

Le projet CLIMGEN : vers une amélioration de la résilience des animaux d'élevage face aux changements climatiques

POMPANON F. (1), BRUFORD M.W. (2), CLIMGEN CONSORTIUM (3)

(1) Univ. Grenoble Alpes, Univ. Savoie Mont-Blanc, CNRS, Laboratoire d'Ecologie Alpine, 3800 Grenoble, France

(2) School of Biosciences, Cardiff University, Cardiff, UK

(3) <https://climgen.bios.cf.ac.uk>

RESUME

Le projet CLIMGEN associant 7 partenaires européens a développé des outils et approches visant à caractériser l'adaptation des animaux d'élevage (bovins, ovins, caprins, et porcins) à des climats contrastés.

Les principaux produits de ce projet qui sont:

- la mise en place d'une base de données associant données génétiques, géographiques et métadonnées (traits de production, méthode d'élevage, ...), permettant des requêtes permettant sur les ressources génétiques associées à des conditions environnementales spécifiques,
- l'identification de régions génomiques impliquées dans l'adaptation de races locales à leur environnement,
- l'identification de bio-marqueurs de stress environnementaux et de marques épigénétiques en lien avec l'acclimatation,
- l'évaluation par simulation de différents scénarios de systèmes d'élevage (impliquant croisements, sélection génomique,...) pour augmenter la valeur adaptative des races.

Ce projet apporte des connaissances et outils dont l'utilisation doit contribuer à augmenter la résilience des élevages aux variations climatiques dans un contexte de changement global.

The CLIMGEN project : towards the improvement of livestock resilience to face climate change

POMPANON F. (1), BRUFORD M.W. (2), CLIMGEN CONSORTIUM (3)

(1) Univ. Grenoble Alpes, Univ. Savoie Mont-Blanc, CNRS, Laboratoire d'Ecologie Alpine, 3800 Grenoble, France

SUMMARY

Seven European partners participated to CLIMGEN project to develop tools and approaches aiming at characterizing the adaptation of livestock (bovine, ovine, caprine and porcine) to contrasted climates. The major outcomes of the projects were:

- the set-up of a database associating genetic data with metadata on geographic origin, productivity traits, breeding schemes, etc.
- the identification of genomic regions involved in the adaptation of local breeds to the specificity of their environment,
- the identification of stress biomarkers and epigenetic marks associated to acclimation,
- the simulation-based assessment of different management schemes (involving crosses, genomic selection, etc.) to increase the adaptive value of breeds.

This project brings new knowledge and tools that would contribute to increase the resilience of breeds and breeding systems to face climate change.

INTRODUCTION

La façon dont laquelle les ressources agricoles peuvent faire face au changement climatique sans intervention directe est difficile à prédire (Thornton *et al.* 2009), et le rôle que peut jouer la diversité génétique pour minimiser l'impact de ces changements sur les animaux d'élevage est encore débattu (Vermeulen *et al.* 2012). Cependant, l'influence du changement climatique sur le secteur de l'élevage est maintenant admis, de même que la nécessité de compter à terme moins sur les produits vétérinaires et d'avantage sur la capacité des animaux afin de faire face aux stress environnementaux (O'Neill *et al.* 2010). Le maintien de systèmes d'élevages résilients passe ainsi par le développement de nouvelles stratégies se basant sur les propriétés intrinsèques des individus et populations, dans un contexte où les races spécialisées peuvent devenir vulnérables et où les techniques d'élevages sont complexes (Hoffmann 2010). Les stratégies d'élevage traditionnelles pour l'adaptation à l'environnement seront trop lentes pour suivre les changements du climat (Franks et Hoffmann 2012.) et elles ne prennent généralement pas assez en compte la diversité génétique, alors qu'elle peut contribuer à une adaptation rapide à des environnements stressants (eg Hayes *et al.* 2009, Frésard *et al.* 2013). Les technologies omiques constituent dans ce contexte des outils à haut potentiel pour assister les stratégies d'élevage (Hayes *et al.* 2013). Le projet Climgen (financement européen FACCE ERA-NET Plus) est une première étape contribuant au

développement de tels outils, via des approches expérimentales et de modélisation.

1. ORGANISATION ET OBJECTIFS DE CLIMGEN

1.1. ORGANISATION DU PROJET

Le projet était organisé en 7 *Work Packages* (WP)

WP1 : coordination

WP2 : Analyse des cas d'étude et synthèse. L'objectif était de recenser les cas d'étude porcins, bovins, caprins et ovins et déjà disponibles à l'échelle internationale et pouvant être analysés dans le cadre du projet.

WP3 : Biomarqueurs de la réponse au stress. Il s'agissait d'étudier la réponse épigénétique de plusieurs espèces d'élevage à des stress environnementaux.

WP4 : Base de données et pipeline d'analyse. L'objectif était le développement de la base de données permettant l'analyse intégrée des données produites et collectées lors du projet.

WP5 : Analyse de donnée Intégrée. Ce WP regroupe l'ensemble des analyses comparatives effectuées (et encore en cours) afin de révéler les associations entre variabilité génomique/épigénétique et variations des paramètres environnementaux.

WP6 : Développement de stratégies d'élevage. Il s'agit ici de comparer, sur la base de simulations, l'efficacité de différentes stratégies d'élevage prenant en compte la diversité génétique des populations afin de faire face à des changements environnementaux.

WP7 : Dissémination. Un point important du projet était de partager les questionnements et résultats des études menées avec des parties-prenantes, en particulier lors de colloques communs.

1.2. PRINCIPAUX OBJECTIFS

Les principaux objectifs étaient :

(i) la mise en place d'une base de données permettant d'identifier des ressources génétiques associées à des conditions environnementales spécifiques chez les porcins, bovins, caprins et ovins,

(ii) l'identification de régions génomiques impliquées dans l'adaptation de races locales à leur environnement,

(iii) l'identification de bio-marqueurs de stress environnementaux et de marques épigénétiques en lien avec l'acclimatation,

(iv) l'évaluation par simulation de différents scénarios de systèmes d'élevage pour augmenter la valeur adaptative des races.

Les principales informations liées au projet peuvent être retrouvées sur son site web (<https://climgen.bios.cf.ac.uk>).

2. RESULTATS ET DISCUSSION

2.1. BASE DE DONNÉES

La base de donnée est destinée à être publique à court terme (<http://bioinformatics.tecnoparco.org/climgen>), et compile des données génomiques, géographiques et métadonnées (selon disponibilité : traits de production, méthode d'élevage, ...), sur laquelle des requêtes permettent d'identifier des ressources génétiques disponibles associées à des conditions environnementales spécifiques. Cette base qui reprend également les données antérieures au projet devra continuer d'être alimentée dans le futur. Il faut noter que la grande majorité des données génétiques déjà disponibles (par exemple dans la base de donnée de la FAO DAD-IS) ne sont pas liées à des informations climatiques, phénotypiques ou de géo-localisation. Ainsi moins de 10% des données disponibles pouvaient être utilisées pour des analyses génome/environnement. De plus les formats de données sont hétérogènes et la réalisation de cette base de données a nécessité un gros travail d'homogénéisation ; un logiciel a été développé en ce sens (Marras *et al.* 2016, <https://github.com/bioinformatics-ptp/Zanardi/>). Un travail a également été effectué pour définir les métadonnées environnementales et phénotypiques qui auraient un intérêt à être collectées systématiquement dans les études futures, afin d'en renforcer l'intérêt par exemple en permettant le regroupement de données diversifiées dans des méta-analyses.

2.2. RÉGIONS GENOMIQUES IMPLIQUÉES DANS L'ADAPTATION LOCALE

La recherche de signatures de sélection liées à des variations environnementales a permis d'identifier des régions génomiques et gènes impliqués dans des adaptations locales. Par exemple un nouveau gène associé à un phénotype poil lisse (*Glial cell derived neurotrophic factor*, GDFN) a été identifié en lien avec l'adaptation au climat chaud et humide chez différents races bovines (Senepol et Romosinuano). De nombreuses autres analyses sont en cours et on peut d'ores et déjà remarquer des parallèles entre d'autres cas d'étude. Des gènes impliqués dans le cancer de la peau et la régulation de la composition en acide gras en lien avec la température ont été retrouvés dans des races bovines espagnoles et caprines roumaines.

2.3. BIOMARQUEURS DE STRESS

L'étude de situations naturelles (comparaison de population ovines et caprines issues de climats à température contrastées au Maroc) et expérimentales (analyse de porcins soumis à des stress thermiques) a permis de mettre en évidence des régions génomiques à ADN différenciellement méthylées. On identifie par exemple chez la chèvre le gène PASK (*PAS Domain Containing Serine/Threonine Kinase*) connu pour jouer un rôle dans le métabolisme énergétique en lien avec des stress environnementaux. En parallèle, différentes analyses transcriptomiques (chez les porcins et les perdrix) ont également permis d'identifier des gènes impliqués dans la réaction à des variations environnementales. Globalement ces études confirment l'importance de prendre en compte les mécanismes épigénétiques lors de l'étude de la réaction à différents stress dont ils fournissent des biomarqueurs.

2.4. SCÉNARIOS DE SYSTÈMES D'ÉLEVAGE

Le logiciel QMSim a permis de simuler des programmes d'élevage impliquant des races localement adaptées et des races commerciales. Les scénarios incluaient la sélection de traits de résistance, l'addition d'un nouveau set de traits et de l'introggression adaptative. Dans les conditions de l'étude, le scénario le plus efficace est basé sur l'introggression adaptative de lignées localement adaptées dans des lignées productives car elle permet la sélection d'allèles d'intérêt pour la fitness tout en maintenant un haut niveau de productivité.

CONCLUSION

Alors que de nombreuses analyses sont encore en cours, le projet dans ses différentes dimensions montre d'ores et déjà comment plusieurs types de données -omiques peuvent être utilisés en tant que marqueurs de la réaction aux stress environnementaux et de l'adaptation locale. Par ailleurs, les simulations de systèmes d'élevage ont donné des résultats assez intuitifs valorisant l'introggression adaptative à partir de races locales pour favoriser des allèles localement adaptés tout en conservant un bon niveau de productivité.

Ce projet fait également ressortir l'intérêt de développer des bases de données génomiques intégrant un ensemble de métadonnées (environnementales, phénotypiques, en lien avec le système d'élevage) qui doit permettre à terme la compilation des projets réalisés au niveau international dans des méta-analyses pour un étude plus globale des relations génome/environnement. Les procédures développées dans le cadre de CLIMGEN, en lien avec la collecte, la compilation et l'homogénéisation de ces données peuvent servir de guide à de telles études dans le futur.

Les partenaires du projet CLIMGEN sont : Michael Bruford (coordinateur), Cardiff University, Royaume Uni; Licia Colli, Università Cattolica del Sacro Cuore, Italie; Alessandra Stella, Fondazione Parco Tecnologico Padano, Italie; Francois Pompanon, Université Joseph Fourier, France; Agustin Vlaic, University of Agricultural Sciences and Veterinary Medicine, Cluj-Napoca, Roumanie; Javier Cañon, Universidad Complutense de Madrid, Espagne; Juha Kantanen, MTT Agrifood Research Finland, Finlande

Financement : FACCE ERA-NET Plus project CLIMGEN (grant ANR-14-JFAC-0002-01)

Franks, S.J., Hoffmann, A.A. 2012. *Ann. Rev. Genet.*, 46, 185–208

Frésard, L., Morisson, M., Brun, J.-M., Collin, A., Pain, B., Minvielle, F., Pitel, F. 2013. *Genet. Sel. Evol.*, 45, 16

Hayes, B.J., Bowman, P.J., Chamberlain, A.J., Savin, K., van Tassell, C.P., Sonstegard, T.S., Goddard, M.E. 2009. *PLOS ONE*, 4, 8

Hayes, B.J., Lewin, H.A., Goddard, M.E. 2013. *Trends Genet.*, 29, 206-214

Hoffmann, I. 2010. *Anim. Genet.*, 41, 32–46.

Marras, G., Rossoni, A., Schwarzenbacher, H., Biffani, S., Biscarini, F., Nicolazzi, E.L. 2016. Anim. Genet., <https://doi.org/10.1111/age.12485>
O'Neill, C.J., Swain, D.L., Kadarmideen, H.N., 2010. Evol. Appl., 3, 5-6

Thornton, P., van de Steeg, J., Notenbaert, A., Herrero, M. 2009. Agric. Syst., 101, 113 – 127
Vermeulen, S.J., Campbell, B.M., Ingram, J.S.I. 2012. Ann. Rev. Environ. Res., 37, 195–222