

La sélection assistée par marqueurs : un apport de la génomique pour la sélection en bovins laitiers

Tom Druet¹, Sébastien Fritz², Mathieu Gautier³

¹ *Station de Génétique Quantitative et Appliquée*

INRA (Institut National de la Recherche Agronomique), Domaine de Vilvert, 78352 Jouy-en-Josas, France

² *Union Nationale des Coopératives d'Élevage et d'Insémination Artificielle, 149 rue de Bercy, 75595 Paris, France*

³ *Laboratoire de Génétique biochimique et Cytogénétique – INRA, Domaine de Vilvert, 78352 Jouy-en-Josas, France*

1. Introduction

Dans le courant des années 90, des cartes génétiques ont été développées à l'aide de marqueurs génétiques. Avec ces avancées, les chercheurs disposaient de précieux outils pour détecter des régions chromosomiques ou des gènes influençant les caractères d'intérêt comme la production laitière, la fertilité, etc.. En sélection laitière, de nombreux programmes d'étude ont été entrepris dans le but d'avoir une meilleure connaissance de l'influence de différentes régions du génome sur ces caractères. Il est maintenant possible de valoriser ces recherches en utilisant les informations obtenues dans la sélection. L'utilisation de marqueurs moléculaires en sélection est appelée SAM pour Sélection Assistée par Marqueurs.

Cet article présente les principes de l'information génétique et de la Sélection Assistée par Marqueurs. Il présente également un dispositif de SAM mis en place en France. Cet article et ce dispositif sont le fruit de la collaboration de plusieurs partenaires. Tout d'abord, l'UNCEIA (Union National des Coopératives d'Élevage et d'Insémination Artificielle) représente les huit unités de sélection associées à ce projet (UMOTEST, JURA BETAÏL, GNA, UNECO, GDH, OGER, MIDATEST et URCEO). Ensuite, le GIE (groupement d'intérêt économique) LABOGENA est responsable de la réalisation des typages. Enfin, l'Institut National de la Recherche Agronomique (INRA) est représenté par deux laboratoires : la Station de Génétique Quantitative et Appliquée (SGQA) développe les outils d'analyses statistiques et réalise l'évaluation génétique et le Laboratoire de Génétique biochimique et Cytogénétique (LGbC) réalise les recherches de cartographie de QTL.

2. Information génétique, marqueurs génétiques et sélection

L'information génétique d'un animal est contenue dans des molécules d'ADN organisées en chromosomes. Cette information génétique est nécessaire à la synthèse de protéines qui participent à de nombreuses fonctions biologiques. Une portion d'ADN qui code pour une protéine est appelée un gène. Il existe parfois plusieurs variants (allèles) d'un même gène et les protéines résultantes peuvent être différentes. Dès lors, des animaux présentant différents allèles pour un gène exprimeront différemment leurs fonctions biologiques. Par ailleurs, une même fonction biologique est influencée par de nombreuses protéines et donc de nombreux gènes. La valeur génétique d'un animal particulier reflète l'influence sur une fonction biologique ou un caractère de tous les allèles des gènes de cet animal.

Chez les bovins, les chromosomes sont organisés en 29 paires de chromosomes autosomes et une paire de chromosome sexuel. Pour chaque paire, un chromosome vient du père et l'autre de la mère. L'information génétique est donc transmise des parents au descendant. Il y a donc

une ressemblance entre les parents et les descendants dans l'expression de leur fonction biologique. Chaque parent ne transmet qu'un chromosome par paire, et donc seulement la moitié de son information génétique. Cette transmission est aléatoire et des descendants d'un même père peuvent plus ou moins se ressembler selon qu'ils ont reçu une information génétique similaire ou non.

La sélection repose sur l'estimation de la valeur génétique à travers l'observation des fonctions biologiques (performances) d'un animal et de ses apparentés et sur le choix, comme parents des futures générations, des animaux ayant les meilleures valeurs génétiques. En moyenne, une moitié de cette supériorité sera transmise aux descendants.

Cette sélection ne se base donc pas sur l'observation directe des gènes car ceux-ci sont difficiles à mesurer. Néanmoins, pour suivre leur transmission des parents aux descendants, il existe des outils moléculaires, à savoir les marqueurs génétiques. Ceux-ci sont des portions d'ADN qui n'influencent généralement pas les fonctions biologiques mais qui peuvent être observées notamment grâce aux outils de biologie moléculaire. Ces marqueurs présentent différents variants (allèles) qui permettent de déterminer, entre deux régions chromosomiques, laquelle a été transmise. En effet, la région chromosomique située autour du marqueur est transmise avec celui-ci. Les marqueurs permettent donc d'observer les différences d'informations génétiques transmises entre descendants et de comparer ces différences d'information reçue avec des différences de performances mesurées.

3. Utilisation des marqueurs génétiques : détection de QTL

Une première utilisation de ces marqueurs génétiques est la détection de QTL, ceux-ci étant des régions chromosomiques qui ont un effet sur un caractère d'intérêt. Ce sont donc des portions de chromosome ou du génome qui influencent une fonction biologique particulière. Cette portion peut contenir un ou plusieurs gènes. En général, on ne connaît pas la localisation et l'étendue de cette région de manière précise.

Pour détecter ces régions, on utilise des marqueurs génétiques. En sélection laitière, un dispositif « petites-filles » est généralement appliqué. Dans ce dispositif, des familles de taureaux (des taureaux issus d'un même père) sont génotypées et les valeurs génétiques de ces taureaux sont estimées de manière précise à partir des performances de nombreuses filles en production. Dans chacune des familles, les marqueurs génétiques permettent de distinguer à diverses positions du génome deux groupes de fils : ceux qui ont reçu, pour la portion de chromosome autour du marqueur, l'information génétique contenue sur le premier chromosome du père de ceux qui ont reçu l'information du second chromosome. Si l'on observe des différences de performances significatives entre ces deux groupes dans plusieurs familles, il est alors probable que cette région abrite des gènes influençant le caractère étudié. En utilisant un nombre important de marqueurs répartis sur tout le génome, il est possible de tester l'existence de QTL tout le long du génome.

4. Premières détections de QTL et identification de gènes

De tels dispositifs de détection ont été entrepris dans de nombreux pays tels que les Etats-Unis, les Pays-Bas, la France, l'Allemagne, etc. A la suite de ces programmes de détection, de nombreux QTL ont été détectés. En race Holstein, certains de ceux-ci apparaissent dans de nombreuses études, ce qui indique qu'ils ségrégent dans l'ensemble de la population Holstein. Les QTL les plus significatifs sont ceux qui ont les effets les plus forts et qui sont les plus fréquents. Pour ces QTL, des études ont tenté d'approfondir la connaissance sur la localisation précise du QTL (jusqu'au gène), ce que l'on appelle la cartographie fine, et sur l'action du QTL. En effet, lors de la détection, la définition des régions chromosomiques détectées reste

floue et l'étude ou l'utilisation des gènes requiert des efforts de recherche importants pour aboutir à une région nettement plus précise ou à un gène. De telles recherches ont déjà permis d'identifier plusieurs gènes sous-jacents aux premiers QTL détectés tels que DGAT1, GHR ou le gène ABCG2. Il est très probable que, dans les prochaines années, le nombre de QTL identifiés va s'accroître pour tous les caractères même si les QTL les plus significatifs ont déjà été étudiés.

En plus du travail de recherche effectué sur ces QTL pour comprendre leur mécanisme et approfondir nos connaissances sur le génome, les QTL peuvent être utilisés en sélection à travers la sélection assistée par marqueurs.

5. Intérêts de l'utilisation des QTL dans la sélection

L'utilisation d'informations génomiques présente plusieurs intérêts en sélection :

- On peut obtenir de l'information génomique (via les marqueurs génétiques) dès la naissance d'un animal, voire avant. Cette information est donc disponible très tôt. Il n'est pas nécessaire d'attendre qu'un animal exprime un phénotype (par exemple qu'il entre en lactation ou soit abattu pour sa carcasse) pour le sélectionner. Dans certains cas, cela devrait permettre de réduire l'intervalle de génération en sélectionnant les reproducteurs plus tôt. Dans d'autres cas, cela permet d'obtenir une information complémentaire pour choisir les reproducteurs lorsqu'ils sont jeunes et que leur information disponible est limitée ;
- De même, cette information est indépendante du sexe de l'animal, on peut sélectionner un reproducteur mâle pour des gènes qu'il va transmettre à ses filles pour des caractères qui ne peuvent être mesurés que chez les femelles ;
- La précision de l'information génomique dépendra de la précision de l'estimation des effets d'un QTL ou d'un gène. S'il est possible de les estimer de manière précise, l'information génomique sera elle-même très précise. Le génotypage en lui-même est très fiable. La précision de cette information est à comparer à celle que l'on peut obtenir par d'autres voies. En effet, il est parfois peu fiable de se baser sur une performance pour sélectionner un animal (caractère de faible héritabilité) ; il est par exemple peu précis de sélectionner une vache pour sa fertilité à partir du résultat d'une seule insémination artificielle ;
- Le coût de l'information est à comparer au coût de l'information classique ou de l'animal. Par exemple, si une mesure phénotypique est coûteuse ou difficile à mesurer (comme la qualité de carcasse), le recours à l'information moléculaire peut se justifier. De même, l'amortissement du coût des génotypages n'est pas le même pour un étalon de prix que pour un lapin. Les coûts de génotypages vont par ailleurs continuer à diminuer.

En bovins laitiers, plusieurs de ces conditions propices à la SAM sont réunies :

- Les phénotypes ne sont disponibles que sur les vaches et relativement tard, c'est-à-dire à la fin de leur première lactation (vers trois ans) ;
- Les mâles sont sélectionnés par testage sur descendance, c'est-à-dire qu'après avoir récolté la semence du taureau (après un à deux ans), on va réaliser environ 500 inséminations pour obtenir environ 80 filles qui termineront leur lactation environ 4 ans plus tard. C'est à partir des lactations des filles que la valeur génétique du taureau est estimée. Ce dispositif de sélection est donc long mais aussi coûteux (environ 40 000 euros par taureau mis en testage) ;

- Les caractères fonctionnels tels que la fertilité ou la résistance aux mammites ont une part de plus en plus importante dans les programmes de sélection. Ces caractères ont une héritabilité plus faible, les phénotypes sont donc moins précis et il est donc intéressant de disposer d'information supplémentaire ;
- Les futurs reproducteurs (jeunes taureaux candidats au testage et jeunes femelles candidates pour être mères à taureaux) sont sélectionnés à un âge auquel leur valeur génétique est mal connue : celle-ci est souvent calculée à partir des seuls parents car l'animal (et parfois sa mère) ne dispose pas de performances propres. A nouveau, dans un tel cas, il serait particulièrement intéressant de disposer d'une information supplémentaire.

Pour toutes ces raisons, un programme de Sélection Assistée par Marqueurs a été mis en place fin 2000 en France. Divers schémas de sélection avec différents objectifs peuvent être envisagés avec la SAM. En France, l'objectif est d'obtenir une information génétique plus précise pour les jeunes animaux qui seront amenés à être les futurs reproducteurs. Il n'est par exemple pas envisagé de remplacer le testage sur descendance mais plutôt d'enrichir l'information existante. La sélection basée sur l'information moléculaire n'est pas à l'heure actuelle aussi précise que le testage sur descendance.

6. Principes de la SAM

La SAM repose sur l'utilisation de marqueurs moléculaires pour marquer des régions chromosomiques et suivre leur transmission dans la population. Cela permet donc de distinguer les descendants entre eux selon qu'ils ont reçu des copies plus ou moins favorables de l'information génétique de leurs parents. En effet, pour chaque région chromosomique (QTL), il existe plusieurs versions (allèles) de l'information génétique dans la population. Le but est donc de mesurer l'effet de différents allèles au QTL dans la population en connectant au maximum les parents entre eux et en suivant la transmission des allèles d'une génération à l'autre.

La SAM repose donc sur deux principes essentiels :

1. Le suivi de la transmission des QTL à l'aide de marqueurs génétiques ;
2. L'estimation des effets des différents allèles au QTL.

Tout d'abord, pour le suivi de la transmission à l'aide de marqueurs, il faut que ceux-ci soient placés le plus près possible du QTL d'intérêt afin d'éviter toute dissociation du lien entre le marqueur et le QTL. Il faut également que les marqueurs soient polymorphes, c'est-à-dire qu'ils aient un maximum de différents allèles. En effet, si un père a sur chaque chromosome la même version du marqueur, ce dernier ne présente aucune utilité pour tracer la transmission de la région chromosomique. Dans cette optique, le typage des mères augmente les chances de pouvoir déterminer quel allèle-marqueur vient du père.

En ce qui concerne l'estimation des effets des allèles des QTL, il se fait essentiellement intra-familles de père. Dans chaque famille de père, il est possible de scinder un groupe de descendants en deux groupes selon qu'ils ont reçu l'un ou l'autre chromosome du père. En comparant les performances des deux groupes, on peut estimer l'effet du QTL. Pour ce faire, il faut disposer de familles suffisamment grandes (de nombreux descendants) et que les descendants aient des performances. Certaines familles de fils testés offrent une information très précise mais disponible assez tard. Pour de plus jeunes taureaux, on peut disposer de leurs

filles de testage. Cette information est disponible plus tôt mais est moins précise. Enfin, une fois que l'on a estimé les effets des allèles au QTL dans plusieurs familles, grâce aux connexions dans la population et au suivi de la transmission des QTL, il est possible de déterminer les effets dans d'autres familles avec moins d'informations ou chez les mères. Pour cela, il faut bien entendu qu'un maximum d'animaux de la population soient génotypés afin de ne pas rompre les connexions par un mauvais suivi.

7. La SAM mise en place en France

Grâce à un dispositif de détection de QTL appliqué de 1996 à 1999 sur 14 familles de taureaux (9 Holstein, 3 Montbéliardes, 2 Normandes), plusieurs QTL ont été détectés sur la majorité des caractères d'intérêts. Étant donné les bénéfices que l'on attend de la SAM en sélection laitière, l'UNCEIA (représentant huit unités de sélection citées dans l'introduction), l'INRA et LABOGENA se sont associés pour lancer un programme SAM fin 2000.

Chacun de ces trois partenaires a un rôle spécifique. Tout d'abord, les unités de sélection choisissent les animaux à génotyper et prélèvent les échantillons biologiques qu'elles envoient à LABOGENA. Ces échantillons peuvent être du sang, des poils ou du sperme. À partir des résultats de la SAM, elles sélectionnent ensuite les jeunes taureaux à mettre en testage ainsi que les femelles qui seront mères à taureaux. Les unités de sélection prélèvent donc des échantillons biologiques de « candidats » (les futurs reproducteurs), de leurs ancêtres (entre autres, les pères à taureaux), de leurs mères (pour déterminer plus facilement les allèles marqueurs transmis par le père et créer des connexions dans la population, entre autres avec le grand-père maternel), de familles de taureaux testés ou de filles de testage (pour estimer efficacement les effets des allèles des QTL dans chacune des familles). Les unités de sélection ont donc un rôle essentiel dans la réalisation du programme et leurs décisions influencent directement l'efficacité du programme. Chacune des unités peut avoir sa propre stratégie de génotypage selon qu'elles génotypent les mères ou non, selon qu'elles intègrent leur noyau femelle ou s'intéressent uniquement aux candidats au testage ou selon qu'elles décident de génotyper les jeunes candidats en ferme (avant 1 mois) ou en station (jusqu'à 12 mois).

LABOGENA reçoit ensuite ces échantillons et réalise les génotypages proprement dits. Le nombre de marqueurs utilisés est de 45 marqueurs de type microsatellites. Ceux-ci permettent de suivre 14 régions chromosomiques (QTL) choisies au début de la SAM. LABOGENA s'engage à réaliser 95 % ces génotypages en 4 à 6 semaines afin que les unités de sélection disposent des valeurs génétiques de leurs candidats dans les temps souhaités. Depuis le début du programme SAM, ce sont plus de 40 000 animaux qui ont donc été génotypés par LABOGENA et le rythme actuel est d'environ 10 000 animaux par an.

Enfin, le calcul des valeurs génétiques est réalisé mensuellement à la SGQA. Au départ, seuls les caractères laitiers étaient évalués (quantité de lait, quantité de matière grasse, quantité de matière protéique, taux butyreux et taux protéique). Le score de cellules somatiques (liés à la résistance aux mammites) et la fertilité ont été rajoutés après un an et un caractère de morphologie de la mamelle (la distance plancher – jarret) a été intégré après deux ans. 3 à 5 QTL sont suivis pour chacun de ces caractères. Ensemble, ces QTL expliquent 30 à 50 % des différences de valeurs génétiques entre animaux (ou de la variabilité génétique des caractères). Le reste de la variance génétique est expliquée par un grand nombre de gènes (non modélisés) qui ont un petit effet sur les caractères. L'effet génétique associé à l'ensemble de ces gènes « mineurs » est appelé « valeur polygénique ». Toutes les valeurs (les effets des QTL et les effets polygéniques) sont calculées simultanément. Les QTL sont suivis par 2 à 4

marqueurs par QTL (ce qui assure un bon suivi). Les unités de sélection reçoivent en retour une valeur génétique globale qui cumule les effets des QTL et la valeur polygénique.

8. Premiers résultats obtenus

L'efficacité de la SAM peut être mesurée en comparant les index estimés sur de jeunes taureaux avec deux méthodes différentes : d'une part, la méthode classique qui se base sur l'ascendance et d'autre part, la SAM qui enrichit cette information par de l'information moléculaire. La comparaison doit se faire avant le testage, là où la SAM est plus indiquée. Il faut alors mesurer lequel de ces deux index prédit au mieux la valeur génétique vraie. Malheureusement, celle-ci n'est pas disponible mais l'index après testage sur descendance s'en approche et peut servir de référence. Dans cette étude, nous avons uniquement utilisés les performances des filles des taureaux pour s'affranchir de l'influence de la moyenne des parents.

Les premiers jeunes mâles typés dans le cadre de la SAM ont terminé leur période de testage sur descendance. Nous disposons donc de 112 taureaux Holstein fils de 9 pères pour lesquels ont a des index classiques (index sur ascendance), des index SAM (tous les deux obtenus en 2002) et des valeurs de référence disponibles en 2004.

Les corrélations entre les index de 2002 et les valeurs de référence sont reprises pour 5 caractères dans le tableau 1.

Tableau 1. Corrélations entre, d'une part, les index sur ascendance (classique) et SAM obtenus en 2002 et, d'autre part, les valeurs génétiques de référence obtenues en 2004 (après testage sur descendance)

Caractère	Index sur ascendance	Index SAM
Lait	0.22	0.30
Quantité de matière grasse	0.28	0.37
Quantité de matière protéique	0.16	0.23
Taux butyreux	0.41	0.42
Taux protéique	0.40	0.45

Pour chacun des 5 caractères, l'index SAM est un meilleur prédicteur de la valeur génétique que l'index basé sur l'information des parents. Ces résultats montrent que l'on peut utiliser la SAM pour améliorer la précision de l'estimation de la valeur génétique de jeunes animaux pour lesquels on dispose de peu d'information par les méthodes classiques. Il est toutefois important de rappeler que la SAM telle qu'elle était appliquée en 2002 a été améliorée depuis. En effet, à l'époque, les mères et les filles de testage n'étaient pas typées et, en conséquence, la transmission de QTL était moins bien suivie et l'estimation des effets des QTL dans chacune des familles était moins précise.

Un des avantages de la SAM est qu'elle permet de prédire l'écart entre la valeur génétique d'un animal et la moyenne de ses parents. En effet, en moyenne, la valeur génétique d'un animal vaut la moyenne des valeurs génétiques de ses parents. Dès lors, avec les méthodes classiques, les valeurs génétiques estimées pour tous les pleins-frères d'une même fratrie sont identiques tant que ces animaux n'ont pas de performances propres. En réalité, certains pleins-frères reçoivent des copies plus ou moins favorables des gènes des parents et l'on observe des

différences génétiques au sein d'une même famille. La SAM, en suivant la transmission de quelques-uns des gènes les plus importants, permet d'estimer ces différences entre pleins-frères. Parmi les 112 jeunes taureaux mentionnés plus haut, il y avait 18 fratries (17 de deux animaux et une de trois animaux). Le tableau 2 compare les moyennes pour les index de référence de deux groupes d'animaux obtenus en choisissant en 2002, avec les index SAM et pour chaque caractère indépendamment, le meilleur animal de chaque fratrie. En utilisant les index de référence de 2004, on peut vérifier si les animaux choisis avec la SAM ont bien une valeur génétique supérieure à ceux exclus. Cela permet de vérifier si la SAM choisit efficacement des pleins-frères dans une fratrie.

Tableau 2. Moyenne des valeurs génétiques de groupes d'animaux choisis (ou exclus) sur index élémentaire dans des fratries de mâles avec la SAM (avant le testage).

Caractère	Moyenne	Choix sur index SAM (avant testage en 02)	
	37 mâles	18 gardés	19 éliminés
Lait	411	522	305
Quantité de matière grasse	4.5	8.8	0.5
Quantité de matière protéique	13.2	16.4	10.1
Taux butyreux	-1.3	-0.7	-1.8
Taux protéique	0.1	0.3	-0.1

La SAM se montre très efficace pour choisir entre plusieurs pleins-frères. En effet, pour chacun des caractères, les moyennes des valeurs génétiques des animaux sélectionnés sont nettement supérieures à celles des animaux non sélectionnés. Si le choix était opéré sur un index de synthèse regroupant les différents caractères laitiers (INEL), la SAM choisirait le meilleur plein-frère au sein de chaque fratrie dans 72 % des cas. En sélection classique, le choix se fait au hasard et le meilleur plein-frère est choisi dans 50 % des cas. Dans les cas où la SAM n'a pas permis de sélectionner le meilleur plein-frère, le suivi des QTL était mauvais (souvent parce que les mères n'étaient pas typées) ou les différences de valeurs génétiques entre pleins-frères étaient faibles.

Tableau 3. Proportion de la variance génétique expliquée par 7 QTL pour les 5 caractères laitiers.

Caractère	Chromosome						
	3	6	7	14	19	20	26
Lait	1.4	1.1	6.2	14.7	3.0	7.1	3.0
Quantité de matière grasse	1.4	4.9	4.7	10.3	3.3	5.3	6.5
Quantité de matière protéique	1.4	3.1	4.7	9.1	3.5	4.2	5.8
Taux butyreux	1.6	4.3	3.3	35.5	3.5	8.0	1.5
Taux protéique	5.8	10.4	3.0	8.7	0.9	13.7	1.6

Par ailleurs, le génotypage des nombreuses familles de taureaux dans le cadre de la SAM permet d'augmenter nos connaissances sur les QTL et offre un précieux matériel biologique pour les recherches de cartographie fine de QTL. La SAM a permis de confirmer l'existence de nombreux QTL et d'en détecter de nouveaux. Ceci est particulièrement intéressant pour les

caractères à faible héritabilité (résistance aux mammites ou fertilité) pour lesquels les dispositifs sont moins puissants. Le nombre de familles génotypées est maintenant suffisamment élevé pour estimer correctement la proportion de la variance génétique due à chacun des QTL (tableau 3). Cette proportion mesure quelle part des différences entre valeurs génétiques est due aux seuls QTL. Pour chacun des caractères, environ 30 à 60 % de la variance génétique est expliquée par un nombre limité de QTL, ce qui tend à montrer que leurs utilisations en sélection peut être particulièrement efficace.

Enfin, après avoir validé l'efficacité de la SAM, des études ont également été menées pour vérifier si, grâce au gain de précision de la SAM, on peut obtenir un progrès génétique égal à celui que l'on obtient actuellement mais en testant moins de taureaux. En effet, si les taureaux à mettre au testage sont mieux choisis, le même progrès génétique peut être obtenu. Ces études ont montré que l'on pouvait réduire d'environ 10 % le nombre de taureaux mis au testage, ce qui représente une économie conséquente.

9. Perspectives : utilisation du déséquilibre de liaison et des gènes

La SAM n'est qu'une étape avant l'utilisation des gènes eux-mêmes. En effet, des marqueurs génétiques sont utilisés pour suivre la transmission de gènes mais si l'on parvient à identifier ceux-ci, on pourra directement utiliser le gène. Au fur et à mesure que les recherches progressent, l'intervalle dans lequel se trouve un QTL se réduit. Lorsque l'intervalle est petit, on peut parvenir à identifier, sans connaître le gène, des marqueurs très proches de celui-ci. Ces marqueurs peuvent être en déséquilibre de liaison avec le gène, c'est-à-dire qu'il y a une association, au niveau de la population, entre les allèles des marqueurs et ceux du gène. A partir de l'allèle au marqueur, on peut déduire l'allèle au QTL et il n'est plus nécessaire de réestimer l'effet du QTL dans chacune des familles. L'utilisation de tels marqueurs en déséquilibre de liaison ou de gènes identifiés va améliorer l'efficacité de la sélection et réduire son coût. En effet, puisque l'on connaît l'effet du QTL à travers la population, il n'est plus nécessaire de typer de nombreux animaux apparentés pour estimer l'effet du QTL et le suivi de la transmission au travers de la population est moins essentiel. L'effet du QTL en lui-même est connu avec plus de précision. De plus, la sélection sera plus efficace parce que l'on utilisera directement le gène ou un marqueur très associé alors que maintenant les marqueurs sont plus distants du QTL. Il faudra donc moins de typages pour une meilleure précision.

10. Conclusions

La Sélection Assistée par Marqueurs (SAM) permet d'améliorer l'efficacité de la sélection en apportant des informations supplémentaires à l'aide de marqueurs moléculaires qui servent à suivre la transmission de régions chromosomiques (QTL) qui ont une influence sur les caractères sélectionnés. La SAM est particulièrement intéressante lorsque les informations sont disponibles tard dans la vie d'un animal, lorsque le caractère ne s'exprime que dans un sexe ou qu'il est peu héritable ou encore lorsque la mesure des performances est coûteuse, difficile ou peu précise. Plusieurs de ces conditions sont réunies en sélection des bovins laitiers. C'est pourquoi un programme de SAM a été mis en place en France à la fin de l'année 2000. Les premiers résultats de ce programme de grande envergure sont encourageants et montrent que la SAM peut effectivement améliorer l'efficacité de la sélection.