

Estimation des effets de la consanguinité et du croisement pour les caractères de production chez les vaches de race Prim'Holstein, Montbéliarde et Normande

DEZETTER C. (1, 2, 3), LECLERC H. (4), MATTALIA S. (4), BARBAT A. (5), BOICHARD D. (5), DUCROCQ V. (5)

(1) PAS'SAS, 4 rue des Epicéas, 25640 Roulans, France

(2) LUNAM Université, Oniris, UMR1300 BioEPA, 102 Route du Gachet, 44307 Nantes cedex 03, France

(3) Groupe ESA, URSE, 55 rue Rabelais, 49007 Angers cedex 01, France

(4) Institut de l'Élevage, GIPSE, 149 rue de Bercy, 75595 Paris cedex 12, France

(5) INRA, UMR 1313 GABI, Domaine de Vilvert, 78352 Jouy en Josas cedex, France

RESUME

Le croisement laitier est actuellement considéré comme une option pour améliorer les caractères fonctionnels. Toutefois, les études réalisées en France portent principalement sur la variabilité intra race et les paramètres de croisement sont mal connus. L'objectif de cette étude est d'estimer les effets génétiques additifs et de croisement (hétérosis, pertes de recombinaison) pour les caractères de production laitière, le score cellulaire, le taux de conception et l'intervalle vêlage-première insémination (IVIA1) pour les croisements Prim'Holstein (PH) × Montbéliarde (MO) et Prim'Holstein (PH) × Normande (NO). La race PH présente une supériorité génétique par rapport aux races MO et NO de +983 kg et +2225 kg pour la quantité de lait, de +36 kg et +80 kg pour la matière grasse et de +23 kg et +53 kg pour la matière protéique respectivement. Par contre, elle est génétiquement inférieure aux deux autres races de -0,59 g/kg et -3,4 g/kg pour le TB, de -1,0 g/kg et -3,0 g/kg pour le TP, de -11 et de -9 points de taux de conception et de +18 jours et +15 jours pour l'IVIA1, respectivement. Pour le score cellulaire, la race PH est génétiquement inférieure à la race MO de +0,32 et supérieure à la race NO de -0,45. La dépression de consanguinité entraîne une perte de 41 kg pour la quantité de lait, de -1,7 kg pour la matière grasse, de -1,3 kg pour la matière protéique et de -0,27 point de taux de conception par point de consanguinité en race PH. L'effet de la consanguinité est plus faible dans les deux autres races sur les caractères laitiers et plus important sur le taux de conception. L'estimation des effets d'hétérosis est favorable pour tous les caractères, avec un gain de 315 kg et 466 kg pour le lait, de 5 points et 2 points de taux de conception et de -3 jours et -4 jours pour l'IVIA1 pour les vaches croisées de première génération (F1) PH × MO et PH × NO respectivement. L'hétérosis estimé pour les taux et le score cellulaire est faible. Ainsi les vaches F1 PH × MO ont une production laitière proche de celle des vaches de race PH avec un niveau de fertilité bien meilleur. Néanmoins, du fait de la perte de la moitié de l'hétérosis et de l'existence d'importants effets de pertes de recombinaison (-91 kg et -72 kg pour le lait et de -1,25 et -3,5 points de taux de conception chez les vaches $\frac{3}{4}$ PH × MO et PH × NO respectivement), une partie de l'avantage observé chez les F1 est perdu chez les vaches $\frac{3}{4}$.

Inbreeding and Crossbreeding Parameters for Production and Fertility Traits in Holstein, Montbéliarde, and Normande Cows

DEZETTER C. (1, 2, 3), LECLERC H. (4), MATTALIA S. (4), BARBAT A. (5), BOICHARD D. (5), DUCROCQ V. (5)

(1) PAS'SAS, 4 rue des Epicéas, 25640 Roulans, France

SUMMARY - Crossbreeding is presently seen by farmers as an option to improve functional traits. The goal of this study was to estimate breed differences and crossbreeding parameters (heterosis and recombination loss) for milk yield, fat and protein yields and contents, somatic cell score (SCS), conception rate (CR) and days to first service (DFS) in Holstein × Montbéliarde and Holstein × Normande crossbreds. Compared to the Montbéliarde and Normande breeds, the Holstein breed was genetically superior for production (+983 kg and +2225 kg for 305-d milk, +36 kg and +80 kg for 305-d fat, +23 kg and +53 kg for 305-d protein, respectively) and inferior for fertility traits (-11% and -9% for CR, respectively) and for contents. An inbreeding depression was observed for all traits, especially for production traits (from -32 to -41 kg of milk, -1.4 to -1.7 kg of fat and -1.1 to -1.3 kg of protein per % inbreeding) and reproduction (-0.27 to -0.44% of CR, +0.12 DFS) whereas it was more limited for SCS (+0.001 to 0.006). Favorable heterosis effects were found for nearly all traits (+315 to 466 kg of milk, +18 to 21 kg of fat, +10 to 12 kg of protein, -0.016 to -0.03 SCS, +2 to 5% for CR and +3 to 4 days of DFS), to such a point that Montbéliarde F1 crossbreds could compete with Holstein cows for milk production while having a better fertility. However, because $\frac{3}{4}$ cows benefit from only half the heterosis effect and express large recombination losses, they nearly lose all the benefits of the F1 cows.

INTRODUCTION

Dans un premier temps, la sélection génétique s'est portée sur les caractères de production entraînant d'importants progrès génétiques en production laitière, matière grasse et matière protéique, notamment en race Prim'Holstein. Néanmoins, le poids important des caractères de production dans l'objectif de sélection combiné à un changement dans les conduites de troupeau a conduit à une dégradation des performances fonctionnelles (Lucy, 2001; Heringstad *et al.*,

2003). Par ailleurs, l'effectif génétique réduit des populations en sélection a induit une augmentation de la consanguinité (Danchin-Burge *et al.*, 2012). Le croisement laitier sur des vaches de la race PH pourrait être une solution alternative pour remédier à ces évolutions défavorables (Sørensen *et al.*, 2008). En effet, les premières générations de vaches croisées (F1) semblent avoir des performances fonctionnelles meilleures que celles des vaches Prim'Holstein (Dechow *et al.*, 2007). Il convient cependant de définir la stratégie à plus

long terme si l'avantage des croisés F1 est perdu lors des générations suivantes (Dechow *et al.*, 2007).

Les évaluations génétiques française officielle sont intra-race et excluent les informations provenant des vaches issues de croisement. Les effets génétiques additifs entre races (ou différences entre races) et les effets génétiques non-additifs, c'est-à-dire l'hétérosis, les pertes par recombinaison et la dépression de consanguinité ne sont pas estimés en routine. Les objectifs de cette étude sont d'estimer les différences génétiques entre les races Prim'Holstein (PH) et Montbéliarde (MO) d'une part et entre les races PH et Normande (NO) d'autre part, ainsi que les effets de la consanguinité, d'hétérosis et de pertes par recombinaison pour un certain nombre de caractères de production et fonctionnels.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. SELECTION DES DONNEES

Les performances en 305 jours exprimées en équivalent adulte pour les quantités de lait, de matière grasse (MG), et de matière protéique (MP), le taux butyreux (TB), le taux protéique (TP) et le score de cellules somatiques (SCS), ainsi que le taux de conception (TC) sur les trois premières inséminations artificielles (IA) et l'intervalle vêlage 1^{ère} insémination (IVIA1) pour les vaches de rang de lactation 1 à 3 entre 2000 et 2013 ont été extraites du système national d'information génétique. Le TC est la mesure binaire succès/échec après chacune des 3 premières IA. Le score cellulaire est la moyenne des scores par contrôle définis par $3 + \log_2(\text{SCC}/100000)$. La composition raciale de chaque vache et de ses parents a été calculée à partir d'un fichier généalogique multiracial regroupant 173 025 861 animaux. Deux fichiers ont été constitués : le fichier PH x MO contient les vaches issues d'ancêtres Prim'Holsteins et/ou Montbéliards exclusivement ; le fichier PH x NO ne contenant que les vaches issues d'ancêtres Prim'Holsteins et Normands exclusivement. Seules les vaches de parents et grands-parents connus sont considérées dans cette étude. Par conséquent, ces deux fichiers regroupent les vaches de race pure (PH et MO ou NO), les vaches F1 issues de mères PH et de pères MO/NO ou de mères MO/NO et de pères PH, les vaches ¾ issues de mères F1 et de pères PH ou MO/NO, et les vaches ⅞ issues de mères ¾ PH et de pères PH ou de mères ¾ MO/NO et de pères MO/NO.

1.2. COEFFICIENTS DE CONSANGUINITE, D'HETEROSIS ET DE RECOMBINAISON

Les coefficients de consanguinité ont été calculés pour chaque race avec le logiciel Pedig (Boichard, 2002) et selon la méthode décrite par VanRaden (1992). Cette méthode utilise des groupes de parents inconnus pour éviter une sous-estimation du niveau de consanguinité liée à l'absence d'information sur le pedigree.

Les coefficients d'expression de la fraction de l'hétérosis (H) et de pertes par recombinaison (R) exprimée par chaque vache ont été calculés comme suit :

$$H = 1 - \sum_i s_i d_i \quad \text{et} \quad R = 1 - \frac{\sum_i (s_i^2 + d_i^2)}{2}$$

où s_i et d_i sont les proportions de gènes de la race i du père et de la mère de la vache considérée.

L'hétérosis est défini comme la supériorité des F1 par rapport à la moyenne parentale. Il reflète généralement des effets de dominance favorables. Les pertes par recombinaison reflètent la rupture par recombinaison d'associations favorables progressivement construites intra race. Avec ce modèle, les animaux F1 exprime 100% de l'hétérosis et 0% des pertes par recombinaison et les animaux ¾ expriment 50% de l'hétérosis et 25% des pertes par recombinaison.

1.3. MODELE

Les données ont été analysées avec le logiciel d'évaluation Genedit (Ducrocq, communication personnelle) avec un modèle similaire au modèle de l'évaluation génétique officielle française complété par les paramètres à estimer. La dépression de consanguinité, l'hétérosis et les pertes de recombinaison ont été estimés par régression, sur l'ensemble des 3 lactations et pour chaque rang de lactation individuellement. Les deux populations PH x MO d'une part et PH x NO d'autre part, ont été analysées séparément.

2. RESULTATS ET DISCUSSION

2.1. PERFORMANCES BRUTES

Le croisement laitier étant encore peu utilisé, une très grande majorité des vaches sont de race pure PH, MO et NO (Tableau 1). Néanmoins, le nombre de vaches F1 ou issues de croisement en retour, soit environ 0,2% du total, est suffisant pour permettre d'estimer les effets d'hétérosis et de recombinaison. Dans la population PH x MO, nous observons un déséquilibre des vaches croisées ¾ et ⅞ en faveur de MO, ce qui montre que la majorité des croisements observés en France ont pour objectif de passer de la race PH à la race MO.

Tableau 1 : Nombre de vaches, de lactations et d'IA en fonction de la composition raciale dans les deux populations PH x MO et PH x NO.

Population	Composition raciale	Nombre de vaches	Nombre de lactations	Nombre d'IA
PH x MO	MO	1 121 084	2 469 537	3 427 252
	⅞ MO	64 062	145 556	201 921
	¾ MO	3 675	7 520	10 974
	F1	11 928	24 048	31 043
	¾ PH	2 977	5 389	7 434
	⅞ PH	591	1 218	1 602
	PH	6 458 813	13 798 086	21 548
PH x NO	NO	1 001 056	2 085 341	2 977 089
	⅞ NO	272	544	906
	¾ NO	2 479	4 548	6 697
	F1	12 579	24 490	32 515
	¾ PH	2 347	4 206	6 137
	⅞ PH	432	886	1 274
	PH	6 638 599	13 857 394	21 618

PH=Prim'Holstein, MO= Montbéliarde, NO=Normande.

Les moyennes brutes pour les quantités de lait, de MG et de MP augmentent avec la proportion de gènes PH, excepté pour la catégorie 25% de gènes PH qui est très similaire à la catégorie <12,5% de gènes PH (Tableau 2). Les vaches croisées F1 PH x MO et PH x NO produisent, respectivement, 866 et 1402 kg de lait, 72 et 76 kg de MG et 49 et 63 kg de MP de moins que les vaches PH. Ces différences sont similaires à celles présentées par Heins *et al.* (2012). Les TB et TP des vaches NO (43,3 et 35,1 g/kg, respectivement) sont nettement supérieurs à ceux des vaches PH (39,9 et 32,3 g/kg, respectivement), tandis que le TB des vaches MO (39,4 g/kg) est légèrement inférieur à celui des vaches PH alors que le TP est supérieur (33,1 g/kg). Les vaches pures MO et croisées PH x MO (50% et 75% PH) présentent un SCS plus faible (3,18, 3,38 et 3,43, respectivement) que celui des vaches PH (3,49). Les vaches croisées PH x MO avec 25% de gènes PH présentent en moyenne le même SCS que les vaches PH. Les vaches NO et croisées PH x NO (25%, 50% et 75% PH) présentent un SCS plus élevé (3,81, 3,87, 3,67, 3,59, respectivement) que celui des vaches PH. Heins *et al.* (2012) ont mis en évidence un SCS en moyenne plus faible de 0,29 pour les vaches F1 PH x MO que les vaches PH, et en moyenne équivalent pour les vaches F1 PH x NO à celui des vaches PH. Les différences observées dans notre population PH x NO sont plus importantes et pourraient s'expliquer par une différence dans la sélection des pères des

F1 et par une différence de conduite des troupeaux par rapport à l'étude de Heins *et al.* (2012). Les vaches MO et NO ont des performances de reproduction meilleures que les vaches PH. Leur TC est respectivement de 50% et 45% alors qu'il n'est que de 37% chez les vaches PH. Des résultats similaires ont été mis en évidence par Barbat *et al.* (2010). Les vaches croisées PH x MO et PH x NO ont un taux de

conception similaire à celui des vaches pures MO et NO, respectivement, laissant présager un important effet d'hétérosis pour ce caractère. En moyenne, l'IVIA1 chez les vaches MO (NO) est inférieur de 18 jours (15 jours) à celui des vaches PH, et augmente avec la proportion de gènes PH.

Tableau 2 : Moyennes brutes pour les 8 caractères étudiés pour les vaches des deux sous-populations (PH x MO et PH x NO), en lactation en 2010 et selon leur composition raciales.

Population	Composition raciale	Lait (kg)	MG (kg)	MP (kg)	TB (g/kg)	TP (g/kg)	SCS	TC (%)	IVIA1 (j)
PH x MO	MO	7 977	314	264	39,4	33,1	3,18	50	81
	¾ MO	7 976	324	262	40,6	32,8	3,49	50	85
	F1	8 873	360	288	40,8	32,5	3,38	50	85
	¾ PH	9 060	358	291	39,8	32,2	3,43	47	91
	PH	9 739	386	313	39,9	32,3	3,49	37	99
PH x NO	NO	7 133	309	250	43,3	35,1	3,81	45	84
	¾ NO	7 136	303	244	42,5	34,2	3,87	46	85
	F1	8 334	347	278	41,8	33,5	3,67	45	86
	¾ PH	9 036	363	294	40,5	32,6	3,59	46	92
	PH	9 736	385	313	39,9	32,3	3,49	37	99

¹PH=Prim'Holstein, MO= Montbéliarde, NO=Normande.

2.2. DIFFERENCES ENTRE RACES ET DEPRESSION DE CONSANGUINITE

Les différences génétiques observées entre les races des deux sous-populations sont cohérentes avec celles observées sur les performances brutes (Tableau 3). La race PH est largement supérieure aux deux autres races pour les quantités de lait, MG et MP, mais inférieure pour les taux. De même, pour les caractères de fertilité, la différence génétique entre races explique en grande partie la différence entre les performances. Les différences génétiques entre PH et MO estimées par Penasa *et al.* (2010) sont de 731 kg pour le lait, 32,9 kg pour MG et 18,2 kg pour MP. Ces différences sont plus faibles que celles estimées dans cette étude, probablement du fait que les vaches MO de l'étude irlandaise proviennent d'un échantillon sélectionné.

Comme pour les études de Miglior *et al.* (1995a) et Wall *et al.* (2005), nous avons estimé une dépression de consanguinité pour tous les caractères. Mais nos estimations des effets de consanguinité sur la production laitière sont plus élevées (-41 kg pour la quantité de lait lorsque la consanguinité augmente de 1%) que celles de Miglior *et al.* (1995b) (-27 kg pour la quantité de lait lorsque la consanguinité augmente de 1%) et de Croquet *et al.* (2006) (-17 kg pour la quantité de lait par point de consanguinité). Dans ces études, les vaches PH avaient une production laitière à 305 jours de 6798 kg et 6020 kg alors que les vaches PH de notre étude avaient en moyenne une production laitière adulte à 305 jours de 9087 kg. Dans les trois races, les taux sont peu impactés par la consanguinité. La dépression de consanguinité sur le SCS est faible, ce qui est en accord avec les estimations de Miglior *et al.* (1995a) et de Croquet *et al.* (2006). Les caractères de fertilité sont également impactés par l'augmentation de la consanguinité et nos estimations pour l'IVIA1 sont similaires à celles de Wall *et al.* (2005). L'effet de la consanguinité varie selon la race et il est plus important pour les caractères de production (lait et quantités de matières) en race PH qu'en races MO ou NO. A l'inverse, l'effet de la consanguinité sur le TC est plus important en race MO et en race NO qu'en race PH. Pour les cellules et l'IVIA1, l'effet de la consanguinité est similaire dans les 3 races.

2.3. ESTIMATION DES PARAMETRES DE CROISEMENT

Les estimations de l'effet d'hétérosis sur les 3 lactations sont toutes favorables et sont plus importantes pour le croisement PH x NO que pour le croisement PH x MO (Tableau 3). Il semble donc que l'hétérosis, exprimé en unité des caractères, soit plus lié à la différence entre races pour ces caractères qu'à la distance génétique entre les races parentales comme souvent supposé (Sørensen *et al.*, 2008) Les estimations pour

l'hétérosis augmentent avec le rang de lactation de 298 kg (3,4% lorsqu'on l'exprime en pourcentage de la moyenne des races parentales) en première lactation à 371 kg (4,3%) en troisième lactation pour le croisement PH x MO. Avec des effets d'hétérosis sur les 3 premières lactations de +315 kg pour le lait, +18 kg pour la MG et +10 kg pour la MP, les vaches F1 PH x MO atteignent un niveau de performance similaire à celui des vaches PH. Pour le croisement PH x NO, les estimations pour l'hétérosis augmentent de 460 kg (5,7%) en première lactation à 555 kg (6,8%) en troisième lactation. Dechow *et al.* (2007) ont également observé une augmentation des estimations pour l'hétérosis avec le rang de lactation. A l'inverse, VanRaden et Sanders (2003) ont observé que l'effet d'hétérosis était plus important en première lactation que pour les lactations suivantes.

Nous avons estimé un effet d'hétérosis favorable et des pertes par recombinaison pour le TB (0,48g/kg et -0,46g/kg, respectivement) pour le croisement PH x MO. En revanche, les effets liés au croisement pour le TP sont négligeables. Pour le croisement PH x NO, nous avons estimé un effet d'hétérosis très faible (-0,007 g/kg) pour le TB comparé aux pertes par recombinaison (-0,2 g/kg). Pour le TP, les effets d'hétérosis et de pertes par recombinaison sont respectivement de -0,3 et 0,1 g/kg.

Les estimations pour le SCS sont faibles mais favorables. Comme pour la quantité de lait, nos estimations sont en accord avec celles de Dechow *et al.* (2007). Bien que l'héritabilité du caractère SCS soit plus faible que celle des caractères de production, les effets génétiques non additifs estimés (consanguinité, hétérosis et recombinaison) sont très faibles au regard des valeurs phénotypiques.

Pour les caractères de fertilité, les estimations pour l'hétérosis sont favorables et proches des valeurs attendues de 10% (Sørensen *et al.*, 2008). Pour le TC, l'hétérosis estimé représente 10,7% de la moyenne des races parentales pour le croisement PH x MO et 5% pour le croisement PH x NO. En revanche, pour IVIA1, bien que la différence phénotypique entre PH et MO soit supérieure à celle observée entre PH et NO, l'estimation pour l'hétérosis est plus élevée pour le croisement PH x NO que pour le croisement PH x MO (4,4% vs 3,3% de la moyenne des deux races parentales). En comparaison avec le TC, les estimations d'hétérosis pour IVIA1 sont relativement faibles par rapport à la moyenne parentale.

Nous avons estimé des pertes par recombinaison pour tous les caractères. Cumulé avec la perte progressive d'hétérosis avec les croisements d'absorption et en retour, cet effet vient réduire la supériorité des croisées. Ces résultats sont en accord avec ceux estimés dans l'expérimentation décrite par

Sørensen *et al.* (2008). Sauf pour le TC, les pertes par recombinaison sont du même ordre de grandeur que l'hétérosis en valeur absolue. Néanmoins, les résultats présentés dans le tableau 3 sont pour des animaux qui exprimeraient 100% des effets liés au croisement. Si les vaches F1 expriment 100% des effets liés à l'hétérosis et 0% des effets liés à la recombinaison, les vaches $\frac{3}{4}$ n'expriment que 50% des effets liés à l'hétérosis et 25% des effets liés à la recombinaison. Pour le TC, nous avons estimé des pertes par recombinaison variables selon le rang de lactation, avec une perte de 14% en première lactation pour le croisement PH x MO qui devient un gain en deuxième (+2%) et en troisième (+1%) lactations. Une explication possible pourrait être qu'un nombre limité de vaches croisées PH x MO ont trois lactations. Une autre hypothèse se base sur l'observation des performances moyennes des vaches. Le TC moyen décroît de 1,4% entre la première et la troisième lactation pour les vaches avec 25% de gènes PH et de 1,1% pour les vaches avec 75% de gènes PH. En revanche, il décroît de 4,1% et de 6% pour les vaches MO et PH, respectivement. Pour le croisement PH x NO, les pertes par recombinaison pour le TC sont très importantes et bien supérieures à l'hétérosis. Les performances moyennes sur toute la population montrent que les vaches avec 25% de sang PH ont un TC supérieur aux deux races pures, mais que les vaches avec 75% de gènes PH ont un TC proche de celui des vaches PH. Dechow *et al.* (2007) ont estimé des pertes par recombinaison pour

l'intervalle vêlage-dernière insémination (« days open ») qui, en valeur absolue, étaient inférieures à l'hétérosis. Néanmoins, lorsqu'ils ont estimé l'effet de chaque croisement en retour, ils ont observé de fortes pertes par recombinaison (+18 jours) lorsque les F1 étaient accouplées avec un taureau PH et un fort gain par recombinaison (-46 jours) lorsque les F1 étaient accouplées avec un taureau Brun. Nous n'avons pas estimé l'effet de la race utilisée pour produire les vaches croisées $\frac{3}{4}$ mais il aurait été intéressant de voir s'il existe une différence importante sur l'estimation des pertes par recombinaison.

3. PERSPECTIVES DE L'ETUDE

Cette étude s'est concentrée sur l'estimation des effets génétiques liés au croisement. L'intérêt économique du croisement entre races laitières n'a pas été étudié, mais fera l'objet d'une autre étude en s'appuyant sur les effets d'hétérosis et de recombinaison estimés ici. Par ailleurs, le faible nombre d'animaux croisés entre 3 races n'a pas permis d'étudier l'effet du croisement rotatif 3 races. Or ce type de croisement est particulièrement recommandé par les généticiens (Sørensen *et al.*, 2008). Une étude prospective sur l'intérêt du croisement rotatif 3 races en France permettrait d'apporter des conseils aux éleveurs intéressés par cette pratique.

Tableau 3 : Estimations des effets additifs, de la consanguinité et du croisement pour les 8 caractères étudiés dans les sous-populations PH x MO et PH x NO.

Effet génétique	Lait (kg)	MG (kg)	MP (kg)	TB (g/kg)	TP (g/kg)	SCS	TC (%)	IVIA1 (j)
Diff. additive (PH-MO)	983	36	23	-0.59	-0.90	0,32	-11	-15
Diff. additive (PH-NO)	2225	80	53	-3.4	-3.03	-0,45	-9	-13
Consanguinité (%)								
PH	-41	-1,7	-1,3	-0.003	0.002	0,006	-0,27	0,12
MO	-35	-1,4	-1,1	-0.0004	0.002	0,006	-0,44	0,12
NO	-32	-1,4	-1,3	-0.01	-0.001	0,001	-0,38	0,12
Hétérosis								
PH x MO	315	18	10	0.48	-0.002	-0,016	5	-3
PH x NO	466	21	12	-0.007	-0.3	-0.03	2	-4
Pertes de Recombinaison								
PH x MO	-364	-19	-11	-0.46	0.005	0,074	-5	3
PH x NO	-286	-18	-7	-0.20	0.1	0,37	-14	5

Diff. Additive = différence additive entre la race PH et la race MO (respectivement NO).

Consanguinité (%) = Effet de l'augmentation de 1% de consanguinité sur les caractères étudiés.

CONCLUSION

Les résultats obtenus dans cette étude montrent que les vaches F1 PH x MO peuvent être compétitives face aux vaches de race PH avec une faible perte de production et un gain pour la fertilité. Le croisement avec la race MO favorise une diminution du SCS alors que le croisement avec la race NO tend à l'augmenter. Néanmoins, une partie de cet avantage observé en F1 est perdue lors du croisement d'absorption ou du croisement en retour. Pour le croisement rotatif, qui n'a pas été étudié ici, ces résultats montrent néanmoins qu'il faut raisonner le choix des races et de la rotation afin de maximiser l'hétérosis et de minimiser les pertes par recombinaison.

Ce travail a été réalisé avec le support financier de PAS'SAS.

Barbat A., Le Mezec P., Ducrocq V. *et al.*, 2010. J. Reprod. Dev., 56, S15-S21

Boichard, D., 2002. Proc 7th WCGALP, 28-13

Croquet C., Mayeres P., Gillon A. *et al.*, 2006. J. Dairy Sci., 89, 2257-2267

Danchin-Burge C., Leroy G., Brochard M. *et al.*, 2012. J. Anim. Breed. Genet., 129, 206-217

Dechow C. D., Rogers G. W., Cooper J. B. *et al.*, 2007. J. Dairy Sci., 90, 3542-3549

Heins B. J., Hansen L. B., De Vries A., 2012. J. Dairy Sci., 95, 1011-1021

Heringstad B., Chang Y. M., Gianola D., Klemetsdal G., 2003. J. Dairy Sci., 86, 2676-2683

Lucy M. C., 2001. J. Dairy Sci. 84:1277-1293

Miglior F., Burnside E. B., Dekkers J. C. M., 1995a. J. Dairy Sci., 78, 1168-1173

Miglior F., Burnside E. B., Kennedy B. W., 1995b. J. Dairy Sci., 78, 1174-1180

Penasa M., Lopez-Villalobos N., Evans R. D. *et al.*, 2010. J. Anim. Breed. Genet., 127, 300-307

Sørensen M. K., Norberg E., Pedersen J., Christensen L. G., 2008. J. Dairy Sci., 91, 4116-4128

VanRaden P. M., 1992. J. Dairy Sci., 75, 3136-3144

VanRaden P. M., Sanders A. H., 2003. J. Dairy Sci., 86, 1036-1044

Wall E., Brotherstone S., Kearney J. F. *et al.*, 2005. J. Dairy Sci. 88:376-3