fortement selon le statut du bélier (**Tableaux 4 et 5**). En effet, en LLES.1, alors que 236 testages réalisent 15% des IA, on observe que 29 PAB en assurent 20%. En LLES.2, compte tenu des données disponibles, il est possible d'aboutir aux mêmes conclusions. Pour les ROLP, les testages font 1,3 à 2,5 fois plus d'IA que les PAB en étant 4 à 6 fois plus nombreux qu'eux. **Les capacités de production de semence des testages semblent donc limitées en comparaison aux PAB**.

De la même façon, environ 200 améliorateurs Lacaune réalisent près de 60% des IA alors que 30 PAB suffisent à en assurer 20%. Les tendances observées sont les mêmes pour les ROLP. **La production de semence des améliorateurs est donc moins importante que celle des PAB, tout en étant meilleure que celle des testages**.

Ces observations attestent d'une utilisation des béliers dépendante de leur statut génétique. Pour préciser ces différences, le nombre moyen d'IA par jour de collecte et par bélier (en noir) et le nombre moyen d'IA par bélier (en vert) ont été calculés pour chaque statut, au pic ou sur l'année. Les résultats sont présentés dans le **Tableau 6**.

En LL, un PAB réalise en moyenne 107 à 127 IA au pic selon l'ES contre environ 90 pour un améliorateur (soit 1,1 à 1,3 fois plus de paillettes au saut), Dans le cas des ROLP, on retrouve les mêmes tendances : les PAB produisent en moyenne 1,3 à 1,7 fois plus de paillettes que les améliorateurs. Les différences sont cependant moins marquées dans les Pyrénées-Atlantiques en raison des contraintes propres aux ROLP (difficultés de collecte, nécessité d'entraîner les béliers à sauter tout au long de l'année, problèmes de qualité de semence). **L'analyse détaillée de la production de semence des améliorateurs indique de fortes disparités selon leur niveau génétique** : les meilleurs améliorateurs, très utilisés, présentent une production de semence semblable à celle des PAB tandis que les moins bons en termes d'ISOL, utilisés pour le passage du pic, ne produisent pas plus qu'un espoir. En revanche, quelque soit leur statut, on n'observe **pas de pertes de production liées à l'âge**. Les PAB étant tous utilisés au pic et présentant les meilleures productions de semence, on peut conclure qu'ils sont utilisés au maximum de leur capacité. Concernant les améliorateurs, la production apparait artificiellement bridée puisque les meilleurs améliorateurs sont capables de produire autant de paillettes par saut que les PAB alors que les moins bons sont très peu utilisés et produisent peu de paillettes par collecte.

Les testages Lacaune réalisent quant à eux moins de 30 IA sur la semaine de pic, c'est-à-dire une dizaine de paillettes par collecte (soit 2 à 4 fois moins qu'un PAB). En ROLP, le nombre de paillettes produites par saut est sensiblement le même qu'en Lacaune, bien que les écarts par rapport aux PAB et améliorateurs soit moins importants. **Les testages apparaissent donc comme peu producteurs de paillettes**. Deux hypothèses peuvent expliquer cette observation :

- **Soit les béliers sont trop jeunes au moment de l'IA :** ils n'ont pas encore lancé leur libido et sont bridés par leurs capacités physiologiques (volume d'éjaculat, qualité de semence et nombre de sauts réduits en raison de leur faible libido). Compte tenu de leur jeune âge, ils n'ont pas non plus suivi un entrainement aussi maitrisé que les adultes et sont donc moins bien préparés. Pour les ROLP, où le testage peut se poursuivre jusqu'à 2,5 ans, on observe une augmentation du nombre moyen d'IA par collecte et par bélier de testage au pic. Cette observation témoigne en faveur d'un effet de l'âge sur la production de semence.
- **Soit les testages sont volontairement bridés**. En effet, n'étant connus que sur ascendance, la précision de l'index est faible (0,2 – 0,3). Leur production de semence est donc freinée de manière à ne pas dépasser le quota de testage (100 à 120 IA), c'est-à-dire à faire juste assez de filles de testage pour permettre le classement individuel des béliers et la sélection des PAF et des PAB. On peut donc s'interroger sur les capacités des agneaux en absence de bridage.

Les données concernant les espoirs ne permettent pas de déterminer leurs capacités de production de semence. En effet, ils sont très peu utilisés dans le Rayon, ou sur des périodes relativement courtes quelque soit le bassin de production. Ils sont donc peu entrainés et leur préparation reste incomplète. Enfin, ils sont limités à la fois par leur âge et leur statut génétique. **Les données concernant les espoirs sont donc très parcellaires et devront impérativement être enrichies avant le passage à la SG**. La seule solution consisterait à expérimenter la production de semence d'antenais qui ne seraient pas bridés.

On constate une différence significative entre les deux ES Lacaune au pic : dans l'une la production de paillettes par collecte est nettement augmentée (+1/3 environ pour les PAB) alors qu'elle se maintient au niveau annuel dans l'autre. En effet, dans l'ES.1, les paillettes peuvent être diluées plus fortement (1Md spz/mL contre 1,4 à 1,6 normalement) selon la qualité de la semence (motilité et concentration). Cette dilution s'applique à tous les béliers répondant aux critères de qualité requis. L'ES.1 utilise également des ½ paillettes (remplies uniquement à 60%) sur les semences des PAB et des meilleurs améliorateurs, sous réserve qu'ils présentent de bons résultats de fertilité aux campagnes précédentes ainsi qu'une très bonne motilité.

De plus, bien que la production de paillettes par collecte soit plus faible dans l'ES.2 (2 fois moins importante au pic), le nombre d'IA moyen au pic n'est que 15% plus faible que dans l'ES.1 en raison des pratiques des deux ES : les béliers ne sont collectés que tous les deux jours dans l'ES.1 contre tous les jours dans l'ES.2 (comme pour les ROLP). **Les techniques de préparation des béliers et des paillettes propres à chaque ES ont donc un impact non négligeable sur le nombre d'IA réalisées par mâle**.

Dans l'optique du passage à la génomique et de l'objectif de réduction du cheptel de béliers d'IA, on souhaite optimiser l'utilisation des béliers en les poussant tous au maximum de leurs capacités de diffusion, comme c'est le cas actuellement pour les PAB. Une discussion avec les différentes ES a donc été menée pour vérifier avec eux la concordance de nos résultats et conclusions avec leur connaissance de terrain et discuter des capacités de production de semence.

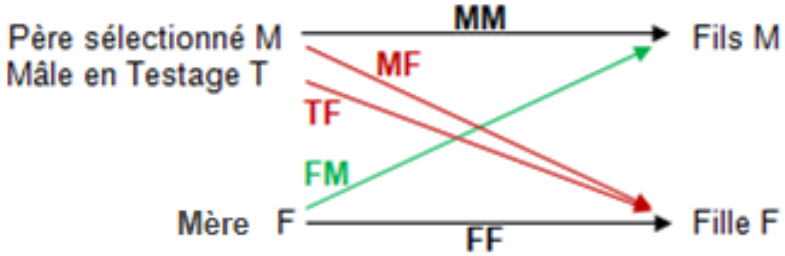
Les conclusions exposées précédemment ont été validées par les différentes ES. De plus, selon les responsables des ES, **tous les béliers adultes sont susceptibles d'atteindre le niveau des PAB à condition d'être préparés de la même manière**. En revanche, les testages ne pourront en aucun cas produire plus de semence qu'ils ne le font aujourd'hui puisqu'ils sont trop jeunes et loin de leur maturité sexuelle. Enfin, **le cas des espoirs est plus délicat : l'étude du nombre de doses par collecte au pic et les discussions avec les ES laissent supposer qu'ils pourraient atteindre 90% de la production d'un adulte**. Cependant, ces espoirs ne sont utilisés qu'au pic, sur une période très courte (2 à 4 semaines). A l'heure actuelle, on ne sait pas s'ils seraient capables de maintenir une telle production de semence sur une campagne complète.

Compte tenu des contraintes de temps, l'utilisation des paramètres physiologiques pour l'étude des différents scénarios génomiques n'a pu être menée entièrement que pour une seule race, la Lacaune, race la plus à même de basculer en SG du fait de l'efficacité de ses schémas de sélection et de la taille de sa population de référence. Pour l'instant, notre choix s'est portée sur l'ES.1 car toutes les données nécessaires à la deuxième partie de l'étude étaient disponibles immédiatement. La deuxième partie du travail pour l'ES.2 et les ROLP constituera donc une suite à venir après ce travail de stage.

II. MODELISATION DE SCHEMAS DE SELECTION CLASSIQUE ET GENOMIQUE : CAS DE L'ENTREPRISE DE SELECTION LACAUNE LAIT 1

1. METHODE DE CALCUL DU PROGRES GENETIQUE ANNUEL

Tout d'abord, l'estimation du progrès génétique annuel est établie à partir des quatre voies de transmissions des gènes : père-fils (MM), père-fille, mère-fils (FM) et mère-fille (FF) (**Elsen *et al.*, 1977**). Dans le cas d'un schéma OL, avec testage sur descendance par IA, la voie père-fille se décompose en deux : la voie mâle améliorateur-fille MF et la voie mâle en testage-fille (TF).



Le progrès génétique annuel se calcule donc de la façon suivante (Lindhe, 1968) :

$$\Delta G/an = \frac{\Delta_{MM} + u\Delta_{TF} + (1-u)\Delta_{MF} + \Delta_{FM} + \Delta_{FF}}{L_{MM} + uL_{TF} + (1-u)L_{MF} + L_{FM} + L_{FF}}$$

Avec :

- L l'intervalle entre générations pour chaque voie de transmission de gènes, c'est-à-dire l'âge moyen des parents au moment de la naissance de leurs descendants qui seront candidats à la sélection. Dans le cas des LLES.1, les agneaux sont mis en testage à 6 mois. Ils ont donc 1 an à la naissance de leurs filles, d'où $\mathbf{L_{TF} = 1}$.

Pour les béliers de 2,5 ans et plus, il est important de prendre en compte la contribution de chaque génération dans le calcul de l'intervalle entre générations. On a donc :

$$\mathbf{L} = \frac{\sum_{\text{âge k}} \alpha_k L_k}{\sum_{\text{âge k}} \alpha_k} \quad \text{avec} \quad \boldsymbol{\alpha_k} = \frac{\textbf{Nombre de béliers retenus d'âge k}}{\textbf{Nombre total de béliers retenus}}$$

- u la proportion de mâles en testage dans le noyau, soit ici **u=0,5** en race Lacaune.

- Δ la supériorité génétique moyenne des reproducteurs retenus par rapport aux candidats disponibles pour chaque voie considérée :

$$\Delta = \mathrm{R} \,.\, \mathrm{i} \,.\, \sigma_G = \sqrt{\mathrm{CD}} \,.\, \mathrm{i} \,.\, \sigma_G$$

  - R : corrélation entre l'index et la valeur génétique;
  - i : intensité de sélection (en unité d'écart-type pour le caractère considéré) ;
  - σ_G : écart-type génétique pour le caractère considéré.

Là encore, il est important de prendre en compte les générations chevauchantes en pondérant les résultats de toutes les classes d'âges en fonction de leur contribution α :

$$\Delta = \frac{\sum_{\text{âge k}} \alpha_k R_k i_k \sigma_G}{\sum_{\text{âge k}} \alpha_k}$$

De plus, le choix des agneaux mis en testage ne s'effectue que sur standard et critères morphologiques, l'ISOL n'intervient pas. Il n'y a donc aucune supériorité des agneaux mis en testage par rapport à l'ensemble des candidats disponibles entrés en CE, d'où Δ_{TF} **= 0**.

Nous faisons par ailleurs l'hypothèse que seules les voies MM et MF sont affectées par le passage à la SG. En effet, en l'absence de génotypage de femelles (actuellement trop coûteux), la voie FF n'est pas affectée par la SG. Quant à la voie FM, nous admettons que le nombre de mâles à recruter pour le génotypage SNP avant 3 mois est compatible avec le nombre actuel de MAB et faisons donc l'hypothèse que le Δ_{FM} ne sera pas modifié. Or, dans le schéma classique, les Δ_{FF}, Δ_{FM}, L_{FF} et L_{FM} sont estimés et stables au cours des dernières années. On a donc utilisé comme constantes les valeurs observées dans le schéma classique, à savoir : Δ_{FM} **+** Δ_{FF} **= 0,79 + 0,09 = 0,88 unités d'écart-type génétique** et L_{FM} **+** L_{FF} **= 3,2 + 3,5 = 6,67 ans** (**CR CNBL 2012**).

La formule utilisée pour le calcul du progrès génétique annuel du schéma classique Lacaune est donc la suivante :

$$\Delta G/an = \frac{\Delta_{MM} + 0,5.\Delta_{MF} + 0,88}{L_{MM} + 0,5 + 0,5.L_{MF} + 6,67}$$

Avec nos hypothèses actuelles de modélisation, seules les voies MF et MM sont affectées par le passage de la sélection classique à la SG.

Tableau 7: Etude du schéma actuel LLES.1 pour les voies MM et MF

Avec α=contribution de la classe d'âge au progrès génétique=Retenus/Total des Retenus ; diff=$isol_{moy}$ des retenus de la classe d'âge – $isol_{moy}$ des candidats ; L=intervalle de génération pour la classe d'âge ; i_{diff}=Intensité de sélection calculé à partir de la différentielle=diff/écart-type génétique d'ISOL ; R=corrélation entre l'index et la valeur génétique et i_{tronc}=intensité de sélection obtenue à partir de p (tables)

	Age des béliers	Béliers Retenus	Total de retenus	α	diff	L	i_{diff}	R	Nombre de Candidats	$p = \frac{\text{Retenus}}{\text{Candidats}}$	i_{tronc}
Voie Père-Fils (MM)											
2008	2,5	15	32	0,47	347,14	3	**1,24**	0,86	219	0,068	**1,931**
	3,5	11	32	0,34	513,82	4	**1,84**	0,92	218	0,050	**2,063**
	4,5	2	32	0,06	685,63	5	**2,45**	1,06	211	0,009	**2,701**
	5,5	2	32	0,06	504,90	6	**1,80**	1,08	237	0,008	**2,740**
	6,5	1	32	0,03	783,89	7	**2,80**	1,08	233	0,004	**2,962**
	7,5	1	32	0,03	758,53	8	**2,71**	1,08	207	0,005	**2,892**
2009	2,5	19	41	0,46	391,34	3	**1,40**	0,87	222	0,086	**1,825**
	3,5	13	41	0,32	388,80	4	**1,39**	0,90	219	0,059	**1,993**
	4,5	6	41	0,15	562,63	5	**2,01**	1,04	218	0,028	**2,295**
	5,5	1	41	0,02	612,52	6	**2,19**	1,07	211	0,005	**2,892**
	6,5	1	41	0,02	550,50	7	**1,97**	1,08	237	0,004	**2,962**
	7,5	1	41	0,02	781,71	8	**2,79**	1,08	233	0,004	**2,962**
2010	2,5	22	38	0,58	367,91	3	**1,31**	0,87	196	0,112	**1,701**
	3,5	9	38	0,24	473,02	4	**1,69**	0,93	222	0,041	**2,144**
	4,5	6	38	0,16	473,60	5	**1,69**	1,02	219	0,027	**2,309**
	5,5	1	38	0,03	564,74	6	**2,02**	1,08	218	0,005	**2,892**
Voie Père-Fille (MF)											
2008	2,5	15	32	0,47	364,10	3	**1,30**	0,85	219	0,068	**1,931**
	3,5	11	32	0,34	502,47	4	**1,79**	0,92	218	0,050	**2,063**
	4,5	2	32	0,06	719,84	5	**2,57**	1,06	211	0,009	**2,701**
	5,5	2	32	0,06	504,90	6	**1,80**	1,08	237	0,008	**2,740**
	6,5	1	32	0,03	783,89	7	**2,80**	1,08	233	0,004	**2,962**
	7,5	1	32	0,03	758,53	8	**2,71**	1,08	207	0,005	**2,892**
2009	2,5	19	41	0,46	372,12	3	**1,33**	0,86	222	0,086	**1,825**
	3,5	13	41	0,32	393,83	4	**1,41**	0,90	219	0,059	**1,993**
	4,5	6	41	0,15	564,93	5	**2,02**	1,04	218	0,028	**2,295**
	5,5	1	41	0,02	612,52	6	**2,19**	1,07	211	0,005	**2,892**
	6,5	1	41	0,02	550,50	7	**1,97**	1,08	237	0,004	**2,962**
	7,5	1	41	0,02	781,71	8	**2,79**	1,08	233	0,004	**2,962**
2010	2,5	22	38	0,58	388,97	3	**1,39**	0,87	196	0,112	**1,701**
	3,5	9	38	0,24	507,87	4	**1,81**	0,93	222	0,041	**2,144**
	4,5	6	38	0,16	468,34	5	**1,67**	1,02	219	0,027	**2,309**
	5,5	1	38	0,03	564,74	6	**2,02**	1,08	218	0,005	**2,892**

Tableau 8: Calcul du progrès génétique annuel pour le schéma actuel LLES.1 (années 2008 à 2010)

∑ αL=Intervalle de génération ; ∑ αR=Précision ; ∑ αi=intensité de sélection calculée par la méthode différentielle (diff) ou par troncature (tronc) ; Δ=supériorité génétique des candidats retenus pour chaque des voies ; ΔG= gain génétique annuel (en unité d'écart-type d'ISOL)

		Σ(αL)	Σ(αR)	$\Sigma(\alpha i)_{diff}$	Δ_{diff}	$\Sigma(\alpha i)_{tronc}$	Δ_{tronc}
Voie MM	**2008**	3,94	0,92	1,65	1,55	2,14	1,99
	2009	3,90	0,92	1,55	1,45	2,03	1,88
	2010	3,63	0,91	1,48	1,36	1,93	1,78
Voie MF	**2008**	2,47	0,92	1,67	1,56	2,14	1,98
	2009	2,45	0,92	1,53	1,42	2,03	1,88
	2010	2,32	0,91	1,55	1,42	1,93	1,78

	ΔG_{diff}	ΔG_{tronc}
2008	0,26	0,31
2009	0,25	0,30
2010	0,25	0,30

2. CALCUL DU PROGRES GENETIQUE ANNUEL DU SCHEMA ACTUEL

Pour permettre l'estimation du progrès génétique annuel (calculée selon un modèle déterministe appliqué aux élevages du noyau de sélection), quatre nouveaux fichiers d'études ont été mobilisés pour chaque campagne étudiée (2008 – 2010) :

- Le premier inclut les index et nombre de filles moyen de la population de béliers candidats, c'est-à-dire de l'ensemble de la cohorte mise en testage, pour chaque millésime concerné pour les campagnes 2008 à 2010 ;
- Le deuxième contient les index, CD et nombre de filles moyen de la population de PAF utilisés, par millésime et campagne considérée;
- Le troisième comporte les index, CD et nombre de filles moyen de l'ensemble des PAB effectivement choisis, par millésime et par campagne. Les moyennes des index sont pondérées par la contribution de chaque PAB, c'est-à-dire par le nombre de fils entrés au CIA à la campagne suivante ;
- Le dernier fichier correspond aux calculs des différentielles de sélection et de CD moyen de l'ensemble des retenus, par millésime et par campagne pour les deux voies étudiées (MM et MF), avec la différentielle de sélection S qui est égale à :

$$\mathbf{S = isol_{moyen}\ (béliers\ retenus) - \ isol_{moyen}\ (béliers\ candidats)}$$

Les résultats obtenus sont présentés dans le **Tableau 7**. Pour chaque classe d'âge et chaque voie étudiée, on comptabilise le nombre de béliers retenus et on calcule la contribution α de la classe d'âge au progrès génétique annuel. On remarque qu'environ 80% des béliers retenus ont 2,5 ou 3,5 ans, et que l'ES a évolué entre 2008 et 2010 pour limiter l'utilisation des béliers de plus de 5 ans. Par ailleurs, comme les seuls PAF de 2,5 ans utilisés dans le noyau sont les PAB, le nombre de béliers retenus et les contributions de chaque classe d'âge sont les mêmes pour les voies MM et MF. Les intervalles entre générations et les corrélations entre l'index et la valeur génétique sont également identiques pour les deux voies. En revanche, les différentielles de sélection varient car les pondérations utilisées dans les calculs d'ISOL ne sont pas les mêmes selon les voies.

Deux valeurs d'intensité de sélection (i) sont présentées dans ce **Tableau 7**, obtenues, soit à partir des calculs de différentielles S (i_{diff}), soit par simple calcul de troncature (i_{tronc}). En effet, pour le schéma actuel, il est possible de calculer l'intensité de sélection vraie à partir des différentielles de sélection observées, avec :

$$i_{diff} = \frac{\text{différentielle de sélection}}{\text{écart type génétique de l'ISOL}}$$

En revanche, pour modéliser un schéma de sélection génomique, la seule approche déterministe mise en œuvre ne nous permet pas de calculer les différentielles de sélection, mais uniquement de déterminer de façon démographique les taux de sélection p par simple troncature. La relation entre intensité i et taux de sélection appliqué p est donnée par les tables de Pearson (1931) (cf. **Annexe VI**).

$$p = \frac{\text{Béliers retenus pour la reproduction}}{\text{Béliers candidats pour la reproduction}}$$

Aussi, pour permettre la comparaison des calculs de progrès génétique pour les schémas classiques ou génomiques, on détermine aussi i_{tronc} en fonction de p pour le schéma classique.

Avec le schéma classique, il apparaît que le progrès génétique est surestimé d'environ 20% avec la méthode par troncature (**ΔG_{tronc}=0,30 σ_G (écart-type génétique) versus ΔG_{diff}=0,25 σ_G**) (cf. **Tableau 8**). En effet, par troncature, on considère que les béliers retenus correspondent strictement aux meilleurs candidats sur ISOL.

Tableau 9 : Description des béliers d'IA en schémas classique ou génomique (Lacaune Lait)
(N_0=nombre d'agneaux génomiques sélectionnés à 3 mois, m=taux de mortalité, p=taux de sélection en centre d'IA chaque année)

	163 000 IA / an, soit 25 000 IA sur la semaine de pic (dont 9 300 en CLO)	
	Schéma classique	**Schéma génomique**
6 mois	**240 "Testage"** ≈ 27 IA / agneau sur la semaine de pic IA en CLO uniquement 0,2 < CD < 0,3	**N_0 Agneaux "génomiques"** 15 à 21 IA / agneau sur la semaine de pic IA en CLO uniquement 0,4 < CD_G < 0,5
1,5 ans	**240 "Espoirs"** ≈ 50 IA / antenais sur la semaine de pic IA en CLS uniquement en cas de besoin 0,2 < CD < 0,3	**N_0.(1-m) antenais « génomiques », dont N_{1PAB}** 80 à 100 IA / antenais sur la semaine de pic IA en CLO uniquement pour les PAB, en CLS sinon 0,4 < CD_G < 0,5
2,5 ans	**115 béliers améliorateurs, dont 20 PAB** ≈ 90 IA / améliorateur et ≈ 127 / PAB sur la semaine de pic IA en CLO uniquement pour les PAB, en CLS sinon CD = 0,73	**N_0.(1-m)².p béliers améliorateurs, dont N_{2PAB}** 100 à 130 IA / bélier sur la semaine de pic IA en CLO uniquement pour les PAB, en CLS sinon CD_G = 0,73
3,5 ans	**63 béliers améliorateurs, dont 10 PAB** ≈ 90 IA / améliorateur et ≈ 127 / PAB sur la semaine de pic IA en CLO uniquement pour les PAB, en CLS sinon CD = 0,83	**N_0.(1-m)³.p² béliers améliorateurs, dont N_{3PAB}** 100 à 130 IA / bélier sur la semaine de pic IA en CLO uniquement pour les PAB, en CLS sinon CD_G = 0,83
4,5 ans	**37 béliers améliorateurs, dont 5 PAB** ≈ 90 IA / améliorateur et ≈ 127 / PAB sur la semaine de pic IA en CLO uniquement pour les PAB, en CLS sinon CD = 0,99	**N_0.(1-m)⁴.p³ béliers améliorateurs, dont N_{4PAB}** 100 à 130 IA / bélier sur la semaine de pic IA en CLO uniquement pour les PAB, en CLS sinon CD_G = 0,99
5,5 ans et plus		-

Tableau 10: Valeurs retenues pour la production de semence et le CD pour chaque scénario (Lacaune Lait, ES.1)

	Minimum		**Moyenne**		**Maximum**	
	IA au pic	**CD**	**IA au pic**	**CD**	**IA au pic**	**CD**
0,5 ans	15	0,4	18	0,45	21	0,5
1,5 ans	80		90		100	
2,5 ans	100	0,73	115	0,73	130	0,73
3,5 ans	100	0,83	115	0,83	130	0,83
4,5 ans	100	0,99	115	0,99	130	0,99

Cette approche ne tient pas compte de la gestion de la variabilité génétique, qui impose une limitation du nombre de béliers sélectionnés par famille. Le progrès génétique du schéma actuel, estimé à partir des différentielles de sélection constatées, intègre de fait les pertes de charge imputables à la gestion effective de la variabilité génétique. Estimé par différentielle de sélection à 0,25 σ_G par an, ce progrès génétique annuel est donc très proche d'un schéma classique à l'optimum (**Barillet, 1997, Barillet, 2007, CR CNBL 2012**).

La comparaison entre schémas Lacaune classique et génomique se fera sur la base de calcul par troncature, soit 0,30 σ_G pour le schéma classique.

3. MODELISATION DE SCHEMAS GENOMIQUES

a. Paramètres du modèle

Le schéma classique ayant été décrit, on cherche désormais à proposer des scénarios de schémas de SG compatibles avec la réalité de l'ES.1. On fait l'hypothèse que la demande en IA reste inchangée sur la semaine de pic et on cherche à comparer le progrès génétique annuel au ΔG de 0,30 σ_G obtenu dans le schéma classique. Les paramètres fixés grâce à l'étude du schéma classique de l'ES.1 sont rappelés dans le **Tableau 9**.

Pour mesurer l'impact sur le progrès génétique annuel, plusieurs paramètres ont été modulés. La réduction de l'intervalle entre générations est souvent le premier argument avancé en faveur de la SG. En OL, les possibilités de réduction sont plus faibles qu'en BL, c'est pourquoi seuls trois scénarios sont proposés ici. Les agneaux étant loin de leur maturité sexuelle, il est exclu de les utiliser pour faire des accouplements raisonnés. Quant aux antenais, des incertitudes existent concernant leurs capacités physiologiques pendant une campagne complète comparativement aux béliers de 2,5 ans ou plus. La viabilité d'un schéma fondé uniquement sur l'utilisation d'agneaux et d'antenais apparait donc irréaliste. Le premier scénario, **scénario 2,5**, consiste donc à n'utiliser que des béliers d'IA de 6 mois à 2,5 ans. Dans le second scénario, on ne conserve aucun bélier de plus de 3,5 ans (**scénario 3,5**) et dans le dernier modèle proposé, on ne conserve aucun bélier de plus de 4,5 ans (**scénario 4,5**). Compte tenu du schéma actuel, où les béliers ne sont pas conservés au-delà de 4,5 ou 5,5 ans, il ne semble pas judicieux de conserver des béliers de plus de 4,5 ans dans un schéma de sélection génomique car cela irait à l'encontre de la diminution de l'intervalle entre générations.

Dans chacun de ces trois scénarios, les CD_G (génomiques) et les capacités de diffusion ont été fixés à partir des connaissances acquises sur les indexations génomiques et le schéma classique, en pondérant par des discussions avec les deux ES Lacaune. Le CD_G des agneaux et antenais varie donc entre 0,4 et 0,5 (contre 0,5-0,7 en bovin laitier, d'après **Fritz *et al.*, 2010**). En revanche, le CD_G des béliers de 2,5 ans ou plus est le même qu'en sélection classique, d'où l'utilisation des valeurs observées dans le schéma actuel. La modulation du CD_G n'a de conséquence que sur le progrès génétique annuel (augmentation de ΔG avec l'augmentation du CD_G), tous les autres paramètres étant égaux par ailleurs.

On a également fait varier le nombre d'IA réalisées par bélier de manière à couvrir la gamme des possibles. Cette variation n'a d'effet que sur les effectifs de béliers nécessaires, donc sur les effectifs à génotyper N_G, sans affecter par ailleurs le progrès génétique annuel.

Connaissant les effets du CD_G et des capacités de production de semence sur le progrès annuel et le nombre de béliers à génotyper, trois cas ont été étudiés pour chaque scénario (cf. **Tableau 10**) :

- **min** : le nombre d'IA réalisées par bélier et le CD prennent les valeurs minimales retenues pour tous les béliers ;
- **moy** : on prend les valeurs moyennes d'IA réalisées et de CD pour tous les béliers ;
- **max** : on maximise la production de paillettes et les CD pour tous les béliers.

Tableau 11: Modélisations génomiques réalisées

$p \in \{1; 0{,}9; 0{,}8; 0{,}7\}$								
Scénario 2,5			Scénario 3,5			Scénario 4,5		
Min	Moy	Max	Min	Moy	Max	Min	Moy	Max
$p_G \in \{\frac{1}{2}; \frac{1}{3}; \frac{1}{4}; \frac{1}{5}; \frac{1}{10}; \frac{1}{20}\}$			$p_G \in \{\frac{1}{2}; \frac{1}{3}; \frac{1}{4}; \frac{1}{5}; \frac{1}{10}; \frac{1}{20}\}$			$p_G \in \{\frac{1}{2}; \frac{1}{3}; \frac{1}{4}; \frac{1}{5}; \frac{1}{10}; \frac{1}{20}\}$		

Pour chacun de ces cas, on fixe le taux p de béliers gardés d'une année sur l'autre au CIA à partir de l'âge de 2,5 ans, avec p ∈ {1; 0,9; 0,8; 0,7}.

.

b. Détermination du nombre de béliers nécessaires pour un schéma génomique et répartition par classes d'âges

A partir des capacités de production de semence des béliers, du taux de mortalité et du taux de sélection p appliqué en CIA chaque année à partir de 2,5 ans d'âge, on est capable de déterminer le nombre de béliers nécessaires au passage du pic. Pour cela, il suffit d'appliquer la formule suivante aux différents scénarios (cf. **Tableau 11**):

$$\mathbf{NbIA_{pic} = N_0.IA_0 + N_0.(1\text{-}m).IA_1 + N_0.(1\text{-}m)^2.IA_2.p + N_0.(1\text{-}m)^3.IA_3.p^2 + N_0.(1\text{-}m)^4.IA_4.p^3}$$

Avec :

$NbIA_{pic}$ = 25 000 (sur une semaine)

N_0 = Nombre d'agneaux génomiques

m = taux de mortalité = 4%

IA_0 = 15 – 18 – 21 selon les cas

IA_1 = 80 – 90 – 100 selon les cas

$IA_2 = IA_3 = IA_4$ = 100 – 115 – 130 selon les cas

p = taux de béliers gardés d'une année sur l'autre, pas d'élimination avant réception des index sur descendance à 2,5 ans.

On a donc : $$\mathbf{N_0 = \frac{25\,000}{IA_0 + IA_1.0{,}96 + IA_2.p_2.0{,}96^2 + IA_3.p_3.0{,}96^3 + IA_4.p_4.0{,}96^4}}$$

A partir du nombre d'agneaux génomiques N_0, il est alors possible de calculer les effectifs de béliers par classes d'âge et de connaître le nombre total d'IA réalisées par chaque groupe.

On peut également déterminer le nombre d'agneaux à génotyper N_G qui sont les candidats à la SG. Pour cela, on teste différents taux de sélection génomique p_G, avec $p_G \in \{\frac{1}{2}; \frac{1}{3}; \frac{1}{4}; \frac{1}{5}; \frac{1}{10}; \frac{1}{20}\}$, et pour chacune de ces valeurs, on en déduit N_G :

$$\mathbf{N_G = N_0 / p_G}$$

Il est important de noter ici que l'analyse économique devra impérativement prendre en compte l'élimination réalisée en CE à 5 mois (50% d'élimination sur standard et aptitudes fonctionnelles), de sorte qu'en pratique N_G devra être multiplié par deux.

c. Calcul du nombre de PAB et répartition par classes d'âges

On souhaite ici maintenir le schéma pyramidal, c'est-à-dire maintenir la supériorité des IA intra noyau par rapport aux IA hors noyau de sélection. On considère donc que les PAB sont utilisés exclusivement dans le noyau. Le nombre de PAB est alors calculé à partir du nombre d'IA à réaliser en CLO par les PAB, c'est-à-dire du nombre d'IA CLO total au pic (9 300) auquel on soustrait le nombre d'IA d'entretien de la population de référence (N_0 x IA_0). Les N_0 agneaux génomiques n'étant pas aptes physiologiquement à assurer des accouplements raisonnés comme PAB, l'option retenue est de tous les utiliser pour les IA en CLO pour entretenir la population de référence en lieu et place des IA de testage du schéma classique. Les PAB sont ensuite répartis par classes d'âge en fonction des pourcentages de béliers gardés p. On considère qu'entre 1,5 et 2,5 ans, le nombre de PAB ne change pas, mais que des reclassements sont possibles.

Toutes les informations sont donc disponibles pour calculer Δ_{MM}, Δ_{MF}, L_{MM}, L_{MF} et ΔG.

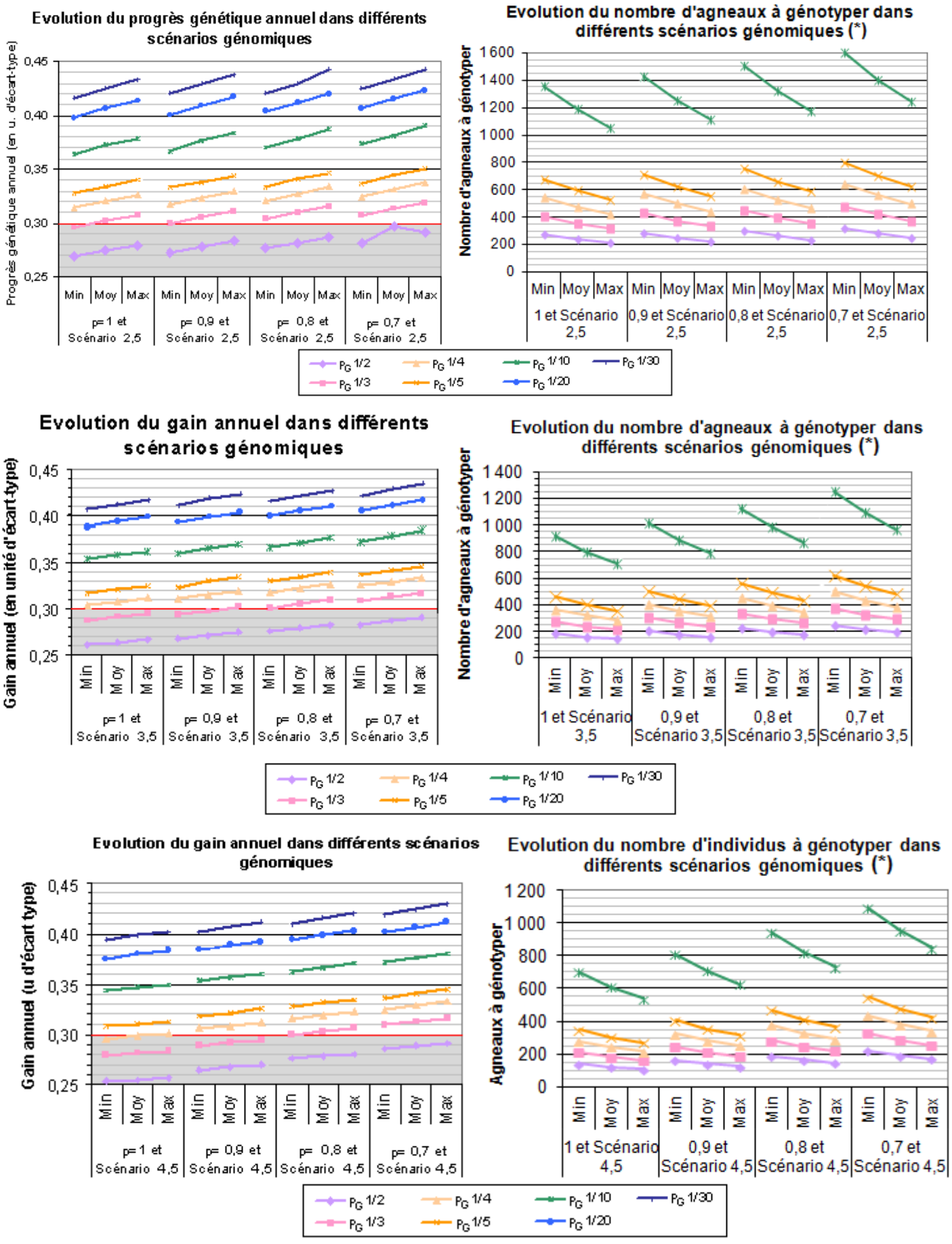


Figure 8: Evolution des gains génétiques annuels et du nombre d'agneaux à génotyper dans différents scénarios de SG (*) (race Lacaune lait, ES.1), avec p_G = pression de sélection génomique appliquée à 3 mois ; p = pression de sélection en centre d'IA, soit le % de béliers gardés d'une année sur l'autre (*) à multiplier par 2 compte tenu du taux d'élimination en CE (50%) pour causes autres que ISOL

d. Progrès génétique annuel selon divers scénarios génomiques

Les valeurs de progrès génétiques annuels et d'agneaux à génotyper obtenues dans les différents scénarios étudiés sont présentées à la **Figure 8**.

La comparaison des trois scénarios (2,5, 3,5 et 4,5) confirme l'impact de l'intervalle entre générations sur le progrès génétique : **plus l'intervalle de génération est court et plus le progrès génétique augmente**. Cependant, les différences observées restent faibles (moins de 0,03 σ_G par an entre les scénarios 2,5 et 4,5). Par exemple, pour p_G=1/4 et p=0,8 (cas moyen), le progrès génétique diminue légèrement de 0,33 σ_G dans le scénario 2,5 à 0,32 σ_G dans le scénario 4,5. En revanche, N_G est alors considérablement réduit et passe de 529 à 329 (-48%). Pour l'ensemble des scénarios étudiés, on remarque que le nombre de béliers à génotyper augmente de plus de 40% entre les scénarios 2,5 et 4,5, soit des écarts supérieurs à une centaine de béliers. En effet, plus l'intervalle entre générations est faible, plus l'effectif N_0 doit augmenter, et plus il faut génotyper de candidats. **L'impact de l'intervalle de génération est donc nettement plus important sur N_G que sur Δ_G**, donc sur le nombre de béliers présents au CIA.

Si on s'intéresse maintenant au scénario 2,5 pour p_G=1/4 (cas moyen), on observe que le progrès génétique augmente modérément avec p : on passe de 0,32 σ_G pour p=1 à 0,33 σ_G pour p=0,7. Parallèlement, N_G augmente de 475 à 560 (+18%). Cette tendance est généralisable : à intervalle entre générations donné, l'existence d'une pression de sélection p chaque année permet d'augmenter le progrès génétique annuel (jusqu'à 0,04 σ_G par an entre p=1 et p=0,7) sans que N_G n'augmente de plus de 20%. **Il peut donc être intéressant d'envisager des scénarios avec des intervalles de génération plus longs à condition de continuer à exercer des pressions de sélection p en CIA, à 2,5 ans et plus**.

Enfin, plus on augmente la pression de sélection génomique p_G (à 3 mois), plus le progrès génétique augmente : de 0,275 σ_G pour p_G=1/2, il passe à 0,334 σ_G pour p_G=1/5 dans le scénario 2,5 moyen, quand p=1. Alors que **Colleau *et al.* (2009**) mentionnent une pression de SG p_G de 1/30 pour doubler le progrès annuel en BL, les résultats obtenus en OL avec p_G=1/30 indiquent une augmentation de 30 à 50% seulement : 0,39 σ_G à 0,44 σ_G en SG versus 0,30 σ_G pour le schéma classique. Une telle tendance est cohérente avec l'efficacité moindre attendue en SG pour les OL (**cf. Partie 1 III.2.**).

Compte tenu de ces résultats, il est important de bien réfléchir aux différents scénarios génomiques possibles afin d'optimiser les schémas par rapport à la réalité de l'ES. L'obtention d'un progrès génétique annuel supérieur ou égal à 0,30 σ_G apparait techniquement possible dans plusieurs scénarios génomiques proposés :

- ✓ Dans le scénario 2,5, il suffit d'exercer une pression de sélection génomique p_G sur ISOL supérieure ou égale à 1/3 pour atteindre un gain de 0,30 σ_G, soit 300 à 350 agneaux à génotyper ;
- ✓ Dans le scénario 3,5, soit on ne sélectionne qu'un agneau génomique sur quatre génotypés (p_G>1/4), soit on peut ne garder que 1/3 d'agneaux génomiques, à condition de continuer à exercer une pression de sélection p ultérieure en CIA (au moins 20% d'élimination par an pour les béliers de plus de 2,5 ans). Le nombre d'agneaux génotypés pourrait ainsi être abaissé à 250.
- ✓ Le scénario 4,5 permettrait quant à lui de génotyper moins d'agneaux à condition de n'en garder que 1/5, ou 1/4 dans le cas où au moins 10% des béliers adultes seraient éliminés chaque année, ou 1/3 si p est supérieur à 0,8.

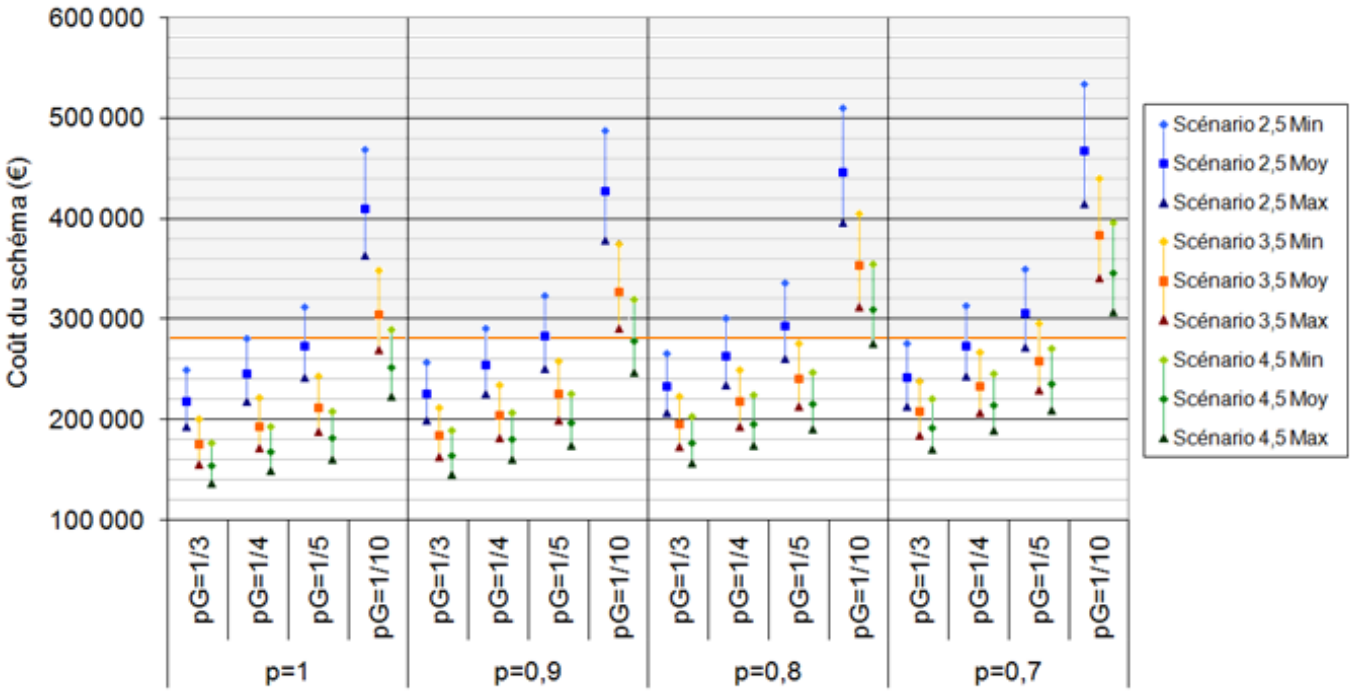


Figure 9 : Evolution des coûts du schéma pour les différents scénarios génomiques étudiés (Lacaune lait, ES.1) (p_G = pression de sélection génomique à 3 mois, p=pression de sélection exercée en centre d'IA chaque année)

Tableau 12: Nombre de béliers génomiques (N_0 à 6 mois), nombre total de béliers au centre d'IA (N_{tot}) et nombre de PAB (PAB tot) dans les différents scénarios génomiques proposés (Lacaune lait, ES.1)

		Scénario 2,5			Scénario 3,5			Scénario 4,5		
		Min	Moy	Max	Min	Moy	Max	Min	Moy	Max
p=1	N0	136	119	106	92	80	71	70	61	54
	Ntot	392	342	304	346	302	268	323	282	250
	PAB tot	81	70	62	85	74	65	87	75	67
p=0,9	N0	143	125	111	101	89	79	81	71	63
	Ntot	399	349	310	356	311	276	334	292	259
	PAB tot	79	69	61	84	72	64	85	74	65
p=0,8	N0	151	132	117	**113**	**98**	**87**	94	82	73
	Ntot	407	356	317	**367**	**321**	**285**	348	304	270
	PAB tot	78	68	59	**82**	**71**	**63**	84	73	64
p=0,7	N0	160	140	124	**125**	**109**	**97**	**109**	**95**	**85**
	Ntot	417	365	324	**380**	**333**	**295**	**364**	**318**	**282**
	PAB tot	77	66	58	**80**	**69**	**61**	**82**	**71**	**62**

Rappels des chiffres du schéma classique (c) :

$N0_C$	240
$Ntot_C$	700
$PAB\ tot_C$	29

e. Etude de profitabilité

Afin de déterminer, parmi les scénarios techniquement possibles ceux qui pourront être appliqués par l'ES.1, il est indispensable de réaliser une étude de faisabilité économique.

La pression de SG p_G de 1/2 ne permettant pas d'atteindre le seuil de ΔG fixé de 0,30 σ_G par an, cette situation ne sera pas étudiée par la suite. De même, la pression de sélection génomique 1/30 ne sera pas détaillée ici : elle est irréalisable économiquement en OL compte tenu du nombre de béliers à génotyper (+50% de progrès génétique maximum pour +70% de coûts au minimum).

Actuellement, l'ES.1 compte environ 400€ / bélier / an de dépenses de fonctionnement et d'entretien, soit environ 280 000€ / an pour le CIA (sur la base de 700 béliers). Or, les dépenses d'entretien des béliers en SG diminuent avec le nombre total de béliers du schéma génomique N_{tot} qui est inférieur à 700. Aux dépenses de fonctionnement et d'entretien s'ajouteront, en génomique, les coûts de génotypage, soit 115€ / génotypage. Sachant qu'il existe une sélection d'1/2 en CE sur aptitudes fonctionnelles et standard, le nombre d'agneaux à génotyper N_G doit donc être multiplié par deux. Les coûts sont représentés en **Figure 9**.

D'après les calculs réalisés, le scénario 2,5 engendre un surcoût par rapport à un schéma classique dans les cas de fortes pressions de sélection p en CIA ou dès trois mois p_G : le coût moyen d'un scénario allant jusqu'à 307 000€ par an, le coût maximum jusqu'à 350 000€. Le scénario génomique 2,5 semble cependant économiquement possible pour une pression de SG de 1/3. Malgré tout, les incertitudes quant aux capacités des antenais à produire de la semence à 90% de la production des béliers adultes constituent actuellement un frein technique pour les professionnels : le scénario 2,5 ne leur sera donc pas proposé.

Bien que l'application d'une pression de SG 1/10 ou 1/20 (non présentée ici) engendre un surcoût dans la majorité des cas, elle peut apparaître intéressante au regard du progrès génétique engendré : dans le scénario 4,5, avec p_G=1/10 et p=0,9, on augmente les coûts jusqu'à 17% alors que le gain génétique est augmenté jusqu'à 20%. Ces scénarios méritent donc d'être discutés avec les responsables des ES au regard de l'accroissement des coûts et du progrès génétique.

En revanche, tous les autres scénarios étudiés (3,5 ou 4,5), appliquant une pression de sélection génomique comprise entre 1/3 et 1/5, permettent de maintenir, voir même de réduire les coûts du schéma (jusqu'à un coût moyen de 150 000€). Cependant, cette réduction notable des coûts est alors liée à une réduction drastique de nombre d'agneaux génomiques N_0 et donc du cheptel global de l'ES.1 (cf. **Tableau 12**) comparativement au schéma classique (240 agneaux en testage et 700 béliers au CIA au total).
Compte tenu des effectifs actuels du schéma classique, il semble peu probable que l'ES accepte d'entrer moins de 90-100 mâles chaque année au CIA, d'autant qu'il faudra gérer un reclassement non négligeable des béliers génomiques (CD_G entre 0,4 et 0,5) à l'arrivée des index sur descendance à 2,5 ans (CD≥0,73). D'après les effectifs présentés dans le **Tableau 12** et les résultats précédents, 3 scénarios sont techniquement et économiquement réalisables et impliquent la sélection d'au moins 90 agneaux génomiques N_0 :

- le scénario 3,5, à condition d'éliminer 20% des béliers adultes chaque année et d'exercer une pression de sélection génomique comprise entre 1/3 et 1/5 ;
- le scénario 3,5 avec élimination de 30% des mâles adulte en CIA chaque année, avec l'application d'une pression de sélection génomique de 1/5;
- le scénario 4,5, uniquement dans le cas où p=0,7, avec p_G compris entre 1/3 et 1/5.

Globalement, l'ensemble des résultats économiques privilégient donc les scénarios génomiques 3,5 pour LLES.1.

4. DISCUSSION DES RESULTATS ET PISTES POUR L'AMELIORATION DU MODELE

Au regard de ces résultats, la SG en OL Lacaune semble abordable non seulement d'un point de vue technique (progrès génétique égal à augmenté par rapport à un schéma classique), mais également d'un point de vue économique (réduction du cheptel de béliers d'IA et maîtrise des coûts). Cependant, bien que ces résultats préliminaires soient très encourageants, ce travail doit être affiné pour confirmer les conclusions et propositions à soumettre aux ES.

Tout d'abord, les hypothèses permettant de déterminer le nombre de béliers peuvent être discutées :

- on a considéré que tous les béliers améliorateurs sont susceptibles de produire autant que les PAB sous réserve d'une bonne préparation, mais l'utilisation des ½ paillettes et les dilutions à 1 Md de spz/mL au pic d'IA ne sont peut-être pas applicables à tous les béliers.
- les données de production de semences des antenais ne s'appuient que sur des résultats très parcellaires et des discussions avec les ES, de sorte que de fortes incertitudes demeurent quant à la capacité des antenais à une telle production de semence pendant toute la campagne d'IA. Il serait pertinent de confirmer ou d'infirmer ces paramètres via une/des expérimentation(s) ciblée(s) impliquant des antenais pendant toute la campagne d'IA ;
- enfin, une partie des agneaux présente des difficultés à sauter, mais leur nombre n'a pu être établi à partir de la présente étude fondée sur les IA réalisées. Il se peut donc que le nombre d'agneaux génomiques N_0 ait été sous-estimé.

Le raisonnement s'appuie sur le nombre de béliers nécessaires pour le passage du pic d'IA, mais aucune sécurité n'a été prise en compte pour l'instant dans les calculs. Il est cependant nécessaire de proposer cette sécurité pour assurer les IA en cas d'années difficiles (canicule, maladie), sécurité qui va influencer le nombre total d'animaux en centre et donc les coûts du schéma.

Nous avons travaillé ici sur des intensités de sélection calculées par troncature, seules mobilisables dans notre modélisation déterministe, dont on sait qu'elles surestiment le gain génétique d'environ 20% par rapport aux calculs fondés sur les différentielles de sélection réelles calculées dans le schéma classique. Aussi il faut garder à l'esprit cette surestimation des gains génétiques annuels, tant pour les schémas classiques que génomiques.

On a également émis l'hypothèse que la voie FM ne serait pas affectée par le passage à la SG. Connaissant maintenant l'ordre de grandeur du nombre d'agneaux à génotyper, il importera de vérifier s'il est compatible avec le nombre de MAB retenues dans le schéma classique, ou s'il y a lieu d'augmenter leur effectif, ce qui conduirait à une baisse du Δ_{FM}.

La variabilité génétique n'a pas non plus été prise en compte dans cette modélisation. Le nombre de béliers en CIA est presque divisé par deux dans nos scénarios génomiques. En revanche, la tendance d'augmenter le nombre de PAB quand on réduit l'intervalle entre générations dans le but de ne pas accroître le taux de consanguinité est respectée car le nombre de PAB tend à doubler : environ 80 en SG contre 30 à 40 en sélection classique (**Tableaux 5 & 12**). Il conviendra toutefois de poursuivre ces investigations, à commencer par l'optimisation de la gestion des PAB par classe d'âge, de façon à aboutir à des recommandations opérationnelles, comme la limitation des fils retenus par PAB et par MAB.

Enfin, l'étude économique n'a pris en compte que les postes les plus affectés par le passage à la SG (entretien des béliers du CIA et génotypage des agneaux), une approche plus détaillée sera nécessaire après discussion avec les responsables des ES, notamment en ce qui concerne la gestion du CE. Nous nous sommes également appuyés sur les coûts actuels des puces SNP, mais les prix peuvent varier (rapport euro/dollar, nombre de puces commandées…) et il sera nécessaire de réactualiser l'étude économique une fois le raisonnement affiné.

CONCLUSION

Alors que la « révolution génomique animale » est sur toutes les lèvres et que la filière ovine laitière française s'interroge sur ses possibilités d'application, la présente étude, menée à l'INRA et l'Institut de l'Elevage (campus de Toulouse), dans le cadre de l'UMT GENEpR au travers des projets de Recherche et Développement Génomia et Roquefort'In, s'est attachée à la modélisation de schémas génomiques et à une première comparaison technico-économique avec un schéma classique à l'optimum.

Avant de proposer des scénarios compatibles avec la SG, il était indispensable de s'atteler à la description précise des schémas de sélection actuels. Les résultats obtenus ont ainsi permis d'observer des spécificités propres à chaque race / ES, telles que les problèmes d'entrainement et de collecte des ROLP, la demande en IA plus forte en Lacaune, la campagne plus saisonnée en ROLP, ou encore les techniques de dilution et de coupe de paillettes au pic d'IA propres à l'ES.1. Au travers de cette étude, on a également pu quantifier la demande en IA, que ce soit sur l'ensemble de la campagne ou la semaine de pic, intra et/ou hors noyau de sélection, de même que la production de semence des béliers : on dispose ainsi des paramètres nécessaires aux modélisations de scénarios génomiques pour toutes les races et/ou ES étudiées.

Ensuite, en raison du temps imparti, seule la modélisation de schémas génomiques compatibles avec l'ES.1 a été réalisée. Les résultats obtenus se sont révélés très encourageants. Cependant, il ne s'agit ici que d'une étude préliminaire adaptée à l'ES.1, qu'il est essentiel de discuter et d'approfondir avant de tirer des conclusions définitives.

Il ressort de ce travail que le passage à la SG semble possible en ovin laitier de race Lacaune : à coût de fonctionnement comparable, il apparaît possible d'accroître d'environ 20% le gain génétique par rapport au schéma de sélection actuel (jusqu'à 0,35 versus 0,30 σ_G par an). En effet, la taille du cheptel de béliers d'IA étant approximativement divisée par deux, les coûts d'entretien s'en trouvent considérablement réduits et permettent de supporter les coûts de génotypage de jeunes béliers. Cependant, cette réduction de la taille du cheptel pose plusieurs questions :

- **Quel impact sur la variabilité génétique ?** La seule augmentation du nombre de PAB, même doublée, ne peut pas être considérée comme suffisante pour accompagner la réduction de l'intervalle entre générations. L'optimisation de la gestion des PAB par classe d'âge est donc nécessaire, tant du point de vue du gain génétique annuel que de la gestion de la consanguinité ;
- **Quel impact sur les équations de prédiction ?** En effet, la réduction du cheptel va provoquer une réduction de la taille de la population de référence, réduction toutefois moins que proportionnelle en raison de la baisse de l'intervalle entre générations. Par ailleurs, les béliers seront connus sur un plus grand nombre de filles (même nombre d'IA réalisées avec moitié moins de béliers) et de façon plus homogène. Il faudra donc mesurer l'impact sur la qualité des prédictions ainsi que les conséquences éventuelles sur le progrès génétique annuel.

L'étude approfondie du cas LLES.1 ainsi que les modélisations pour les autres races devront donc être réalisées dans les mois à venir, de manière à donner aux professionnels des gammes de résultats pour l'ensemble des races ovine laitières françaises concernées par la décision de basculer ou non en SG.

REFERENCES

PUBLICATIONS SCIENTIFIQUES

ASTRUC J.M., BRIOIS M., BELLOC J.P., CACHENAUT J.B., FREGEAT G., HORENT M.H., TEINTURIER P. et BARILLET F. (**1997**). Bilan des schémas de sélection ovins laitiers en France. Renc. Rech. Ruminants, 4, pp. 183-186.

ASTRUC J.M., LAGRIFFOUL G., MORIN E., BARILLET F., BONAÏTI B. and REHBEN E. (**2009**). SIEOL: implementing a global information system for genetic and technico-economic support in dairy sheep in France. ICAR technical series, 13, pp. 123-127.

ASTRUC J.M., BARILLET F., CARTA A., GOOTWINE E., KOMPAN D., ROMBERG F.J., TONDO A. and UGARTE E. (**2010**). Report of milk in sheep working group. ICAR technical series, 14, pp. 335-341.

ASTRUC J.M., BALOCHE G., LARROQUE H., BELTRAN DE HEREDIA I., LABATUT J., LAGRIFFOUL G., MORENO C., ROBERT-GRANIE C., BOSCHER M.Y., CHANTRY-DARMON C., AGUERRE X., BOULENC P., FREGEAT G., GIRAL-VIALA B., GUIBERT P., PANIS P., SOULAS C., BARILLET F. ET LEGARRA A. (**2012**). La sélection génomique des ovins laitiers en France : stratégies, premiers résultats des évaluations génomiques et perspectives. Renc. Rech. Ruminants, 19.

BALOCHE G., LARROQUE H., ASTRUC J.M., BABILIOT J.M., BOSCHER M.Y., BOULENC P., CHANTRY-DARMON C., DE BOISSIEU C., FREGEAT G., GIRAL-VIALA B., GUIBERT P., LAGRIFFOUL G., MORENO C., PANIS P., ROBERT-GRANIE C., SALLE G., LEGARRA A. ET BARILLET F. (**2011**). Work in progress on genomics evaluation using GBLUP in french Lacaune dairy sheep breed. Proc. 62ème session de la FEZ, session 49, p. 345, Stavanger, Norvège.

BARILLET F., ASTRUC J.M. et LAGRIFFOUL G. (**1994**). Amélioration génétique de la composition du lait des brebis laitières: situation, résultats et perspectives. Renc. Rech. Ruminants, 1, pp. 133-138.

BARILLET F. (**1997**). Genetics of milk production, Chap. 20. In :The genetics of sheep. Piper L. et Ruvinsky A eds. CAB International, pp. 539-564.

BARILLET F., PALHIÈRE I., ASTRUC J.M., BROCHARD M., BAELDEN M., AGUERRE X., FIDELLE F., ARRANZ J.M., BELLOC J.P., BRIOIS M., FREGEAT G., SOULAS C., ANDREOLETTI O., CORBIÈRE F. et SCHELCHER F. (**2004**). Le programme français d'éradication de la tremblante du cheptel ovin fondé sur l'utilisation de la génétique. INRA Prod. Anim., HS, pp. 87-100.

BARILLET F., ASTRUC J.M. AND LAGRIFFOUL G. (**2006**). Taking into account functional traits in dairy sheep breeding programs through the French exemple. Proceedings of the 35th Biennal session of ICAR, Kuopio, Finland, 8 p.

BARILLET F. (**2007**). Genetic improvement for dairy production in sheep and goats. Small Ruminant Recherche 70, pp. 60-75.

BARILLET F., BALOCHE G., LAGRIFFOUL G., LARROQUE H., ROBERT-GRANIE C., LEGARRA A. ET ASTRUC J.M. (**2012**). Genomic selection in French Lacaune and Manech dairy sheep breeds: comparaison of BLUP and GBLUP accuracies. Proc. 38ème session d'ICAR, Cork, Irlande.

BELTRAN DE HEREDIA I., UGARTE E., AGUERRE X., SOULAS C., ARRESE F., MINTEGI L., ASTRUC J.M., MAEZTU F., LASARTE M., LEGARRA A. ET BARILLET F. (**2011**). Genomia: across-Pyrenees genomic selection for dairy sheep. Proc. 62ème session de la FEZ, session 30, p.181, Stavanger, Norvège.

COLLEAU JJ., FRITZ S., GUILLAUME F., BAUR A., DUPASSIEUX D., BOSCHER MY., JOURNAUX L., EGGEN A. ET BOICHARD D. (**2009**). Simulation des potentialités de la sélection génomique chez les bovins laitiers. Renc. Rech. Ruminants, 16, p. 419.

ELSEN J.M., BARILLET F., VU TIEN KHANG J., SCHELCHER F., AMIGUES Y., LAPLANCHE J.L., POIVEY J.P. et EYCHENNE F. (**1997**). Génétique de la sensibilité à la tremblante ovine: recherches en cours et perspectives. INRA Prod. Anim., 10 (2), pp. 133-140.

FRITZ S., GUILLAUME F., CROISEAU P., BAUR A., HOZE C., DASSONNEVILLE R., BOSCHER M.Y., JOURNAUX L., BOICHARD D. ET DUCROCQ V. (**2010**). Mise en place de la Sélection Génomique dans les trois principales races françaises de bovins lait. Renc. Rech. Ruminants, 17, pp. 455-458.

LINDHE B. (**1968**). Model simulation of A.I. breeding within a dual purpose breed of cattle. Acta Agric. Scand., 18, pp. 33-41.

MATTALIA S., BARBAT A., DANCHIN-BURGE C., BROCHARD M., LE MEZEC P., MINERY S., JANSEN G., VAN DOORMAAL B. ET VERRIER E. (**2006**). La variabilité génétique des huit principales races bovines laitières françaises : quelles évolutions, quelles comparaisons internationales ? Renc. Rech. Ruminants, 13, pp. 239-246.

MINERY S., ARRANZ J.M., AGUERRE X., FIDELLE F., GARRAIN C., VIAL-NOVELA C., SOULAS C., PALHIERE I., ASTRUC J.M., ANDREOLETTI O., SCHELCHER F. et BARILLET F. (**2002**). Utilisation de la génétique pour éradiquer la tremblante dans les élevages de brebis laitières des Pyrénées-Atlantiques. Renc. Rech. Ruminants, 9, pp. 93-96.

RUPP R., ASTRUC J.-M., LAGRIFFOUL G., BOICHARD D., BARBAT A. et BARILLET F. (**2003**). Evaluation génétique des béliers Lacaune sur les comptages de cellules somatiques pour l'amélioration de la résistance aux mammites. Renc. Rech. Ruminants, 10, pp. 197-200.

SITES INTERNET

FAO-STAT, 2010 (page consultée le 30/08/2012). faostat.fao.org

Tables for statisticians and biometricians, by K. Pearson (1931) (page consultée le 24/08/2012) http://books.google.fr/books?id=IocVjNOmFycC&pg=PA175&lpg=PA175&dq=tables+intensit%C3%A9+de+s%C3%A9lection+taux+de+s%C3%A9lection&source=bl&ots=n6UX1RWoU3&sig=9cPUs-hDJIc95iV9hZFT_Xh5QWE&hl=fr&sa=X&ei=jNQHUIOQF4PIhAeot-XbAw&ved=0CFAQ6AEwAw#v=onepage&q=tab

NOTES TECHNIQUES ET COMMUNICATIONS INTERNES

Brochure UPRA Lacaune, « La race Lacaune lait », 2009.

FGE, 2010. **Dispositif Génétique, chiffres clés ruminants**.

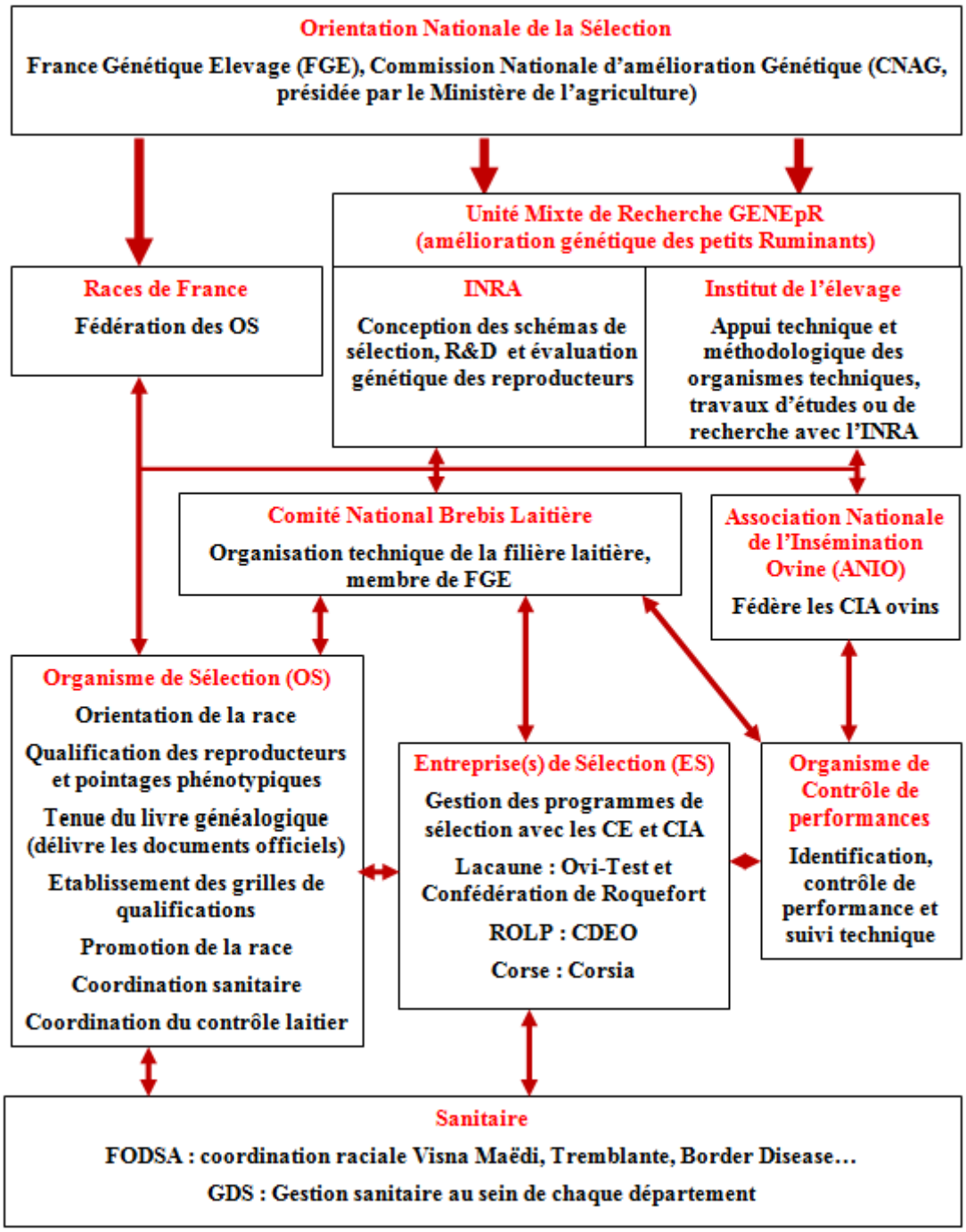
Ovi-Test, « **la force du collectif : 40 ans d'aventure génétique »**, 2012.

CR CNBL, 2012. Compte rendu n°00 12 78 0002, collection Résultats.

ELSEN J.M. ET BARILLET F. (**1977**). Estimation du progrès génétique annuel réalisé dans le cadre d'un schéma de testage sur descendance par insémination artificielle. Note Technique. 18pp.

ANNEXES

ANNEXE I : ORGANISATION DE LA GENETIQUE OVIN LAIT



Source: Brochure UPRA Lacaune, 2009

ANNEXE II : LE CONTROLE DE PERFORMANCES (CLO ET CLS)

1. Le Contrôle Laitier Officiel (CLO)

Il n'est réalisé que chez les éleveurs sélectionneurs du noyau de sélection. Le CLO inclut le contrôle quantitatif et le contrôle qualitatif, qui suit un protocole allégé dit contrôle partiel.

Le **contrôle quantitatif** (quantité de lait) est un contrôle de type AC en France. Il prévoit un contrôle mensuel de toutes les brebis à la traite, sur une seule des deux traites quotidiennes, matin ou soir, et sans obligation d'alternance. En pratique, en CLO, le contrôle est toujours réalisé à la traite du matin.

La quantité de lait à la traite contrôlée est ensuite corrigée d'un coefficient AC (COEFAC) afin d'obtenir la quantité de lait journalière (lissée à 5 L au maximum). Ce coefficient est caractéristique du contrôle et du troupeau, et doit être compris entre 1,4 et 3,3.

Quantité de Lait journalière = Quantité de Lait à la traite contrôlée x COEFAC

$$\text{COEFAC} = \frac{\text{Quantité de lait produite sur les deux traites quotidiennes *}}{\text{Somme des laits à la traite contrôlée *}}$$

*** Pour l'ensemble des brebis contrôlées**

Le **contrôle qualitatif partiel** est réalisé dans le cadre du contrôle AC : deux à quatre échantillons de lait sont prélevés lors de la traite du matin sur des brebis primipares (ROLP) ou sur les deux premières lactations (Lacaune), en milieu de lactation. Ces contrôles permettent de mesurer les taux de matière grasse (25 g/L ≤ TB ≤ 135 g/L) et de protéines (35 g/L ≤ TP ≤ 105 g/L) ainsi que les comptages de cellules somatiques du lait.

Allaitement (+ Traite)	Traite exclusive biquotidienne						
Quantité de lait (AC)	X	X	X	X	X	X	(X)
Composition	(X)	X	X	X			

Ces données servent ensuite aux calculs de production laitière à la traite et de taux annuels, valorisées dans le cadre de l'évaluation génétique.

2. Le Contrôle Laitier Simplifié (CLS)

Il est effectué dans les élevages utilisateurs du progrès génétique et ne concerne que la quantité de lait. Contrairement aux données collectées en CLO, celles-ci ne servent qu'à la gestion intra troupeau, pour aider les éleveurs à choisir les brebis à réformer et les brebis et agnelles de renouvellement.

En raison des coûts, il n'y a que deux à quatre contrôles mensuels prévus au cours de la campagne.

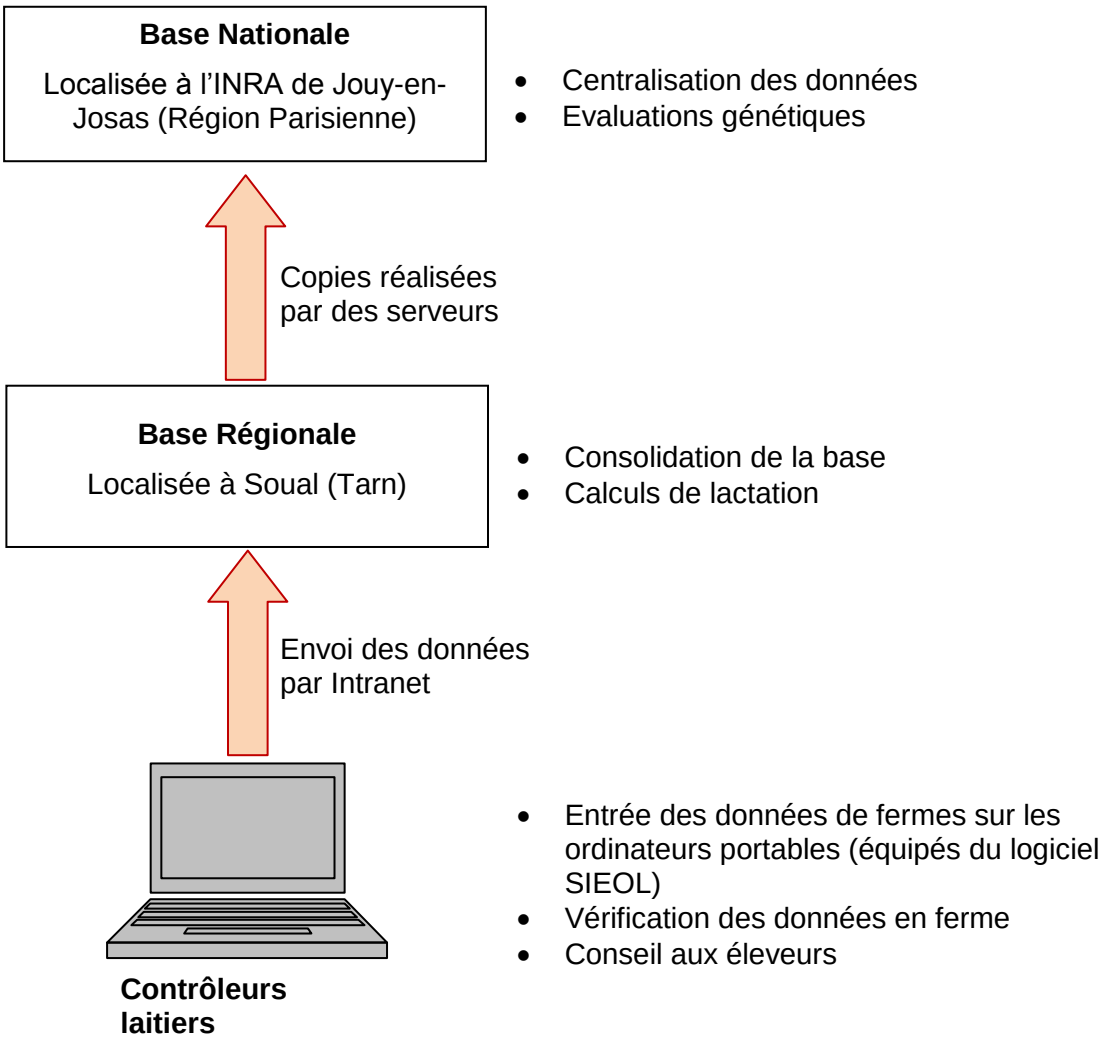
Allaitement (+ Traite)	Traite exclusive biquotidienne			
Quantité de lait (AC)	X	X	X	X

Sources : Brochure UPRA Lacaune, 2009, et CR CNBL 2012

ANNEXE III : SIEOL

Au vu de l'impact du Contrôle Laitier ovin en France, la filière a mis en place le Système d'Information en Elevage Ovin Lait (SIEOL) en 2005. Cet outil, financé en grande partie par l'état, appartient au Comité National des Brebis Laitières et au Ministère de l'Agriculture, et il est géré par l'Institut de l'élevage.

SIEOL a pour but la gestion des données (génétiques, technico-économiques ou autres) dans une seule base de données ayant une structure unique quelque soit le site (élevage, département, région ou pays). Il fonctionne de la manière suivante :



En 2009, 55% des troupeaux ovins laitiers étaient suivis dans SIEOL, soit 65% des brebis laitières françaises.

Cet outil a une durée de vie de 15 ans environ, mais il doit régulièrement être remis à jour, voire reconstruit, pour assurer l'efficacité du schéma et le calcul d'index EBV non biaisés.

Source : Astruc *et al.*, 2009

ANNEXE IV: EVOLUTION DES OBJECTIFS DE SELECTION EN FRANCE

Les schémas de sélection Français se sont développés par étapes, et à l'heure actuelle, toutes les races ne sont pas au même stade.

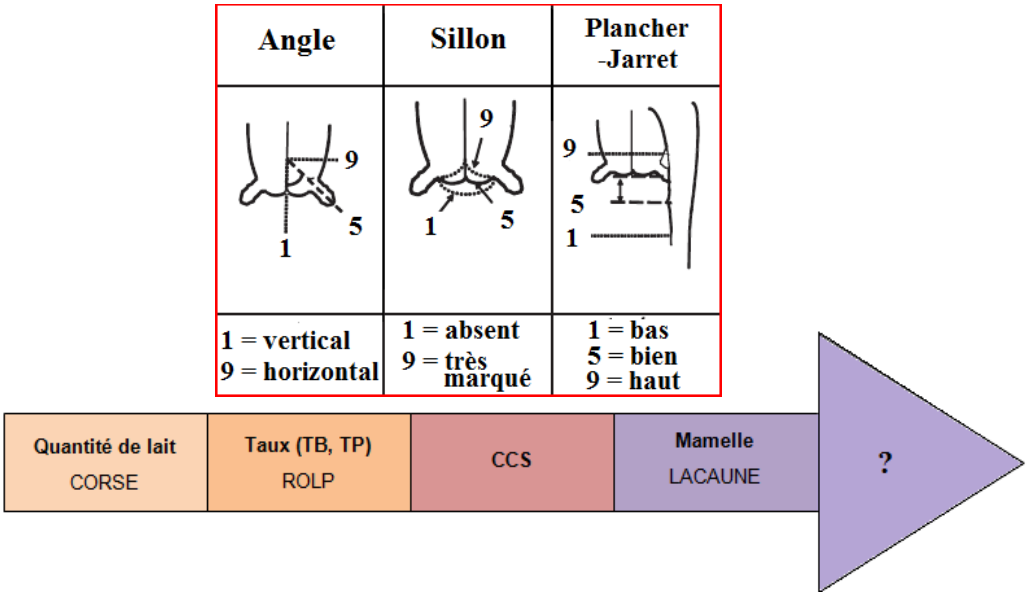
- **Lors de la phase de démarrage du schéma de sélection, on choisit délibérément de ne sélectionner les reproducteurs que sur la quantité de lait**. En effet, le gain génétique sur la quantité de lait étant modeste pour la quantité de lait, le niveau génétique est quasi-stable pour les taux. Il n'est donc pas nécessaire de réaliser des mesures coûteuses lors de cette phase de démarrage (le coût du CLO par rapport à la marge brute par brebis est 2 à 3 fois plus important qu'en vache laitière).

Les sélectionneurs de la race Corse ne sélectionnent actuellement que la quantité de lait.

- **Lorsqu'on atteint un gain génétique de 2 à 2,5% par an**, c'est-à-dire le régime de croisière pour la quantité de lait, environ 10-15 ans après le démarrage, on se rend compte que les taux commencent à se dégrader rapidement (2 fois plus rapidement qu'ils ne progressent lorsqu'on les sélectionne). A ce moment là, la **sélection sur les taux** devient indispensable, et ceci est d'autant plus important qu'ils ont un impact sur le rendement fromager. Le contrôle qualitatif partiel doit alors être mis en place chez tous les éleveurs sélectionneurs de la race concernée. Les ROLP sélectionnent actuellement sur la quantité de lait et les taux, mais ils espèrent passer à l'étape suivante très prochainement.

- **Une fois l'ensemble des caractères de production laitière sélectionnés, le choix s'est porté sur des caractères fonctionnels qui se dégradent sous l'effet de la sélection laitière, principalement des caractères fonctionnels de la sphère mammaire**. En effet, les cas de mammites subcliniques sont très fréquents chez les brebis laitières, et ils sont à l'origine de pertes économiques importantes (pertes de production, réformes…). Les **CCS** sont des critères pertinents pour prédire ce type d'infection et qui présentent une héritabilité h^2 comprise entre 0,11 et 0,18 selon la race considérée. Des efforts de sélection ont été faits dans ce sens en race Lacaune depuis 2005, et les expérimentations menées à la ferme expérimentale de La Fage sur des lignées divergentes montrent une nette amélioration de la santé de la mamelle grâce à la sélection.

- Des efforts ont également été réalisés sur la sélection de la **conformation de la mamelle**. Trois critères sont notés : l'angle que fait le trayon avec la verticale, la profondeur du sillon entre les deux quartiers de la mamelle, et la hauteur Plancher-jarret. Ces critères ont une incidence directe sur la facilité de traite mécanique, et indirecte sur la vitesse de traite et la santé de la mamelle.



Sources : Astruc *et al.*, 1997, Barillet *et al.*, 1994, Barillet *et al.*, 2006, et Rupp *et al.*, 2003.

ANNEXE V : RESISTANCE A LA TREMBLANTE : UNE SELECTION ASSISTEE PAR GENE

La tremblante du mouton, ou scrapie, est une encéphalopathie subaigüe spongiforme transmissible.

Les nombreux épisodes de tremblante qu'a connue la France ont permis d'observer que certaines populations étaient plus sensibles que d'autres (la Manech Tête Rousse notamment) et d'affirmer l'existence d'un contrôle génétique de la sensibilité à cette maladie. Ces différences génétiques sont dues à la ségrégation d'un gène à effet majeur, étroitement lié avec le gène Prn-P codant la protéine prion dite PrP.

Différents polymorphismes du gène Prn-P existent. Les plus importants se situent au niveau des codons 136, 154 et 171 :

	136	**154**	**171**	**Sensibilité à la tremblante**
Forme ancestrale	A	R	Q	Assez sensible
Formes mutées courantes	V	R	Q	Très sensible
	A	R	R	Résistant

A : Alanine
Q : Glutamine
R : Arginine
V : Valine

Les études ont montré qu'en race Lacaune, pour laquelle les animaux étaient initialement peu touchés par la tremblante dans les années 90 (avant le début de la sélection du gène PrP), 63% des animaux étaient homozygotes ou hétérozygotes ARR. En revanche, en MTR, où les élevages atteints de tremblante étaient nombreux, 80% des animaux étaient ARQ-ARQ.

Etant donné le déterminisme génétique et au vu des dégâts causés par la maladie dans les années 90, le typage du gène PrP est devenu systématique avant l'entrée au centre d'élevage et au Centre d'IA (programme national).

Dans les Pyrénées-Atlantiques, où les animaux ARR-ARR étaient très peu nombreux, des cheptels sanitaires ont été mis en place en plus des cheptels « génétiques » au milieu des années 2000.

Actuellement, seuls les agneaux ARR-ARR peuvent entrer en centre d'élevage et être utilisés pour l'IA et le nombre de béliers ARR-ARQ présents en centres d'élevages est nul ou en passe de le devenir.

Sources : Elsen *et al.*, 1997, Minery *et al.*, 2002, et Barillet *et al.*, 2004.

ANNEXE VI : « TABLES FOR STATISTICIANS AND BIOMETRICIANS » PAR K.PEARSON (1931)

Table donnant l'*intensité de sélection* (i) [1] en fonction du taux de sélection (p) pour une sélection par troncature sur une variable normale dans une population infinie[2].

$i = z/p$, z étant l'ordonnée de la courbe normale réduite au point de troncature.

Taux de sélection	0,000	0,001	0,002	0,003	0,004	0,005	0,006	0,007	0,008	0,009
0,00	–	3,367	3,170	3,050	2,962	2,892	2,834	2,784	2,740	2,701
0,01	2,665	2,633	2,603	2,575	2,549	2,525	2,502	2,480	2,459	2,440
0,02	2,421	2,403	2,386	2,369	2,353	2,338	2,323	2,309	2,295	2,281
0,03	2,268	2,255	2,243	2,231	2,219	2,208	2,197	2,186	2,175	2,165
0,04	2,154	2,144	2,135	2,125	2,116	2,106	2,097	2,088	2,080	2,071
0,05	2,063	2,054	2,046	2,038	2,030	2,023	2,045	2,007	2,000	1,993
0,06	1,985	1,978	1,971	1,964	1,957	1,951	1,944	1,937	1,931	1,924
0,07	1,918	1,912	1,906	1,899	1,893	1,887	1,881	1,876	1,870	1,864
0,08	1,858	1,853	1,847	1,842	1,836	1,831	1,825	1,820	1,815	1,810
0,09	1,804	1,799	1,794	1,789	1,784	1,779	1,774	1,769	1,765	1,760
0,10	1,755	1,750	1,746	1,741	1,736	1,732	1,727	1,723	1,718	1,714
0,11	1,709	1,705	1,701	1,696	1,692	1,688	1,684	1,679	1,765	1,671
0,12	1,667	1,663	1,659	1,655	1,651	1,647	1,643	1,639	1,635	1,631
0,13	1,627	1,623	1,620	1,616	1,612	1,608	1,605	1,601	1,597	1,593
0,14	1,590	1,586	1,583	1,579	1,575	1,572	1,568	1,565	1,561	1,558
0,15	1,554	1,551	1,548	1,544	1,541	1,537	1,534	1,531	1,527	1,524
0,16	1,521	1,517	1,514	1,511	1,508	1,504	1,501	1,498	1,495	1,492
0,17	1,489	1,485	1,482	1,479	1,476	1,473	1,470	1,467	1,464	1,461
0,18	1,458	1,455	1,452	1,449	1,446	1,443	1,440	1,437	1,434	1,431
0,19	1,428	1,425	1,422	1,420	1,417	1,414	1,411	1,408	1,405	1,403
0,20	1,400	1,397	1,394	1,391	1,389	1,386	1,383	1,381	1,378	1,375
0,21	1,372	1,370	1,367	1,364	1,362	1,359	1,356	1,354	1,351	1,348
0,22	1,346	1,343	1,341	1,338	1,336	1,333	1,330	1,328	1,325	1,323
0,23	1,320	1,318	1,315	1,313	1,310	1,308	1,305	1,303	1,300	1,298
0,24	1,295	1,293	1,290	1,288	1,286	1,383	1,281	1,278	1,276	1,273
0,25	1,271	1,269	1,266	1,264	1,262	1,259	1,257	1,255	1,252	1,250
0,26	1,248	1,245	1,243	1,241	1,238	1,236	1,234	1,231	1,229	1,227
0,27	1,225	1,222	1,220	1,218	1,216	1,213	1,211	1,209	1,207	1,204
0,28	1,202	1,200	1,198	1,196	1,193	1,191	1,189	1,187	1,185	1,183
0,29	1,180	1,178	1,176	1,174	1,172	1,170	1,167	1,165	1,163	1,161
0,30	1,159	1,158	1,155	1,153	1,151	1,148	1,146	1,144	1,142	1,140
0,31	1,138	1,136	1,134	1,132	1,130	1,128	1,126	1,124	1,122	1,120
0,32	1,118	1,116	1,113	1,111	1,109	1,107	1,105	1,103	1,101	1,099
0,33	1,097	1,095	1,093	1,091	1,089	1,088	1,086	1,084	1,082	1,080
0,34	1,078	1,076	1,074	1,072	1,070	1,068	1,066	1,064	1,062	1,060
0,35	1,058	1,056	1,054	1,053	1,051	1,049	1,047	1,045	1,043	1,041
0,36	1,039	1,037	1,035	1,034	1,032	1,030	1,028	1,026	1,024	1,022
0,37	1,020	1,019	1,017	1,015	1,013	1,011	1,009	1,007	1,006	1,004
0,38	1,002	1,000	0,998	0,997	0,995	0,993	0,991	0,989	0,987	0,986
0,39	0,984	0,982	0,980	0,978	0,977	0,975	0,973	0,971	0,969	0,968
0,40	0,966	0,964	0,962	0,961	0,959	0,957	0,955	0,953	0,952	0,950
0,41	0,948	0,946	0,945	0,943	0,941	0,939	0,938	0,936	0,934	0,932
0,42	0,931	0,929	0,927	0,926	0,924	0,922	0,920	0,919	0,917	0,915
0,43	0,913	0,912	0,910	0,908	0,907	0,905	0,903	0,902	0,900	0,898
0,44	0,896	0,895	0,893	0,891	0,890	0,888	0,886	0,885	0,883	0,881
0,45	0,880	0,878	0,876	0,875	0,873	0,871	0,870	0,868	0,866	0,865
0,46	0,863	0,861	0,860	0,858	0,856	0,855	0,853	0,851	0,850	0,848
0,47	0,846	0,845	0,843	0,841	0,840	0,838	0,837	0,835	0,833	0,832
0,48	0,830	0,828	0,827	0,825	0,824	0,822	0,820	0,819	0,817	0,816
0,49	0,814	0,812	0,811	0,809	0,807	0,806	0,804	0,803	0,801	0,799

Taux de sélection	0,000	0,001	0,002	0,003	0,004	0,005	0,006	0,007	0,008	0,009
0,50	0,798	0,796	0,795	0,793	0,792	0,790	0,788	0,787	0,785	0,784
0,51	0,782	0,780	0,779	0,777	0,776	0,774	0,773	0,771	0,769	0,768
0,52	0,766	0,765	0,763	0,762	0,760	0,758	0,757	0,755	0,754	0,752
0,53	0,751	0,749	0,747	0,746	0,744	0,743	0,741	0,740	0,738	0,737
0,54	0,735	0,734	0,732	0,730	0,729	0,727	0,726	0,724	0,723	0,721
0,55	0,720	0,718	0,717	0,715	0,714	0,712	0,710	0,709	0,707	0,706
0,56	0,704	0,703	0,701	0,700	0,698	0,697	0,695	0,694	0,692	0,691
0,57	0,689	0,688	0,686	0,685	0,683	0,682	0,680	0,678	0,677	0,675
0,58	0,674	0,672	0,671	0,669	0,668	0,666	0,665	0,663	0,662	0,660
0,59	0,659	0,657	0,656	0,654	0,653	0,651	0,650	0,648	0,647	0,645
0,60	0,644	0,642	0,641	0,639	0,638	0,636	0,635	0,633	0,632	0,630
0,61	0,629	0,627	0,626	0,625	0,623	0,622	0,620	0,619	0,617	0,616
0,62	0,614	0,613	0,611	0,610	0,608	0,607	0,605	0,604	0,602	0,601
0,63	0,599	0,598	0,596	0,595	0,593	0,592	0,590	0,589	0,588	0,586
0,64	0,585	0,583	0,582	0,580	0,579	0,577	0,576	0,574	0,573	0,571
0,65	0,570	0,568	0,567	0,565	0,564	0,563	0,561	0,560	0,558	0,557
0,66	0,555	0,554	0,552	0,551	0,549	0,548	0,546	0,545	0,543	0,542
0,67	0,541	0,539	0,538	0,536	0,535	0,533	0,532	0,530	0,529	0,527
0,68	0,526	0,524	0,523	0,522	0,520	0,519	0,517	0,516	0,514	0,513
0,69	0,511	0,510	0,508	0,507	0,505	0,504	0,503	0,501	0,500	0,498
0,70	0,497	0,495	0,494	0,492	0,491	0,489	0,488	0,486	0,485	0,484
0,71	0,482	0,481	0,479	0,478	0,476	0,475	0,473	0,472	0,470	0,469
0,72	0,468	0,466	0,465	0,463	0,462	0,460	0,459	0,457	0,456	1,454
0,73	0,453	0,451	0,450	0,449	0,447	0,446	0,444	0,443	0,441	0,440
0,74	0,438	0,437	0,435	0,434	0,432	0,431	0,430	0,428	0,427	0,425
0,75	0,424	0,422	0,421	0,419	0,418	0,416	0,415	0,413	0,412	0,411
0,76	0,409	0,408	0,406	0,405	0,403	0,402	0,400	0,399	0,397	0,396
0,77	0,394	0,393	0,391	0,390	0,388	0,387	0,386	0,384	0,383	0,381
0,78	0,380	0,378	0,377	0,375	0,374	0,372	0,371	0,369	0,368	0,366
0,79	0,365	0,363	0,362	0,360	0,359	0,357	0,356	0,354	0,353	0,351
0,80	0,350	0,348	0,347	0,345	0,344	0,342	0,341	0,340	0,338	0,337
0,81	0,335	0,334	0,332	0,331	0,329	0,328	0,326	0,325	0,323	0,322
0,82	0,320	0,318	0,317	0,315	0,314	0,312	0,311	0,309	0,308	0,306
0,83	0,305	0,303	0,302	0,300	0,299	0,297	0,296	0,294	0,293	0,291
0,84	0,290	0,288	0,287	0,285	0,284	0,282	0,280	0,279	0,277	0,276
0,85	0,274	0,273	0,271	0,270	0,268	0,267	0,265	0,263	0,262	0,260
0,86	0,259	0,257	0,256	0,254	0,253	0,251	0,249	0,248	0,246	0,245
0,87	0,243	0,242	0,240	0,238	0,237	0,235	0,234	0,232	0,231	0,229
0,88	0,227	0,226	0,224	0,223	0,221	0,219	0,218	0,216	0,215	0,213
0,89	0,211	0,210	0,208	0,206	0,205	0,203	0,202	0,200	0,198	0,197
0,90	0,195	0,193	0,192	0,190	0,188	0,187	0,185	0,183	0,182	0,180
0,91	0,178	0,177	0,175	0,173	0,172	0,170	0,168	0,167	0,165	0,163
0,92	0,162	0,160	0,158	0,456	0,155	0,153	0,151	0,150	0,148	0,146
0,93	0,144	0,143	0,141	0,139	0,137	0,136	0,134	0,132	0,130	0,129
0,94	0,127	0,125	0,123	0,121	0,120	0,118	0,116	0,114	0,112	0,110
0,95	0,109	0,107	0,105	0,103	0,101	0,099	0,097	0,095	0,094	0,092
0,96	0,090	0,088	0,086	0,084	0,082	0,080	0,078	0,076	0,074	0,072
0,97	0,070	0,068	0,066	0,064	0,062	0,060	0,058	0,056	0,054	0,052
0,98	0,048	0,047	0,045	0,046	0,041	0,038	0,036	0,034	0,032	0,029
0,99	0,027	0,025	0,022	0,020	0,017	0,015	0,012	0,009	0,006	0,003

Diplôme : **Ingénieur Agronome**

Spécialité : **Ingénierie Zootechnique** (Productions Animales)

Enseignant référent : **Frédéric Lecerf**

Auteur : **Diane BUISSON**

Date de naissance : **07/04/1988**

Nb pages : 28 Annexes : 6

Année de soutenance : **2012**

Organisme d'accueil : **INRA de Toulouse Midi-Pyrénées**

Adresse : **24 chemin de Borde Rouge, BP 52627**

31326 Castanet-Tolosan Cedex

Maîtres de stage : **Francis BARILLET**

Jean-Michel ASTRUC

Sélection génomique des races ovines laitières françaises : analyse des schémas actuels, première modélisation de scénarios génomiques et bilan technico-économique

Genomic selection in french dairy sheep breeds: analysis of actual breeding schemes, first modeling of genomic breeding scheme and techno-economic assessment.

Résumé

Depuis quelques années, la sélection génomique est devenue le maître mot en élevage. Doublement du progrès génétique annuel, réduction de l'intervalle de génération, meilleure connaissance de la valeur génétique des jeunes animaux : autant d'arguments avancés en bovins laitiers qui ne sont pas sans interpeller les professionnels de la filière ovine laitière. Des projets d'envergures ont donc été mis en place en vue d'étudier les possibilités d'applications de cette innovation en ovins laitiers. Parmi eux, les projets Genomia et Roquefort'In, dans lesquels s'inscrit ce stage, s'intéressent plus particulièrement à la pertinence technico-économique de la sélection génomique, en s'appuyant sur la gestion des béliers en centre d'insémination animale (IA) et en modélisant divers scénarios de schémas génomiques. Pour cela, les programmes actuels des races Lacaune et Pyrénéennes ont été décrits pour connaître la demande en IA, l'utilisation et les capacités physiologiques des béliers, l'organisation actuelle des schémas et leur progrès génétique réalisé. Les données ainsi récoltées ont permis de disposer de paramètres indispensables à la modélisation de schémas génomiques. La modélisation de divers scénarios a été réalisée en race Lacaune. Les premiers résultats sont encourageants et laissent à penser que la transition est techniquement et économiquement envisageable pour cette race et qu'il est possible d'améliorer le gain génétique annuel de l'ordre de 10 à 20% sans augmenter les coûts du schéma. Cependant, la modélisation reste perfectible. Plusieurs paramètres, tels que la variabilité génétique ou la voie mère-fils n'ont pas encore été pris en compte. En outre, la modélisation doit être appliquée à chacune des races et affinée en étroite collaboration avec les entreprises de sélection des différentes races.

Abstract

Over the last few years, genomic selection has become an important tool used in dairy cattle breeding programs. There are many arguments in support of the adoption of genomic selection in this species such as the reducing of the generation interval and the significant increase of the genetic gain. Therefore, the dairy sheep sector has invested in projects such as Genomia and Roquefort'in to study the technical and economical relevance of genomics in dairy sheep AI centres. First, the current breeding schemes were described to precisely assess the AI demand, the ram's capacity of diffusion, the actual breeding schemes organisation and their annual genetic gain. Thanks to the data gathered, we determine, for the Lacaune and Pyrenean breeds, the essential parameters required to establish a genomic selection program. The modelling of different genomic breeding design was studied in the case of the Lacaune breed. The first results are encouraging: the transition to genomics seems technically et economically feasible. The annual genetic gain could be increased up to 10 to 20% compared to the current one without increasing the scheme's costs. However, this is a preliminary modelling and has to be improved. Different parameters dealing with the genetic variability and mother-son pathway need to be taken into account. Furthermore, the modelling will be applied to the other breeds and specified in close co-operation with the different breeding companies and breed associations.

Mots-clés : **Schémas de sélection, sélection génomique, ovin laitier, reproduction, IA, bélier, modélisation**

Key Words: breeding scheme, genomic selection, dairy sheep, reproduction, AI, ram, modelling