

## Une histoire de l'amélioration génétique des animaux domestiques

### 2. La sélection génomique. Entre promesses et interrogations

Par Jean-Claude Flamant, directeur de la Mission d'Animation des Agrobiosciences

Une nouvelle étape de l'amélioration génétique des animaux se prépare dès le début des années 90 dans les laboratoires de recherche, notamment ceux du Département de Génétique Animale de l'INRA. Après plusieurs décennies de tentatives infructueuses, voici, à la fin des années 2000, l'avènement de la sélection génomique dans les unités de sélection des grandes races laitières. Un rêve de chercheurs depuis des décennies : identifier les gènes qui contribuent aux systèmes polygéniques des caractères de production, concept grâce auquel la génétique quantitative a permis l'amélioration des performances, notamment dans les races telles que la Holstein (Cf. « *Les métamorphoses de la Frisonne Holstein* »<sup>1</sup>). La sélection génomique ouvre des perspectives inédites. Non sans poser de nouvelles questions pour le futur des populations d'animaux domestiques.

#### Le quantitatif et le moléculaire en tensions

C'est un fait, au sein du monde scientifique de la génétique animale, dans les laboratoires de l'INRA, à Jouy-en-Josas comme à Toulouse, il y avait une compétition latente, sinon même parfois des oppositions déclarées. D'un côté, les tenants de la connaissance de l'ADN affirmaient qu'ils avaient potentiellement en main la seule clé efficace à terme de l'amélioration du matériel animal, et certains d'entre eux avaient tendance à prendre de haut leurs collègues qui continuaient depuis des décennies à poursuivre le perfectionnement de leurs outils statistiques et informatiques. Ces derniers répliquaient que peut-être ils n'avaient pas la connaissance des bases génétiques des caractères de production sur lesquels ils travaillaient, mais ils ne se privaient pas de rappeler que les principes de la génétique quantitative, mis en œuvre à l'échelle des populations animales, avaient permis des avancées globalement spectaculaires... tandis que l'on attendait toujours la concrétisation des promesses de la génétique moléculaire. C'étaient en quelque sorte deux « cultures » : les uns privilégiant la connaissance des bases moléculaires des caractères de production animale, et les autres les outils nécessaires à la gestion raisonnée du patrimoine génétique des populations. De fait, leur « patron » Jacques Poly soutenait les uns et les autres considérant que, à l'évidence, ces deux approches étaient complémentaires. Simplement, les horizons temporels étaient différents. Il y avait entre eux un débat de fond : c'est quoi la recherche ? Mais aussi un enjeu de pouvoir : après l'accession de Jacques Poly à la Direction Générale de l'INRA, qui parmi eux allaient avoir en main la conduite de la stratégie du Département de Génétique Animale de l'INRA ?

---

<sup>1</sup> [http://www.agrobiosciences.org/article.php3?id\\_article=3083](http://www.agrobiosciences.org/article.php3?id_article=3083)

Depuis longtemps, certains chercheurs s'employaient à débusquer des gènes « mendéliens »<sup>2</sup> associés à des caractères de production. Une démarche couronnée de succès chez les plantes mais qui n'avait jamais pu déboucher chez les animaux, d'où une certaine frustration ressentie par certains. Ce n'était pas faute de travail. Petit résumé... Tout d'abord, la progression des connaissances en matière de caractérisation des groupes sanguins suscite des espoirs révélant un polymorphisme génétique d'une ampleur insoupçonnée. Peine perdue. Aucun lien ne peut être mis en évidence entre l'un des nombreux groupes sanguins et la production de lait ou la vitesse de croissance des animaux. L'intérêt se porte ensuite sur les gènes du « système général d'histocompatibilité »<sup>3</sup>, encore plus diversifiés, mis en évidence grâce aux progrès techniques pour caractériser les protéines d'un organisme par électrophorèse. Ils suscitent un foisonnement remarquable d'intérêt et de publications. Sans plus de succès ! Pourquoi ? Écoutons à ce sujet, Alan Robertson<sup>4</sup>, un chercheur britannique auteur d'articles qui font référence au niveau international au cours des années 50, sur les modèles d'évaluation des taureaux sur leur descendance et l'optimisation du progrès génétique de la production de lait. Il souligne la difficulté de l'entreprise, similaire à celle de la recherche d'une aiguille dans une botte de foin, déclare-t-il lors d'une conférence à Toulouse dans les années 70. La mise en relation des deux types de caractères, les moléculaires et les quantitatifs, lui paraît improbable en l'état des connaissances. Il explique qu'il faudrait que, par chance, l'un de ces gènes « simples » soit positionné sur les chromosomes à proximité d'un de ces fameux systèmes polygéniques que personne n'a jamais identifiés. Alan Robertson appelle cependant à poursuivre les travaux dans ce sens, car, peut-être, un jour...

### **L'inventaire à la Prévert des « gènes majeurs »**

Une improbable quête d'un côté, des avancées limitées mais tangibles d'un autre autour du concept de « gène majeur ». Explication... On désigne ainsi un gène mendélien qui, par son existence au sein des cellules d'un organisme, détermine à lui seul l'expression d'un caractère de production quantitatif<sup>5</sup>. Il est « majeur » du fait de son rôle déterminant par rapport à chacun des nombreux gènes des systèmes polygéniques et c'est ce qui permet de le repérer. Il impose son existence quelle que soit sa position sur les chromosomes à proximité des polygènes. Intéressant !

---

<sup>2</sup> Gène mendélien : c'est un gène qui se comporte comme Mendel l'avait identifié sur les petits pois. On dit aussi « gène factoriel » en ce sens qu'il agit comme facteur déterminant un caractère.

<sup>3</sup> Compatibilité entre tissus qui conditionne la réussite d'une greffe

<sup>4</sup> <http://www.genetics.org/cgi/reprint/125/1/1.pdf>

<sup>5</sup> C'est ce qui distingue les « gènes majeurs » des « gènes à effet visible », ceux qui portent les caractères de couleur de la robe des animaux par exemple

Les volailles en offrent de bons exemples. Ainsi le gène de nanisme *dw*<sup>6</sup>, caractère mendélien récessif et lié au sexe : les poules qui le portent sont dotées d'une taille significativement plus petite que les autres (- 30%). Identifié en 1959 à Jouy-en-Josas par un chercheur de l'INRA, Philippe Mérat<sup>7</sup>, après lui avoir été signalé par l'un de ses techniciens, ce gène a déjà fait l'objet d'une publication aux USA en 1949. En France, il va participer à la création d'une souche tout à fait remarquable, la poule « Vedette INRA », à la base de la mise au point des poulets « labels rouge » qui vont conquérir les consommateurs au cours des années 70 grâce aux travaux de sélection conduits par Léon-Paul Cochez au domaine INRA du Magneraud en Poitou-Charentes<sup>8</sup>.

Chez les bovins, un autre caractère morphologique retient l'attention de Bertrand Vissac dès les années 60. Parmi les animaux de race à viande Charolaise, certains d'entre eux développent une hypertrophie musculaire, notamment des arrières, d'où l'appellation courante « cul de poulain ». Toute une équipe de recherche est mobilisée pour aboutir à la reconnaissance de son déterminisme génétique, car il s'agit bien d'un gène, le gène « culard ». Un troupeau est constitué à Carmaux (Tarn) en vue de produire des taureaux issus de cette souche unique qui confère à ses descendants provenant d'un croisement avec une vache « normale » une valorisation bouchère supérieure, grâce à une plus grande proportion de morceaux à griller. Cependant, ce gène intéressant du point de vue « boucher » a aussi des effets délétères pour les vaches, induisant des difficultés de mise bas du fait d'une ouverture pelvienne plus étroite, allant jusqu'à la nécessité du recours quasi systématique à des césariennes, tout particulièrement sur les vaches de race « Blanc Bleu Belge ». En race Gasconne, une race rustique de montagne dont une qualité essentielle réside dans des conditions d'élevage en plein air avec le minimum d'assistance, l'existence de ce gène, apporté antérieurement par des croisements avec des taureaux de race Piémontaise dont la robe grise avait même aspect, constitue un handicap. D'où le concours des chercheurs de l'INRA pour éradiquer l'inopportuniste et garantir que les taureaux en sont « indemnes » et ne le transmettront pas à leurs descendants.

Chez les porcs, le même caractère « culard » est repéré. Cette fois-ci au sein de la race belge de Piétrain (du nom du village dont ils sont originaires). Ses produits deviennent bientôt les champions des concours de carcasses au Salon International de l'Agriculture de Paris et en d'autres lieux. Mais on identifie aussi bientôt ses conséquences négatives sur la qualité de la viande de jambon cuit. Exit la supériorité accordée jusqu'alors aux animaux de cette race.

Dans ce qui peut ressembler à un « inventaire à la Prévert », on recense aussi un gène qui détermine l'absence de cornes chez les chèvres, dont une conséquence inattendue est leur stérilité, et même leur intersexualité, jusqu'à leur donner l'apparence de boucs induisant des *sex ratios* déséquilibrés. Une découverte originale due à Guy Ricordeau. S'y ajoute le cas tout aussi marquant du gène appelé « Boroola »<sup>9</sup> chez les brebis Mérinos d'Australie : dans une race dont les brebis s'obstinent à ne donner naissance qu'à un seul agneau, celles qui portent ce gène en ont deux ! S'enchaînent des recherches dans le monde entier motivées par la question stimulante : certaines de « nos » races de brebis ne seraient-elles pas aussi dotées du même gène ?

<sup>6</sup> *dw* comme dwarf : nain en anglais

<sup>7</sup> Lire ici le témoignage de Philippe Mérat : <http://www.inra.fr/archorales/t2merat.pdf>

<sup>8</sup> Au fil des décennies, l'INRA a été à l'origine de plusieurs souches dans les diverses espèces animales : <http://www.inra.fr/internet/Directions/DIC/presinra/SAQfiches/poulevedet.htm>

<sup>9</sup> Boroola, du nom de la ferme australienne où l'existence de ce gène a été mise en évidence, à la suite de la constitution d'un troupeau en réunissant les quelques rares brebis Mérinos d'Australie qui étaient connues pour avoir eu deux agneaux au même agnelage

## Se repérer sur les chromosomes : QTL, synténies et microsatellites

La science progresse... Au début des années 90, à défaut de pouvoir détecter des gènes simples situés sur les chromosomes à proximité de ces fameux systèmes polygéniques de la théorie de la génétique quantitative, les chercheurs ont déterminé qu'il était possible de repérer des portions du génome associés à des caractères quantitatifs, les QTL (« *quantitative traits loci* »).

Pour y parvenir, ils ont utilisé les progrès des ordinateurs pour repérer le positionnement sur les chromosomes de portions du génome appartenant à des cellules d'animaux issus du croisement entre des types très différents, donc présentant *a priori* des écarts génétiques importants entre eux, par exemple les porcs Large White d'un côté, les porcs Noirs Gascons ou les porcs chinois Meishans de l'autre, très différents pour la taille de portée des truies. Et ils ont tenté d'associer avec les caractères de production ce qu'ils observaient dans la famille des descendants. Ça marche ! D'où, progressivement, l'identification de QTL spécifiques pour chacun des caractères qui semblent intéressants. Une progression dont les chercheurs « modélisateurs » des programmes d'amélioration génétique se saisissent en posant les principes d'une sélection « *assistée par marqueurs moléculaires* » (SAM) de ce qu'ils comment désormais les « *caractères multifactoriels* ».

Mais ce n'est pas fini. Car la biologie moléculaire et les outils du séquençage du génome qui l'accompagnent continuent une progression qui semble inexorable sur le front de la recherche. Le génome humain est l'objet de toutes les attentions du fait de ses implications en matière de santé et aussi de l'intérêt que lui porte la police scientifique. Un programme d'ampleur mondial est engagé en 1990, qui va déboucher au début des années 2000 par la publication d'une carte « intégrale ». Conséquence, elle va constituer le modèle de référence pour les chercheurs qui travaillent sur le génome des animaux domestiques, en se référant à un nouvel objet, la « synténie » et une propriété, la « conservation de synténie ». De quoi s'agit-il ? La « synténie » caractérise le fait que deux gènes sont localisés à proximité l'un de l'autre sur le même chromosome. Quant à la « conservation de synténie », elle décrit le fait qu'une synténie, identifiée sur un chromosome humain, est retrouvée sur le chromosome d'un autre mammifère.

La recherche s'engage donc dans une logique d'exploration de nature quasi géographique. Comment se repérer sur les chromosomes ? Un travail de cartographie comparée ! Pour faire simple, disons qu'on va d'abord rechercher sur les chromosomes animaux des gènes humains homologues aux « gènes majeurs », ceux qui ont été repérés antérieurement grâce à l'esprit de curiosité de certains chercheurs, et on va approfondir la connaissance de ces portions de chromosomes de manière élective plutôt que de tenter un inventaire de la totalité du génome.

Première application de cette stratégie au porc dont le génome apparaît la plus proche des humains parmi les animaux domestiques (voir l'article qui en présente le principe méthodologique en 1991<sup>10</sup>). Et cela va déboucher sur l'identification de petites portions de chromosomes, d'abord appelées « microsattellites »<sup>11</sup>, étroitement liés aux gènes majeurs reconnus antérieurement, par exemple le gène *Boroola* de prolificité des brebis ou encore le gène de sensibilité des porcs à l'halothane en rapport avec les porcs portant le gène *culard* (voir ci-dessus)<sup>12</sup>. On débouche même sur des applications pratiques originales, par exemple la détection par sonde moléculaire des porcelets porteurs du gène RN qui induit une qualité défectueuse de la viande des jambons cuits<sup>13</sup>.

Les laboratoires vont bientôt s'équiper d'automates de décryptage du génome. Ils vont permettre d'identifier un nombre croissant de « marqueurs moléculaires » progressivement associés aux caractères de production grâce à l'analyse génomique fine de « familles », c'est-à-dire d'animaux de générations successives. Pour en arriver ensuite à la conception de « puces à ADN » qui permettent de caractériser le génome d'un animal (ou d'une plante) simultanément sur un grand nombre de caractères sans avoir besoin de mesurer ceux-ci un par un. Bientôt, contre toute attente, et bénéficiant de la progression de la robotique, le génome de la vache est l'objet de toutes les attentions au cours des années 2000 : les bovins succèdent aux humains, puis aux porcins en 2008, parmi les espèces animales dont on a acquis une connaissance de plus en plus complète du génome. Conséquence : un retour sur les idées débattues par Alan Robertson – il est décédé en 1989 – qui trouvent là une issue inespérée. On dispose d'un nombre croissant de marqueurs moléculaires et on sait les localiser sur les chromosomes.

### **Les index génomiques, une révolution**

De là à tenter de mettre en rapport les évaluations génétiques réalisés sur les taureaux par le testage sur descendance avec le diagnostic réalisé par la génomique, il n'y avait qu'un pas. Démonstration, il apparaît que la correspondance est excellente entre la valeur des index sur descendance des taureaux et leurs index « génomiques » obtenus avec les puces à ADN. Gagné ! Evidemment, à l'échelle mondiale, plusieurs équipes de recherche se sont mobilisées sur ce nouveau front. Leur partenariat avec les organismes de sélection constitue là encore une condition de réussite. Comme au cours des années 60, la France est justement bien placée grâce au dispositif organisationnel qui caractérise la Loi sur l'Élevage de 1966.

Et voilà, qu'effectivement, à la fin des années 2000, toutes les conditions sont réunies pour inclure dans les catalogues des Centres d'insémination la semence de taureaux d'insémination seulement connus par leur génomique. Le passage à la commercialisation aux éleveurs est réalisé en 2008. Ce qui nécessite un saut de confiance de leur part. Ils avaient été convaincus par la fiabilité des index génotypiques sur descendance, et avaient participé à l'organisation collective de collecte et de traitement de l'information qui les avait permis, et on leur propose maintenant d'acheter la semence de taureaux seulement évalués sur leur propre ADN sans autre preuve de leurs avantages réels, c'est-à-dire la production de leurs filles. Certes, ce sont toujours les chercheurs qui se portent garants des informations fournies,

<sup>10</sup> [http://granit.jouy.inra.fr/productions-animales/1991/Prod\\_Anim\\_1991\\_4\\_1\\_11.pdf](http://granit.jouy.inra.fr/productions-animales/1991/Prod_Anim_1991_4_1_11.pdf)

<sup>11</sup> Aujourd'hui, dans cette logique, on parle de SNPs : Single Nucléotide Polymorphisme

<sup>12</sup> L'halothane est un anesthésiant couramment utilisé dans les laboratoires effectuant des interventions sur les animaux. Or, il apparaît que certains porcs n'y résistent pas et meurent de crise cardiaque. Cette particularité se révèle associée au gène « culard » chez les porcs Piétrain. Un cas d'école !

<sup>13</sup> Un travail original réalisé à l'INRA de Toulouse et qui a fait l'objet d'un brevet

l'INRA ayant été confirmé dans ses fonctions après une révision de la Loi sur l'Élevage quarante ans après, en 1996, mais quand même ! En fait, ceux qui ont été recrutés au début des années 80 ont pris la suite des pionniers des années 50 et 60 sans état d'âme quant aux rapports entre génétique quantitative et génétique moléculaire. Deux approches complémentaires sur le principe, comme le concevait Jacques Poly, mais il fallait attendre que les outils nécessaires deviennent disponibles pour que l'on accède aux solutions pratiques.

Les promoteurs de cette méthode pointent d'emblée son caractère « révolutionnaire » par rapport à tout ce qui avait été conçu dans les années 50. En effet, il faut réaliser qu'il n'est plus nécessaire d'attendre 6 ou 8 ans pour connaître avec précision la valeur d'un taureau laitier sur sa descendance. Celle-ci peut être obtenue dès leur naissance. D'où une réduction de l'intervalle entre générations, ce qui permet d'accroître le « *progrès génétique annuel* » au sein d'une race. Et encore plus, le même test peut être réalisé avec la même précision sur les vaches elles-mêmes, résolvant du même coup le problème posé à l'origine : comment garantir qu'une vache ayant les meilleures productions est supérieure génétiquement, et donc que ses filles vont être également plus productives ? La sophistication des index « BLUP » multicaractères<sup>14</sup>, acquise par la modélisation statistique et quantitative et permettant des évaluations de plus en plus précises, semble renvoyée à un outillage du passé : les « moléculaires » auraient donc maintenant l'avantage sur les « quantitatifs ». Ainsi l'appelait de ses vœux un groupe de chercheurs de l'INRA il y a quinze ans, en conclusion d'un article reconstituant l'évolution de la connaissance des marqueurs moléculaires, des groupes sanguins à la cartographie du génome : « *Reste la grande question scientifique : jusqu'où les recherches sur les génomes permettront-elles d'aller dans l'analyse du déterminisme génétique des caractères « d'intérêt agronomique » et dans quelle mesure leurs résultats pourront-ils contribuer à l'amélioration génétique des espèces d'élevage ? Parions que les optimistes auront raison...* »<sup>15</sup>.

## Les promesses et les interrogations

Effectivement, les « optimistes » ont réalisé leur ambition, ceux qui croyaient aux recherches sur le génome en appui à l'amélioration génétique des races animales ! Et maintenant ? Quelles conséquences peut avoir la sélection génomique pour l'avenir des races animales, notamment pour cette vedette mondiale que constitue la Frisonne Holstein ?<sup>16</sup> Quelques pistes...

Tout d'abord, certains pointent, à terme, la disparition de toute l'organisation des opérations de contrôle laitier et de testage sur descendance, élaborée au cours des années 50 et 60 et perfectionnée au fur et à mesure du perfectionnement des outils de traitement de l'information. Devenue inutile, elle serait réduite à assurer une veille, une vérification régulière de la bonne liaison entre l'index génomique et l'index sur descendance, ce dernier restant de toute manière la « vérité terrain », celui qui est effectivement le plus proche de ce que perçoivent les éleveurs, la production de leurs animaux et de leur troupeau. Pour le

---

<sup>14</sup> ou « *multitraits* » en anglais

<sup>15</sup> Grosclaude F, Mercier J.C., Vaiman M., Levéziel H., Gellin J., 1996. La génétique moléculaire des espèces d'élevage : des groupes sanguins à la cartographie du génome. INRA Productions Animales, Hors Série 1996, 57-69 : [http://granit.jouy.inra.fr/productions-animales/1996\\_hors-serie/Prod\\_Anim\\_1996\\_hs\\_hs\\_06.pdf](http://granit.jouy.inra.fr/productions-animales/1996_hors-serie/Prod_Anim_1996_hs_hs_06.pdf)

<sup>16</sup> Sans oublier évidemment les autres races laitières et les races animales exploitées pour la production de viande, tout comme les plantes puisque les principes de la sélection génomique et de la recherche de marqueurs moléculaires les concernent également.

moment, en 2011, les premiers taureaux retenus sur la base de leur index génomique à titre expérimental commencent à avoir des filles et leurs index sur descendance correspondent parfaitement aux prévisions.

Ensuite, on peut imaginer qu'au sein d'une même race, pourraient se manifester des divergences entre les unités de sélection quant à leurs choix stratégiques respectifs, pouvant même s'accompagner d'une transformation de leur statut de coopérative d'éleveurs (à l'origine) en firmes privées de génétique des bovins. En effet, dans la mesure où l'accès aux outils de la génomique devient plus facilement opératoire, à la portée de laboratoires de recherche privés, rien n'empêche que se concrétisent des options différenciées de sélection, par exemple selon la pondération donnée à tel ou tel caractère de production par une unité de sélection, ou selon les perfectionnements de la puce ADN utilisée. Ainsi la logique de compétition, déjà existante en France entre les cinq principales unités de sélection, et au niveau mondial entre des « consortiums » associant plusieurs unités, serait exacerbée. Le consensus construit au sein de l'internationale des taureaux (Interbull) permettant de garantir, sur des bases scientifiques, que l'information produite aux USA est aussi fiable que celle obtenue en France, ne va-t-il pas éclater ? Peut-être le destin de la Holstein est-il à des lignées multiples, comme cela s'est produit antérieurement pour les volailles ou pour les porcs, jusqu'alors plus souples à sélectionner que les ruminants.

Autre problème, celui de l'évolution de la consanguinité dans les populations. En effet, même avec des effectifs de plusieurs dizaines de millions de vaches, une race comme la Holstein peut dépendre à l'échelle mondiale d'un nombre réduit de taureaux d'élite dont on a retenu préférentiellement les descendants au sein des unités de sélection. L'alerte a été donnée au sein même d'Interbull.

Explication : les équations de la génétique des populations révèlent que l'effectif génétique d'une race repose sur l'effectif du sexe le moins représenté parmi les reproducteurs de la race<sup>17</sup> et que cela conditionne le maintien de la variabilité génétique et l'évolution de la consanguinité à long terme. Or, en remontant les généalogies sur plusieurs générations, le constat est fait que la grande majorité des milliers de taureaux actuellement utilisés n'ont que quelques dizaines de taureaux dans leur ascendance. Si l'on y ajoute désormais, la plus grande précision dans l'estimée de la valeur des vaches, le risque est encore plus grand. Pourquoi ? Parce que la règle d'or de la sélection consiste en la réalisation d'« accouplements raisonnés », ceux consistant à utiliser la semence des meilleurs taureaux sur les meilleures vaches. Si ces dernières sont évaluées génétiquement avec une précision similaire à celles des taureaux grâce à la génomique, il peut en résulter une focalisation sur un nombre très limité de lignées grâce au nombre élevé de paillettes de sperme congelé par taureau. Sans oublier d'autres outils tels que la superovulation des vaches intéressantes et la congélation des embryons, ou encore la mise sur le marché de semence « sexée » permettant d'obtenir plus de femelles que de mâles dans la descendance. Les consommateurs n'imaginent pas que le lait et les produits laitiers ont une base si technologique. Ainsi devient techniquement possible un « ciblage » de plus en plus fin sur un nombre de plus en plus réduit de reproducteurs, mâles et femelles. Pour contrecarrer les conséquences de cette évolution, il faudrait que s'organise une vigilance collective avec une coordination aux divers échelons, nationaux et mondiaux. Les chercheurs en débattent. D'autant plus, que ceci pourrait avoir pour conséquence de modifier les liaisons entre les marqueurs moléculaires et les caractères quantitatifs.

<sup>17</sup>  $1/F = 1/F_m + 1/F_f$ , où **F** est l'effectif génétique, **F<sub>m</sub>** l'effectif des taureaux reproducteurs et **F<sub>f</sub>** l'effectif des mères à taureaux

L'indexation génomique pourrait donc entraîner l'abandon du contrôle laitier dans les élevages. Ceci n'est pas anodin, car il ne s'agit pas uniquement d'une modalité technique. Il s'agit alors de l'abandon de toute la conception d'organisation collective qui l'accompagnait, impliquant éleveurs, techniciens et ingénieurs, informaticiens, chercheurs, une organisation concertée qui constituait une ressource humaine. Pour les chercheurs qui l'avait conçue, et à laquelle j'ai participé, cette dimension était d'une grande importance, probablement autant que les programmes informatiques qui étaient la traduction des algorithmes mathématiques issus des théories de la génétique quantitative. Le développement de l'outil génomique aura-t-il pour conséquence de mettre à bas l'édifice collectif ? Ou bien, l'organisation collective mise en place à l'échelle d'une race se révélera-t-elle un atout pour la gestion des avantages apportés par l'outil génomique ?

### Un bouleversement des perspectives ?

« *Quand les sciences du vivant bouleversent notre regard sur le monde* »<sup>18</sup>... C'était le sujet de la 7<sup>ème</sup> Université d'Eté de l'Innovation Rurale (aujourd'hui les Controverses de Marciac) en 2001. L'organisation de la sélection des populations animales n'est pas sans rapport avec la logique politique des sociétés humaines : c'est ce que j'avais brossé il y a quelques années dans « *Histoires de races animales, Histoires de sociétés humaines* »<sup>19</sup>. Car, et ceci est fondamental, les populations humaines sont les gestionnaires des populations animales domestiquées. Je me souviens avoir participé, au cours des années 80, à un colloque international sur l'amélioration génétique des bovins et des ovins dans les pays de l'hémisphère sud au cours duquel les schémas français « collectifs » avaient été présentés. Surprise, ils avaient été assimilés par les organisations d'éleveurs néo-zélandais et australiens à des options politiques dirigistes, voire même d'inspiration communiste. Aujourd'hui, les avancées techniques considérables de la génomique semblent limiter l'intérêt de la dimension collective des schémas de sélection. Or celle-ci valorisait pour le plus grand nombre de producteurs possibles le patrimoine génétique d'une race considéré comme un bien commun, ce qui avait justifié en 1966 le concours des moyens publics.

Hypothèse : on peut considérer que l'avantage apporté par l'identification des bases génétiques de la production de lait va dans le même sens que l'évolution de la société vers une prééminence de chacun à effectuer ses choix en toute connaissance pour réaliser ses propres projets avec le moins de contraintes possibles. Ne resterait comme « bien commun » que la cartographie du génome, connaissance sur la base de laquelle pourraient donc se développer des stratégies économiques différenciées.

Autre dimension, la Commission Européenne avait demandé à la France de réviser les termes de la Loi sur l'Élevage, coïncidant avec le quarantième anniversaire de celle-ci, dans le sens notamment de la suppression du monopole territorial des centres d'insémination artificielle. Désormais, les éleveurs peuvent faire appel aux inséminateurs de leur choix, voire même pouvoir opérer par eux-mêmes, ayant choisi la semence des taureaux sur catalogue parmi les « fournisseurs » disponibles – les unités de sélection. Par ailleurs, la spécialisation des exploitations laitières, la simplification de leur régime alimentaire (ensilage de maïs, soja), l'accroissement de leur taille, la suppression des quotas laitiers à l'échelle européenne, la compétition entre industriels (coopératifs ou privés)... tout ceci va dans le sens d'une banalisation marchande de l'ensemble de la chaîne laitière. On est loin en effet de

<sup>18</sup> [http://www.agrobiosciences.org/IMG/pdf/7\\_univ\\_marciac-2.pdf](http://www.agrobiosciences.org/IMG/pdf/7_univ_marciac-2.pdf)

<sup>19</sup> [http://www.agrobiosciences.org/article.php?id\\_article=127](http://www.agrobiosciences.org/article.php?id_article=127)

l'argumentaire des années 60 en faveur d'une aide sociale aux petits éleveurs bretons par l'intermédiaire d'un appui technique organisé et efficace les mobilisant pour la cause de l'amélioration d'une ressource génétique considérée comme étant d'intérêt commun.

Mais, autre option, la sélection génomique ne serait-elle pas une chance pour les « petites » races, par exemple la Normande, des races plus liées à un territoire que les grandes races « cosmopolites », voire associées à des produits spécifiques tels que des fromages d'appellation ? Celles-ci ne pourraient-elles pas bénéficier des mêmes outils d'évaluation que la Holstein pour affûter leurs particularités, sans avoir besoin de disposer d'un grand nombre d'animaux au contrôle laitier et de taureaux en testage sur descendance, ce qui les avait jusqu'à présent pénalisées. Ainsi, la race Lacaune, celle des brebis qui contribuent à la fabrication du fromage de Roquefort, a toujours constitué un banc d'essai pour l'INRA dans la recherche de modèles pour la sélection des races laitières. Son organisation humaine territorialisée pourrait constituer un plus pour profiter des possibilités nouvelles offertes par l'indexation génomique des reproducteurs, mâles et femelles. Un modèle à suivre pour les races bovines laitières ? Par exemple, pourquoi pas, autour d'une « autre » Pie Noire », la petite Bretonne Pie Noire que l'on avait crue disparue (lire par exemple le bilan positif qu'en effectue Pierre Quéméré dans une séance de l'Académie d'Agriculture en 2008<sup>20</sup>). Mais ceci est une autre histoire...

Ce texte a bénéficié de la relecture et des utiles remarques de Joel Gellin, Laboratoire de Génétique Cellulaire, Département de Génétique Animale (INRA, Centre de Toulouse Midi-Pyrénées).

---

<sup>20</sup> [http://www.academie-agriculture.fr/mediatheque/seances/2008/20080604communication4\\_integral.pdf](http://www.academie-agriculture.fr/mediatheque/seances/2008/20080604communication4_integral.pdf)