

## 15 ans de sélection génomique bovine : bilan et perspectives

TAUSSAT S. (1,2), SAINTILAN R. (1,2), MINERY S. (2,3), BORDAS A. (2), LAUNAY A. (3), GUILLERM M. (3), DOMINIQUE S. (3), PASSEMARD A.S. (3), MOUREAUX S. (2,3), BOULESTEIX P. (3), FRITZ S. (1,2), BOICHARD D. (2)

(1) Eliance, 149 rue de Bercy, 75012, Paris, France

(2) Université Paris-Saclay, INRAE, AgroParisTech, GABI, Domaine de Vilvert, 78350, Jouy-en-Josas, France

(3) Idele, 149 rue de Bercy, 75012, Paris, France

### RESUME

La sélection génomique a été mise en place depuis une quinzaine d'années dans les populations bovines, provoquant une révolution dans les deux filières. En effet, le génotypage permet de connaître précocement la valeur génétique d'un animal avec une précision élevée, rendant obsolète le testage sur descendance. Pour quantifier les apports de la génomique dans les populations bovines, un bilan a été réalisé sur la dynamique de génotypage, les populations de référence utilisées, le progrès génétique et la variabilité génétique. Le génotypage a été plus important dans les trois principales races laitières, notamment sur les femelles avant l'âge d'un an. Cette stratégie a permis d'obtenir des tailles de populations de référence très importantes et donc des précisions élevées et un progrès génétique supérieur. Les races bovines allaitantes, avec un taux de génotypage plus faible, ne profitent pas autant des apports de la génomique. Certaines races voient leur taux de consanguinité augmenter depuis l'arrivée de la génomique. Dans un contexte d'intervalles de générations raccourcis, il est nécessaire de veiller à augmenter le nombre de taureaux mis en marché et issus de pères différents pour maîtriser ce taux.

## 15 years of bovine genomic selection: overview and perspectives

TAUSSAT S. (1,2), SAINTILAN R. (1,2), MINERY S. (2,3), BORDAS A. (2), LAUNAY A. (3), GUILLERM M. (3), DOMINIQUE S. (3), PASSEMARD A.S. (3), MOUREAUX S. (2,3), BOULESTEIX P. (3), FRITZ S. (1,2), BOICHARD D. (2)

(1) Eliance, 149 rue de Bercy, 75012, Paris, France

### SUMMARY

Genomic selection has been implemented in bovine populations for fifteen years now, bringing about a revolution in both sectors. Genotyping allows to estimate the breeding value of an animal at an early stage, with a high degree of precision, making progeny testing obsolete. To quantify the contribution of genomics to bovine populations, a review was carried out of genotyping dynamics, reference populations used, genetic progress and genetic variability. Genotyping has been more extensive in the three main dairy breeds, particularly on females before one year of age. This strategy led to obtain large reference populations, and therefore high precision and genetic progress. Beef breeds, with a lower genotyping rate, did not benefit as much from genomics. Some breeds have seen their inbreeding rate increase since the arrival of genomics. In order to maintain or even reduce this rate, we need to increase the number of bulls on the market, and these bulls should be born from different sires.

### INTRODUCTION

La sélection génomique consiste à sélectionner des reproducteurs sur la base de leur valeur génétique prédite à partir de marqueurs génétiques répartis sur le génome. Cette approche proposée par Meuwissen *et al.* (2001) nécessite des outils génomiques adéquats pour pouvoir génotyper un grand nombre d'animaux. En association avec des consortiums de recherche, la société Illumina a développé différentes puces génériques successives, une puce de moyenne densité (MD) en 2007, une de haute densité (HD) en 2010 et une basse densité (LD, Boichard *et al.*, 2012) peu coûteuse en 2012, tandis qu'Affymetrix a également proposé une puce à haute densité (650 k). L'utilisation croissante du génotypage a induit une baisse des prix de sorte qu'une nouvelle puce de moyenne densité du consortium Eurogenomics a remplacé les puces LD pour un prix similaire en 2019. Ces outils ont accompagné le développement très rapide de la sélection génomique bovine. En France, elle a démarré en octobre 2008 pour 15 caractères dans les trois principales races laitières (Prim'Holstein, Normande et Montbéliarde), et les index ont été officialisés pour les mâles en 2009. Dès 2009, l'accord Eurogenomics a permis d'échanger les populations de référence de 4 groupes de pays (France, Allemagne, Pays Bas et les pays nordiques) permettant d'obtenir d'emblée des précisions élevées en race Holstein. En conséquence, les bases de données se sont enrichies régulièrement et le nombre de caractères évalués a significativement augmenté, atteignant 25 à 28 selon les races

en 2009. Dans ces 3 races, les premiers index génomiques pour les femelles ont été officialisés à partir de 2011. Dans le cadre du consortium Intergenomics, la race Brune a bénéficié d'index génomiques dès 2011. A partir de 2015, les trois principales races allaitantes (Charolaise, Limousine et Blonde d'Aquitaine) ont basculé en évaluation génomique pour les caractères mesurés en ferme de la naissance au sevrage, ainsi que pour les caractères de croissance et de conformation de carcasse des jeunes bovins. La sélection génomique s'est également étendue aux races laitières régionales en 2016 avec l'Abondance, la Vosgienne et la Tarentaise, puis la Simmental, cette dernière intégrant des informations génomiques étrangères dans l'évaluation française. Enfin, la race Jersiaise bénéficie de l'évaluation génomique nordique. L'évaluation génomique a remplacé l'évaluation généalogique basée sur les performances des candidats et de leurs apparentés. Pour les taureaux laitiers, cette évaluation dite polygénique nécessitait un testage sur descendance, c'est-à-dire une évaluation sur la base des phénotypes de leurs filles. Ce dispositif étant très coûteux et chronophage, l'arrivée de la génomique a permis de simplifier les outils car les informations sont portées par le génome des animaux, dont les valeurs génétiques sont estimées dès leur génotypage. La mise en œuvre de la sélection génomique a donc provoqué une révolution dans les filières bovines françaises. Après une quinzaine d'années d'utilisation des évaluations génomiques, il est apparu utile de réaliser un bilan des évolutions et

retombées de cette technologie sur les différentes populations bovines allaitantes et laitières.

## 1. MATERIEL ET METHODES

### 1.1. LE GENOTYPAGE

Le travail de recensement des génotypes a été réalisé à partir des analyses exploitables (qualités et contrôles validés) dans le système national d'information génomique (SIGENO) jusqu'en décembre 2022, c'est-à-dire uniquement pour les analyses connues de GenEval et/ou de l'UMT eBIS disponibles pour l'indexation ou pour des travaux de recherche. Le terme « analyse » désigne le génotypage d'un animal par un commanditaire donné à un instant donné, ce dernier pouvant être réalisé plusieurs fois pour un contrôle qualité ou le plus souvent parce que les commanditaires sont différents. Les puces peuvent être très variées, en contenu et en origine, une quarantaine de puces sont aujourd'hui référencées dans SIGENO. Dès 2013, des procédures d'imputation, c'est-à-dire de prédiction statistique des marqueurs manquants, ont été mises en place pour reconstituer une information commune à partir de puces différentes. Des bilans par race, campagne, sexe et âge ont été réalisés pour observer les dynamiques de génotypage ainsi que les stratégies par filière.

### 1.2. LES POPULATIONS DE REFERENCE

La population de référence d'une évaluation génomique pour un caractère donné est constituée d'animaux mâles et/ou femelles disposant à la fois d'un génotypage et d'une information phénotypique pris en compte dans l'évaluation. Le phénotype peut être une performance propre ou des performances de produits. La taille de la population de référence est un facteur essentiel de la précision des index génomiques. A noter que plus l'information phénotypique est précise, plus l'individu compte dans la population de référence. Ainsi, par exemple, un taureau testé sur descendance apporte la même information que 3 à 10 femelles avec une performance propre, selon la valeur de l'héritabilité (Boichard *et al.*, 2015). Chacune des populations a été caractérisée par sa taille, sa répartition en fonction du sexe ainsi que la précision moyenne des évaluations génomique associées. Pour cette étude, seules deux valeurs ont été rapportées en utilisant la morphologie et la production laitière en bovin laitier et l'effet génétique maternel et l'effet génétique direct du poids de naissance en bovin allaitant. Les évaluations utilisées sont celles d'automne 2022 en bovin laitier et été 2023 en bovin allaitant. La population de candidats est constituée quant à elle d'animaux uniquement génotypés pour une estimation précoce de leur valeur génomique. La précision moyenne a été calculée pour ces animaux.

**Tableau 1** Effectif des animaux dans la population de référence par race en fonction du sexe et du caractère indexé, et précision des valeurs génétiques pour les animaux de la population de référence et des candidats. En bovin laitier, les valeurs de précision indiquées correspondent au caractère morphologie et à la production laitière. En bovin allaitant, elles correspondent à l'effet génétique maternel et l'effet génétique direct du poids de naissance.

Race	Nombre de mâles	Nombre de femelles	Précision pop ref	Précision des candidats
<b>Bovins laitiers</b>				
Prim'Holstein	41 108 - 43 780	221 400 - 458 217	0,78 - 0,79	0,69 - 0,71
Montbéliarde	3 905 - 4 178	160 749 - 230 196	0,73 - 0,76	0,64 - 0,68
Normande	3 101 - 3 264	51 181 - 81 362	0,59 - 0,71	0,52 - 0,63
Brune	7 673 - 8 085	5 021 - 6 757	0,81 - 0,85	0,72 - 0,75
Abondance	520 - 524	7 739 - 8 951	0,43 - 0,66	0,35 - 0,53
Tarentaise	432 - 435	4 414 - 4 651	0,24 - 0,63	0,22 - 0,59
Simmental	1 171 - 1 184	2 583 - 3 051	0,52 - 0,63	0,45 - 0,56
Vosgienne	85 - 89	2 445 - 2 876	0,16 - 0,50	0,15 - 0,45
<b>Bovins allaitants</b>				
Charolaise	4 175 - 33 941	16 863 - 30 293	0,48 - 0,63	0,35 - 0,50
Limousine	3 785 - 15 847	6 061 - 8 265	0,55 - 0,67	0,37 - 0,47
Blonde d'Aquitaine	3 176 - 11 038	10 762 - 12 460	0,43 - 0,65	0,28 - 0,47

### 1.3. LES APPORTS DE LA GENOMIQUE

Dans un premier temps, une simulation a été réalisée pour observer les différences entre l'index de synthèse unique (ISU) des bovins laitiers avec prise en compte des génotypes et l'ISU sans prise en compte des génotypes. Pour cela, un modèle linéaire des moyennes ISU en fonction des campagnes a été réalisé et on a comparé ces moyennes aux valeurs observées. Les valeurs moyennes des animaux nés lors de la campagne 2020 ont été utilisées pour la comparaison afin d'avoir suffisamment de recul sur les apports de la sélection génomique tout en ayant des animaux évalués avec leurs performances. La différence entre la valeur prédite et observée a été divisée par l'écart-type génétique. Le même travail a été réalisé en bovin allaitant en utilisant l'index de synthèse au sevrage pour les animaux nés lors de la campagne 2023. A noter que, au moins en laitiers, cette méthode sous-estime l'impact de la génomique car la plupart des femelles, même celles non typées, sont issues d'un père et d'un grand-père maternel typés et bénéficient du progrès génétique réalisé par le programme.

Ensuite, à chaque campagne, les intervalles de générations sur les voies paternelles et maternelles ont été extraits des fichiers VARUME (Danchin-Burge *et al.*, 2017) pour observer les conséquences du passage à la sélection génomique. L'âge moyen des parents à la naissance de leurs descendants a été comparé avant et après la mise en place de la sélection génomique.

Enfin, le nombre de taureaux d'IA mis en marché, leur taux d'utilisation à travers leurs équivalents d'insémination animale première (IAP), le nombre équivalent pondérant chaque insémination du taureau d'un coefficient 1, celles de ses fils par 0.5, ses petits-fils par 0.25, etc) et leur coefficient de consanguinité (F) basé sur le pedigree, ont été calculés et comparés avant et après le passage en sélection génomique. Pour ce dernier critère, calculé également pour les femelles, le logiciel PEDIG a été utilisé (Boichard, 2022). On a analysé les évolutions de la consanguinité moyenne par année de naissance, en calculant les pentes ( $\Delta F$ ) sur les 5 années de naissance (ou 10 ans pour les races Holstein, Montbéliarde et Normande, races disposant de plus d'ancienneté) avant et les 5 (ou 10) années après le passage à la sélection génomique (SG).

## 2. RESULTATS

### 2.1. LA DYNAMIQUE DE GENOTYPAGE

#### 2.1.1. Le bilan par race

La base de données SIGENO contient 2 414 569 analyses réalisées entre 2009 et 2022, et elle concerne 2 356 465 animaux différents de 22 races différentes.

Au total, 88 % de ces analyses proviennent des 3 principales races laitières (respectivement 54 % de la race Holstein, 26 % de la race Montbéliarde et 8 % de la race Normande) et seulement 6 % correspondent à des analyses des 3 principales races allaitantes (Charolaise, Limousine et Blonde d'Aquitaine).

### 2.1.2. Dynamique

Au cours des quinze années de déploiement du génotypage, deux périodes de forte progression d'activité ont été constatées en raison d'évolutions technologiques et méthodologiques qui ont entraîné une diminution des coûts de génotypage. Tout d'abord, de 2011 à 2015, le déploiement du service en élevage a été facilité par l'utilisation de puces LD combinée à des travaux d'imputation des génotypes manquants. En 2012, des index précoces calculés chaque semaine ont été mis en place, permettant un retour très rapide du génotypage. Puis, entre 2018 et 2020, l'augmentation du nombre d'échantillons analysables par puce en laboratoire a permis de réduire simultanément coûts et délais.

En bovin laitier, le bilan en 2022 a montré que 93 % des génotypes étaient constitués de femelles, majoritairement typées avant la mise à la reproduction : 38 % avant 3 mois d'âge et 44 % entre 3 et 12 mois d'âge. Les mâles génotypés dans le cadre des programmes de sélection ont généralement été génotypés avant 3 mois d'âge (73 %). En bovin allaitant, ce même bilan a montré une répartition équivalente entre les mâles et les femelles mais à un âge plus tardif, les mâles étant génotypés entre 3 et 12 mois d'âge (72 %) tandis que les femelles l'ont été à 52 % après 1 an.

Le déploiement d'évaluations génomiques pour de nouvelles races et un nombre toujours croissant de caractères ainsi que l'accès à de nouveaux tests génomiques pour diagnostiquer les anomalies génétiques et certains gènes d'intérêt participent à l'augmentation régulière des activités de génotypage.

## 2.2. LES POPULATIONS DE REFERENCE

### 2.2.1. Constitution des populations

En bovin laitier, la sélection génomique a été mise en place à partir d'une population de référence de taureaux testés. Mais aujourd'hui, ce sont les femelles qui composent majoritairement les populations de référence (Tableau 1). La race Prim'Holstein est celle qui a la population de référence la plus grande avec plus de 600 000 femelles au maximum, suivie de la Montbéliarde avec environ 300 000 femelles au maximum et de la Normande avec un peu moins de 100 000 femelles. Le nombre élevé de mâles dans les populations de référence Prim'Holstein et Brune est expliqué par les taureaux étrangers échangés dans le cadre des accords Eurogenomics et Intergenomics.

En bovin allaitant, seuls les caractères mesurés avant le sevrage bénéficient d'une évaluation génomique, sans différence de taille entre les différentes populations de référence. Par contre, une grande différence existe entre les effets génétiques directs et maternels. Pour l'effet direct du poids de naissance, autant de mâles que de femelles composent les populations Charolaise et Blonde d'Aquitaine. En revanche, pour l'effet génétique maternel les populations de référence dans ces deux races sont plus petites et sont composées principalement de femelles. La race Limousine possède plus de mâles que de femelles pour l'effet génétique direct et le contraire pour l'effet génétique maternel.

### 2.2.2. Précision chez les animaux de référence

En moyenne, les précisions des valeurs génétiques des animaux bovins laitiers de la population de référence sont comprises entre 0,16 et 0,81 pour les valeurs minimales et entre 0,50 et 0,85 pour les valeurs maximales selon les races (Tableau 1). Les valeurs minimales faibles sont dans les populations de référence de petite taille.

En bovin allaitant, les précisions des effets génétiques directs sont supérieures à celles des effets génétiques maternels du

fait des tailles de population plus grandes ainsi que des héritabilités supérieures. Les trois races allaitantes possèdent des précisions assez similaires, légèrement supérieures pour la race Limousine.

### 2.2.3. Précision chez les animaux candidats

L'apport de la génomique se mesure surtout chez les candidats à la sélection. On observe logiquement un lien positif entre le nombre d'animaux dans la population de référence et la précision des animaux candidats. Une petite population de référence entraîne une plus faible précision, sauf dans le cas d'héritabilité très élevée. L'apport des mâles reproducteurs dans les populations de référence entraîne également de meilleures précisions car ceux avec beaucoup de descendants apportent beaucoup d'information (exemple de la race Brune et des bovins allaitants pour les effets génétiques maternels). A noter également qu'en bovin laitier, du fait de l'accélération des cycles de reproduction, les candidats n'ont pas systématiquement leurs parents dans la population de référence au moment de leur première indexation, en raison d'un intervalle de génération court et l'obtention tardive des performances. Dans ce cas, la précision est plus faible.

## 2.3. LES APPORTS DE LA GENOMIQUE

### 2.3.1. Le progrès génétique

Les prédictions théoriques montrent que la génomique permet de doubler le progrès génétique potentiel (Schaeffer, 2006 ; Colleau *et al.*, 2015). Un bilan est donc utile pour mesurer comment ce potentiel a été utilisé. Entre les valeurs moyennes de l'ISU génomique et celles issues des simulations, les résultats ont montré une différence positive quelle que soit la race (Tableau 2). La génomique a donc permis d'augmenter le progrès génétique pour les races laitières. Ces résultats sont à mettre en perspective avec des changements d'objectifs de sélection, conjoints ou non au passage en sélection génomique.

Certains index ont pu voir leur progression ralentie volontairement ou au contraire avoir été la cible d'un effort de sélection accru. Pour les races ayant modifié leur ISU, on peut globalement observer une diminution de la pondération de la production laitière au profit de l'incorporation de nouveaux index. Si l'on prend l'exemple de la Prim'Holstein, on peut observer en 2012 une diminution de 15 points de la pondération de la production laitière dans l'ISU. Malgré cela, le progrès génétique sur l'index a continué d'augmenter avec un rythme similaire, ce qui était l'objectif. Pour l'index morphologie, la pondération a peu diminué mais le progrès génétique est resté soutenu après le passage en sélection génomique.

Les résultats en bovin allaitant ne montrent aucune différence entre l'ISEVR génomique et sans génomique.

**Tableau 2** Différence en écart-type génétique entre la valeur (ISU en bovin laitier, ISEVR en bovin allaitant) moyenne observée avec sélection génomique et la valeur moyenne prédite sans génomique

Race	Différence mâle	Différence femelle
Bovins laitiers		
Prim'Holstein	2,82	2,56
Montbéliarde	2,09	1,22
Normande	2,35	2,31
Brune	0,68	1,13
Abondance	0,50	0,28
Tarentaise	0,17	0,33
Bovins allaitants		
Charolaise	0,04	-0,03
Limousine	0,08	-0,08
Blonde d'Aquitaine	0,04	-0,08

### 2.3.2. L'intervalle de génération et l'utilisation des taureaux

En parallèle de l'amélioration des précisions des évaluations génomiques, l'amélioration du progrès génétique constatée précédemment est surtout liée à l'intervalle de génération et à l'utilisation des taureaux. L'arrivée de la sélection génomique a entraîné l'arrêt du testage sur descendance. Cela a eu pour conséquence de réduire drastiquement les intervalles de génération de 7 ans à 4 ans dans les races laitières. Pour les races allaitantes, une diminution après le passage en sélection génomique en 2016 a été constatée sur la voie paternelle même si elle reste faible comparée aux bovins laitiers (intervalle en moyenne de 6 ans après passage en sélection génomique). A noter que les valeurs d'intervalle de génération sur la voie paternelle étaient plus faibles initialement en bovin allaitant que pour certaines races laitières. En effet, avant le passage en sélection génomique, les taureaux d'IA, davantage utilisés en bovin laitier, devaient être confirmés via un testage sur descendance et étaient mis à la reproduction plus tard qu'un taureau de monte naturelle, mode de reproduction privilégié en allaitant. Côté maternel, l'intervalle de génération est un an plus élevé en allaitant car les mères à taureaux les plus plébisitées sont celles ayant reçu une qualification raciale (Bouquet *et al.*, 2009) et la première mise bas est tardive.

Le nombre de taureaux d'IA mis en marché a augmenté depuis le passage en sélection génomique. En effet, le coût d'un taureau mis en marché est beaucoup plus faible avec une évaluation génomique qu'avec un testage sur descendance. Les entreprises de sélection ont pu mettre plus de taureaux en marché, sans pour autant sacrifier le niveau génétique ou la fiabilité des prédictions, offrant ainsi une plus grande diversité. En parallèle, le nombre moyen d'IA totales réalisées par taureau a diminué, ainsi que la durée d'utilisation. Cependant, le nombre de taureaux tend à diminuer dans certaines races ces dernières années, s'écartant des préconisations initiales.

### 2.3.3. La variabilité génétique

Une grande hétérogénéité existe entre les races sur l'évolution de la consanguinité, allant de l'absence d'évolution à une forte augmentation, montrant une gestion différente en fonction des organismes.

**Tableau 3** Pentas d'évolution de la consanguinité des femelles, avant et après la sélection génomique (SG)

Race	Année SG	F femelles nées année SG	$\Delta F$ sur 5 (ou 10*) ans avant	$\Delta F$ sur 5 (ou 10*) ans après
Bovin laitier				
Prim'Holstein*	2010	4,34 %	0,09 %	0,18 %
Montbéliarde*	2010	4,79 %	0,16 %	0,14 %
Normande*	2010	5,06 %	0,18 %	0,12 %
Brune	2014	2,78 %	0,03 %	0,18 %
Abondance	2016	6,17 %	0,16 %	0,14 %
Tarentaise	2016	4,45 %	0,05 %	0,17 %
Simmental	2016	1,92 %	0,01 %	0,04 %
Vosgienne	2016	3,96 %	0,13 %	0,11 %
Bovin allaitant				
Charolaise	2016	1,13 %	0,02 %	0,03 %
Limousine	2016	1,20 %	0,02 %	0,01 %
Blonde d'Aquitaine	2016	2,13 %	0,03 %	0,04 %

Pour les femelles, on observe des écarts plus importants pour les races Brune, Holstein et Tarentaise, avec une accélération de l'accroissement de la consanguinité après la mise en place de la sélection génomique (Tableau 3). Pour les autres races, la situation est stable, voire s'est améliorée. Des travaux de simulations conduits par l'UMT eBIS ont montré que le taux de consanguinité de la population femelles est très impacté par le nombre de jeunes taureaux mis en marché chaque année dans une race donnée. Dans les races où l'accroissement de

consanguinité est important depuis la mise en place de la SG, il semble donc que le nombre de taureaux mis en marché soit insuffisant au regard de la taille de la population pour compenser l'impact de la réduction de l'intervalle de génération.

La situation sur les taureaux d'IA est encore plus marquée pour les races Holstein et Brune, mais se stabilise en Tarentaise (Tableau 4). En revanche, pour les races Charolaise, Normande et Abondance, on observe pour les taureaux d'IA un taux d'augmentation de la consanguinité plus important après le passage en sélection génomique, contrairement à ce qui avait été vu sur les femelles.

En parallèle, une analyse des équivalents en nombre d'inséminations animales premières (IAP) a été faite en races laitières, pour identifier, par campagne d'insémination, le taureau qui a fait le plus d'IA cette année-là, soit lui-même, soit représenté par ses fils ou (arrière) petits-fils (par la voie paternelle ou maternelle). Par exemple en race Prim'Holstein, la figure 1 montre qu'à partir de 2010, le taureau « O-Man\_Just » a été pendant 7 campagnes de suite le taureau le plus utilisé (directement ou indirectement via des descendants), ce qui a compté dans l'accroissement de la pente de la consanguinité observée après 2010 dans cette race, comme vu précédemment, et marquera l'accroissement futur.

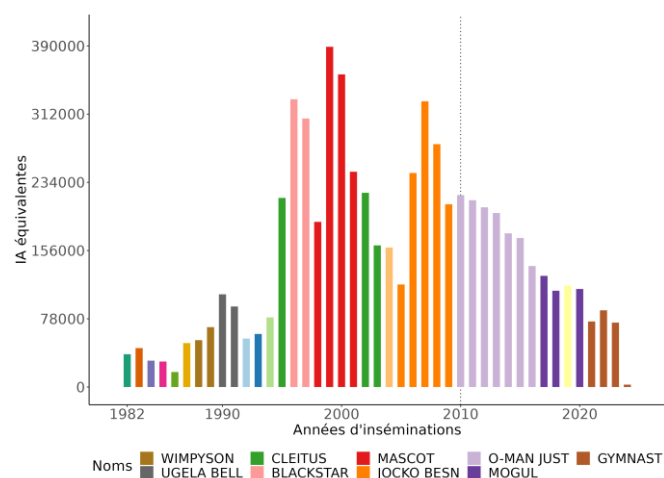
**Tableau 4** Pentas d'évolution de la consanguinité des taureaux d'IA, avant et après la sélection génomique (SG)

Race	Année SG	F mâle IA nés année SG	$\Delta F$ sur 5 (ou 10*) ans avant	$\Delta F$ sur 5 (ou 10*) ans après
Bovin laitier				
Prim'Holstein*	2010	4,65 %	-0,02 %	0,43 %
Montbéliarde*	2010	5,46 %	0,14 %	0,12 %
Normande*	2010	5,17 %	0,12 %	0,15 %
Brune	2014	2,78 %	-0,10 %	0,18 %
Abondance	2016	7,10 %	0,11 %	0,32 %
Tarentaise	2016	5,43 %	0,13 %	0,15 %
Simmental	2016	1,54 %	-0,03 %	0,01 %
Vosgienne	2016	4,08 %	-0,09 %	0,04 %
Bovin allaitant				
Charolaise	2016	1,18 %	0,04 %	0,32 %
Limousine	2016	0,99 %	0,04 %	0,03 %
Blonde d'Aquitaine	2016	2,12 %	0,13 %	0,10 %

## 3. DISCUSSION

Cette étude a montré que la dynamique de génotypage est différente entre les bovins laitiers et les bovins allaitants. Depuis l'ouverture du génotypage en ferme en 2011, les éleveurs et professionnels laitiers ont tendance à génotyper beaucoup de femelles en ferme de 0 à 1 an, contrairement aux professionnels de l'allaitant qui génotypent autant de femelles que de mâles à un âge plus tardif. Ces différentes stratégies influencent directement la constitution des populations de référence. En effet, les jeunes animaux génotypés constituent les populations de référence futures lorsqu'ils ont des phénotypes, assurant la durabilité de la sélection, et les précisions des évaluations génomiques sont meilleures pour les races laitières à grand effectif, notamment pour les caractères à faible héritabilité qui nécessitent un nombre d'animaux important. Les mâles reproducteurs ont également un impact non négligeable dans la référence car chacun apporte de l'information via ses descendants. Cependant, leur contribution grâce à la descendance arrivera plus tardivement et d'autant plus si le phénotype est mesuré à un stade avancé de la vie de l'animal (exemple de la longévité fonctionnelle). Pour développer une évaluation génomique sur un nouveau caractère, génotyper les animaux avec performance (notamment les femelles) est donc une bonne stratégie pour augmenter rapidement la taille de la population de référence.

Cette stratégie de génotypage des femelles est d'autant plus recommandée en bovin allaitant pour évaluer les effets génétiques maternels pour les caractères mesurés avant le sevrage avec une héritabilité faible.



**Figure 1** Nombre en équivalent d'IA par année d'insémination pour le taureau le plus représenté en race Prim'Holstein.

L'arrivée de la génomique a permis d'augmenter le progrès génétique en bovin laitier à l'aide de meilleures précisions d'index, d'un intervalle de génération réduit et du nombre supérieur de taureaux d'IA utilisés. Ce phénomène permet d'inclure de nouveaux index dans l'ISU sans pénaliser le progrès de chacun, stratégie qui a été utilisée pour inclure les caractères dit « fonctionnels » (santé/ reproduction) en diminuant la part de la production laitière. Cela est possible tout en maîtrisant la consanguinité, comme en témoignent certaines races. Le génotypage a également permis une forte réduction de fréquence de presque toutes les anomalies génétiques connues ou découvertes à l'aide des génotypages. Les analyses des pentes d'évolution de la consanguinité des taureaux d'IA sont conformes aux résultats de Doublet *et al.* (2019) qui avaient analysé la consanguinité à partir des données de génotypage pour les races Prim'Holstein, Montbéliarde et Normande. L'évolution de la consanguinité résulte de deux changements principaux : une augmentation du nombre de taureaux d'IA qui a un effet favorable, et une réduction de l'intervalle de génération qui a un effet très défavorable (Colleau *et al.*, 2015). C'est l'équilibre entre ces deux paramètres qui explique les différences observées entre races.

## CONCLUSION

L'ensemble des résultats montre que le génotypage important des femelles en ferme avant 1 an dans les trois principales races laitières a permis d'améliorer la précision des évaluations génétiques, d'apporter un progrès génétique plus important et plus équilibré entre caractères. Cette stratégie doit être adoptée dans les races allaitantes pour optimiser au maximum l'utilisation de la génomique.

Les auteurs remercient Vincent Ducrocq, Pascal Croiseau, Thierry Tribout, Marie-Pierre Sanchez, Florence Phocas (INRAE) et Chris Hozé et Aurélie Baur (ELIANCE) pour leur contribution à la mise en place de la sélection génomique. Ils remercient aussi APIS-GENE pour le financement des projets AMASGEN, GEMBAL, et ASAP qui ont rendu ces développements possibles. APIS-GENE a également financé cette étude dans le cadre du projet OBGENO.

Boichard D. 2002. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Montpellier, 19-23 août 2002, 28-13  
 Boichard D., Chung H., Dassonneville R., David X., Eggen A., Fritz S., Gietzen K.J., Hayes B.J., Lawley C.T., Sonstegard T.S., Van Tassell C.P., Vanraden P.M., Viaud K., Wiggans G.R., 2012. PLoS ONE, 7: e34130  
 Boichard D., Ducrocq V., Fritz S., 2015. J. Anim. Breed. Genet., 132, 135-143  
 Bouquet A., Renand G., Phocas F., 2009. INRA Prod. Anim., 22, 317-330  
 Colleau J., Fritz S., Guillaume F., Baur A., Dupassieux D., Journaux L., Eggen A., Boichard D., 2015. INRA Prod. Anim., 28, 251-258  
 Danchin-Burge C., Danvy S., Laloë D., Verrier E., 2017. Inn. Agro., 55, 235-245  
 Doublet A. C., Croiseau P., Fritz S., Michenet A., Hozé C., Danchin-Burge C., Laloë D., Restoux G., 2019. Genet Sel Evol 51:52  
 Meuwissen T. H. E., Hayes B. J., Goddard M. E., 2001. Genetics, 157, 1819-1829  
 Schaeffer L.R. 2006. J. Anim. Breed. Genet., 123, 218-223