

Les méthodes de la sélection animale

Fiche **QUESTIONS SUR...** n° 03.04.Q03

mars 2025

Mots clés : génétique, sélection, méthodes

La sélection est par essence un tri : pour l'essentiel, c'est le choix de nouveaux reproducteurs qui vont en remplacer d'anciens et donner naissance à de nouvelles générations d'animaux au sein des populations.

En vue d'objectifs déterminés au préalable, ce tri est conditionné par la nature des informations disponibles pour fonder ce choix, qui définissent les méthodes de sélection applicables.

Les principes de la sélection au sein des populations animales domestiques

Les populations d'animaux domestiques (races, lignées, souches) sont des ensembles polymorphes en constante évolution, au sein desquels la diffusion des gènes passe par la reproduction sexuée. Pour faire évoluer ces populations dans le sens d'objectifs définis à l'avance, les sélectionneurs tirent parti, d'une part, de la variabilité génétique existante, d'autre part, du renouvellement des générations de reproducteurs.

Après chaque cycle de reproduction, d'anciens reproducteurs sont remplacés par de jeunes reproducteurs, en bloc (fonctionnement en générations séparées, dans le cas d'espèces très fécondes : volailles, lapins, poissons), ou graduellement (fonctionnement en générations chevauchantes, dans le cas d'espèces moins fécondes : porc, ruminants, équidés). Que la réforme des anciens reproducteurs s'effectue en bloc (on ne fait alors aucun tri parmi les anciens reproducteurs) ou graduellement (les causes de réforme peuvent être subies, sans lien systématique avec les objectifs de sélection), c'est dans le choix des reproducteurs de renouvellement qu'il existe une marge de tri, en fonction des objectifs. En effet, à chaque génération, le nombre de jeunes animaux qui naissent est sensiblement plus élevé que le nombre de reproducteurs qu'il faut renouveler.

Quand on décide de retenir un animal pour qu'il devienne reproducteur, c'est à sa descendance future que l'on s'intéresse, et une question vient alors : comment prédire la valeur de cette descendance (sa conformité aux objectifs de sélection) en l'absence de descendants connus ? La réponse réside dans l'aptitude à la transmission héréditaire, dont il est possible de définir des indicateurs et aussi d'estimer.

Il est historiquement établi que les humains ont eu des pratiques de sélection des premiers animaux domestiqués, et la manière dont les animaux apparaissaient (leur phénotype) a constitué le seul indicateur disponible. Aujourd'hui, les indicateurs sont beaucoup plus diversifiés et on dispose de méthodes statistiques élaborées pour estimer l'aptitude à la transmission.

Les informations disponibles pour choisir les reproducteurs de renouvellement

Pour un caractère donné, c'est la valeur génétique des animaux qui est estimée, c'est-à-dire le double de l'aptitude à la transmission : chaque reproducteur transmet, en moyenne, la moitié de sa valeur génétique à sa descendance. Il est impossible de connaître cette valeur génétique, car elle dépend des effets d'un nombre indéterminé de gènes pour la plupart inconnus ! On peut, en revanche, estimer cette valeur, de façon globale : c'est le but de l'évaluation génétique, dite aussi indexation, car elle fournit des index de valeur génétique qui servent à classer les candidats à la sélection.

L'index d'un animal représente sa valeur génétique la plus probable. Les informations potentiellement disponibles pour cette évaluation sont listées dans le *Tableau 1*. Les évolutions technologiques peuvent diversifier la palette : les informations moléculaires n'ont commencé à être valorisées en évaluation génétique qu'au début des années 2000 ; actuellement, de nombreux travaux de recherche visent à valoriser les données de séquençage dans l'évaluation génétique. La nature des informations qui fondent principalement les index détermine ce que l'on désigne comme les méthodes de sélection ; il s'agit toutefois d'une simplification de langage car, en pratique, toutes les informations disponibles sont valorisées pour fournir un index unique.

<u>Type d'information</u>	<u>Méthode de sélection accessible</u>
Performance(s) individuelle(s)	Massale
Performance(s) ou index des parents ou de l'un des deux	Sur ascendance
Performance(s) ou index d'un échantillon de descendants	Sur descendance
Performance(s) ou index d'un échantillon de frères ou sœurs	Sur collatéraux
Génotype à quelques marqueurs moléculaires de QTL	Assistée par marqueurs
Génotype à des dizaines de milliers de marqueurs moléculaires	Génomique

Tableau 1 : Informations en vue d'une évaluation génétique pour un caractère et méthodes de sélection auxquelles elles donnent accès. Performance = phénotype ; index = index de valeur génétique ; QTL (Quantitative Trait Locus) = segment chromosomique où la présence d'un gène fonctionnel est suspectée.

Pendant des millénaires, la sélection massale (de l'anglais *mass selection* = sélection dans la masse) a été la seule méthode accessible. Elle demeure une méthode intéressante dans toutes les régions du monde où il n'existe pas d'organisation pour l'établissement et la gestion de l'état civil, et où les techniques moléculaires ne sont pas disponibles ; mais elle présente l'inconvénient de ne pas pouvoir être appliquée dans certaines situations, par exemple *ldaa*, sélection des mâles pour des caractères qu'ils n'expriment pas (aptitudes laitières ou à la ponte). L'utilisation d'informations relatives aux apparentés requiert que l'état civil ait été établi. À noter que la sélection sur descendance (on parle aussi de l'épreuve de la descendance) constitue une forme d'épreuve de vérité, car elle donne accès directement à l'aptitude à la transmission. À ce titre, elle a longtemps été rendue obligatoire pour la sélection des jeunes mâles potentiels reproducteurs d'insémination, compte tenu du large pouvoir de dissémination des gènes que cette technique autorise.

La bascule vers les années 2000 marque l'avènement des marqueurs moléculaires, d'abord des microsatellites, très polymorphes, puis des SNP (*Single Nucleotide Polymorphisms*), moins polymorphes mais beaucoup plus nombreux. Avec ces outils, on peut lire le génome (sans le manipuler) et mettre en évidence des régions chromosomiques où au moins un gène fonctionnel induit des variations pour un caractère observé (on parle de QTL, *Quantitative Trait Locus*).

Les QTL ne peuvent être révélés que s'il est possible de faire un lien statistique entre génotypes aux marqueurs et phénotypes pour le caractère concerné. Lorsqu'on ne dispose que de quelques marqueurs de QTL détectés préalablement, on parle de sélection assistée par marqueurs (SAM, mise en œuvre en France chez les bovins laitiers entre 2001 et 2009). Lorsqu'on dispose de dizaines de milliers de marqueurs répartis partout dans le génome, permettant un balisage extrêmement fin de celui-ci, on parle de sélection génomique, déployée dans la plupart des espèces et des filières à partir de la fin des années 2000. La première étape de la sélection génomique consiste à constituer une population dite "de référence", comprenant quelques milliers d'animaux génotypés pour, typiquement, 50 000 SNP et au sujet desquels on dispose d'autres informations permettant de les évaluer, par exemple, les performances ou les index de quelques dizaines de descendants. On établit alors des équations qui permettent de prédire de façon relativement fiable la valeur génétique d'animaux sur la base de leur génotype aux marqueurs. Ces équations de prédiction peuvent être utilisées ensuite sur des animaux sans aucune performance connue, très précocement dans leur vie (dans les premiers mois). Aujourd'hui, la sélection génomique a permis de se dispenser de l'épreuve de la descendance (mais pas du phénotype).

L'efficacité de la sélection et ses paramètres

La génétique quantitative et des populations permet de prédire l'efficacité de la sélection au sein d'une population ; aux yeux des opérateurs de la sélection, cela est indispensable pour, d'une part raisonner les investissements à consentir en vue d'un résultat probable, d'autre part comparer différentes stratégies visant le même but. L'indicateur retenu est le rythme auquel la moyenne d'un caractère évolue chaque année, dans un sens ou dans l'autre, sous l'effet de la sélection ; le terme consacré est le progrès génétique annuel (ΔGa), même si le mot évolution est parfois préféré à progrès car non porteur de jugement de valeur. Il est bien établi que le progrès génétique annuel dépend de quatre paramètres (*Tableau 2*).

Le premier paramètre, essentiel, est la variabilité génétique au sein de la population : en absence de variabilité, toute procédure de tri est vaine ! La variabilité génétique est garante des possibilités d'évolution

des populations. Pour un caractère donné, à effort de sélection constant, on attend une évolution d'autant plus importante que la variabilité génétique de ce caractère est élevée.

Paramètre	Indicateur	Symbole
Variabilité génétique	Écart-type génétique du caractère sélectionné	σ_A
Sévérité du choix	Intensité de sélection	i
Précision du choix	Corrélation entre la valeur génétique vraie et le critère de sélection	R
Temps requis	Intervalle de génération	T

Tableau 2 : Les quatre paramètres de l'efficacité de la sélection.

Plus la proportion de reproducteurs sélectionnés parmi l'ensemble des candidats est faible, plus les gains génétiques attendus sont élevés. Si l'on retient les meilleurs animaux pour devenir reproducteurs, leur moyenne pour un caractère donné est plus élevée que celle de l'ensemble des candidats. L'écart entre les deux définit la différentielle de sélection, et celle-ci, divisée par l'écart-type du critère de sélection, devient l'intensité de sélection, qui constitue la mesure de la sévérité du choix.

Le critère de sélection doit avoir un lien statistique avec la valeur génétique vraie des animaux, faute de quoi le tri sera inefficace. De ce fait la corrélation entre la valeur génétique et le critère de sélection – désignée par le terme de précision – est un paramètre de l'efficacité. Lorsque les index de valeur génétique sont employés comme critères de sélection, la précision est mesurée par la racine carrée du coefficient de détermination (CD) des index. Le CD est le degré de confiance à accorder aux index comme prédicteurs de la valeur génétique. Il varie de 0 (on ne connaît rien) à 1 (on sait tout, ce qui n'arrive pas en pratique). La valeur du CD dépend de la nature des informations utilisées et de leur abondance. Un accroissement du CD correspond à une réduction de l'incertitude attachée à la prédiction de la valeur génétique.

Le dernier paramètre de l'efficacité est l'intervalle de génération, qui touche la dimension temporelle du processus. Il est défini comme la durée qui sépare la naissance des reproducteurs et celle de leurs descendants qui deviendront reproducteurs à leur tour. Ce paramètre démographique peut se définir pour toute population d'êtres vivants et dépend des paramètres biologiques de l'espèce considérée. Parmi les principales espèces domestiques, il va d'un an chez la poule à une dizaine d'années chez les équidés.

En définitive, le progrès génétique annuel attendu [$E(\Delta Ga)$] s'exprime par une équation qui fait intervenir les quatre paramètres ci-dessus (voir la signification de symboles au Tableau 2) :

$$E(\Delta Ga) = i R \sigma_A / T$$

Il est également possible d'apprécier *a posteriori* l'efficacité de la sélection dès lors que des performances sont enregistrées chaque année et des procédures d'évaluation génétique sont disponibles en routine. L'évolution des moyennes phénotypiques dépend à la fois de l'évolution des conditions de milieu et de celle des valeurs génétiques, et cette dernière est reflétée par l'évolution des moyennes d'index génétiques. Par exemple, entre 1970 et 2010, la productivité des vaches laitières en France s'est accrue de façon quasiment linéaire selon un rythme annuel de 50 à 150 kg de lait par vache et par lactation selon la race, et cette évolution est imputable pour la moitié à l'évolution génétique (variable selon la race et la période). Ce que l'on constate, plus généralement, est que les nouveaux outils et les méthodes de sélection permettent des évolutions "spectaculaires" sur des pas de temps de plus en plus courts.

La sélection simultanée sur plusieurs caractères

Dans la pratique, on ne sélectionne jamais pour un seul caractère mais pour plusieurs à la fois. Il faut noter tout de suite que l'inclusion d'un caractère supplémentaire dans les objectifs de sélection se traduit, à moyens constants, par une baisse des marges de progrès pour les caractères déjà considérés : on parle de dispersion des efforts de sélection. Deux principales méthodes sont disponibles pour sélectionner simultanément plusieurs caractères : les seuils indépendants et les index multicaractères.

- La méthode des seuils indépendants consiste à procéder des évaluations génétiques, caractère par caractère, et à fixer des seuils de sélection pour chaque caractère indépendamment les uns des autres ; cette méthode, qui a le mérite de la simplicité, est particulièrement bien adaptée aux situations où les caractères pris en compte s'expriment successivement dans la vie de l'animal, comme la croissance puis la production laitière, ce qui autorise à procéder à des éliminations successives.

- La méthode des index multicaractères est un critère de sélection unique construit comme une combinaison linéaire des index de valeur génétique pour les différents caractères qui entrent dans les objectifs. La hiérarchie entre les caractères est établie par les coefficients dont ils sont affectés dans leur combinaison linéaire. L'emploi d'un index multicaractères est plus efficace sur le plan génétique, dans la mesure où il autorise des compensations entre caractères : un candidat pourra compenser un index faible pour un caractère donné (qui lui aurait valu d'être éliminé sur seuil) par des bons ou très bons index pour d'autres caractères. Cette méthode est plus lourde à mettre en œuvre car il faut évaluer tous les candidats pour tous les caractères.

Quid des nouvelles biotechnologies, clonage somatique et édition du génome (CRISPR-Cas9¹) ?

Sur le seul plan technique, le bien-fondé de l'usage des biotechnologies nécessite de prendre la mesure de l'efficacité des méthodes actuelles de sélection, notamment de la sélection génomique. Ainsi, compte tenu du rythme annuel des évolutions génétiques obtenues sous sélection, les clones de "vieux" animaux sont susceptibles d'être assez rapidement dépassés par les jeunes animaux issus des programmes. De même, les caractères d'intérêt présentant généralement un déterminisme génétique complexe, il est souvent plus pertinent d'entraîner par sélection une évolution graduelle sur un ensemble inconnu de gènes qui interagissent plus ou moins entre eux plutôt que de cibler, *via* CRISPR-Cas9, un seul ou quelques gène(s) connu(s) ne contribuant le plus souvent qu'à une faible part de la variabilité des caractères considérés.

Sur un plan stratégique, on peut reprendre l'exemple de la résistance à certaines maladies, volontiers mis en avant par les promoteurs de CRISPR-Cas9. La durabilité de la réponse apportée par une modification ciblée du génome de l'hôte est discutable dans un contexte où les agents infectieux coévoluent beaucoup plus vite que lui. On peut aussi s'interroger sur le caractère éventuellement contreproductif à long terme de ce type d'approche "techno-solutionniste", conduisant à ne pas suffisamment s'intéresser aux causes fondamentales des épizooties (concentration géographique et taille des élevages, par exemple).

Enfin, quel modèle d'organisation de la sélection vise-t-on, quel rôle souhaite-t-on maintenir aux éleveurs dans le processus, vers quel système agro-alimentaire souhaitons-nous nous diriger, comment envisage-t-on l'acceptabilité sociale de ces biotechnologies ? De ce point de vue, il est remarquable qu'en Europe, le génie génétique, où l'on manipule le génome, fasse l'objet d'une acceptation sociale très faible, alors que la sélection génomique, où l'on ne fait que lire le génome, n'ait pas suscité de remous au sein de la société.

Étienne VERRIER, membre de l'Académie d'Agriculture de France

Ce qu'il faut retenir :

La sélection au sein des populations animales domestiques prend place essentiellement lors du renouvellement des reproducteurs. Il s'agit d'un tri parmi les jeunes animaux, considérés comme des candidats à la sélection, qui s'opère après une phase d'évaluation de l'aptitude à la transmission des animaux. Cette évaluation génétique repose sur trois types d'informations :

- des performances mesurées (ou phénotypes), sans lesquelles toute tentative de sélection est vaine ;
- des généalogies ;
- des génotypes.

L'efficacité de la sélection dépend de quatre paramètres :

- la variabilité génétique de chaque caractère entrant dans les objectifs ;
- la sévérité du choix (intensité de sélection) ;
- la précision de la sélection ;
- le temps qui s'écoule entre deux générations de reproducteurs.

Pour en savoir plus :

- E. VERRIER, D. MILAN & C. ROGEL-GAILLARD (coord.) : *Génétique des animaux d'élevage : diversité et adaptation dans un monde changeant*, Quae Editions, 288 p., 2020.
- E. VERRIER & A. DUCOS : Aspects génétiques de l'évolution de l'élevage : une histoire de temps, de moyens et d'organisation sociale, *Bulletin de l'Académie Vétérinaire de France*, 2022, doi : 10.3406/bavf.2022.7098

¹ Un nouveau système simple, rapide et efficace pour couper l'ADN à un endroit précis du génome, dans n'importe quelle cellule.