26è

RENCONTRES RECHERCHES RUMINANTS

Les 7 et 8 décembre 2022

Session
Génétique

INRAE

INSTITUT DE L'ELEVAGE idele

ELIANCE

Des éleveurs. Une ambition.

La fédération des entreprises de service et conseil en élevage

En R&D, Eliance c'est :

30 ingénieurs, techniciens et chercheurs

+ 2M d'€ de budget annuel

+ 50 publications scientifiques par an

De nombreux outils et partenariats : station de phénotypage de Nouzilly, UMT (Unité Mixte Technologique) eBis, LPA (Laboratoire Partenarial Associé) épigénétique, APIS-GENE, CIRBEEF...

L'expertise de notre réseau :

- Génétique
- Reproduction
- Nutrition
- Santé
- Bien-être animal
- Impacts environnementaux
- Qualité des produits
- Nouvelles technologies
- Efficience

RÉUSSIR
Nourrir votre performance

OPTIMISEZ LA GESTION QUOTIDIENNE
de votre **EXPLOITATION** grâce aux **REVUES RÉUSSIR**

11 N° PAR AN

11 N° PAR AN

Simplifiez-vous la vie
en vous abonnant directement sur :
boutique.reussir.fr

6 N° PAR AN

10 N° PAR AN

WWW.REUSSIR.FR
LE 1ER SITE PORTAIL D'INFORMATIONS AGRICOLES ET ALIMENTAIRES

POUR PLUS D'INFORMATIONS : RÉUSSIR Abonnement
1, rue Léopold Sédar Senghor - CS 20022 - 14902 CAEN CEDEX 9
Tél. 02 31 35 87 28 - service.abonnement@reussir.fr

AVEC LES TITRES DU GROUPE **RÉUSSIR**,
PORTEZ UN REGARD NEUF SUR VOTRE MÉTIER

afrique agriculture SUR LE WEB

Toute l'actualité agricole de l'Afrique en ligne sur :

www.afrique-agriculture.org

Et pour nos abonnés, bénéficiez en plus :

- De votre magazine accessible en ligne
- Des contenus exclusifs réservés aux abonnés
- Des articles en illimité sur tous vos écrans

LE SITE DE RÉFÉRENCE DES DÉCIDEURS DE L'AGRICULTURE

UNE INFORMATION QUOTIDIENNE ADAPTÉE À VOTRE MÉTIER

Distribution • Environnement • Décryptages

DÉCOUVREZ L'INTÉGRALITÉ DU SITE ET TOUS SES AVANTAGES,
Newsletters thématiques, Podcasts, Mags en ligne exclusifs, Fiches RH & Management, l'accès à plus de + de 25 000 articles.

DÉCOUVREZ-LE MAINTENANT
WWW.REFERENCE-AGRO.FR

RÉFÉRENCE agro

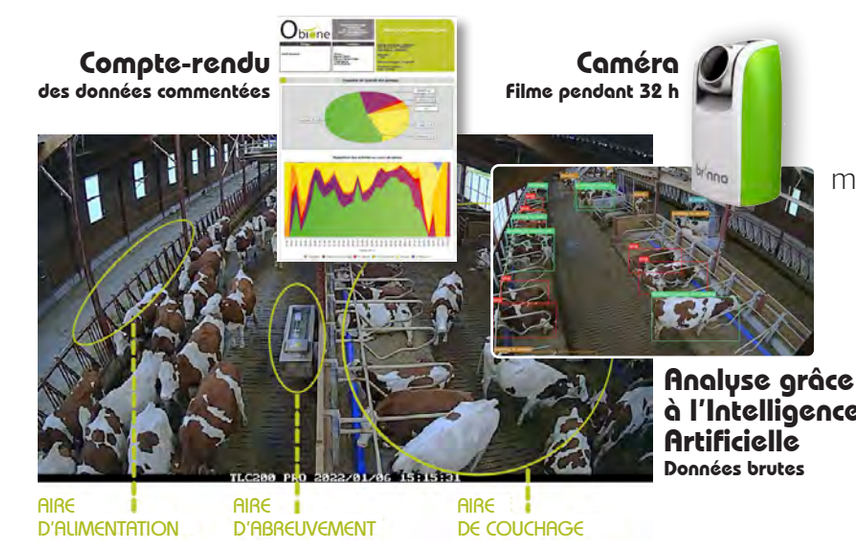
www.reference-agro.fr

Que font vos vaches quand vous n'êtes pas là ?

Pour savoir ce qu'il se passe vraiment dans l'élevage il faut le regarder en continu et analyser ce qui est observé. Nous vous proposons une solution pratique, automatisée et très riche en informations :

L'analyse par Intelligence Artificielle
et Application Spécifique du confort et de l'emploi du temps du troupeau.

Voir ce que vous ne voyez pas, compter ce que nous ne pouvons habituellement pas compter, mettre en évidence les leviers de productivité, s'assurer du confort des animaux, contrôler leur environnement, juste en installant 2 caméras (fournies) dans votre bâtiment.



C'est couchées que les vaches font le lait, mais il leur faut un accès à l'auge et à l'abreuvoir sans entrave, toute la journée.

➲Alors observons et analysons !

Calcul des index de couchage, de confort, d'abreuvement...

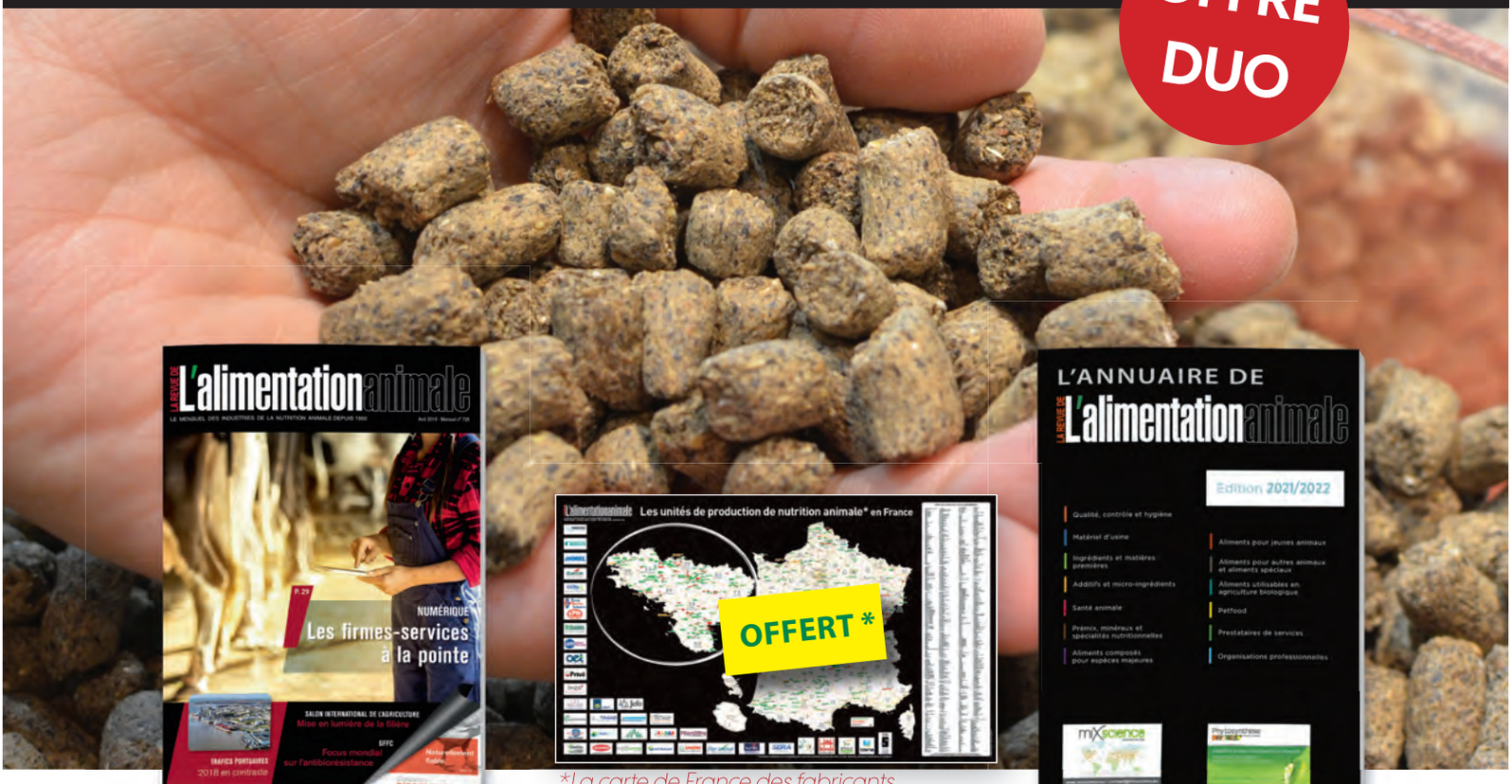
dilepix & Obione ont mis en commun leur expertise pour une solution d'analyse inédite et totalement personnalisée

www.dilepix.com **www.obione.fr**

LA REVUE DE L'alimentation animale

LE MENSUEL DES INDUSTRIES DE LA NUTRITION ANIMALE DEPUIS 1950

OFFRE DUO



*La carte de France des fabricants d'aliments (+ de 250 usines d'aliments) - valeur 20€

ABONNEMENT 1 AN
10 NUMÉROS

+

ANNUAIRE 2021/2022
DES FOURNISSEURS DE
L'ALIMENTATION ANIMALE

BON DE COMMANDE

Oui, je m'abonne

❍ 1 an
10 numéros +
Annuaire des fournisseurs de l'alimentation animale 2021/2022
259 €TTC

❍ 2 ans
20 numéros +
Annuaire des fournisseurs de l'alimentation animale 2021/2022
341 €TTC

Société .....
Nom .....
Prénom .....
Adresse .....
..... Code postal .....
Ville ..... Pays .....
Tél. ..... Facebook .....
E-mail (obligatoire) .....

MON RÈGLEMENT

❍ Chèque bancaire ou postal à l'ordre des Éditions Fitamant

❍ Carte bancaire N° |_|_|_|_| |_|_|_|_| |_|_|_|_| |_|_|_|_|
Date de validité |_|_| |_|_| Cryptogramme |_|_|_| *(3 derniers chiffres au dos de votre carte)*

❍ Par virement
Banque : crédit agricole – Éditions Fitamant
IBAN : FR76 3004 7140 7000 0201 7410 106
BIC : AGRIFRPP829

❍ Je souhaite recevoir une facture acquittée

Date et signature (obligatoire)

Conformément à la loi «Informatique et Libertés» du 6 janvier 1978, vous disposez d'un droit d'accès et de rectification aux données vous concernant.

Éditions Fitamant - 2 rue Félix Le Dantec - CS 62020 - 29018 Quimper cedex
Tél. 00 33 (0)2 98 98 01 40 - abo@fitamant.fr - www.revue-alimentation-animale.fr

APAAA2021/2022

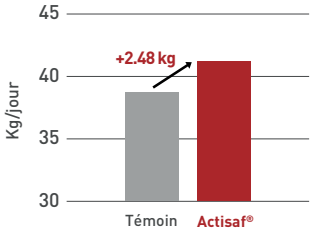
Les solutions Phileo pour une production laitière durable

Population
Augmentation de la production laitière

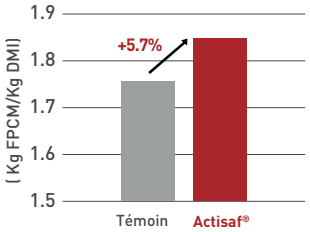
Profit
Amélioration de l'efficacité alimentaire

ActiSaf Sc 47

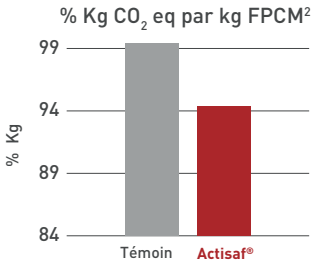
Lait corrigé ECM[1]



Efficacité alimentaire[2]



Planète
Réduction des émissions CO_2



La supplémentation en Actisaf® dans la ration des vaches laitières en lactation confrontées à des rations riches en énergie permet une augmentation de l'abondance relative des bactéries fibrolytiques et utilisatrices de lactate en réduisant le potentiel redox[3].

Au cours d'une méta-analyse incluant plus de 20 essais[1], il a été observé qu'une supplémentation de 5 g/v/j d'Actisaf® augmente la production laitière (1,74 kg/v/j) et le lait corrigé selon l'énergie (1,72 kg/v/j).

Phileo by Lesaffre

1 –Legendre, H. and Salah, N et al - Meta-analysis study of the effects of live yeast supplementation on milk production and energy corrected milk of lactating dairy cows – In submission

2 -Effect of Actisaf® supplementation on dairy cows carbon footprint, report of 3 trials in Europe - Blonk consultants 2022 -Please note this claim is based on an LCA that is not ISO 14040/14044 critically reviewed

3 -Marden et al., 2008. How does live yeast differ from sodium bicarbonate to stabilize ruminal pH. J Dairy Sci.:91: 3528-3535

DIGESCAN

Scannez ce code et découvrez notre nouveau service

- Outil de diagnostique de l'efficacité alimentaire en élevage, facile d'utilisation.
- Le service Digescan se compose d'un outil de tamisage de bouses et d'une application téléphonique d'enregistrement des données pour un suivi optimisé.

ABONNEZ-VOUS
ET RECEVEZ LES DERNIÈRES INFOS
"GRANDS TROUPEAUX / ÉLEVAGES CAPRINS"

JE M'ABONNE À :

GRANDS TROUPEAUX MAGAZINE et **HORS SÉRIE NUTRITION** (9+1 numéros/an) + **NEWSLETTERS**
☐ **1 AN : 90 €** TTC (75 € HT) ☐ **2 ANS : 156 €** TTC (130 € HT)

ÉLEVAGES CAPRINS MAGAZINE et **HORS SÉRIE NUTRITION** (4+1 numéros/an) + **NEWSLETTERS**
☐ **1 AN : 75 €** TTC (62,50 € HT) ☐ **2 ANS : 135 €** TTC (112,50 € HT)

GRANDS TROUPEAUX & **ÉLEVAGES CAPRINS** et **HORS SÉRIE NUTRITION** + **NEWSLETTERS**
☐ **1 AN : 150 €** TTC (125 € HT) ☐ **2 ANS : 276 €** TTC (230 € HT)

Nom : .....

Prénom : .....

Société : .....

Activité : .....

Adresse : .....

.....

Code postal : ..... Ville : .....

Tél : .....

Mail* : .....@.....

** adresse mail indispensable si vous désirez recevoir nos newsletter*

☐ Je paie par chèque à l'ordre de COMEDPRO ☐ Je souhaite recevoir une facture

BULLETIN D'ABONNEMENT À RETOURNER, ACCOMPAGNÉ DE VOTRE RÈGLEMENT À :

COMEDPRO – 35 avenue de la Grande Champagne – 72300 Parcé-sur-Sarthe – 06 40 36 29 93

www.grands-troupeaux-mag.fr / www.elevagescaprins.fr

Génétique

Du nouveau dans les évaluations génétiques bovines : mise en place du Single-Step, une évaluation génétique et génomique en une seule étape.

BARBAT M. (1), CROUE I. (1), FRITZ S. (2), TRIBOUT T. (3), BOICHARD D. (3), MINERY S. (4), LAUNAY A. (4), BOULESTEIX P. (4), PROMP J. (4)

(1) GenEval, 3 rue du Petit Robinson, 78350 Jouy-en-Josas
(2) ELIANCE, Maison Nationale des Eleveurs, 149 rue de Bercy, 75595 Paris Cedex 12
(3) INRAe, UMR GABI, Domaine de Vilvert, 78350 Jouy-en-Josas
(4) Institut de l'Elevage, Maison Nationale des Eleveurs, 149 rue de Bercy, 75595 Paris Cedex 12

RESUME

Depuis 2009, l'évaluation génomique s'est développée en races bovines, en France comme à l'étranger. Malgré ses nombreux avantages, depuis quelques années, la sélection génomique se révèle causer un biais dans les évaluations génétiques. Pour s'affranchir de ce biais, une nouvelle méthode d'évaluation génétique est implémentée chez les bovins : le « Single-Step », ou évaluation en une étape.

Les analyses réalisées au sein des projets ASAP et UNIGENO montrent l'efficacité de cette nouvelle approche. L'étude de validation de la méthode Single-Step repose sur l'estimation des index d'un groupe de jeunes taureaux ayant des filles avec performances en 2021 mais pas en 2017, sur la base de l'ensemble des informations disponibles en 2021 ou en 2017. Une simulation des index de 2017 a donc été réalisée pour ces jeunes taureaux sans connaissance des performances de leurs filles. Cette étude, menée pour un très large panel de races et de caractères, a permis de montrer la très bonne cohérence entre les index estimés avant et après arrivée des filles : la pente de la régression des index 2021 sur les index 2017 est comprise entre 0.97 et 1.03 pour tous les caractères et races considérés. Ces très bons résultats sont notamment permis par la mise en place dans l'évaluation du facteur d'érosion, permettant de prendre en compte le nombre de générations séparant un jeune animal de la population de référence lors du calcul de son index.

Les validations ont été poussées en confrontant les index « Single-Step » des femelles (prédits avant qu'elles aient leurs performances) avec leurs performances (étude Génoperf, Idele). Là aussi, les résultats confirment l'intérêt de la méthodologie « Single-Step ». En race Normande, il est prédit un écart de 1600 kg d'index lait entre les moins bonnes et les meilleures génisses. Lorsque les femelles sont en production quelques années plus tard, il est observé un écart de performances de 1590 kg de lait. Pour l'intervalle vêlage – première IA, celles avec un index prédit à +1 sont en moyenne, sur le terrain, remises à la reproduction 7 jours plus tôt que les femelles avec un index prédit à -1.

Avec cette nouvelle méthode, l'évaluation génomique devient accessible à l'ensemble des races bovines dans lesquels des génotypages réguliers sont effectués et cela sur l'ensemble des caractères. Les efforts de typages permettront un gain progressif de précision pour les races dans lesquelles la proportion d'animaux génotypés est encore faible.

Fruit de collaborations entre l'UMT e-BIS, GenEval, les organismes et les entreprises de sélection des deux filières bovines, l'évaluation « Single-Step » a été mise en place dès mars 2022 pour certaines races laitières et sera étendue à l'ensemble des races disposant actuellement d'une évaluation génétique dans le courant des années 2022 et 2023.

Evolutions in bovine national genetic evaluations: implementation of a Single-Step approach, a genetic and genomic evaluation in a single step.

BARBAT M. (1), CROUE I. (1), FRITZ S. (2), TRIBOUT T. (3), BOICHARD D. (3), MINERY S. (4), LAUNAY A. (4), BOULESTEIX P. (4), PROMP J. (4)

(1) GenEval, 3 rue du Petit Robinson, 78350 Jouy-en-Josas

SUMMARY

Since 2009, genomic evaluation approaches have become the method of choice in France and abroad. Genomic selection has numerous advantages; however, it has been shown to cause a biais in the genetic evaluation over the past few years: GEBVs of young candidates tend to get lower once their first daughters have phenotypes.

This is due to a genomic pre-selection biais in the polygenic evaluation, as only the most favorable young bulls get to an age when they have phenotypes. This leads to the underestimation of the best individuals in the polygenic evaluation. In order to take into account the preselection, a new genomic evaluation approach is implemented in cattle: the Single-Step approach.

This new approach was tested through analyses in the scope of the ASAP and UNIGENO projects. The validation process focuses on a group of young bulls with phenotyped daughters in 2021 but not 2017, whose GEBVs are estimated based on all information available either in 2021 or in 2017. Their 2017 GEBVs are estimated as they would have been in 2017 (without taking into account their daughters' phenotypes). This validation study was done on a very wide panel of breeds and traits and allowed us to validate the very good consistency between GEBVs estimated before and after a sire's daughters have their first phenotypes: the slope of the regression of 2021 DYDs on 2017 GEBVs was always between 0.97 and 1.03, for all traits and breeds. These results were due to the

implementation of an erosion factor in the Single-Step approach, allowing to take into account the distance between a young individual and the reference population when its GEBV is estimated.
Validations were then extended by comparing female GEBVs (estimated without access to the phenotype) to their phenotypes (Génoperf study, Idele). These results also confirmed the interest of the Single-Step approach. In the Normande breed, the best and worst young females have a GEBV difference of 1600kg of mile and, when they have milk performances, they have an observed difference of 1590kg. For the interval between calving and first AI, the females with a GEBV (estimated without phenotypes) at +1 genetic standard deviation have, on average, a 7 days shorter interval than the females estimated at -1 genetic standard deviation.
This new approach makes genomic evaluation accessible to all cattle breeds in which genotyping is done routinely, for all traits. In breeds with a low proportion of genotyped animals, the accuracy with slowly increase when the number of genotypes does.
The implementation of the Single-Step approach as the new national genetic evaluation approach in March 2022 for some breeds was made possible thanks to collaborative work with the UMT e-BIS, Idele, Geneval, breed societies and breed companies of both dairy and beef cattle. This approach will be extended to all breeds with a genetic evaluation in the years 2022 and 2023.

INTRODUCTION

Depuis 2009, l'évaluation génomique s'est développée en races bovines, en France comme à l'étranger. Elle présente des avantages bien connus : une précision élevée, un progrès génétique à la fois plus élevé et plus équilibré entre caractères, plus de diversification dans l'objectif de sélection grâce aux gains de progrès génétique. Toutefois, à l'arrivée des performances des premières filles, les index des jeunes taureaux évalués baissent.
Ce décalage s'explique par un biais dans l'évaluation génétique, dû à une pré-sélection des jeunes animaux sur la base de l'évaluation génomique seule : les animaux jugés moins bons sont éliminés et n'obtiennent jamais de performance (Patry et Ducrocq, 2011). Ceci induit une sous-estimation des meilleurs animaux dans l'évaluation polygénique, ce qui impacte ensuite les évaluations génomiques, à travers les équations de prédiction. Pour s'affranchir de ce biais, une nouvelle méthode d'évaluation génétique est implémentée chez les bovins : le « Single-Step », ou évaluation en une étape.
L'évaluation « Single-Step » permet l'évaluation simultanée de l'ensemble des animaux d'une même race : mâles et femelles, génotypés ou non (Christensen et Lund, 2010 ; Misztal, Legarra et Aguilar, 2009). Grâce à ce nouveau système, toutes les informations utiles à l'évaluation – performances, pedigrees et génotypes - sont exploitées de façon exhaustive lors d'une même étape. Grâce à cette simultanéité, l'évaluation des jeunes animaux se fait sur la base de l'ensemble des informations disponibles et le biais de l'évaluation est corrigé.
En mars 2022, la méthode d'évaluation génétique bovine française a donc évolué pour devenir une évaluation « Single-Step », afin d'améliorer la prédiction génétique des reproducteurs bovins.
Cet article présente les principales étapes de validation mises en place dans le cadre des projets ASAP, mené par l'UMT eBIS, et UNIGENO, piloté par GenEval & Idele, précédant le déploiement de l'évaluation génétique Single-Step.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. FACTEUR D'EROSION

Les candidats à la sélection ne font, par définition, pas partie de la population de référence. Entre les animaux de la population de référence et les candidats, les associations entre les QTL et les marqueurs peuvent varier et, plus un candidat est éloigné de la population de référence (c'est-à-dire plus il y a de générations entre lui et un animal de la population de référence), moins les effets de marqueurs estimés dans la population de référence peuvent être appliqués à ce candidat (Boichard *et al.* 2022). Afin de prendre en compte dans l'évaluation génétique l'éloignement des candidats à la population de référence pour mieux estimer leur valeur génétique, le facteur d'érosion a été inclus dans les évaluations Single-Step nationales.

1.2. VALIDATION DES EVALUATIONS

Afin de vérifier la qualité des évaluations Single-Step, des études de validation ont été réalisées, pour mesurer la précision et le biais des évaluations. Pour ce faire, on sélectionne une population de validation, constituée, pour un caractère donné, des taureaux ayant des filles avec performances à l'année N (2021) et n'en ayant pas à l'année N-4 (2017). Cette population mime la population des candidats à la reproduction, évalués alors qu'ils n'ont pas encore de performances. Deux évaluations génétiques en méthode Single-Step sont réalisées, sur la base des informations disponibles à l'année N-4, avec ou sans facteur d'érosion. Une évaluation polygénique est réalisée sur les informations de l'année N, afin de calculer les performances corrigées des taureaux. Une évaluation génomique basée sur l'ancienne méthodologie en deux étapes en méthode habituelle a également été réalisée pour l'année N-4. On dispose ainsi des valeurs génétiques et des performances corrigées (DYD) des taureaux de la population de validation sur la base de l'ensemble des informations disponibles (année N), ainsi que sur la connaissance de leur pédigrée et de leur génotype uniquement (année N-4). La pente de la régression des DYD de l'année N sur les valeurs génétiques de l'année N-4 donne une idée du biais des évaluations.
Ces études ont été réalisées sur l'ensemble des caractères, pour l'ensemble des 8 races laitières disposant actuellement d'une évaluation génomique.

1.3 VALIDATIONS ORIENTEES TERRAIN

En plus des études de validation, des validations orientées autour de l'adéquation entre les valeurs génétiques estimées et les phénotypes ont été réalisées (études Génoperf). Pour ce faire, on a comparé les index de génisses (sans performance) nées en 2016 et 2017, issus des évaluations N-4 réalisées pour l'étude de validation, avec leurs phénotypes enregistrés dans les bases de données nationales SIG en 2019 et utilisés dans les évaluations génétiques. Ces validations ont elles aussi été réalisées pour l'ensemble des caractères, pour l'ensemble des 8 races laitières disposant actuellement d'une évaluation génomique.
Outre leur intérêt scientifique, elles permettent également une meilleure appropriation des résultats par les entreprises et organismes de sélection (ES et OS) et leur a permis de préparer la communication auprès des acteurs de terrain sur le changement à venir.
L'évolution des valeurs génétiques des meilleurs animaux a également été étudiée, ainsi que l'évolution des classements des meilleurs animaux.

2. RESULTATS

2.1. ETUDES DE VALIDATION

Les études de validation présentent des résultats très encourageants. En termes de précisions, les évaluations Single-Step donnaient toujours des résultats au moins aussi bons que ceux obtenus en utilisant l'évaluation génomique basée sur l'ancienne méthodologie en deux étapes en méthode habituelle C'est cependant sur le biais que les évaluations Single-Step donnent particulièrement de bons résultats (Tableau 1). Avec prise en compte du facteur d'érosion, les pentes obtenues avec une évaluation Single-Step étaient toujours meilleures que celles obtenues avec une évaluation génomique, ce qui indique un biais moindre en utilisant les évaluations Single-Step. Les valeurs génétiques estimées pour les caractères les moins sélectionnés sont très peu biaisées en évaluation Single-Step, avec ou sans facteur d'érosion. Pour les caractères les plus sélectionnés (caractères de production, par exemple), où la présélection est plus importante, le biais des valeurs génétiques estimées en évaluation Single-Step est réduit (et négligeable) lorsque le facteur d'érosion est utilisé.

Titre col 1	Caractères de production	Caractères de morphologie	Cellules	Caractères de fertilité
Sans facteur d'érosion	0,938	0,992	0,938	0,991
Avec facteur d'érosion	0,996	1,016	0,990	1,020

Tableau 1 Moyennes des pentes de la régression des DYD année N sur les valeurs génétiques N-4, en Single-Step, avec et sans facteur d'érosion, pour plusieurs groupes de caractères

2.2. RECLASSEMENTS

Parmi les résultats complémentaires produits pour faciliter l'appropriation des résultats, les valeurs génétiques et les classements des 100 meilleurs animaux (femelles d'une part, taureaux d'autre part) ont été comparées entre les évaluations Single-Step et actuelles.

Quel que soit le caractère, il est observé une augmentation de la variabilité des index Single-Step par rapport à ceux de l'évaluation actuelle. La dispersion des valeurs génétiques est donc plus importante et les profils des animaux sont plus marqués.En général, les classements sont bien conservés (Tableau 2). Sur l'ISU (index de synthèse unique), environ 80% des taureaux sont communs entre les évaluations Single-Step et génomiques, dans les races nationales (Montbéliarde, Normande, Abondance, Tarine, Simmental). Ce pourcentage est plus faible dans les races internationales (Holstein, Brune) où seuls quelques pays ont déployé la nouvelle méthode d'indexation Single-Step. Parmi les meilleures femelles, 50 à 60% sont communes aux deux top100. Ces résultats sont du même ordre de grandeur que lorsqu'on compare deux traitements successifs d'une même évaluation.

	Nor	Hol	Mon	Abo	Tar	Bru	Sim
Top 20 M	13	8	10	13	14	10	12
Top 100 M	81	54	78	89	94	70	84
Top 200 F	105	84	82	89	118	108	72

Tableau 2. Nombre d'animaux en commun dans le top entre une évaluation Single-Step et une évaluation en deux étapes dans les différentes races. Top 20 M : 20 meilleurs taureaux ; top 100 M : 100 meilleurs taureaux ; top 200 F : 200 meilleures femelles. Nor : race Normande, Hol : race Holstein, Mon : Montbéliarde, Abo : Abondance, Tar : Tarine, Bru : Brune, Sim : Simmental

2.3. ETUDES GENOPERF

Les femelles étudiées ont été regroupées par classe d'index Single-Step et à chaque classe est associée la performance brute moyenne du groupe. Pour les caractères de production et de morphologie et globalement les caractères les plus héritables, les différences entre les classes d'index correspondent à des différences sensibles de performances et dans le sens annoncé. Pour les caractères fonctionnels, très influencés par le milieu, ce lien entre index Single-Step et performances existe, mais moins nettement.

Pour la race Normande, l'écart entre les index des meilleures et des moins bonnes génisses sur la production laitière est de 1600kg de lait. Lorsque ces mêmes femelles entrent en production, le classement est respecté et on observe une différence de 1590kg de lait entre les moins bonnes et les meilleures productrices. Entre les femelles montbéliardes indexées à -1 et celles indexées à +1 sur l'intervalle vêlage-1ère IA, il y a un écart de 6 jours dans le délai de mise à la reproduction après le premier vêlage. Ces études ont montré que les index Single-Step permettent une bonne discrimination des meilleures et moins bonnes femelles.

3. DISCUSSION

Les résultats des études réalisées montrent que la méthode Single-Step est une évolution de l'évaluation génétique intéressante et pertinente pour la filière bovine laitière. En effet, les précisions sont généralement aussi bonnes (voire légèrement meilleures) que celles obtenues en évaluation génomique en deux étapes et le biais est moindre, particulièrement lorsque le facteur d'érosion est utilisé. Grâce à l'utilisation d'une évaluation Single-Step, avec prise en compte du facteur d'érosion et de la présélection des animaux, l'ensemble des évaluations génétiques, pour toutes les races bovines laitières et tous les caractères, sont non biaisées.

Cependant, mettre en place une nouvelle méthode d'évaluation à l'échelle d'une filière ne revient pas seulement à valider sa qualité scientifique. Il est aussi nécessaire que cette évolution soit comprise et prise en mains par les acteurs qui utiliseront la sélection. Les études complémentaires menées pour aider à cette appropriation montrent que le passage à une approche Single-Step ne sera pas sans conséquence pour la filière : la majorité des meilleurs animaux est la même quelle que soit la méthode, mais 20% des 100 meilleurs taureaux changent selon la méthode. Ceci signifie que les organismes sélectionneurs vont voir des changements dans le panel d'animaux qu'ils sélectionnent pour être des reproducteurs. Ces changements sont plus marqués pour les femelles, plus sensibles aux variations de méthode.

L'approche Single-Step permettant une mise en commun de l'ensemble des informations disponibles pour l'évaluation d'un animal, il est logique que les femelles, en général moins bien connues que les taureaux (elles ont moins de descendants avec performances), soient plus affectées par ce gain d'information et que les classements entre femelles s'en trouvent modifiés.

Les études Génoperf ont été un très bon outil pour conforter la filière dans la décision d'un changement à une méthode Single-Step. Elles permettent en effet de vérifier la cohérence entre l'index d'un animal, prédit alors qu'il n'a pas encore de performances connues, et ses futures performances. Les très bons résultats obtenus ont permis que les OES soient plus confiants dans ce changement.

En parallèle de l'obtention de ces résultats, une covalidation a été organisée avec les OS et les ES. Avant la sortie officielle des index Single-Step, ces partenaires avaient accès aux index test issus des développements encore en

cours. Ce travail a permis aux ES OES de vérifier la cohérence entre les index obtenus et leurs attendus et de partager leurs interrogations avec l'équipe projet sur les résultats tests. Ces échanges ont permis un grand nombre d'évolutions de modèles d'évaluation génétique, ainsi que la prise de conscience de la nécessité de la mise en place du facteur d'érosion. Cette phase de covalidation a ensuite été prolongée par une phase de transition, où les OES avaient accès, en parallèle, aux index Single-Step et aux index historiques pour préparer leur sélection avant le déploiement, toujours dans l'idée de faciliter cette transition.

Tout au long de cette démarche de validation (et de construction) de l'approche Single-Step, dans l'optique d'en faire la nouvelle méthode d'évaluation au niveau de la filière bovine française, des échanges réguliers ont été réalisés entre les OS, les ES, les évaluateurs (GenEval), les diffuseurs des index et des valeurs génétiques précoces (Idele et Valogène) et les organismes scientifiques (UMT e-BIS). Ces échanges et la grande réactivité des différents partenaires impliqués ont permis le développement de l'approche Single-Step, afin que, en mars 2022, les premières évaluations Single-Step officielles voient le jour pour les bovins laitiers.

Du côté des bovins allaitants, les travaux sont en cours et la bascule à une évaluation officielle Single-Step devrait être effective pour la publication des index de janvier 2024. Dans le cas de la filière bovine allaitante, le problème de la présélection des jeunes candidats est en général moins prépondérant, mais l'approche Single-Step a néanmoins un intérêt conséquent, du fait qu'il permet la prise en compte des informations de performances, pédigrée et génotypages simultanément. Ainsi, l'ensemble des individus bénéficie des informations apportées par leurs apparentés. En bovins allaitants, le génotypage est en général moins fréquent qu'en bovins laitiers. Dans une évaluation génomique en deux étapes, une partie des taureaux ne bénéficie pas d'une évaluation génomique et les phénotypes des filles de ces taureaux ne contribuent pas à l'évaluation des taureaux génotypés. Or, dans une approche Single-Step, si des femelles avec performances sont apparentées à des individus génotypés, même s'il ne s'agit ni de leurs parents ni de leurs descendants, leurs phénotypes contribuent à l'estimation de la valeur génétique de ces individus génotypés et, respectivement, elles bénéficient de la connaissance de leur information génomique. L'approche Single-Step permet une mutualisation des informations particulièrement intéressante lorsqu'une faible partie de la population évaluée est génotypée.

Par ailleurs, une évaluation Single-Step ne reposant pas uniquement sur les informations issues des animaux génotypés, elle ne nécessite pas un nombre minimal d'animaux génotypés pour pouvoir être mise en place. Les évaluations Single-Step sont donc accessibles à toutes les races, y compris celles dans lesquelles la proportion d'animaux génotypés est faible. Dans ces cas-là, les gains de précision permis par le passage d'une évaluation sans information génomique à une évaluation Single-Step seront faibles, mais la précision des évaluations augmentera avec le nombre d'animaux génotypés.

CONCLUSION

L'évaluation génomique bovine laitière française a fait un grand bond en avant en début d'année 2022, en opérant une transition vers une nouvelle méthode d'évaluation en une seule étape, le Single-Step. Cette méthode permet la prise en compte simultanée de l'ensemble des informations nécessaires à l'évaluation. Ce faisant, la présélection des jeunes animaux génotypés est bien prise en compte et les évaluations ne sont pas biaisées, notamment grâce à la prise en compte du facteur d'érosion.

Une évolution de cette ampleur n'a été possible que grâce à la collaboration de très nombreux acteurs, des organismes de recherches aux OS et aux ES des races concernées, en passant par les indexeurs et les diffuseurs.

Cette évolution va, dans les mois à venir, être étendue aux bovins allaitants et aux races bovines laitières et allaitantes ne disposant pas encore d'une évaluation génomique.

Les auteurs remercient très chaleureusement l'ensemble de leurs collègues de l'UMT e-BIS, dont le travail au cours des cinq dernières années a permis cette évolution majeure pour l'ensemble de la filière, du développement du logiciel à leurs validations qu'on ne compte plus, en passant par les tests initiaux du logiciel et leur réactivité à nulle autre pareille face à l'ensemble des difficultés rencontrées.

Ils aimeraient également remercier leurs collègues d'Idele (en charges de la diffusion des index) et de GenEval (en charge de l'indexation), pour le développement de toutes les évaluations Single-Step, la réalisation des validations orientées terrain, la réalisation de formations pour les techniciens de l'ensemble des entreprises de sélection et encore bien d'autres.

Ces travaux ont été permis par la réalisation des projets ASAP et UNIGENO, dont les auteurs remercient les financeurs : APIS-GENE et le CASDAR RT.

Patry C., Ducrocq V., 2011. J. Dairy Sci. 94:1011-1020. Evidence of biases in genetic evaluations due to genomic pre-selection in dairy cattle. J.

Boichard D., Fritz S., Croiseau P., Ducrocq V., Cuyabano B. Et Tribout T., 2022. WCGALP proceedings, Long distance associations generate erosion of genomic breeding values of candidates for selection.

Christensen O. F. et Lund M. S. 2010. GSE, 42, 2. Genomic prediction when some animals are not genotyped.

Misztal I., Legarra A. et Aguilar I. 2009. J. Dairy Sci. 92, 4648–4655. Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information.

Faisabilité d'une évaluation génomique pour les animaux issus d'un croisement trois voies : Montbéliarde X Holstein X Rouge Danoise

SAINTILAN R. (1,2), CUYABANO B.C.D. (1), BAUR A. (1,2), CROUE I. (1,2), DUCROCQ V. (1), THOMASEN J.R. (3), KARAMAN E. (4), BOICHARD D. (1), LECLERC H. (1,2), CROISEAU P. (1)

(1) Université Paris Saclay, INRAE, AgroParisTech, GABI, Domaine de Vilvert, 78350 Jouy-en-Josas, France
(2) ELIANCE, Paris, France
(3) Viking Genetics, Ebeltoftvej 16, 8960 Randers SO, Denmark
(4) Center for Quantitative Genetics and Genomics, Faculty of Technical Sciences, Aarhus University, 8830 Tjele, Denmark.

RESUME
Ces dernières années, la stratégie de croisement s'est développée dans les élevages bovins laitiers au niveau international. Les éleveurs sont intéressés par le fait de garder des vaches croisées dans leur troupeau à la fois pour allier les atouts des races pures, compenser leurs faiblesses et bénéficier des effets d'hétérosis. Cependant, les outils génétiques ne sont pas adaptés pour gérer ces animaux croisés. Dans cette étude, nous évaluons les performances d'une évaluation génomique adaptée aux schémas de croisements rotationnels avec des données réelles. Cette évaluation génomique a été appliquée à une population comprenant des animaux purs de races Holstein, Montbéliarde et Rouge Danoise, ainsi que des animaux croisés issus de ces trois races en utilisant une méthode basée sur l'estimation de l'effet spécifique du SNP en fonction de la race pure d'origine des allèles.

Accuracy of prediction for a genomic evaluation in rotational crossbreeding scheme (Montbéliarde x Holstein x Red Danish)

SAINTILAN R. (1,2), CUYABANO B.C.D. (1), BAUR A. (1,2), CROUE I. (1,2), DUCROCQ V. (1), THOMASEN J.R. (3), KARAMAN E. (4), BOICHARD D. (1), LECLERC H. (1,2), CROISEAU P. (1)

(1) Université Paris Saclay, INRAE, AgroParisTech, GABI, Domaine de Vilvert, 78350 Jouy-en-Josas, France
(2) ELIANCE, Paris, France
(3) Viking Genetics, Ebeltoftvej 16, 8960 Randers SO, Denmark
(4) Center for Quantitative Genetics and Genomics, Faculty of Technical Sciences, Aarhus University, 8830 Tjele, Denmark.

SUMMARY
In recent years, crossbreeding strategy has grown in dairy cattle farms at an international level. Breeders are interested in keeping crossbred cows in their herd both to combine the strengths of the pure breeds, compensate for their weaknesses and benefit from heterosis. However genetic tools are still lacking to manage these crossbred animals. In this study, we evaluate the performances of a genomic evaluation adapted for rotational crossbreeding schemes with real data. This genomic evaluation was applied to a population that includes pure-breed animals from Holstein, Montbéliarde, and Red Danish breeds, as well as crossbreds between these three breeds. The genomic evaluation approach was based on the estimation of SNP specific effect according to the Breed of Origin of the Alleles.

INTRODUCTION

La stratégie de croisement dans les élevages bovins laitiers s'est considérablement développée ces dernières années, et cette tendance pourrait se renforcer à l'avenir pour faire face aux défis liés à l'agroécologie ou aux nouvelles contraintes induites par le changement climatique. Cette stratégie est particulièrement adaptée pour combiner les forces des races pures et compenser leurs faiblesses, ce qui est un moyen efficace pour les éleveurs d'obtenir des animaux plus adaptables et robustes, aboutissant à un système d'élevage plus durable. Le croisement est également pertinent pour diminuer la consanguinité ou, de manière équivalente, générer de l'hétérosis.
L'évaluation génomique en race pure est courante, et est en cours de développement pour les animaux issus de croisement terminal, mais seuls quelques pays évaluent systématiquement les animaux croisés dans des programmes de croisement continu. Pour la plupart des pays, les éleveurs engagés dans une démarche de croisement disposent d'informations limitées aux taureaux de race pure et aux performances brutes de leurs femelles croisées pour gérer leur sélection et leurs accouplements. Dans ce contexte, la littérature consacrée au croisement continu porte, pour la plupart, sur des données simulées (Eiriksson et al., 2021 ; Karaman et al, 2021) et rarement sur des applications sur données réelles (Sevillano et al., 2017). Dans cette étude, nous proposons une application de l'évaluation génomique pour les programmes de croisement continu, au travers de la méthodologie du GBLUP basée sur la détermination de l'origine raciale des allèles pour les animaux croisés (BOA). Cette approche consiste à estimer l'effet spécifique de chaque marqueurs SNP en fonction de sa race d'origine. La justification de cette approche est que le déséquilibre de liaison entre le SNP et la mutation causale diffère selon la race ; de plus, l'effet QTL peut dépendre de la race.

1. MATERIEL ET METHODES

Les données utilisées dans cette analyse sont issues des premières étapes d'un schéma de croisement à trois voies comprenant les races Montbéliarde (Mo), Holstein (Ho) et Rouge Danoise (RD). Cet ensemble de données a été complété par des données de chacune des trois races pures pour assurer une estimation précise des effets SNP intra-race. La procédure comprenait plusieurs étapes : imputation et phasage au niveau 50K des génotypages de tous les animaux ; identification du BOA pour les allèles de tous les animaux croisés; évaluation génomique des cinq caractères de production laitière et mesure de la précision des prédictions génomique et des pentes de régression par une procédure de validation croisée.

1.1 GENOTYPES

Les données utilisées dans cette étude proviennent de la France et des pays nordiques (Suède, Danemark et Finlande). Elles consistent en 5 238 génotypes d'animaux croisés réalisés dans le cadre du projet GENTORE, majoritairement dans les pays nordiques où le croisement est plus développé, ainsi qu'en 20 000, 22 265 et 6 866 génotypes d'animaux purs Mo, Ho et RD, respectivement. Les génotypages des animaux RD ont été réalisés par les partenaires des pays nordiques et sont des typages moyenne densité. Actuellement en France, 53 498 marqueurs SNP autosomiques sont utilisés en routine pour la sélection génomique des différentes races bovines. Afin de disposer de l'ensemble des informations pour les 53 498 marqueurs pour l'ensemble des individus génotypés sur un panel de puces potentiellement très large, une procédure d'imputation a été réalisée. Elle consiste à estimer le génotype le plus probable pour les marqueurs manquants d'un génotypage sur la base des fréquences alléliques de la population et sur la base d'information d'apparentement. L'imputation a été effectuée en deux étapes. Dans un premier temps, les génotypes des animaux de races pures ont été imputés avec FImpute (Sargolzaei et al., 2014) avec le pipeline utilisé pour les évaluations officielles françaises. Cette procédure est réalisée de manière hebdomadaire. La deuxième étape consistait en l'imputation des génotypes des animaux croisés à l'aide de FImpute en utilisant les génotypages imputés et phasés des animaux de races pures Ho, Mo et RD comme référence, et sans utiliser aucune information sur le pedigree.

1.2 ORIGINE RACIALE DES ALLELES (BOA)

Pour déterminer l'origine raciale des allèles portés par les animaux croisés, on s'intéresse aux fréquences alléliques raciales d'haplotypes de grande taille, un haplotype étant une séquence d'allèles de marqueurs présents sur un même chromosome. Ainsi, la fréquence (f) de chaque haplotype de n SNP consécutifs a été estimée par comptage au sein de chacune des trois races pures définissant ainsi les fréquences de référence. Ensuite, l'origine raciale de chacun des haplotypes des animaux croisés a été déterminée en recherchant pour quelles races pures les haplotypes portés par les animaux croisés sont les plus fréquents, permettant d'estimer une composition raciale pour chaque animal croisé.
Le BOA d'un haplotype d'un animal croisé est dit de la race i si $\frac{f_i}{\sum_{j=1}^{nbreed} f_j}$ était supérieur à un seuil de 0,90 (seuil par défaut).
L'ensemble des haplotypes du génome a ainsi été analysé par fenêtre coulissante en se déplaçant d'un SNP à la fois. La valeur initiale de la taille des haplotypes (n) a été fixée à 16 (conduisant à 65 536 combinaisons haplotypiques théoriques). Lorsqu'une origine d'haplotype restait indéterminée, le processus était répété après que la taille de l'haplotype ait été divisée par 2. Lorsque l'origine d'un haplotype restait indéterminée mais que les haplotypes flanquants étaient attribués à une race, alors on attribue à l'haplotype inconnu la race des haplotypes flanquants. Lorsque n = 1, la faible proportion d'origines finalement restée indéterminée a été attribuée en fonction des fréquences alléliques à la race ayant la valeur la plus élevée. Cette procédure a été implémentée dans un logiciel interne développé par INRAE en fortran (BreedOrigin) et appliquée à la population cible des 5 238 animaux croisés. Pour les animaux croisés avec parents connus, les proportions de chaque race calculées à partir des BOA des SNP ont été ensuite comparées à celles obtenues sur la base des informations du pedigree.

1.3 HETEROSIS ET CROISEMENT

Comme décrit par Dezetter et al., 2015, les fractions d'hétérosis (traduisant la supériorité phénotypique de l'animal croisé par rapport à ses parents (H)) pour chaque animal croisé sont estimées à partir des proportions d'origines raciales de leurs parents en fonction du pedigree. Les valeurs du coefficient H ont été calculées comme décrit par Dechow et al. (2007) en utilisant les formules suivantes :

- $H = 1 - \sum_{i=1}^{nb_{race}} s_i d_i$

Où s_i et d_i sont les proportions de gènes de père et de mère de la race i, respectivement. L'hétérosis a ensuite été pris en compte dans le modèle d'analyse des performances des animaux croisés.

1.4 PHENOTYPES

Cinq caractères de production laitières ont été analysés dans cette première étude : production de lait standardisé

sur la durée de la première lactation (LAIT), quantité de protéines (MP), teneur en protéines (TP), quantité de matières grasses (MG) et teneur en matières grasses (TB).
L'évaluation génomique est une procédure en deux étapes, une évaluation polygénique afin de calculer les performances corrigées et l'évaluation génomique en tant que telle.
Dans un premier temps, un modèle polygénique a été utilisé pour estimer tous les effets non génétiques (troupeau-année, âge-année et année-mois de vêlage), les effets d'hétérosis (régression selon H) et en prenant compte des variances résiduelles hétérogènes, tel que décrit par Dezetter et al (2015). Les groupes de parents inconnus pris en compte dans l'évaluation étaient fonction de la race d'origine et la composition raciale des croisements d'après les informations du pedigree
Les performances des femelles de races pures et croisées, exprimées en écarts de rendement (YD), correspondent à des performances corrigées des effets fixes pris en compte dans le modèle précédent ainsi que des effets aléatoires non génétiques. Par caractère et par animal, un YD est disponible avec un poids associé de 1.
Les données de 22 571 femelles génotypées de races pures et 4 380 femelles génotypées croisées avec YD ont été utilisées pour constituer la population de référence des évaluations génomiques.
Deux séries d'évaluations ont été réalisées, la première en ne tenant pas compte des effets d'hétérosis, et la seconde en tenant compte des effets d'hétérosis. On obtient ainsi pour chaque animal, deux YD par caractère, l'un avec correction pour H et l'autre non corrigé pour H.

1.5 EVALUATION GENOMIQUE POUR LES ANIMAUX CROISES EN TENANT COMPTE DU BOA

Pour tenir compte des animaux croisés dans un modèle d'évaluation génomique, nous avons proposé une extension du modèle SNP-BLUP où un effet SNP βi est estimé pour chaque race comme décrit dans le modèle suivant :

$$y_i = \sum_{b=1}^{nb_race} (p_{i,b}\mu_b) + \sum_{b=1}^{nb_race} \left(\sum_{j=1}^{nb_SNP} (\beta_{i,j,b} X_{i,j,b}) \right) + e_i$$

Où y_i est le YD de l'animal i, μ_b est un vecteur de moyennes définies au sein de chaque race, $p_{i,b}$ est la proportion de la race b dans le génome de l'individu i, estimée par l'approche BOA. $X_{i,j,b}$ est le contenu allélique du SNP j qui provient de la race b pour l'animal i, centré sur la fréquence allélique du SNP dans la race b :

$$X_{i,j,b} = (k_{i,j,b} - n_{i,j,b} f_{j,b})$$

Où $k_{i,j,b}$ et $n_{i,j,b}$ sont le nombre d'allèles alternatifs (recodifié en "2") et le nombre total d'allèles du SNP j qui provient de la race b pour l'animal i, respectivement ; $f_{j,b}$ est la fréquence de l'allèle « 2 » du SNP j dans la race b.
Pour évaluer l'efficacité de la méthode d'évaluation génomique testée, l'ensemble de données des animaux de la population de référence a été divisé en un ensemble de données dites d'apprentissage avec des animaux ayant à la fois des informations de génotypes et des YD pris en compte pour estimer les effets SNP en fonction de leur BOA, et un ensemble de données dites de validation consistant en une liste de femelles croisées avec génotypages dont les YD n'ont pas été prises en compte et pour lesquelles les prédictions génomiques ont été calculées en utilisant les effets estimés de marqueurs sur la population d'apprentissage. Les prédictions génomiques sont ensuite comparées aux phénotypes observés (YD).
Deux types de résultats sont analysées, (1) la corrélation entre la prédiction génomique de l'animal et son YD par caractère, (2), la pente de la droite de régression entre prédiction génomique et YD. Dans notre étude, la population de validation était constituée des 2000 vaches croisées les plus jeunes sans descendance.

2. RESULTATS

2.1 RACE D'ORIGINE DES ALLELES

Les tableaux 1 et 2 présentent la proportion d'allèles provenant des différentes races, et l'écart type associé, estimée en exploitant une information génomique (tableau 1) ou généalogique (tableau 2) Pour les animaux génotypés croisés, 94% des allèles ont été attribués à une race, 48 % des marqueurs étaient d'origine Ho, 34 % d'origine RD et 13,6 % d'origine Mo. En comparaison, sur la base des informations généalogiques, les origines correspondantes étaient respectivement de 56,3%, 29,8% et 11,8%. La corrélation entre les compositions des races pour les deux méthodologies est de 0,95, 0.97, 0.99 pour les races Rouge Danoise, Holstein et Montbéliarde, respectivement.

Race d'origine	Composition raciale avec BOA	
	Moyenne	Ecart-type
Montbéliarde (Mo)	13,60%	20,00%
Holstein (Ho)	48,00%	19,40%
Rouge Danoise (RD)	34,00%	17,80%

Tableau 1. Résultats de la détermination de la race d'origine sur la base des informations BOA

Race d'origine	Composition raciale sur Pedigree	
	Moyenne	Ecart-type
Montbéliarde (Mo)	11,80%	19,20%
Holstein (Ho)	56,30%	20,20%
Rouge Danoise (RD)	29,80%	17,80%

Tableau 2. Résultats de la détermination de la race d'origine sur la base des informations généalogiques

2.2 EVALUATION GENOMIQUE DES ANIMAUX CROISES

Les corrélations entre YD et les prédictions génomiques et les pentes de régression associées sont présentées dans les tableaux 3 et 4. Sur la population d'apprentissage, toutes les corrélations sont d'environ 0,80 pour les caractères LAIT, TB et TP et d'environ 0,90 pour les caractères MG et MP. Dans la population de validation, sans intégration de l'effet d'hétérosis (tableau 3), les corrélations varient de 0,36 pour le TP et de 0,65 pour la MG.

	Apprentissage		Validation	
Caractère	Corrélation	Pente	Corrélation	Pente
LAIT	0,82	1,19	0,41	1,07
TB	0,78	1,22	0,38	1,15
TP	0,76	1,26	0,36	1,16
MG	0,92	1,15	0,65	1,05
MP	0,93	1,12	0,62	1,00

Tableau 3 : Corrélations et pentes de régression des YD non ajustées pour les effets d'hétérosis avec les prédictions génomiques pour cinq caractères de production laitière.

	Apprentissage		Validation	
Caractère	Corrélation	Pente	Corrélation	Pente
LAIT	0,83	1,17	0,40	1,03
TB	0,80	1,20	0,36	1,09
TP	0,77	1,23	0,35	1,11
MG	0,92	1,15	0,65	1,05
MP	0,93	1,12	0,62	1,00

Tableau 4 : Corrélations et pentes de régression des YD ajustées pour les effets d'hétérosis avec les prédictions génomiques pour cinq caractères de production laitière.

L'ajustement des performances pour l'hétérosis a faiblement affecté ces corrélations (tableau 4). Le gain de corrélation obtenu dans la population d'apprentissage après ajustement pour l'hétérosis est marginal (+1 point pour le LAIT et le TP et +2 points pour le TB). Pour la population de validation, les pentes de régression sont relativement proches de 1 pour le LAIT, la MP et la MG et légèrement surestimées pour les taux, que ce soit avec ou sans ajustement des performances pour les effets d'hétérosis.

3. CONCLUSION

Dans cette étude, nous proposons une application sur données réelles d'une évaluation génomique dans un schéma de croisement rotationnel basée sur un modèle SNP-BLUP prenant en compte l'origine raciale des allèles pour les animaux croisés (BOA).
Cette approche nécessite d'imputer et de déterminer l'origine paternelle ou maternelle de chacun des allèles des données de génotypage des animaux croisés afin de prédire les BOA de ces animaux. Ces étapes ont été testées et un écart moyen aux valeurs obtenues sur pedigree d'environ 1,5 % pour la BOA prédite a été observé. Les compositions raciales des animaux croisés mesurées à partir des informations généalogiques des animaux et estimées à partir des données de génotypage montrent de très fortes corrélations entre elles. Les évaluations génomiques réalisées sur ce jeu de données réelles ont montré une précision de prédiction honorable de l'ordre de 0,30 pour les caractères à héritabilité de 0,30 et de l'ordre de 0,60 pour les caractères à héritabilité de 0,50. L'ajustement des performances pour les effets d'hétérosis n'a pas eu d'impact sur la précision de la prédiction des valeurs d'élevage. Cette première étude encourageante sera complétée par des analyses sur d'autres types de croisement et d'autres caractères avant d'envisager un déploiement en production.

Cette étude a été financée par APIS GENE et par le programme « European Union's Horizon 2020 research and innovation program - GenTORE - under grant agreement No. 727213 ».

Dechow, C. D., Rogers, G. W., Cooper, J. B., Phelps, M. l., & Mosholder, A. L. 2007. JDS - 90(7) :3542-3549.
Dezetter, C., Leclerc, H., Mattalia, S., Barbat, A., Boichard, D. et al. **2015**. JDS - 98(7) :4904-4913.
Eiriksson, J.H., Karaman, E., Su, G. & Christensen, O. F. 2021. GSE – 53 : 84
Karaman, E., Su, G., Croue, I., & Lund, M. S. 2021. GSE - 53(1) :1-15.
Sargolzaei, M., Chesnais, J. P., & Schenkel, F. S. 2014. BMC genomics - 15(1):1-12.
Sevillano, C. A., Vandenplas, J., Bastiaansen, J. W., Bergsma, R., & Calus, M. P. 2017. GSE - 49(1):1-14.

Identification de régions du génome et de gènes candidats associés au niveau de réponse immune innée de veaux Holstein

MARTIN P. (1), JOUNEAU L. (2), TAUSSAT S. (3), VINET A. (1), LEFEBVRE R. (1), DESCAMPS D. (2), FERRET C. (2), CHOTTIN C. (2), PIETRALUNGA V. (2), PEZIER T. (4), LACROIX-LAMANDE S. (4), BOUSSAHA M. (1), BARBEY S. (5), DENIZOT V. (6), BOICHARD D. (1), RIFFAULT S. (2), LAURENT F. (4)
(1) Université Paris-Saclay, INRAE, AgroParisTech, GABI, 78350, Jouy-en-Josas, France
(2) Université Paris-Saclay, INRAE, UVSQ, VIM, 78350, Jouy-en-Josas, France
(3) Allice, 149 rue de Bercy, 75012, Paris, France
(4) INRAE, UMR1282 Infectiologie et Santé Publique, 37380 Nouzilly, France
(5) INRAE, UE326 Domaine Expérimental du Pin, 61310 Gouffern en Auge, France
(6) Innoval, GDS Bretagne, 35538 Noyal-sur-Vilaine, France

RESUME
Afin d'étudier le contrôle génomique de la réponse immune innée, les concentrations de 14 cytokines ont été déterminées grâce à un kit multiplex dans quatre échantillons de sang pour chacun des 623 veaux Holstein du projet Healthycalf. Trois de ces échantillons avaient été mis au contact d'agonistes mimant l'exposition à des pathogènes et le dernier mesurait les niveaux de cytokines présents à l'état basal. L'effet de l'immunostimulant et les relations entre les concentrations cytokiniques ont été étudiés par une analyse en composantes principales, puis des analyses d'association tout génome 50k ont été effectuées. Les résultats montrent que les niveaux de la plupart des cytokines sont très associés les uns aux autres avec un premier axe de l'ACP qui explique plus de 70% de la variabilité. Ce même axe discrimine la condition de stimulation. De plus, 40 régions du génome ont été identifiées comme associées à au moins un caractère, dont certaines sont largement partagées entre plusieurs cytokines. Sept gènes de ces régions ont déjà été associés à la réponse immune innée dans d'autres espèces.

Identification of genome regions and promising candidate genes associated to innate immune capacity on young Holstein calves

MARTIN P. (1), JOUNEAU L. (2), TAUSSAT S. (3), VINET A. (1), LEFEBVRE R. (1), DESCAMPS D. (2), FERRET C. (2), CHOTTIN C. (2), PIETRALUNGA V. (2), PEZIER T. (4), LACROIX-LAMANDE S. (4), BOUSSAHA M. (1), BARBEY S. (5), DENIZOT V. (6), BOICHARD D. (1), RIFFAULT S. (2), LAURENT F. (4) (1) Université Paris-Saclay, INRAE, AgroParisTech, GABI, 78350, Jouy-en-Josas, France

SUMMARY
In order to investigate the genomic control of innate immune response, the concentration levels of 14 cytokines produced naturally or in response to whole blood stimulation with three pattern recognition receptor agonists were determined in 623 Holstein calves enrolled in the Healthycalf project. The effect of the immunostimulants and the relationship among the cytokines produced were observed through a principal component analysis, and 50K GWAS were performed on all cytokine x condition traits. Results showed that most cytokines present a general common pattern following the first component that explained 70% of the variability and partially discriminated the agonistic conditions. Additionally, 40 genome regions were found associated with at least one trait with some regions being largely shared between conditions and cytokines. Seven positional candidate genes were considered as especially interesting due to their functional link to innate immune response reported from the literature.

INTRODUCTION

Réduire la mortalité des veaux est un enjeu majeur pour les éleveurs. En France, suivant la race, 10 à 20% des veaux n'atteignent pas l'âge de 6 mois (Leclerc et al., 2016). Outre les vêlages difficiles et la mortinatalité, les maladies diarrhéiques et respiratoires sont les causes principales de mortalité des jeunes animaux (Jegou et al., 2006). Si la conduite d'élevage et la maitrise sanitaire peuvent limiter l'incidence de ces pathologies, la génétique des animaux, quant à elle, constitue un autre levier à exploiter. Depuis le début des années 2000, la mortinatalité a fait l'objet d'une évaluation génétique, tant pour les effets directs que maternel, et un certain nombre de caractères de santé ont fait leur entrée dans les programmes de sélection (Miglior et al., 2017). Concernant les maladies infectieuses, seules les mammites sont prises en compte en sélection et ce type de pathologie des adultes est plus souvent lié à l'immunité acquise des animaux. La recherche s'est en revanche pour l'instant très peu intéressée à l'immunité innée aspécifique, déterminante pour la résistance aux pathologies des très jeunes. C'est dans ce contexte qu'a été construit le projet HealthyCalf, financé par APIS-GENE (https://www.apis-gene.com/). Ce projet vise à l'identification de marqueurs prédictifs de résistance accrue aux pathogènes provoquant des maladies diarrhéiques et respiratoires, en proposant entre autres une méthode robuste de phénotypage de la compétence immunitaire innée des veaux. Ce phénotypage se base sur la capacité des cellules immunitaires à réagir à des ligands naturels ou synthétiques mimant l'exposition à des pathogènes (PAMP, pour Pathogen Associated Molecular Pattern) et à sécréter des médiateurs protéiques comme les cytokines et les chimiokines. L'objectif de cette étude est d'explorer les résultats de cette nouvelle méthode de phénotypage afin de caractériser la réponse immunitaire innée des veaux à des immunostimulants et l'éventuelle existence de profils types bon ou moins bon répondeurs. Il s'agira ensuite de rechercher les régions du génome associées aux cytokines pour mieux connaitre leur déterminisme, savoir s'il existe ou non des régions partagées et mieux cerner les mécanismes biologiques impliqués si des gènes candidats sont identifiés.

1. MATERIELS ET METHODES

1.1. PRELEVEMENTS

Entre 2018 et 2021, un large dispositif de mesure de la réponse immune des jeunes veaux Holstein a été mis en place, à la fois dans un réseau de fermes commerciales volontaires de Bretagne et dans la ferme expérimentale INRAE du Pin-au-Haras (Normandie). C'est au total 623 veaux qui ont été prélevés entre une et deux semaines d'âge par des vétérinaires ou des techniciens qualifiés. Pour chaque veau, quatre échantillons sanguins étaient collectés au niveau de la jugulaire à l'aide de seringues Monovette (Sarstedt, Marnay, France) contenant de l'héparine. De plus, trois de ces seringues contenaient un type différent de ligands synthétiques PAMP (pour Pathogen Associated Molecular Pattern) afin de mimer l'exposition à certains types de pathogènes (Lesueur et al, 2022). Ces trois types d'immunostimulants étaient le LPS (lipopolysaccharides, composant majeur de la membrane externe des bactéries Gram négatives), le NOD2L (ligand de NOD2, un récepteur de l'hôte impliqué dans la reconnaissance du peptidoglycane de la paroi bactérienne) et le R848 (pour Resiquimod, un ligand synthétique mimant les ARN Simple brin de certains virus). La quatrième seringue ne contenait aucun immunostimulant et servait de condition témoin, afin de connaître le niveau basal des animaux.
Tous les échantillons ont été incubés à 38,5°C pendant 24h puis le plasma a été stocké à -20°C en attente du dosage qui avait lieu en fin de saison de prélèvement. Un échantillon supplémentaire de sang (ou de cartilage en cas de veaux jumeaux) était également collecté à des fins de génotypage des animaux.

1.2. DETERMINATION DE LA CONCENTRATION DES CYTOKINES

Les concentrations de 15 cytokines/chimiokines (IFN-γ, IL-1α et IL-1β, IL-1RA, IL-2, IL-4, IL-6, IL-8, IL-10, IL-17a, IP-10, CCL2, CCL3, CCL4 and TNFα) ont été déterminées dans chacun des échantillons de plasma sanguin grâce à un kit commercial bovin MILLIPLEX® personnalisé (SPRCUS706, Merck, Millipore). Ce kit mesure des chimiokines impliquées dans l'attraction des cellules immunitaires (IP-10/CXCL10 ; CCL2, CCL3, CCL4) et des cytokines dont la plupart sont impliquées dans les réactions inflammatoires (IFN-γ, IL-1α et IL-1β, IL-6, IL-17a, and TNFα). L' IFN-γ gamma est aussi une cytokine particulièrement importante dans le contrôle des agents pathogènes intracellulaires. Les concentrations en cytokines/chimiokines étaient mesurés avec un MAGPIX® via le logiciel xPONENT® (Luminex). Ce système permet de doser de manière concomitante l'ensemble des cytokines sur un grand nombre d'échantillons. Néanmoins, la standardisation du dosage imposait que tous les échantillons (et toutes les cytokines) soient dosés à un niveau unique de dilution (généralement 1/10), ce qui impliquait une gamme de validité unique dans laquelle les concentrations pouvaient être déterminées. Lorsqu'un échantillon présentait une concentration en dehors de la gamme pour une cytokine donnée (trop concentré ou pas assez concentré), la borne correspondante (maximum ou minimum respectivement) de la gamme lui était automatiquement assignée pour cette cytokine. Pour IL-8, plus de la moitié des échantillons étaient hors de la gamme (haute) et cette cytokine a ainsi été retirée des analyses. Pour les 14 autres, le taux d'assignation variait entre 1 et 22% des échantillons.

1.3. GENOTYPAGES ET CONTRÔLES QUALITE

Tous les animaux du dispositif ont été génotypés sur la puce moyenne densité EuroGMD (Illumina Inc., San Diego, CA, USA). L'extraction d'ADN et le génotypage ont été réalisés au laboratoire LABOGENA (www.labogena.fr, Jouy-en_Josas, France). Différents contrôles qualité ont ensuite été appliqués : au moins 95% de marqueurs typés par individu, au moins 90% des individus typés sur un marqueur donné, une fréquence minimale de l'allèle mineur de 2% et l'absence de déséquilibre de Hardy-Weinberg ($P>10^{-4}$). Après ces contrôles, un total de 573 animaux et 46 910 SNP répartis sur les 29 autosomes ont été validés.

1.4. ANALYSES STATISTIQUES

Avant toute analyse statistique, l'ensemble des concentrations cytokiniques ont été exprimées en base logarithmique ($\log_2$) pour obtenir une distribution plus conforme aux méthodes utilisées.
Dans un premier temps, pour visualiser l'effet de la condition de stimulation (LPS, NOD2L, R848 ou témoin), ainsi que la relation entre les 14 cytokines, une analyse en composantes principales (ACP) a été réalisée sur l'ensemble des échantillons en utilisant le package MiXOmics de R (Rohart et al., 2017).
Dans un second temps, afin de déterminer l'existence d'éventuels contrôles génomiques de la concentration de certaines cytokines, une analyse d'association tout génome (GWAS) a été effectuée. Pour cela, chacune des 4 conditions de stimulation pour chacune des 14 cytokines a été considérée comme un caractère différent. De plus, les projections de chacun des individus pour chaque condition sur les deux principaux axes de l'ACP ont été ajoutées comme 8 caractères supplémentaires, portant le total de caractères analysés à 64. Pour chaque caractère, l'effet de chaque SNP a été testé par l'application du modèle linéaire suivant en utilisant le logiciel GCTA (option mlma) :

$$\mathbf{y} = \mathbf{1}\mu + \mathbf{x}b + \mathbf{u} + \mathbf{e}$$

où **y** représente le vecteur des phénotypes, μ correspond à la moyenne, b est l'effet fixe additif du SNP dont l'association est testée et **x** le vecteur des génotypes au SNP (de 0 à 2), $\mathbf{u} \sim N(\mathbf{0},\mathbf{G}\sigma_u^2)$ est le vecteur des effets aléatoires polygéniques (**G** étant la matrice d'apparentement génomique et σ_u^2 la variance polygénique estimée dans le modèle nul), et $\mathbf{e} \sim N(\mathbf{0},\mathbf{I}\sigma_e^2)$ représentant le vecteur des effets aléatoires résiduels (**I** étant la matrice identité et σ_e^2 la variance résiduelle). Dans le cadre de cette étude préliminaire, les effets SNP avec une probabilité de test inférieure à 10^{-5} ($-\log_{10}(P)>5$) ont été considérés comme significatifs, ce qui correspond globalement au seuil chromosomique d'une correction de Bonferroni avec un niveau α de 5%.

2. RESULTATS

2.1. STATISTIQUES DESCRIPTIVES

Les statistiques élémentaires des concentrations obtenues pour les 14 cytokines dans la condition témoin (sans immunostimulation) sont présentées dans le tableau 1. On constate, en plus de la très forte variabilité attendue des concentrations entre cytokines, que la variabilité existe également entre les différents individus pour une cytokine donnée. Les écart-types sont ainsi importants au regard des moyennes, avec des coefficients de variation allant de 53% (pour IL4) à plus de 1400% (pour CCL4). En présence d'un immunostimulant, ce constat de variabilité entre cytokines et entre individus reste le même mais avec des niveaux de concentration généralement plus élevés. On observe en effet une augmentation moyenne de 350% des concentrations cytokiniques en présence de LPS, 208% en présence de NOD2L et plus de 2000% en présence de R848. Il est à noter que dans quelques cas, l'ajout de l'immunostimulant fait baisser la concentration moyenne d'une cytokine donnée (CCL2 pour R848, IFNγ pour LPS et NOD2L, et IL17A pour

LPS) mais cela peut résulter de disparités entre animaux où quelques individus aux concentrations particulièrement élevées en condition témoin voient leur concentration chuter avec l'immunostimulant et masquent ainsi le comportement majoritaire de leurs congénères qui lui est à l'augmentation (cas d'IFNγ notamment). Enfin, la concentration moyenne en IL4 semble très peu sensible à la présence d'un immunostimulant (variation égale ou inférieure à 2%). Ceci n'est pas très surprenant car cette cytokine est plutôt associée à la réponse immunitaire adaptative.

Cytokine	Moyenne (pg.ml-1)	Ecart-type (pg.ml-1)	Min. (pg.ml-1)	Max. (pg.ml-1)	Imputation (%)
CCL2	169956	458431	196	1650000	8,7
CCL3	4764	9050	87	70967	7,4
CCL4	$4,2*10^{9}$	$6*10^{10}$	36	$8*10^{11}$	0,7
IFNγ	4651	38667	0,4	453705	0,7
IL10	618	796	1,6	9404	4,5
IL17A	26	124	0,05	1869	15,9
IL1RA	47082	68051	21	391018	2,2
IL1α	77	218	0,1	4210	13,8
IL1β	1649	5572	4,4	76354	22,5
IL2	482	1204	31,7	24571	33,4
IL4	4154	2226	90	11024	3,9
IL6	108	77	0,08	668	3,4
IP10	2952	15384	42	169727	1
TNFα	2705	8794	5,0	202940	6,7

Tableau 1 Concentration moyenne, écart-type, minimum et maximum pour chacune des 14 cytokines dans la condition témoin, ainsi que le pourcentage de valeurs imputées car hors de la gamme de validité

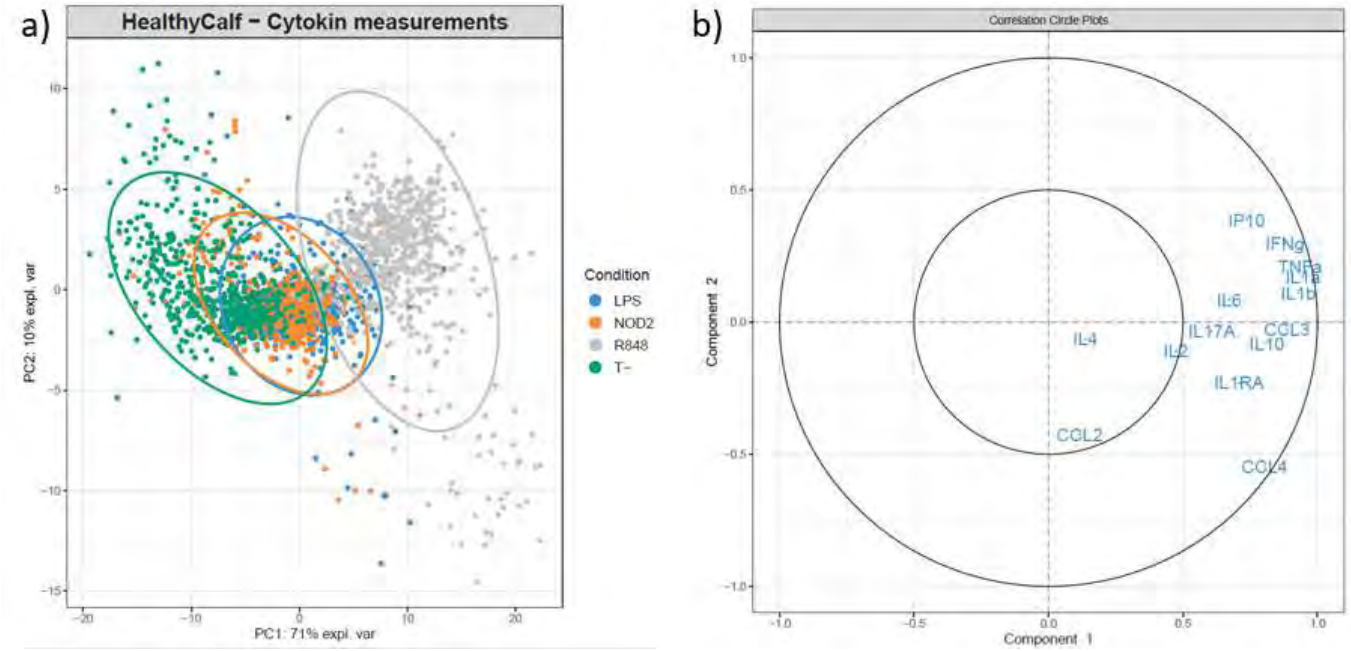


Figure 1 Résultats de l'analyse en composantes principales sur les deux premiers axes avec a) les projections de l'ensemble des échantillons colorés selon la condition de stimulation et b) le cercle des corrélations des 14 cytokines

Chromosome	Position du SNPmax (mb)	Fréquence de l'allèle mineur	Cytokines associées (nombre de conditions associées)
2	36,0	0,13	IL1RA (4), IL6 (2)
2	72,7	0,12	IFNγ (1), IL1α (1), IL1RA (3), IL6 (3), TNFα (1)
3	70,4	0,09	IL1RA (4), IL6 (3), TNFα (1)
7	85,4	0,16	IL1α (1), IL1RA (4), IL6 (2), TNFα (1)
8	82,2	0,11	IL1RA (4), IL6 (2)
12	51,9	0,14	IL1RA (3), IL6 (3)
17	66,1	0,08	IFNγ (1), IL10 (1), IL1RA (4), IL6 (3), TNFα (1)
19	31,8	0,03	IL1RA (2), IL2 (2), IL6 (2), TNFα (1)
19	54,5	0,32	CCL4 (2), IFNγ (2), IL10 (2), IL1α (3), IL1β (3), IL1RA (2), IL2 (1), IL4 (4), PC1_LPS, TNFα (3)
24	12,5	0,24	IL17A (1), IL1α (1), IL1b (2), IL4 (1), PC1_LPS, TNFα (1)

Tableau 2 Détail des 10 régions identifiées par l'analyse GWAS comme associées avec un minimum de 6 caractères différents

2.2. RELATIONS ENTRE LES DIFFERENTES VARIABLES

Les résultats de l'analyse en composantes principales sont présentés Figure 1. La Figure 1a), qui montre les projections des différents individus dans chacune des 4 conditions, laisse apparaître clairement que la condition de stimulation est discriminée par le premier axe de l'ACP. Ce premier axe explique à lui seul 71% de la variance. La Figure 1b), qui représente le cercle des corrélations entre les différentes cytokines sur les deux premiers axes de l'ACP, montre que la plupart des cytokines sont corrélées entre elles suivant ce même axe 1, de sorte que cet axe 1 traduit un effet taille : les valeurs s'accroissent de gauche à droite. Deux cytokines, IL4 et CCL2, semblent toutefois plus indépendantes des autres au regard de ce premier axe. Le deuxième axe, dont l'influence est plus limitée puisqu'il n'explique que 10% de la variance, discrimine partiellement les concentrations de certaines cytokines particulières (CCL2 et CCL4 versus IP10 et IFNγ) et semble être relativement peu lié aux concentrations des autres cytokines. Il peut être noté que la proximité entre IP10 et IFNγ sur la figure reflète une proximité biologique, la sécrétion d'IP10 étant induite par l'IFNγ.
Aucune structure n'a pu être observée concernant les variables environnementales tiers (ferme d'origine, année de naissance ou sexe du veau).

2.3. IDENTIFICATION DE REGIONS DU GENOME ASSOCIEES AUX CONCENTRATIONS CYTOKINIQUES

Pour l'ensemble des 64 caractères sur lesquels une analyse d'association tout génome a été réalisée, un total de 145 SNP, répartis sur l'ensemble des chromosomes, ont dépassé le seuil de significativité. D'une manière générale, les effets associés à ces SNP sont faibles, excluant la présence d'un gène majeur et orientant plutôt vers un déterminisme polygénique. Les SNP sont situés dans 40 régions différentes. Si 18 de ces régions n'ont été détectées que pour un seul caractère, les autres sont partagées entre plusieurs caractères dont 10 régions, présentées dans le tableau 2, le sont pour au moins 6 caractères différents. Parmi les régions partagées, on retrouve fréquemment la même cytokine dans plusieurs conditions de stimulation mais certaines régions sont également partagées entre différentes cytokines. Les 8 caractères issus des ACP sont associés à peu de régions, mais on peut retrouver la projection du premier axe pour le LPS associée aux deux grandes régions partagées des chromosomes 19 et 24 (tableau 2).

3. DISCUSSION

L'ensemble des résultats a permis de montrer que les mécanismes de la réponse immune innée étaient complexes mais qu'il semblait exister une part de déterminisme commun entre certaines cytokines, cela apparaissant aussi bien au travers du cercle des corrélations de l'ACP que dans l'existence de régions génomiques communes. D'autres régions seraient en revanche spécifiques de certaines cytokines et des variations pourraient parfois exister selon l'agoniste rencontré. Il faut ajouter à cela le fait que certaines des cytokines étudiées semblent assez peu sensibles aux agonistes (IL4) ou correspondaient mal aux gammes de détermination de la concentration proposées par le dispositif expérimental, ce qui a pu limiter les résultats obtenus. Il apparaît ainsi que les 14 cytokines n'ont pas toutes la même pertinence pour s'intéresser à la réponse immune innée dans les conditions expérimentales testées ici. Par exemple l'IL-4 qui est plutôt associée à la réponse adaptative est peu produite en réponse aux agonistes. Par contre généralement produites par la réponse inflammatoire répondent bien aux agonistes choisis et sont bien associées sur le cercle des corrélations (IFN-γ, IL-1α et IL-1β,TNFα).

Parmi l'ensemble des régions détectées comme associées à au moins un des caractères, un certain nombre d'entre elles contiennent des gènes déjà connu pour avoir un lien avec l'immunité tels que les gènes LYAR (Yang et al., 2019) et OTOP1 (Wang et al., 2014), tous deux situés dans une région du chromosome 6 associée avec CCL4 ; le gène SLC46A2 (Paik et al., 2017) localisé sur le chromosome 8 et en association avec IL6 ; le gène CXCL17 (Lee et al., 2013) situé sur le chromosome 18 et également en association avec IL6 ; le gène SEC14L (Li et al., 2013) présent dans la région fortement partagée du chromosome 19 ; le gène OTULIN (Fiil et al., 2013) situé sur le chromosome 20 et associé avec IL4 ; ou encore le gène TREX1 (Yan et al., 2010) localisé dans une région du chromosome 22 associée à IL1β. Tous ces gènes candidats ainsi que l'ensemble des régions détectées devront faire l'objet d'une étude complémentaire approfondie, le pouvoir de détection de ce premier travail de recherche en bovin demeurant malgré tout limité par le nombre d'animaux.

CONCLUSION

Ce travail de collecte d'un grand nombre d'observations sur la réponse immune innée des veaux de race Holstein grâce à un phénotypage innovant a permis de dégager des grands principes quant à la variabilité du phénotype entre individus, aux relations existantes entre cytokines et face à différents agonistes. Un grand nombre de régions du génome influençant les caractères ont pu être déterminées, dont certains présentant des gènes candidats intéressants. Cette étude devra être poursuivie d'analyses complémentaires telles que la confrontation des profils cytokiniques avec les statuts cliniques des animaux afin de déterminer si certains éléments du profil cytokinique pourraient servir de prédicteurs de la résistance ou sensibilité aux maladies chez le jeune veau.

Les auteurs tiennent particulièrement à remercier H. Chapuy, C. Cazals, K. Toukmidine et C. Mechin, ainsi que le personnel de la ferme expérimentale INRAE du Pin-au-haras (https://doi.org/10.15454/1.5483257052131956E12) pour leur grande implication dans ce travail de prélèvements, et Gilles Foucras pour son travail fondamental sur la méthode de phénotypage. Cette étude fait partie du projet HealthyCalf financé par Apis-Gene.

Fiil, B.K., Damgaard R.B., Wagner S.A., Keusekotten K., Fritsch M., Bekker-Jensen S., Mailand N., Choudhary C., Komander D., Gyrd-Hansen M. 2013. Mol Cell 50:818–830. doi:10.1016/j.molcel.2013.06.004.
Jegou, V., Porhiel J.Y., Brunschwig P., Jouanne D. 2006. 13eme Renc. Rech. Ruminants, Paris, France. 423–426.
Leclerc, H., Lefebvre R., Douguet M., Phocas F., Mattalia S.. 2016. 23eme Renc. Rech. Ruminants, Paris, France. 149–152.
Lee, W.-Y., Wang C.-J., Lin T.-Y., Hsiao C.-L., Luo C.-W. 2013. Am J Physiol Endocrinol Metab 304:E32-40. doi:10.1152/ajpendo.00083.2012.
Lesueur J., Walachowski S., Barbey S., Cebron N., Lefebvre R., Launay F., Boichard D., Germon P., Corbiere F., Foucras G. 2022. Front. Immunol. 13:871780.
Li, M.-T., Di W., Xu H., Yang Y.-K., Chen H.-W.,. Zhang F.-X, Zhai Z.-H., Chen D.-Y. 2013. J Virol 87:10037–10046. doi:10.1128/JVI.01073-13.
Miglior, F., Fleming A., Malchiodi F., Brito L.F., Martin P., Baes C.F. 2017. Journal of Dairy Science 100:10251–10271. doi:10.3168/jds.2017-12968.
Paik, D., Monahan A., Caffrey D.R., Elling R., Goldman W.E., Silverman N. 2017. J Immunol 199:263–270. doi:10.4049/jimmunol.1600409.
Rohart, F., Gautier B., Singh A., Cao K.-A.L. 2017. PLOS Computational Biology 13:e1005752. doi:10.1371/journal.pcbi.1005752.
Wang, G.-X., Cho K.W., Uhm M., Hu C.-R., Li S., Cozacov Z., Xu A.E., Cheng J.-X., Saltiel A.R., Lumeng C.N., Lin J.D. 2014. Diabetes 63:1340–1352. doi:10.2337/db13-1139.
Yan, N., Regalado-Magdos A.D., Stiggelbout B., Lee-Kirsch M.A., Lieberman J. 2010. Nat Immunol 11:1005–1013. doi:10.1038/ni.1941.
Yang, C., Liu X., Cheng T., Xiao R., Gao Q., Ming F., Jin M., Chen H., Zhou H.. 2019. J Virol 93:e00769-19. doi:10.1128/JVI.00769-19.

Etude de la tolérance à la chaleur des bovins par l'étude des interactions entre génotype et indice température-humidité sur la production et la santé de la mamelle en race Montbéliarde

VINET A. (1), MATTALIA S. (2), VALLEE R. (2), BERTRAND C. (3), BERTUZZI P. (4), CUYABANO B.C.D. (1), BOICHARD D. (1)
(1) Université Paris Saclay, INRAE, AgroParisTech, UMR1313 GABI, Domaine de Vilvert, 78350 Jouy-en-Josas, France
(2) Institut de l'Elevage, UMT eBIS, 75012 Paris, France
(3) INRAE, US310 CTIG, Domaine de Vilvert, 78350 Jouy-en-Josas, France
(4) INRAE, US1116 AGROCLIM, Domaine de Saint Paul, 84914 Avignon, France

RESUME- L'objectif de cette étude était d'estimer l'effet de l'indice température-humidité (THI) et l'ampleur des interactions entre le génotype et le THI sur les caractères de production laitière et le score de cellules somatiques en race Montbéliarde. Les contrôles laitiers élémentaires de première et deuxième lactations collectés entre 2016 à 2020 ont été associés au THI moyen des trois jours précédant le jour de contrôle dans la commune de l'exploitation. Au total, 446 717 contrôles laitiers de 55 650 vaches en première lactation et 457 516 contrôles de 58 229 vaches en deuxième lactation ont été analysés. L'évaluation de l'effet moyen du THI, estimé à l'aide d'un modèle mixte animal, a montré que le THI permettant les performances optimales est variable selon le caractère considéré mais qu'il est toujours inférieur ou égal à 55 (soit 12-13°C). Les réponses individuelles au THI ont été estimées par des modèles de normes de réaction basés sur des régressions aléatoires. Quel que soit le rang et le stade de la lactation, les corrélations génétiques entre un même caractère à différents THI sont supérieures à 0,80 et la plupart sont supérieures à 0,90, ce qui suggère que les interactions génétique-THI sont faibles pour les caractères de production et de santé de la mamelle. Néanmoins, les trajectoires des valeurs génétiques montrent quelques reclassements en condition de stress thermique (THI élevé), indiquant que certains animaux seraient plus adaptés que d'autres à produire malgré des températures élevées.

Heat tolerance and genotype by temperature-humidity index interactions on milk production and udder health traits in Montbeliarde cows

VINET A. (1), MATTALIA S. (2), VALLEE R. (2), BERTRAND C. (3), BERTUZZI P. (4), CUYABANO B.C.D. (1), BOICHARD D. (1)
(1) Université Paris Saclay, INRAE, AgroParisTech, UMR1313 GABI, Domaine de Vilvert, 78350 Jouy-en-Josas, France

SUMMARY - This study aimed to estimate the effect of temperature-humidity index (THI) and the magnitude of genotype-by-THI interactions on milk production traits and on somatic cell score in Montbéliarde cows. Test-day records from first and second lactations from 2016 to 2020 were associated with the average THI of the three days before the test-day record. A total of 446,717 test-day records from 55,650 cows in first lactation and 457,516 test-day records from 58,229 cows in second lactation were analyzed. The evaluation of the average effect of THI, estimated with an animal mixed model, indicated that the THI allowing optimal performances varies according to the trait considered but is always equal or lower than 55 (ie ~ 12-13°C). Individual responses to THI were estimated with random regression models. Regardless of parity and stage of lactation, genetic correlations between the same trait at different THI are greater than 0.80 and most are above 0.90, suggesting that genotype-by-THI interactions are weak for production and for udder health traits. Nevertheless, the trajectories of the breeding value show some re-rankings under heat stress conditions (high THI), indicating that some animals would be more adapted than others to produce despite high temperatures.

INTRODUCTION

Le réchauffement climatique a et aura des conséquences négatives importantes sur l'élevage notamment au travers l'augmentation de la fréquence et de l'intensité des vagues de chaleur. Les vaches laitières en lactation génèrent une charge thermique interne métabolique importante en raison des fermentations ruminales et ce phénomène est exacerbé lorsque la température de l'environnement auquel les animaux sont exposés augmente. Lorsque la température corporelle augmente la productivité, le bien-être et la santé des vaches sont altérés (West, 2003 ; Lees et al., 2019). Pour faire face au changement climatique, qui représente une menace réelle de nouvelles augmentations des températures et de l'apparition de vagues de chaleur, les animaux devront être tolérants au stress thermique tout en maintenant un bon niveau de production. Dans ce contexte de scénario environnemental difficile pour les productions animales, deux approches de phénotypage sont envisageables pour sélectionner la tolérance à la chaleur. La première consiste à mesurer des paramètres physiologiques, tels que la température corporelle ou la réponse hormonale à la chaleur, ou des indicateurs comportementaux de stress thermique, tels que la fréquence respiratoire, le halètement ou la transpiration. Bien que ces mesures fournissent des informations précises sur le début du stress thermique, elles sont difficiles et souvent coûteuses à mesurer à grande échelle à généraliser, et leur déploiement à grande échelle pour créer une population de référence de plusieurs milliers d'animaux pour la sélection génomique est complexe, même avec les technologies de capteurs actuellement en développement. La deuxième approche pour quantifier le stress thermique est basée sur des mesures indirectes, grâce à l'analyse des performances des animaux soumis à une gamme de conditions météorologiques. Les bovins affichent un potentiel génétique maximal de production avec des coûts physiologiques minimaux dans leur zone de thermoneutralité. Ainsi, lorsque la température ambiante dépasse cette zone de thermoneutralité, les animaux dépensent de l'énergie pour maintenir une température corporelle normale, induisant un stress thermique, et altérant

ainsi leurs performances (Becker et al., 2020). Simultanément, ils diminuent leur ingestion pour réduire la production interne de chaleur. Par conséquent, la réponse du niveau de performances aux conditions météorologiques est une mesure du stress thermique. Plusieurs indices combinant des variables météorologiques (températures, humidité, rayonnement solaire ou vitesse du vent) ont été évalués comme prédicteurs potentiels du stress thermique (Bohmanova et al., 2007 ; Hammami et al., 2013). L'indice température-humidité (THI) proposé par le National Research Council (1971) est aujourd'hui largement utilisé en recherche bovine. Le THI dépend principalement de la température, mais comme une humidité élevée accentue les effets des températures élevées et basses, le THI est aussi fonction de l'humidité relative. Il est calculé selon la formule suivante :
THI = (1,8*T+32) - (0,55-0,0055*RH)*(1,8*T-26), T étant la température moyenne sur 24 heures (Celsius) et RH l'humidité relative moyenne sur 24 heures (%).
Cette étude a deux objectifs. Le premier est d'estimer la réponse des performances de production et de santé de la mamelle aux variations de THI chez les vaches Montbéliardes. Le second objectif est d'estimer les interactions entre génotype et THI, permettant ainsi d'identifier les animaux les plus adaptés pour faire face aux hausses de températures attendues.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. DONNEES

Les performances et les informations généalogiques utilisées dans cette étude proviennent de la base de données zootechnique nationale française. Les performances retenues ont été sélectionnées à partir des enregistrements des jours de contrôle de la première (L1) et de la deuxième (L2) lactation des vaches Montbéliarde de cinq régions françaises (Franche-Comté, Rhône-Alpes, Auvergne, Bretagne et Pays-de-Loire), recueillis entre août 2016 et décembre 2020. Les phénotypes analysés sont la production laitière (LAIT), le taux butyreux (TB), le taux protéique (TP), la quantité de matière grasse (MG) et de matière protéique (MP) du lait ainsi que le score de cellules somatiques (SCS) obtenu par transformation logarithmique de la concentration en cellules somatiques (CCS) ($SCS=\log_2(CCS/100\ 000)+3$). Seuls les animaux de parents connus et dont l'âge au vêlage se situe entre 23 et 42 mois pour les primipares (L1) et entre 35 et 60 mois pour la deuxième lactation (L2) ont été retenus. La durée de lactation analysée a été limitée à 305 jours. Au total, 446 717 contrôles effectués sur 55 650 vaches en L1 et 457 516 contrôles effectués sur 58 229 vaches en L2 ont été sélectionnés aléatoirement sur le dernier chiffre du numéro d'élevage dans l'ensemble de la population, pour des raisons calculatoires liées au modèle utilisé.
Les données météorologiques ont été fournies par la base de données Safran de Météo-France. Cette base de données contient des valeurs quotidiennes de température et d'humidité estimées pour chaque carré d'une grille de 9892 carrés de 8x8km.
Les bases de données de performances et de météorologie ont été fusionnées grâce au code postal de chaque ferme et les enregistrements des jours de contrôle ont été associés à la moyenne du THI sur trois jours (le jour du contrôle et les 2 jours précédents).

1.2. MODELES STATISTIQUES

1.2.1. Effet du THI sur les performances

Le modèle statistique considéré pour l'ensemble des caractères est un modèle mixte incluant l'effet fixe du THI pour estimer son effet moyen sur l'ensemble des femelles. Le modèle inclut également les effets fixes du groupe de contemporaines (= défini par la combinaison du troupeau et de l'année de production), le stade de lactation, l'âge au vêlage et le stade de gestation et les effets aléatoires de la valeur génétique et de l'effet d'environnement permanent de la vache. Les effets génétiques sont estimés à l'aide de trois générations de pedigree.

1.2.2. Interactions génotype-THI

Pour ces secondes analyses, la valeur génétique de la vache n'est plus supposée constante, mais elle peut varier selon le THI. A chaque valeur de THI correspond un caractère différent, avec sa variabilité génétique propre et son héritabilité. Sous cette hypothèse, une corrélation génétique inférieure à 1 pour le même phénotype exprimé à différents THI révèle d'éventuelles interactions génotype x THI. Pour modéliser ces trajectoires de valeurs génétiques, nous utilisons un modèle de normes de réaction, à régressions aléatoires. En pratique, la valeur génétique de l'individu i à THI=t est modélisée comme une combinaison de 4 valeurs génétiques propres à i (et indépendantes de t), pondérées par des coefficients (ou covariables) fonction de t (et indépendants de i). Comme les contrôles laitiers évoluent aussi en fonction du stade de lactation (Leclerc et al., 2009 ; Druet et al., 2003), la valeur génétique de i dépend aussi de covariables fonction du stade de lactation. Au final, les covariables de l'effet génétique ont été modélisées par des polynômes de Legendre incluant : une constante modélisant le niveau génétique moyen, quels que soient le THI et le stade de lactation, deux polynômes de degré 1 et 2 du stade de lactation et trois polynômes de degrés 1, 2 et 3 du THI. L'effet d'environnement permanent de la vache est modélisé de la même façon. Ce modèle permet donc d'estimer les valeurs génétiques des animaux pour chaque valeur de THI et de stade de lactation.
Ce modèle comprend aussi des effets fixés du groupe de contemporaines défini par la combinaison troupeau x jour de contrôle, du stade de lactation, de l'âge au vêlage et du stade de gestation.

2. RESULTATS

Les performances utilisées dans cette étude sont décrites dans tableau 1. Les THI moyens associés à ces performances varient de 18 (soit une température moyenne quotidienne de -12 à -10°C) à 78 (soit une température moyenne quotidienne de +28 à +29°C), avec un THI moyen de 50 (soit une température moyenne quotidienne de +7 à +10°C).

	Parité 1	Parité 2
Nombre de femelles	55 650	58 229
Nombre de contrôles	446 717	457 516
LAIT (kg/j)	21,2 (5,1)	24,4 (6,7)
TB (‰)	38,6 (5,2)	38,8 (5,7)
TP (‰)	33,3 (3,0)	33,6 (3,3)
MG (g/j)	811 (202)	938 (259)
MP (g/j)	702 (171)	813 (213)
SCS	2,41 (1,68)	2,23 (1,79)

Tableau 1 Statistiques descriptives des jeux de données utilisés : nombre de vaches, de contrôles laitiers et moyennes et écarts-types (entre parenthèses) de la production laitière (LAIT), des taux butyreux (TB) et protéiques (TP), des quantités de matière grasse (MG) et de protéines (MP) et du score de cellules somatiques (SCS) par parité.

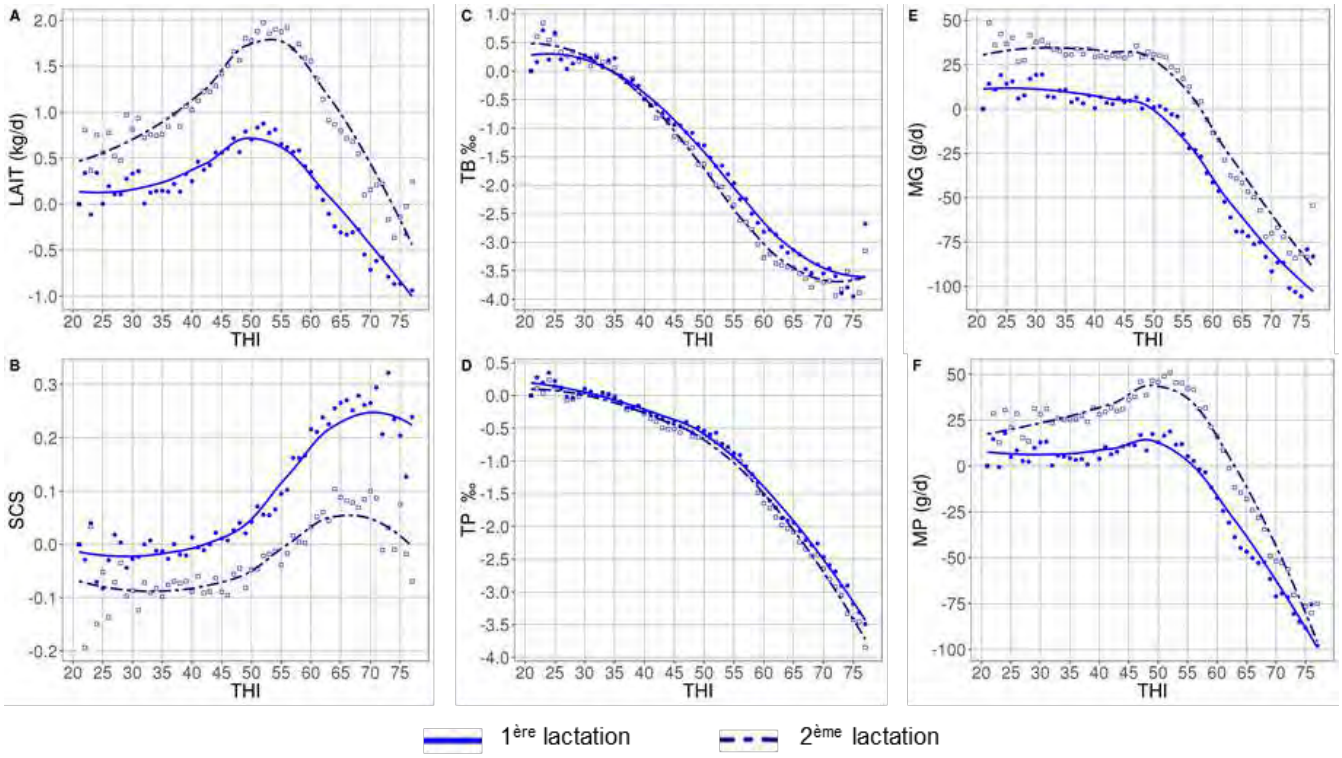


Figure 1 Effets moyens du THI sur (A) la quantité de lait produite ; (B) le score de cellules somatiques ; (C) les taux butyreux et (D) protéique ; (E) les quantités de matières grasses et (F) de protéines au cours de la première (ligne pleine) et de la deuxième (ligne pointillée) lactation.

2.1. EFFET DU THI SUR LES PERFORMANCES

L'effet moyen de chaque classe de THI est présenté dans la figure 1. Alors que l'ensemble des 6 caractères présentent un effet du stress de chaleur, seules les quantités de lait et de protéines sont sensibles au stress de froid. Ainsi, LAIT et MP sont optimales dans l'intervalle de THI 47-55, c'est-à-dire lorsque la température moyenne se situe entre 5 et 13°C. Pour les autres caractères, la diminution des performances est observée pour un THI supérieur à 50 (+7 à +10°C) pour MG et pour un THI supérieur à 35 (-2,5 à +2°C) pour les taux. Les SCS quant à eux augmentent à partir d'un THI de 45 (+3 à +7°C).

La baisse des quantités et des taux estimée entre les conditions de THI optimales et les conditions de stress thermiques importants (THI>70) montre un impact très similaire du stress thermique entre parités. Cette baisse est comprise entre -7 % pour la production moyenne quotidienne de lait et de -11,5 % à -13,8 % pour les quantités de matières. Pour le SCS, l'effet du stress thermique est plus important chez les primipares (+10,3 % du SCS moyen) que chez les vaches en deuxième lactation (+4,8 % du SCS moyen).

2.2. INTERACTIONS GENOTYPE-THI

Seules les interactions entre génotype et THI seront commentées dans cet article, les interactions entre génotype et stade de lactation ont fait l'objet d'autres communications aux journées 3R (Leclerc et al., 2009).

La majorité des corrélations génétiques entre THI estimées intra-caractère, parité et stade de lactation sont supérieures à 0,90. Aucune corrélation génétique inférieure à 0,90 n'a été estimée pour les taux et le SCS en 1ère lactation. D'une manière générale, les corrélations les plus faibles sont rarement inférieures à 0,80 et concernent toujours des corrélations entre THI extrêmes. Les corrélations génétiques les plus faibles ont été estimées pour la MP, tant en L1 qu'en L2, et sont toutes supérieures à 0,75. Pour tous les caractères, la corrélation génétique estimée entre le THI de 40 et le THI 70 (stress thermique) est plus faible en L2 qu'en L1, et dans la plupart des cas, elle a tendance à augmenter avec le stade de lactation, comme le montre le tableau 2.

Même si les interactions génotype-THI sont faibles, elles permettent une légère variabilité dans la réponse individuelle au stress thermique. Une illustration de cette variabilité de la tolérance à la chaleur est donnée dans la figure 2 qui présente l'évolution des valeurs génétiques de la production de lait en première lactation le long du gradient THI de huit taureaux ayant au moins 500 filles avec des performances dans notre jeu de données. Bien que le classement des taureaux soit assez stable entre les THI 20 et 60, au-delà de cette zone des reclassements se produisent. Ainsi, à THI élevés, les valeurs génétiques estimées de certains taureaux chutent dans le classement (pentes négatives) tandis que d'autres ont tendance à monter avec l'augmentation du THI (pentes positives).

	LAIT		TB		TP		MG		MP		SCS	
Stade (j)	L1	L2	L1	L2	L1	L2	L1	L2	L1	L2	L1	L2
60	0,974	0,948	0,948	0,925	0,960	0,957	0,972	0,939	0,964	0,935	0,979	0,905
150	0,977	0,952	0,972	0,951	0,970	0,967	0,974	0,949	0,973	0,943	0,977	0,925
240	0,978	0,968	0,979	0,962	0,975	0,976	0,978	0,972	0,980	0,972	0,977	0,937

Tableau 2 Corrélations génétiques des caractères LAIT, TB, TP, MG, MP, et SCS entre les conditions THI=40 et THI=70 à différents stades (60j, 150j et 240j) et rang de lactation (L1 ou L2).

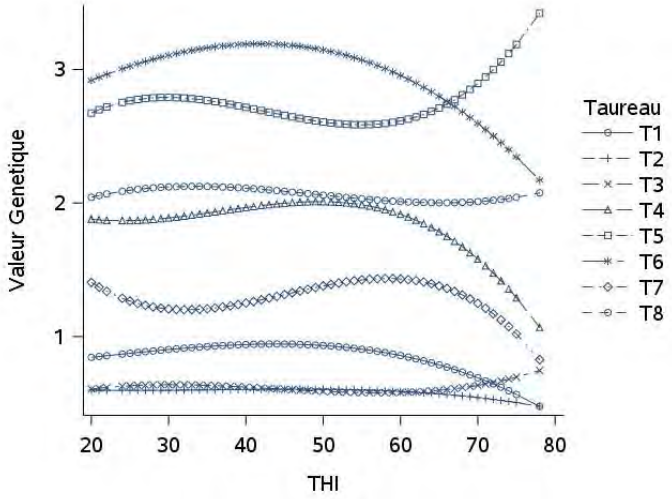


Figure 2 Evolution des valeurs génétiques prédites pour les différentes valeurs de THI pour la quantité de lait en première lactation et à 150 jours de lactation de 8 taureaux (T1-T8) avec au moins 500 filles avec performances dans notre jeu de données.

	LAIT	TB	TP	MG	MP	SCS
L1	-0,27	-0,53	-0,29	-0,67	-0,50	+0,64
L2	-0,46	-0,87	-0,45	-0,47	-0,51	+0,33

Tableau 3 Corrélations génétiques entre les pentes des valeurs génétiques à THI=70 et les valeurs génétiques à THI=50 et au stade de lactation=150j.

La pente à THI=70 peut être interprétée comme la sensibilité des descendances de taureaux au stress thermique. Les corrélations génétiques entre les pentes des valeurs génétiques à THI=70 et les valeurs génétiques à THI moyen (THI=50, condition environnementale moyenne actuellement selon notre jeu de données) ont été estimées afin de prédire l'impact de la sélection actuelle sur la sensibilité au stress thermique. Elles sont présentées dans le tableau 3. Pour les caractères de production, ces corrélations sont négatives, donc défavorables, indiquant que les animaux ayant à THI moyen les valeurs génétiques les plus élevées sont aussi ceux qui ont les pentes les plus négatives en condition de stress thermique. La corrélation est positive pour le SCS, montrant que les animaux les plus sensibles à THI moyen ont une sensibilité encore accrue comparativement aux autres animaux en cas de stress thermique. Ces corrélations entre valeurs génétiques à THI moyen et pente des valeurs génétiques en conditions de stress de chaleur sont modérées (environ - 0,3 pour LAIT et TP en L1 et + 0,33 pour SCS en L2) à élevées (- 0,87 pour TB en L1).

3. DISCUSSION

Notre étude a pour objectif d'estimer l'effet du THI sur les caractères de production et de santé de la mamelle en race, et d'identifier les interactions génotype-THI en race Montbéliarde. A notre connaissance, cette étude est la première pour cette race, ainsi que la première à croiser les informations quotidiennes de THI avec la base de données nationales française. Nous avons donc comparé nos résultats à ceux obtenus dans d'autres races à haut potentiel laitier, connues pour être moins adaptées à la chaleur que les races tropicales (revue dans Kadzere et al., 2002). Il existe de grandes différences dans les seuils de stress thermique entre les races (Bryant et al., 2007a ; Dikmen et Hansen, 2009 ; Gaughan et al., 2008), les caractères étudiés (Bernabucci et al., 2014 ; Bryant et al., 2007a ; Campos et al., 2022 ; Carabaño et al., 2014, 2016 ; Maggiolino et al., 2020) et les régions climatiques (Carabaño et al., 2016). Il est important de garder ces éléments à l'esprit lors de la comparaison de nos résultats avec ceux de la littérature.

3.1. EFFET DU THI SUR LES PERFORMANCES

Nos résultats montrent que le THI optimal en race Montbéliarde élevée en France est plus faible que celui généralement constaté chez les vaches laitières hautes productrices, le plus souvent compris entre 60 et 78 pour la quantité de lait selon les régions d'élevage, Allemagne (Brugemann et al., 2012), Espagne (Carabaño et al., 2014), Etats-Unis (Bohmanova et al., 2007) ou Italie (Bernabucci et al., 2014). Cependant, un certain nombre d'éléments expliquent la sensibilité des vaches laitières françaises à des THI plus faibles. D'une part, le fait que la majorité des études sur les vaches laitières à fort potentiel laitier concerne des femelles élevées de manière intensive en bâtiments clos, avec parfois des systèmes de refroidissement. Dans ces études la température extérieure utilisée pour le calcul du THI ne reflète pas la température réellement ressentie par les animaux en bâtiment, alors que la plupart des vaches Montbéliardes françaises pâturent au printemps et en été, ou sont dans des bâtiments partiellement ouverts et sont donc plus exposées aux fortes chaleurs. D'autre part, la majeure partie de ces études sont réalisées dans des régions où la température moyenne est nettement supérieure à celles observées dans les régions d'élevage de la Montbéliarde française, ce qui permet probablement aux animaux de s'acclimater à des températures plus chaudes dès le jeune âge mais aussi progressivement au cours de l'année (Carabaño et al., 2016). Le THI moyen dans notre jeu de données révèle que les conditions environnementales les plus fréquemment rencontrées correspondent à un THI de 50 (50% des données sont enregistrées à des THI compris entre 41 et 59 et des températures moyennes sur 24 heures comprises entre 4,1 et 15,3°C). Ces conditions environnementales les plus fréquentes sont aussi celles dans lesquelles les animaux sont sélectionnés. Il n'est donc pas étonnant que les Montbéliardes élevées en France, rarement en bâtiments totalement clos, aient été indirectement sélectionnées pour produire dans les conditions les plus fréquemment rencontrées en France. Par ailleurs le THI 70, estimé dans de nombreuses études comme marquant le début du déclin des performances des vaches laitières, est un THI extrême pour les vaches françaises. En effet, un THI de 70 correspond à une température moyenne comprise entre 22 et 24° Celsius (soit environ 30° au maximum), et seulement 3% des performances de production laitière des Montbéliardes sont collectées à un THI supérieur ou égal à 70 (3,2 % en L1 et 3,1 % en L2).

3.2. INTERACTIONS GENOTYPE-THI

Intra-stade et rang de lactation, les corrélations génétiques très élevées entre les diverses conditions de THI sont en accord avec les résultats de plusieurs études menées en race Holstein (Brügemann et al., 2011, Cheruiyot et al., 2020). Les interactions entre génotype et THI sont donc faibles, il y a peu de variabilité dans la réponse individuelle aux différents THI (c'est-à-dire peu de reclassements des valeurs génétiques des animaux le long du gradient THI) et la sélection d'animaux plus tolérants à la chaleur n'en sera que plus complexe. En effet la baisse moyenne de production avec l'élévation du THI pourra difficilement être compensée par la sélection d'animaux maintenant mieux leur production que la moyenne. Cependant, l'étude de l'évolution des valeurs génétiques montre que, même si ces interactions sont faibles, il existe une variabilité génétique des animaux dans leur réponse au stress de chaleur. Cela se traduit par un déclin des performances plus ou moins marqué selon les animaux. Il est important de rappeler que les animaux dont les pentes de valeurs génétiques sont positives à THI élevés ne voient pas leur production augmenter en cas de stress thermique, mais diminuer moins que les autres. Il s'agit là de classement entre animaux à un THI donné. Certains animaux voient leur classement augmenter alors que d'autres le voient diminuer

mais phénotypiquement, tous ont une diminution de production lorsque la température augmente (figure 1).

CONCLUSION

Notre étude montre que même si les interactions génotype-THI sont faibles, en termes de production et de santé de la mamelle les animaux ne réagissent pas tous de la même manière aux températures externes élevées. La prise en compte d'un index de tolérance à la chaleur dans la sélection des bovins serait donc tout à fait pertinente pour anticiper l'augmentation prévue des températures. Des travaux complémentaires sont toutefois nécessaires pour comprendre ce qui se cache réellement derrière la baisse de production accrue pour les animaux à haut potentiel en cas de chaleurs fortes. La baisse est d'autant plus forte que le potentiel génétique de l'animal est élevé, comme le traduisent les corrélations génétiques entre la pente à THI élevé et le niveau de production à THI moyen. On peut penser que ce phénomène traduit une plus forte sensibilité au stress de chaleur des animaux les plus productifs. Cependant, on ne pas écarter l'hypothèse d'un mécanisme de protection des animaux qui, en cas de stress de chaleur, diminueraient drastiquement leur ingestion et donc leur production afin de diminuer la production de chaleur due aux fermentations ruminales particulièrement importantes lorsque la production est élevée.
En revanche pour ce qui concerne la quantité de cellules somatiques dans le lait notre étude montre que le stress de chaleur a plutôt un rôle d'amplificateur de la sensibilité aux mammites. Les animaux déjà sensibles à THI moyen étant encore plus sensibles lorsque les températures extérieures augmentent. Cette aggravation de la sensibilité des animaux doit être considérée au plus vite dans les schémas de sélection.

Ce projet a reçu le soutien financier du programme Horizon 2020 de l'Union Européenne pour la recherche et l'innovation sous le n°101000226 (projet Rumigen), et d'APIS-GENE à travers le projet CAICALOR. Rumigen fait partie d'EuroFAANG (https://eurofaang.eu).
Les données climatiques SAFRAN proviennent de Météo-France et ont été téléchargées via la plateforme SICLIMA développée par AgroClim-INRAE.

Becker, C.A., Collier, R.J., Stone, A.E. 2020. J Dairy Sci., 103, 6751-6770
Bernabucci, U., Biffani, S., Buggiotti, L., Vitali, A., Lacetera, N., Nardone, A. 2014. J Dairy Sci., 97, 471-486
Bohmanova, J., Misztal, I., Cole, J.B. 2007. J Dairy Sci., 90, 1947-1956
Brügemann, K., Gernand, E., Von Borstel, U.U., König, S. 2011. J Dairy Sci., 94, 4129-4139
Brügemann, K., Gernand, E., Von Borstel, U.K., König, S. 2012. Arch Tierz., 55, 13-24.
Bryant, J.R., Lopez-Villalobos, N., Pryce, J.E., Holmes, C.W., Johnson, D.L. 2007. N Z J Agric Res, 50, 327-338
Campos, I.L., Chud, T.C.S., Oliveira, H.R., Baes, C.F., Canovas, A., Schenkel, F.S. 2022. Can J Anim Sci., 102, 368-381
Carabaño, M.J., Bachagha, K., Ramon, M., Diaz, C. 2014. J Dairy Sci., 97, 7889-7904.
Carabaño, M.J., Logar, B., Bormann, J., Minet, J., Vanrobays, M.L., Diaz, C., Tychon, B., Gengler, N., Hammami, H. 2016. J Dairy Sci., 99, 3798-3814
Cheruiyot, E.K., Nguyen, T.T.T., Haile-Mariam, M., Cocks, B.G., Abdelsayed, M., Pryce, J.E. 2020. J Dairy Sci., 103, 2460-2476
Dikmen, S., Hansen, P.J. 2009. J Dairy Sci., 92, 109-116
Druet, T., Jaffrezic, F., Boichard, D., Ducrocq, V. 2003. J Dairy Sci., 86, 2480-2490
Gaughan, J.B., Mader, T.L., Holt, S.M., Lisle, A. 2008. J Dairy Sci., 86, 226-234
Hammami, H., Bormann, J., M'hamdi, N., Montaldo, H.H., Gengler, N. 2013. J Dairy Sci., 96, 1844-1855
Kadzere, C.T., Murphy, M.R., Silanikove, N., Maltz, E. 2002. Livest Prod Sci., 77, 59-91
Leclerc, H., Barbat-Leterrier, A., Ducrocq, V. 2009. 16èmes Renc. Rech. Ruminants, Paris, 16, 291-294
Lees, A.M., Sejian, V., Wallage, A.L., Steel, C.C., Mader, T.L., Lees, J.C., Gaughan, J.B. 2019. Animals, 9, 322
Maggiolino, A., Dahl, G.E., Bartolomeo, N., Bernabucci, U., Vitali, A., Serio, G., Cassandro, M., Centoducati, G., Santus, E., De Palo, P. 2020. J Dairy Sci., 103, 8541-8553
National Research Council, 1971. In Nat. Acad. Sci., A guide to environmental research on animals. Washington.
West, J.W. 2003. J Dairy Sci., 86, 2131-2144

DigeR : un indicateur de l'efficience alimentaire des vaches laitières calculé à partir du profil en acides gras du lait

BERODIER M. (1,2), GAUDILLIERE N. (3), WOLF V.(3), DUBIEF F.(4), BROCHARD M. (1), LECLERC H. (2,5)
(1) UMOTEST, 250 route des Soudanières, 01250 Ceyzériat
(2) ELIANCE, 149 rue de Bercy, 75012 Paris
(3) Conseil Elevage 25-90, 6 rue des épicéas 25640 Roulans
(4) GENIA'Test, 4 rue des épicéas, 25640 Roulans
(5) INRAE GABI, Domaine de Vilvert, 78350 Jouy-En-Josas

RESUME - Le profil en acides gras du lait est en partie lié au fonctionnement du rumen, composante essentielle de l'efficience alimentaire en élevage laitier. DigeR est un indicateur phénotypique de l'efficience alimentaire à l'échelle d'une lactation en race Montbéliarde. Il est le résultat d'un ratio entre groupes d'acides gras parmi les courts et moyens. Les animaux ayant les meilleures valeurs DigeR produisent également plus de lait et ont des meilleures performances de reproduction. L'analyse du déterminisme génétique de l'indicateur DigeR a montré qu'il s'agit d'un caractère d'une héritabilité modérée (31,4%) et faiblement corrélé génétiquement aux caractères de production actuellement en sélection (LAIT + 8%, TB +17% et TP -18%). Une évaluation génétique en modèle single-step a été mise au point et l'index DigeR est diffusé par l'OS UMOTEST depuis le mois de juin 2021. Le phénotype et l'index DigeR aident les éleveurs à piloter leur troupeau de vaches laitières Montbéliardes face aux enjeux sociétaux de durabilité et d'efficience.

DigeR: A dairy cow feed efficiency proxy based on milk fatty acid profile

BERODIER M. (1,2), GAUDILLIERE N. (3), WOLF V.(3), DUBIEF F.(4), BROCHARD M. (1), LECLERC H. (2,5)
(1) UMOTEST, 250 route des Soudanières, 01250 Ceyzériat

SUMMARY - Milk fatty acid profile is partly linked to rumen function, an essential component of feed efficiency in dairy farming. DigeR program is a phenotypic indicator of feed efficiency at lactation level in Montbéliarde breed. It results from a ratio among short and medium milk fatty acid. Animals with better DigeR indicator, produce more milk and have better reproductive performances. Genetic determinism analysis of the DigeR trait showed a moderate heritability (31,4%) and a small genetic correlation with the production traits currently under selection (Milk Yield + 8%, Fat Content +17% and Protein Content -18%). A single-step genetic evaluation was built and UMOTEST delivers DigeR ebv since 2021. The DigeR phenotype and ebv help breeders to manage their herds of Montbéliard dairy cows addressing societal challenges of sustainability and efficiency.

INTRODUCTION

L'efficience alimentaire répond à une attente sociétale forte pour accroitre la durabilité et l'efficience des filières d'élevage. Elle revêt également un intérêt économique pour les éleveurs en améliorant la rentabilité de leur cheptel. Cependant, l'efficience alimentaire est très difficile à mesurer à grande échelle et particulièrement dans les systèmes herbagers en dehors des dispositifs expérimentaux qui permettent la mesure des consommations individuelles d'aliments (Cantalapedra-Hijar *et al*., 2020). Chez les ruminants, le rumen joue un rôle majeur dans l'efficience digestive, composante essentielle de l'efficience alimentaire, puisqu'il permet la conversion des aliments de la ration en Acides Gras Volatils (AGV) assimilables par l'animal. Les Acides Gras (AG) sont composés d'une chaîne carbonée qui permet de les qualifier (pairs, impairs, courts, moyens, longs). Cette qualification traduit la composition en atomes de carbone. Certains AGV sont les précurseurs de la matière grasse synthétisée par la glande mammaire. Ainsi, le profil en AG du lait de vaches traduit en partie le fonctionnement du rumen (Peyraud *et al*., 2011). Les analyses par spectrométrie dans le moyen infrarouge (spectrométrie MIR), c'est-à-dire l'absorbance différentielle de la lumière par le lait dans les longueurs d'onde du moyen infrarouge, permettent aujourd'hui d'estimer en routine le profil en AG du lait de chaque animal à partir des échantillons collectés dans le cadre du contrôle de performances (Soyeurt *et al*., 2006). Les entreprises de Conseil en Elevage, membres du consortium OptiMIR déploient en élevage des indicateurs qui valorisent ces estimations à l'échelle du troupeau (par exemple au travers du service Lait'AGe). L'un des indicateurs diffusés dans l'outil Lait'AGe (part des AG impairs parmi les AG courts et moyens) est un proxy pertinent de l'efficience de la digestion ruminale (Travaux antérieurs menés par les ECEL du consortium OptiMIR dans de nombreux régimes alimentaires (Eliance, communication personnelle)). Le projet DigeR, co-financé par UMOTEST, GENIA'Test et Conseil Elevage 25-90, a eu pour objectif d'étudier la variabilité phénotypique et génétique des vaches laitières de race Montbéliarde pour ce caractère.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1 Calcul de l'indicateur phénotypique DigeR

La base de données phénotypiques utilisée dans cette étude comporte 3 626 405 analyses de lait individuel. Elles ont été obtenues dans le cadre du contrôle de performances de vaches Montbéliardes réalisées de 2016 à 2020 sur les départements du Doubs et du Territoire de Belfort par Conseil Elevage 25-90 et de la Haute-Saône par GENIA'Test. Tous les échantillons de lait ont été analysés par spectrométrie MIR et les spectres résultants ont été standardisés par le service de standardisation spectrale OPTIMIR (Grelet *et al.*, 2012, Grelet *et al.*, 2015). Les équations d'estimation des AG (Soyeurt *et al.*, 2011) ont été appliquées sur les spectres standardisés et le ratio de la part des AG impairs parmi les AG courts et moyens a été calculé. Afin de le rendre plus lisible et exploitable par les éleveurs et leurs conseillers, le ratio précédent obtenu à chaque contrôle de performance a été synthétisé à l'échelle de la lactation par rapport aux contemporaines du troupeau sous la forme d'un indicateur phénotypique que l'on a dénommé DigeR. Cet indicateur correspond à un positionnement intra-troupeau des résultats obtenus à l'échelle de la lactation calculé uniquement pour les animaux disposant de suffisamment de contrôles.

1.2 Etude de la variabilité phénotypique de DigeR

L'étude de la distribution de l'indicateur phénotypique DigeR et de ses corrélations avec les performances de production laitière (production laitière moyenne en kg/VL, sur 305 jours) a

été réalisée sur 227 474 lactations de femelles multipares entre 2016 et 2020 disposants d'un indicateur DigeR calculé, en distinguant les lactations en système fourrager « foin » et les lactations en système fourrager « ensilage ». 240 924 lactations ayant un indicateur DigeR calculé et pour lesquelles un vêlage suivant était connu ont été considérées pour étudier le lien entre l'indicateur phénotypique DigeR et les performances de reproduction des animaux.

1.3. Etude du déterminisme génétique

Le déterminisme génétique de la part des AG impairs parmi les AG courts et moyens a été étudié au sein de l'Unité Mixte Technologique eBIS (pilotée par l'unité GABI d'INRAE, l'Institut de l'Elevage et ELIANCE). Cette étude s'appuie sur l'ensemble des données de généalogie et de génotypage de l'OS UMOTEST ainsi que sur les 3 626 405 analyses de lait individuel des départements 25, 70 et 90 des années 2016 à 2020. Cette étude a permis d'estimer les paramètres génétiques de ce caractère et de construire un modèle d'évaluation génétique prenant en compte les effets environnementaux de l'élevage et de l'animal ainsi que l'effet génétique que nous avons également dénommé DigeR. Les corrélations génétiques avec les caractères LAIT, TP et TB ont également été estimées grâce à une étude en modèle multi-caractères.

2. RESULTATS

2.1. Analyse phénotypique

2.1.1. L'indicateur phénotypique à la lactation

Le tableau 1 présente la variabilité de l'indicateur phénotypique DigeR selon la parité de la lactation considérée dans l'étude (228 032 lactations de multipares et 101 960 lactations de primipares). Quel que soit le rang de lactation, l'indicateur varie entre -6,4 et 4,9. On observe que les primipares ont une valeur d'indicateur légèrement plus faible que les multipares. L'écart-type de l'indicateur phénotypique DigeR sur la base étudiée est de 1,1 pour les primipares et 1,0 pour les multipares.

Parité	min	q25	méd	q75	max
L+	-5,9	-0,5	0,15	0,8	4,9
L1	-6,4	-0,9	-0,22	0,5	4,4

Tableau 1. Distribution de l'indicateur phénotypique DigeR selon la parité de la lactation
L1 : première lactation ; L+ : lactation 2 et suivantes ;
min : minimum, q25 : 1er quartile, méd : médiane, q75 : 3ème quartile, max : maximum

2.1.2. Liens phénotypiques entre caractères

	Foin	Ensilage
DigeR +	7 438	8 104
DigeR -	6 987	7 743

Tableau 2. Production laitière moyenne (en kg/VL en 305j) des multipares selon la classe de l'indicateur DigeR associé à la lactation et selon le système fourrager

DigeR + : 25 % Meilleures lactation DigeR
DigeR - : 25% Moins bonnes lactations DigeR

Les 25% meilleures lactations de multipares sur le critère DigeR ont eu de meilleurs résultats de production laitière (jusqu'à +450kg/VL/lactation) et une meilleure fertilité (-5 jours d'intervalle vêlage-vêlage (IVV)) que les 25% moins bonnes lactations sur ce critère (Tableau 2 et Tableau 3). L'étude de cet indicateur dans 10 élevages disposant d'un suivi régulier de la note d'état corporel a également permis de démontrer que les animaux les mieux classés selon l'indicateur phénotypique DigeR subissent une perte d'état significativement plus faible en début de lactation, ce qui pourrait expliquer la meilleure fertilité.

	Nombre de lactations	IVV (jours)
DigeR +	61 426	391,0
DigeR -	59 986	395,9

Tableau 3. Intervalle vêlage-vêlage selon la classe de l'indicateur DigeR associé à la lactation

DigeR + : 25 % meilleures lactation DigeR
DigeR - : 25% moins bonnes lactations DigeR

2.2. Du déterminisme génétique à l'index DigeR

L'héritabilité estimée de la part des AG impairs parmi les AG courts et moyens est modérée avec 31,4%. Les corrélations génétiques avec les caractères LAIT, TB et TP sont faibles : elles sont respectivement, positives avec le caractère LAIT (8%), et TB (17%) et négative avec le caractère TP (-18%). L'analyse des niveaux génétiques par année de naissance confirme que le caractère n'a pas été sélectionné indirectement par le jeu des corrélations avec les caractères en sélection historiquement. Une évaluation génomique utilisant la méthodologie dite single-step a été déployée avec le concours de GenEval. L'index DigeR est exprimé dans une base 0 et avec un écart-type standardisé de 1. La variabilité des index est bonne puisque 50% des 425 275 animaux évalués en novembre 2021 ont un index inférieur à -0,6 ou supérieur à +0,5, le meilleur index étant +3,4 et le plus faible de -3,8.

2.3. Liens entre phénotypes et index DigeR

Les animaux ayant les meilleurs index DigeR sont également les animaux ayant des lactations avec les meilleurs indicateurs phénotypiques pour ce caractère (Figure 1).

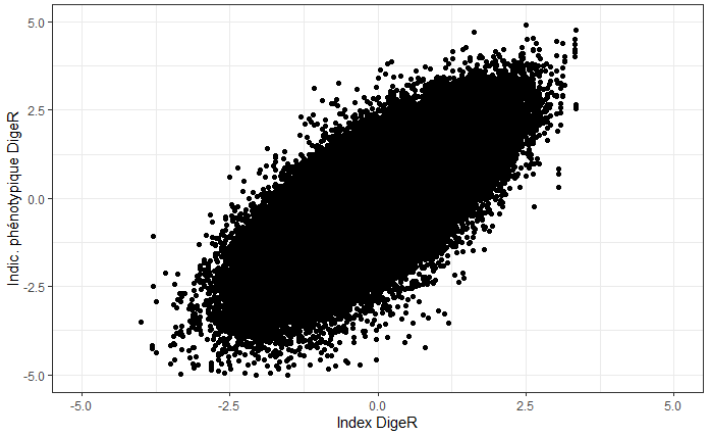


Figure 1. Indicateur phénotypique DigeR à la lactation en fonction de l'index DigeR

3. DISCUSSION

Le lien entre l'indicateur phénotypique DigeR, calculé à l'échelle de la lactation, et les performances zootechniques confirme qu'il est un bon proxy de l'efficience de la digestion ruminale : il permet d'identifier les animaux qui, au sein d'un troupeau, produisent plus de lait tout en ayant de meilleures performances de reproduction. Cela confirme l'intérêt par ailleurs bien documenté de la valorisation des estimations en routine du profil en AG ou autres signatures spectrales d'échantillons de lait individuels, en tant qu'indicateurs zootechniques pour le pilotage plus fin du troupeau (Gengler *et al.*, 2016). En effet, plusieurs indicateurs zootechniques d'intérêt sont couteux et/ou complexes à obtenir mais

disposent de proxys obtenus à partir d'identification de signatures spectrales du lait (ex. diagnostique acétonémie à partir de dosages sanguins ; efficience alimentaire particulièrement pour des animaux consommant des fourrages grossiers et plus encore au pâturage, conditions dans lesquelles les mesures des quantités ingérées individuellement sont très complexes). Disposer de proxys à partir des circuits d'échantillons du contrôle laitier permet de couvrir l'exhaustivité des animaux en lactation et suivis dans ce cadre avec une fréquence généralement de l'ordre du mois et à un coût additionnel très modeste. En conséquence, même avec une précision moindre que les mesures de référence, ces proxys ouvrent les voies d'un conseil en élevage et d'une indexation à des coûts abordables pour le plus grand nombre. Depuis le mois de juin 2021, l'index DigerR est disponible en routine pour tous les taureaux de l'entreprise UMOTEST et pour toutes les femelles génotypées par UMOTEST. L'indicateur phénotypique est quant à lui valorisé auprès des éleveurs adhérents aux services de contrôle de performances de Conseil Elevage 25-90 ou de GEN'IAtest. Ce type d'approche permettant de valoriser un indicateur indirect de l'efficience digestive collectable à grande échelle à des fins de conseil en management de troupeau et en conduite génétique est transposable à d'autres races bovines laitières.

CONCLUSION

La valorisation des analyses du MIR produites par le contrôle de performances et l'analyse des données génétiques a permis la construction d'indicateurs de l'efficience digestive fiables dans des contextes d'élevage (notamment le recours important au pâturage et aux fourrages grossiers) où l'accès à des phénotypes d'efficience alimentaire est aujourd'hui très complexe. Ces indicateurs indirects phénotypiques et génétiques sont une vraie opportunité pour aider les éleveurs à piloter leur troupeau de vaches laitières Montbéliardes face aux enjeux sociétaux de durabilité et d'efficience.

Cantalapiedra-Hijar G., Faverdin P., Friggens N. C. Martin P., 2020. INRAE Prod. Anim., 33(4),235-248.
Gengler, N., Soyeurt H., Dehareng F., Bastin C., Colinet F., Hammami H., Vanrobays M.-L., Lainé A., Vanderick S., Grelet C., Vanlierde A., Froidmont F., Dardenne P., 2016. J. Dairy Sci. 99 : 4071-4079.
Grelet C., Fernández Pierna J. A., Dardenne P., Massart X., Brunschwig P., Dehareng F., 2012. 3R.
Grelet C., Fernández Pierna J. A., Dardenne P., Baeten V., Dehareng F., 2015. J. Dairy Sci. 98 : 2150-2160.**Peyraud J.L, Rouillé B., Hurtaud C., Brunschwig P., 2011.** Les acides gras du lait de vache : Composition et maîtrise par l'alimentation. Institut de l'élevage (Ed), Paris, France. 36
Soyeurt H., Dardenne P., Dehareng F., Lognay G., Veselko D., Marlier M., Bertozzi C., Mayeres P., Gengler N., 2006.J. Dairy Sci. 89:3690-3695.
Soyeurt H., Dehareng F., Gengler N. , McParland S.,Wall E.,Berry D. P., Coffey M., Dardenne P., 2011. J. Dairy Sci. 94 :1657–1667

Estimation de l'efficience alimentaire des chèvres laitières, en fermes commerciales

CHASSIER M. (1), MOSNIER F. (1), RUPP R. (2), BLUET B. (3), BAILLY-SALINS A. (4), PALHIERE I. (2)
(1) Idele – Chemin de Borde Rouge, 31326 Castanet-Tolosan Cedex
(2) GenPhySE - Université de Toulouse, INRAE, INPT, ENVT, 31326 Castanet-Tolosan
(3) Idele - Chambre Régionale D'agriculture de Poitou-Charente CS 45002, 86550 Mignaloux-Beauvoir
(4) Capgènes - Agropôle 2135, Route de Chauvigny, 86550 Mignaloux-Beauvoir

RESUME
L'importance économique de l'amélioration génétique de l'efficience alimentaire est reconnue en production laitière. L'efficience alimentaire est un trait génétiquement complexe qui peut être décrit comme le rapport entre production (le rendement laitier, par exemple) et les ressources destinées à cette production (alimentation). Des travaux antérieurs ont montré que l'efficacité alimentaire était héréditaire chez de nombreuses espèces. Cette étude vise à étudier l'héritabilité de l'énergie résiduelle ingérée (REI) chez deux races de chèvres laitières (Alpine et Saanen) élevées en fermes commerciales. Les héritabilités sont modérées pour les deux races (0,18 ± 0,08 en Alpine et 0,20 ± 0,07 en Saanen).

Genetics parameters of feed efficiency in dairy goats, under commercial conditions

CHASSIER M. (1), MOSNIER F. (1), RUPP R. (2), BLUET B. (3), BAILLY-SALINS A. (4), PALHIERE I. (2)
(1) Idele – Chemin de Borde Rouge, 31326 Castanet-Tolosan Cedex

SUMMARY
The economic importance of genetically improving feed efficiency has been recognized in dairy production. Feed efficiency is a genetically complex trait that can be described as units of product output (e.g., milk yield) per unit of feed input. Previous work showed that feed efficiency is heritable in many species. This study aimed to investigate the heritability for Residual Energy Intake in two breeds of dairy goats (Alpine and Saanen) under commercial conditions. Heritabilities were moderate for both breeds (0.18 ± 0.08 in Alpine and 0.20 ± 0.07 in Saanen).

INTRODUCTION

En production laitière, les coûts d'alimentation constituent l'une des plus grandes dépenses de l'éleveur. D'après les résultats INOSYS caprins 2020, ceux-ci représentent en moyenne 60% des charges opérationnelles. Ainsi, pour réduire les coûts de production et avoir un impact positif sur le développement durable, les éleveurs ont un grand intérêt à améliorer la balance entre les intrants (aliments ingérés) et les sortants (production laitière) et donc l'efficacité alimentaire. Cette dernière a déjà été introduite dans les programmes de sélection porcins et de volailles et commence à être introduite chez les bovins (Brito *et al*, 2021). A la différence des monogastriques et des bovins, l'efficience alimentaire est peu documentée chez les petits ruminants (ovins et caprins) Quelques résultats d'ingestion individuelle sont disponibles dans les élevages expérimentaux INRAE mais cela représente au mieux quelques dizaines d'animaux mesurés. Le projet européen SMARTER (SMAll RuminanTs breeding for Efficiency and Resilience, https://www.smarterproject.eu/) a pour but de développer des stratégies innovantes pour améliorer l'efficience et la résilience des ovins et caprins. Cette étude s'inscrit dans le cadre de ce projet et vise à estimer les paramètres génétiques de l'efficacité alimentaire, mesurée en fermes commerciales, à travers une large diversité de systèmes d'élevage, dans deux races caprines (Alpine et Saanen). La spécificité de l'étude réside dans le fait que les mesures d'ingestion individuelles ne sont pas disponibles en ferme commerciale et qu'il faut donc approcher l'efficacité alimentaire à partir de données d'ingestion mesurées par lot.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1 ANIMAUX ET MESURES EN FERMES

L'étude a été menée dans 14 fermes commerciales et à la ferme Expérimentale INRAE de La Sapinière (Bourges), sur 2 campagnes (2020 et 2021). 1 636 chèvres primipares (663 Alpine et 973 Saanen) ont été phénotypées pour l'efficience alimentaire. Les quantités d'aliments ingérés ont été mesurées 4 fois au cours de la lactation, à l'échelle du lot : deux fois en début de lactation (entre 0 et 60 jours, et entre 60 et 90 jours de lactation), puis autour de la reproduction (entre 210 et 260 jours) et en fin de lactation (entre 240 et 280 jours). Pour chacun des points de mesure, une moyenne de 3 jours consécutifs d'enregistrements a été prise en compte afin de limiter les perturbations ponctuelles. Un total de 4 827 enregistrements (1 879 en Alpine et 2 948 en Saanen) constitue la base de données. Lors des points de mesure, les quantités distribuées et les refus, de fourrage et de concentré, ont étaient pesées par des conseillers du Contrôle Laitier. Les quantités de fourrage ont été mesurées en pesant tout le fourrage distribué à l'échelle du lot. Pour le concentré, les quantités ont été mesurées soit en pesant les quantités distribuées à l'échelle du lot, soit à l'échelle individuelle : lorsque l'élevage était équipé d'un distributeur automatique de concentré ou que le concentré était distribué en salle de traite. Compte-tenu des différences de pratiques entre éleveurs, les animaux recevaient une alimentation différente en termes de nature et de quantité d'aliments, notamment la part de concentré et de fourrage (Tableau 1). On compte 282 rations différentes (une ration étant définie par lot*élevage*date) au sein des 15 élevages, avec une proportion de concentré distribuée allant de 0 à 64,4 % (moyenne = 37 %) et une proportion de fourrage allant de 34,8 % à 100 % (moyenne = 60 %). On observe également une diversité de type de concentré et de fourrage utilisé.
A partir de ces informations, l'ingestion journalière individuelle a été estimée par la moyenne de l'ingestion du lot auquel l'animal appartenait, pour les élevages sans distribution individuelle de concentré (83 % du jeu de données). Sinon, l'ingestion journalière individuelle a été estimée par la moyenne de l'ingestion de fourrage du lot plus la consommation alimentaire individuelle de concentré (17 %).

La quantité de matière sèche ingérée (MSI) a ensuite été estimée, pour chaque aliment à chaque point de mesure, à partir des informations apportées par les analyses de fourrage, faites en laboratoire sur un échantillon du fourrage distribué à chaque point de mesure, et les étiquettes de concentré. L'énergie ingérée a été estimée pour chaque aliment de la ration, en multipliant sa MSI et sa concentration énergétique, puis l'énergie ingérée (EI) a été calculée en faisaient la somme de toutes les énergies ingérées élémentaires. La qualité nutritionnelle des aliments a été enregistrée pour chaque fourrage et chaque concentré et la teneur en énergie a été déterminée à partir des tables INRAE (Agabriel, 2010).
Les données de production laitière individuelles ont aussi été collectées lors des 4 points de mesure, via le contrôle laitier. Le tour de poitrine utilisé comme proxy du poids des chèvres a été mesuré par Capgènes une fois par animal et par campagne, autour de 150 jours de lactation.

	Proportion (% MSD)	N rations	Minimum	Moyenne	Maximum	Sd[1]
Catégorie d'aliment	Concentré	282	0	36,9	64,4	10,3
	Fourrage	282	34,8	60,0	99,9	11,1
	Déshydratés	282	0	3,1	22,5	5,9
Type d'aliment	Concentré complet	158	0	20,8	38,8	9,5
	Concentré énergétique	269	1,7	15,5	32,3	7,9
	Concentré azoté	224	0,7	13,2	32,4	7,8
	Déshydratés	64	4,2	12,2	22,5	6,4
	Fourrage vert	4	54,0	70,0	76,3	10,7
	Ensilage	172	6,9	30,9	76,8	15,6
	Foin	273	4,6	40,6	99 ,9	20,6
	Paille	84	0,8	2,8	6,8	1,3

[1]Ecart-type ; [2]Coefficient de variation

Tableau 1. Descriptif de la proportion moyenne de matière sèche distribuée (MSD) par catégorie d'aliment, pour l'ensemble des 282 rations ; b. par type d'aliment, pour les rations concernées par cet aliment.

1.2 ESTIMATION DU REI

Pour estimer l'efficacité alimentaire, l'énergie résiduelle ingérée **(REI),** a été utilisée. Elle correspond aux résidus du modèle de régression linéaire suivant (1) :

$$EI = \beta_0 + \beta_1 \times PL + \beta_2 \times TB + \beta_3 \times TP + \beta_4 \times TPO + REI \quad (1)$$

Où, EI est l'énergie ingérée (exprimée en Unité Fourragère Lait (UFL), 1 UFL=1.7 Mcal), β_0 est l'EI moyenne observée (en UFL), β_1 est le coefficient de régression de la production laitière (PL), β_2 and β_3 sont les coefficients de régression des taux butyreux et protéiques (TB et TP) and β_4 est le coefficient de régression du tour de poitrine (TPO). L'analyse a été faite intra-race et appliquée sur l'ensemble des données répétées par chèvre. Les REI obtenus ont ensuite étaient réparties en 3 groupes, indépendamment de la race et de la ration, en utilisant l'écart-type du REI (sd_REI) : inefficiente (REI > 0,5 x sd_REI), intermédiaire (-0,5 x sd_REI ≤ REI ≤ 0,5 x sd_REI), efficiente (REI < -0,5 x sd_REI).

1.3 ESTIMATION DES PARAMETRES GENETIQUES

Les paramètres génétiques du REI et de la production laitière journalière (PL) ont été estimés, à partir du logiciel WOMBAT (Mayer, 2007), pour chaque race séparément, à partir des modèles linéaires animal suivant :

$$Y = Trpx + Camp + Htd + PhSt + a_n + perm_p + e \quad (2)$$
$$Y = Age + Camp + Htd + PhSt + a_n + perm_p + e \quad (3)$$

Où, Y est le vecteur d'observation pour la variable REI (2) ou PL (3), Tpx est l'effet fixe du troupeau, Age est l'effet fixe de l'âge à la mise bas, Camp est l'effet fixe de la campagne de lactation, Htd est l'effet fixe du jour de mesure, PhSt est l'effet fixe du stade physiologique. Les effets aléatoires inclus dans le modèle sont l'effet génétique additif de l'animal (a_n), l'effet de l'environnement permanent ($perm_p$) et la résiduelle (e).

Seuls les animaux avec 2 mesures et plus étaient gardés. Le jeu de données final comprenait 1 331 et 2 414 mesures pour 455 et 785 chèvres Alpine et Saanen, respectivement. Ces chèvres sont issus de 74 et 94 pères et 355 et 576 mères, et le fichier pedigree contenait 7 484 et 8 652 animaux pour les races Alpine et Saanen, respectivement. L'héritabilité (h^2) et la répétabilité (R) ont été estimées à partir des variances estimées selon les formules suivantes : $h^2 = V_A / (V_A + V_E + V_R)$, et $R = V_E / (V_A + V_E + V_R)$, avec V_A variance génétique additive, V_E variance environnementale permanente et V_R variance résiduelle.

2. RESULTATS

Une description générale des données est présentée dans le Tableau 2. La MSI est en moyenne de 2,7 kg par jour et par chèvre, avec une erreur standard de 310 g en race Alpine et de 280 g en race Saanen. L'énergie ingérée (EI) est en moyenne de 2,5 UFL par jour et par chèvre dans les deux races, avec une variabilité modérée (CV de 13 % et de 11 %). L'énergie résiduelle ingérée (REI) moyenne est de 0 UFL par définition. La production laitière quotidienne est de 3,40 kg en moyenne en race Alpine et de 3,04 kg en race Saanen, avec un écart-type de 940 g et 770 g, respectivement. Le tour de poitrine moyen (TPO) est de 88 cm dans les deux races avec une faible variabilité (CV de 5 % dans les deux races).

La quantité de matière sèche ingérée (MSI) est plus importante dans le groupe de chèvres inefficientes que dans le groupe de chèvres efficientes, avec une différence de 0,49 kg de MSI par jour et par chèvre en race Alpine et de 0,57 kg en race Saanen (Tableau 3). Cette différence s'explique à la fois par une plus faible quantité de MSI provenant des concentrés (CMSI) et par une plus faible quantité de MSI provenant des fourrages (FMSI) dans le groupe de chèvres inefficientes. La quantité de MSI par kg de lait produit (MSI/PL) est plus faible pour le

groupe de chèvres efficientes, tandis que la production laitière (PL) est la même dans les trois groupes.

Les composantes de la variance, héritabilités et répétabilités des caractères étudiés sont présentés dans le Tableau 4. Les héritabilités de la production laitière journalière sont de 0,19 et de 0,20 en race Alpine et Saanen, respectivement. Les héritabilités estimées pour le REI, dans les 2 races, sont modérées (0,18 and 0,20), avec une plus grande répétabilité pour la race Alpine (0,31) que pour la race Saanen (0,12).

Race	Caractère	N	Minimum	Moyenne	Maximum	Sd[1]	CV[2]
Alpine	REI (UFL)	1 879	-1,02	0,00	0,71	0,27	11%
	MSI (kg)	1 879	2,01	2,68	3,63	0,31	12%
	EI (UFL)	1 879	1,66	2,48	3,41	0,31	13%
	PL (kg)	1 879	0,90	3,40	6,50	0,94	28%
	TPO (cm)	1 879	76,00	88,24	103,00	4,29	5%
Saanen	REI (UFL)	2 948	-0,87	0,00	1,01	0,28	11%
	MSI (kg)	2 948	2,02	2,82	3,78	0,28	10%
	EI (UFL)	2 948	1,78	2,62	3,85	0,29	11%
	PL (kg)	2 948	0,30	3,04	6,60	0,77	25%
	TPO (cm)	2 948	76,00	88,51	103,00	4,64	5%

[1]Ecart-type; [2]Coefficient de variation

Tableau 2. Statistiques descriptives du REI (énergie résiduelle ingérée), de la MSI (Matière sèche ingérée), de l'EI (énergie ingéré), de la PL (production laitière) et du TPO (tour de poitrine) par race.

	Moyenne (sd)					
	Inefficiente		Intermédiaire		Efficiente	
Caractère	Alpine (n=526)	Saanen (n=724)	Alpine (n=879)	Saanen (n=1 317)	Alpine (n=474)	Saanen (n=907)
MSI (kg)	2,86 (0,26)	3,11 (0,15)	2,73 (0,26)	2,86 (0,16)	2,37 (0,20)	2,54 (0,21)
EI (UFL)	2,71 (0,15)	2,98 (0,16)	2,55 (0,15)	2,64 (0,11)	2,08 (0,26)	2,32 (0,21)
MSI/PL	0,95 (0,25)	1,13 (0,44)	0,79 (0,23)	0,99 (0,25)	0,83 (0,30)	0,89 (0,37)
CMSI (kg)	1,29 (0,17)	1,02 (0,22)	1,24 (0,17)	0,95 (0,09)	1,03 (0,17)	0,79 (0,19)
FMSI (kg)	1,57 (0,38)	2,08 (0,19)	1,47 (0,36)	1,89 (0,14)	1,33 (0,20)	1,74 (0,21)

Tableau 3. Statistiques descriptives de la MSI (matière sèche ingérée), de l'EI (énergie ingérée), du rapport MSI/PL, du CMSI (matière sèche ingérée du concentré) et du FMSI (matière sèche ingéré du fourrage) par groupe de REI et par race..

Race	Caractère	V_A	V_E	V_R	h^2	R
Alpine	REI	0,004 (0,001)	0,006 (0,002)	0,009 (0,001)	0,18 (0,08)	0,31 (0,08)
	PL	0,096 (0,049)	0,186 (0,044)	0,227 (0,011)	0,19 (0,09)	0,37 (0,09)
Saanen	REI	0,003 (0,001)	0,002 (0,001)	0,011 (0,0001)	0,20 (0,07)	0,13 (0,06)
	PL	0,097 (0,036)	0,185 (0,031)	0,202 (0,007)	0,20 (0,07)	0,38 (0,07)

Tableau 4. Composantes de la variance : variance génétique additive (V_A), variance environnementale permanente (V_E) et variance résiduelle (V_R), héritabilité (h^2) et répétabilité (R) pour l'énergie résiduelle ingérée (REI) et la production laitière (PL), écart-types entre parenthèses, par race

3. DISCUSSION

L'héritabilité de la production laitière journalière est autour de 0,20 dans les races Alpine et Saanen. Arnal *et al*. (2019) ont trouvé des héritabilités plus élevées : 0,27 en Alpine et 0,28 en Saanen. Les héritabilités estimées pour le REI sont légèrement plus faibles que les héritabilités de l'efficience alimentaire reportées par Desire *et al.* (2017) dans une population croisée avec les races Saanen, Alpine et Toggenburg (autour de 0,25). Dans le projet SMARTER, l'efficience alimentaire a également été étudiée chez les brebis laitières, dans des fermes commerciales. Machefert *et al*. (2022) ont trouvé une héritabilité plus faible (0,12), en brebis Lacaune, pour l'efficience alimentaire calculée à partir d'un ratio. Selon Berry and Crowley (2013), les héritabilités varient d'une étude à l'autre en fonction du modèle utilisé pour estimer l'efficience alimentaire (ratio ou régression/résiduelle) et du type d'animal étudié (animal en croissance ou adulte). Dans cette étude nous approchons l'efficience alimentaire individuelle à partir de données mesurées à l'échelle du lot pour les fourrages et pour une partie des concentrés, ce qui est très différent des études utilisant ce modèle dans la bibliographie. Notre hypothèse que chaque chèvre a une ingestion identique intra-lot est forte et conduit probablement à des erreurs de mesure. Le critère REI estimé ici reflète sûrement davantage une différence d'énergie ingérée entre chèvres plutôt que d'efficacité alimentaire. Pour améliorer cela, nous ne pouvons pas compter sur des données d'ingestion individuelles, non disponibles en fermes commerciales. Il conviendra plutôt d'adapter le modèle d'estimation de l'efficacité alimentaire en considérant notre mesure au lot comme un phénotype individuel, tel que proposé par

différents auteurs (Olson *et al*, 2006, Gao *et al*., 2021, Ma *et al*., 2021).

CONCLUSION

L'efficience alimentaire est un phénotype difficile à mesurer en ferme commerciale, du fait de la diversité des systèmes alimentaires et de la difficulté à disposer de données d'ingéré à l'échelle individuelle et précises. Nos résultats montrent que l'on peut approcher l'efficience alimentaire hors ferme expérimentale et qu'une classification sur ce critère peut être faite pour discriminer les chèvres : efficientes vs inefficientes. Cependant cette première analyse nécessite d'être améliorée pour prendre en compte la spécificité de nos données, qui sont enregistrées à l'échelle du lot. Des analyses complémentaires doivent être réalisées afin de valider ces premiers résultats, comme une approche au lot et non à la chèvre (cf Gao *et al*., 2021) ou fondée sur un sous-jeu de données contenant uniquement des quantités de concentré individuelles. De plus, une estimation des corrélations génétiques permettra d'évaluer si l'objectif de sélection actuel améliore ou dégrade l'efficacité alimentaire des chèvres.

Ce projet a été financé par le programme de recherche et d'innovation Horizon 2020 de l'Union européenne dans le cadre de la convention de subvention n° 772787 (SMARTER). Les auteurs aimeraient remercier les conseillers du Contrôle Laitier, FCEL, pour la collecte des données et les éleveurs pour leur implication dans le projet SMARTER.

Agabriel J., 2010. Alimentation des bovins, ovins et caprins - Besoins des animaux – Valeurs des aliments - Tables inra 2010. édition remaniée. Quae, France. https://www.quae.com/produit/753/9782759210114/alimentation-des-bovins-ovins-et-caprins.

Arnal M., Larroque H., Leclerc H., Ducrocq V., Robert-Granié C., 2019. Genet Sel Evol 51, 43.

Berry D.P., and Crowley J.J., 2013. J Anim Sci 91, 1594-1613.

Brito L.F., Oliveira R. H., Houlahan K., Fonseca P.A.S., Lam S et al., 2020. Can J Anim Sci 100(4), 587-604.

Desire S., Mucha S., Mrode R., Coffey M., Broadbent J., Conington J., 2017. Proc 68th EAAP, Tallin, Estonia.

Gao H., Su G., Jensen J., Madsen P., Christensen O., Ask B., et al., 2021, Genet. Sel. Evol., 53:33.

Köck A, Ledinek M, Gruber L, Steininger F, Fuerst-Waltl B,et al., 2018. J Dairy Sci 101(1), 445-455.

Ma X., Christensen O., Gao, H., Huang R., *et al*, 2021. Heredity, 126, 206-217.

Machefert C., Robert-Granié C., G. Lagriffoul, Astruc J.M, Parisot S., et al., 2022. Proc. 12th World Cong. Appl. Livest. Prod, Rotterdam, The Netherlands.

Meyer K, 2007. WOMBAT—A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML) Journal of Zhejiang University Science, 8, 815-821.

Olson, K.M., Garrick D.J., Enns R.M., 2006. J. Anim. Sc., 84, 88-92.

Paramètres génétiques de la vitesse de développement et du poids adulte asymptotique en bovins allaitants

Genetic parameters of growth rate and asymptotic adult weight in beef cattle

LEPERS A. (1), AGUERRE S. (1), PROMP J. (1), TAUSSAT S. (2), VINET A. (3), MARTIN P. (3), PHILIBERT A. (4), LARAMEE A. (4), GRIFFON L. (4)
(1) IDELE, UMR1313 génétique animale et biologie intégrative, F-78352 Jouy en Josas Cedex
(2) ELIANCE, UMR1313 génétique animale et biologie intégrative, F-78352 Jouy en Josas Cedex
(3) INRAE, UMR1313 génétique animale et biologie intégrative, F-78352 Jouy en Josas Cedex
(4) IDELE, Maison Nationale des Eleveurs, 75012 Paris

INTRODUCTION

En élevage bovins allaitants, la productivité finale des animaux dépend de leur capacité à produire de la viande, la leur ou celle de leurs veaux. Une manière de maximiser cette productivité tout en limitant l'impact environnemental serait de sélectionner les animaux se développant et se reproduisant le plus rapidement. Dans cette étude, nous cherchons à caractériser le déterminisme génétique de caractères liés à la précocité de développement tels que le poids adulte et la vitesse de développement des femelles allaitantes estimés par l'équation de Brody.

1. MATERIEL ET METHODES

Depuis plusieurs années, les déclarations des éleveurs et le contrôle de performance permettent de collecter des poids allant de la naissance au post-sevrage et ce dans différentes races allaitantes telles que la Charolaise, la Limousine, la Blonde d'Aquitaine, la Parthenaise et l'Aubrac. A partir de ces pesées et du poids d'abattage estimés à partir des poids de carcasse provenant de NORMABEV, des courbes de croissance moyenne par race ont pu être estimées grâce à l'équation de Brody (Brody S., 1945), qui est la suivante :

$$Poids\ (t) = PA - (PA\ - Poids_{naissance})e^{-\alpha t}$$

Des courbes individuelles ont aussi été calculées pour les femelles ayant plus de 4 pesées à des temps (t) dont au moins une à plus de 4 ans. Ces courbes ont ainsi permis d'estimer les phénotypes de poids adulte asymptotique (PA) et de vitesse de développement (α). Afin de calculer les paramètres génétiques de ces deux caractères un modèle animal bivarié a été utilisé avec différents effets fixes concernant la naissance ainsi que l'abattage.

2. RESULTATS ET DISCUSSION

2.1. DIFFERENTES PRECOCITES DE DEVELOPPEMENT

Les 5 races étudiées présentent des courbes de croissance légèrement différentes en termes de précocité (Figure 1). La race Aubrac est la plus précoce d'entre elles avec une vitesse de développement de 0,0016, ce qui correspond à près de 56% de son poids adulte atteint à 15 mois. La Charolaise et la Limousine, ont quant à elles, des vitesses de développement similaires malgré un poids adulte plus élevé pour la Charolaise. Pour finir, la Blonde d'Aquitaine et la Parthenaise sont moins précoces, en particulier la Parthenaise n'atteignant que 44% de son poids adulte à 15 mois.

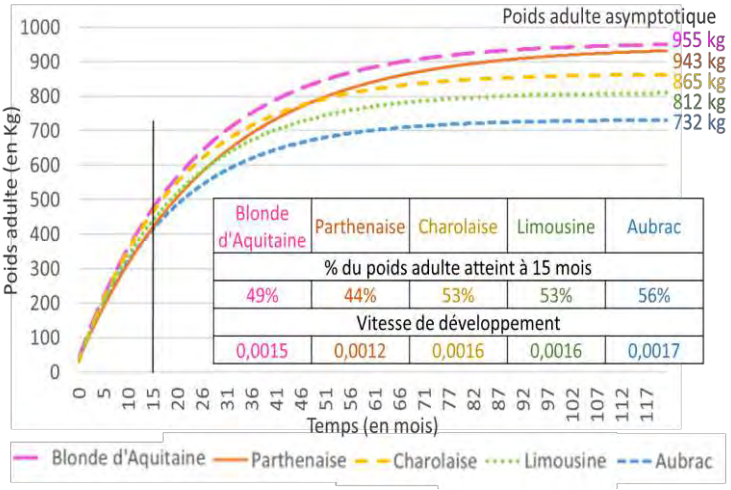


Figure 1. Courbes de croissance moyenne des femelles nées entre 2009 et 2015 des 5 races étudiées

2.2. DES CARACTERES CORRELES NEGATIVEMENT

Les calculs des paramètres génétiques (exceptée pour l'Aubrac) ont permis de mettre en évidence des résultats très similaires entre races (tableau 1). En effet les héritabilités sont proches de 0,41 pour le poids adulte asymptotique et de 0,24 pour la vitesse de développement. Entre ces 2 caractères, les corrélations sont élevées avec une corrélation génétique moyenne de -0,64 et une corrélation phénotypique moyenne de -0,67. Ces résultats coïncident avec ceux d'une étude menée en station Charolaise (Vinet et al., 2005). En plus de ce modèle, différents modèles bivariés ont été effectués entre l'un de ces 2 caractères et des caractères de croissance en race Charolaise. De ces différents modèles ressort notamment une corrélation génétique proche de 0 entre la vitesse de développement et le poids de naissance ainsi qu'une corrélation de 0,25 avec le poids à âge type 24 mois.

CONCLUSION

Cette étude montre une variabilité importante de la précocité de développement entre les races et confirme que les animaux avec un fort poids adulte ont une vitesse de développement moindre. Les phénotypes étudiés ont des héritabilités ainsi que des écart-types génétiques relativement élevés ce qui permet d'envisager une sélection sur ces caractères. Néanmoins des analyses complémentaires doivent être réalisées afin d'approfondir le sujet.

Brody S., 1945. Bioenergetics and Growth. Reinhold Publishing Corporation, New York.
Vinet A. et al, 2005. Renc. Rech. Ruminants, 2005, 12, 293-296

Race	Effectifs	h² PA	σ PA	h² α	σ α	Corrélation génétique	Corrélation phénotypique
Charolaise	27 341	0,41 ± 0,02	51,8 Kg	0,25 ± 0,02	0,14 × 10^{-3}	-0,65 ± 0,03	-0,69 ± 0,004
Limousine	56 142	0,39 ± 0,01	44,6 Kg	0,24 ± 0,01	0,13 × 10^{-3}	-0,64 ± 0,02	-0,65 ± 0,003
Blonde d'Aquitaine	21 529	0,39 ± 0,02	56,7 Kg	0,22 ± 0,02	0,12 × 10^{-3}	-0,62 ± 0,04	-0,67 ± 0,005
Parthenaise	16 275	0,43 ± 0,03	58,9 Kg	0,23 ± 0,02	0,11 × 10^{-3}	-0,64 ± 0,03	-0,67 ± 0,006

Tableau 1. Paramètres génétiques du poids adulte asymptotique (PA) et de la vitesse de développement (α) en modèle animal bivarié (h²=héritabilité, σ = écart-type génétique)

Précocité sexuelle des génisses charolaises
Sexual precocity of Charolais heifers

TAUSSAT S. (1,2), VINET A. (2), MAUPETIT D. (3), DOZIAS D. (4), CHANTELOUP L. (4), RENAND G. (2), MARTIN P. (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) UE0332 Domaine Expérimental Bourges-La Sapinière, INRAE, La Sapinière, 18390, Osmoy, France
(4) UE0326 Domaine Expérimental du Pin-au-Haras, INRAE, Le Pin-au-Haras, 61310, Exmes, France

INTRODUCTION

Réduire les périodes improductives des bovins allaitants permettrait d'améliorer la rentabilité des élevages ainsi que de diminuer leur empreinte environnementale. Une composante clé pour réduire la période improductive dans la vie juvénile des animaux, et notamment celle des génisses, est d'améliorer la précocité sexuelle car elle permet de réaliser des accouplements plus tôt et ainsi obtenir des vêlages précoces. L'objectif de cette étude est d'améliorer la compréhension de ce caractère au travers d'une expérimentation menée avec des génisses Charolaises de race pure, pour estimer les relations génétiques et environnementales avec plusieurs performances mesurées avant et après le sevrage.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1 DONNÉES

633 génisses Charolaises nées entre 2011 et 2015 dans deux fermes expérimentales INRAE (305 à Bourges-La Sapinière et 328 au Pin-au-Haras) ont été contrôlées de la naissance jusqu'à la fin de leur carrière. Deux saisons de naissance ont été définies : hiver (d'octobre à janvier) et printemps (de février à mai). Toutes les femelles ont été pesées à la naissance (PN) puis mensuellement permettant de calculer leur poids au sevrage (PS), leur poids à 18 mois (P18) ainsi que les gains moyens quotidiens entre la naissance et le sevrage (GMQS) et entre le sevrage et 18 mois (GMQ18). Des prélèvements de sang ont été réalisés tous les 10 jours entre le sevrage et 22 mois d'âge des génisses et la concentration en progestérone a été déterminée par dosage radio-immunologique pour définir le moment de la puberté. Ce caractère a ensuite été transformé en classe d'âge (en mois) à la puberté (CP), allant de 13 (en chaleur à 13 mois) à 22 (en chaleur à 22 mois ou plus).

1.2 ANALYSES STATISTIQUES

Pour représenter l'effet de la saison de naissance sur la CP, des courbes cumulatives ont été tracées à l'aide du logiciel R (version 3.5.0) avec le package GGPLOT2. Des estimations de paramètres génétiques ont également été réalisées, avec le logiciel WOMBAT (Meyer, 2007), en utilisant un modèle animal Single-Step incluant le groupe de contemporaines combinant la ferme, l'année et la saison de naissance (18 groupes), la gémellité et l'âge de la mère au vêlage (classes de 3, 4, 5, 6, 7 et 8 ans et plus) en effet fixe pour tous les caractères, l'âge au sevrage en covariable pour le PS et le GMQ18, et l'effet aléatoire de la mère (432 animaux) pour le PN, le PS et le GMQS.

2. RESULTATS ET DISCUSSION

La moyenne de la CP est de 17,6 mois (± 2,3), montrant que la puberté des génisses de cette expérimentation est apparue tardivement par rapport à d'autres études réalisées dans la même race (Mialon *et al.*, 1999; Phocas et Sapa, 2004) : 15 % des génisses en chaleur à 15 mois dans notre étude contre environ 60 % dans les deux études citées. Une explication de cet âge tardif se trouve dans la saison de naissance car un effet très important a été observé, avec des génisses nées au printemps qui sont plus précoces : moyenne de 17,0 (± 2,4) pour le printemps contre 18,5 (± 1,9) pour l'hiver. Par conséquent, 80 % des femelles nées au printemps sont en œstrus à 18 mois, qui correspond à l'âge moyen de puberté des génisses nées en hiver (figure 1). L'héritabilité du CP est modérée (0,19 ± 0,08) (tableau 1). Génétiquement ce caractère est corrélé positivement au PN (0,37 ± 0,21), c'est-à-dire que les veaux avec des PN élevés atteignent la puberté plus tardivement. Aucune corrélation génétique n'a été mise en évidence entre le CP et les autres caractères. Les corrélations environnementales entre caractères de croissance et CP sont négatives, montrant que les effets d'environnement améliorant la croissance des animaux permettent également de réduire l'âge à la puberté.

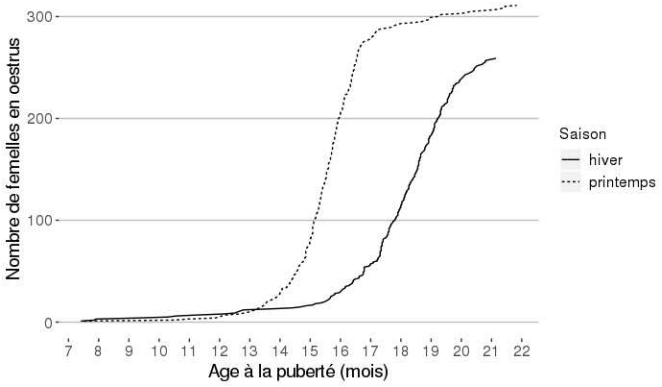


Figure 1 : Courbes cumulatives de l'apparition des chaleurs en fonction de la saison de naissance

CONCLUSION

Cette étude a mis en évidence que la précocité sexuelle des femelles charolaises est influencée à la fois par les conditions environnementales et par la génétique. Une sélection génétique pour la précocité sexuelle combinée à des conditions environnementales favorables peut aider à diminuer l'âge de la puberté et donc contribuer à réduire la vie improductive des femelles.

Meyer, K. 2007. Journal of Zhejiang University-Science B. 8, 815-821.
Mialon, M. *et al.* 1999. Annales de zootechnie 48 (6), 413-26.
Phocas, F., Sapa, J. 2004. Animal Science 79 (1): 41-48.

	CP	PN	GMQS	PS	GMQ18	P18
CP	**0,19 (0,08)**	0,37 (0,21)	-0,07 (0,30)	0,05 (0,32)	-0,13 (0,27)	-0,04 (0,25)
PN	-0,25 (0,14)	**0,55 (0,10)**	0,22 (0,19)	0,48 (0,16)	0,18 (0,18)	0,40 (0,14)
GMQS	-0,55 (0,07)	0,10 (0,16)	**0,26 (0,09)**	0,93 (0,03)	0,44 (0,21)	0,85 (0,07)
PS	-0,54 (0,07)	0,26 (0,15)	0,97 (0,01)	**0,24 (0,09)**	0,43 (0,22)	0,86 (0,07)
GMQ18	-0,25 (0,07)	0,09 (0,13)	0,03 (0,10)	0,03 (0,10)	**0,26 (0,08)**	0,82 (0,08)
P18	-0,55 (0,07)	0,29 (0,13)	0,75 (0,04)	0,75 (0,04)	0,65 (0,05)	**0,40 (0,10)**

Tableau 1. Paramètres génétiques estimés (héritabilités sur la diagonale en gras, corrélations génétiques au-dessus, écart-types d'erreur entre parenthèses, corrélations environnementales en-dessous).

PRESAGE : vers un observatoire des anomalies génétiques en petits ruminants
PRESAGE: towards an observatory of small ruminant genetic disorders

BUISSON D. (1), BOUFFARTIGUE B. (2), COUZY C. (1), MARTIN P. (3), CORBIERE F. (4), PALHIERE I. (5), RAOUL J. (1), MORENO C. (5), FABRE S. (5)
(1) Institut de l'élevage, 149 rue de Bercy, 75595 Paris Cedex 12
(2) Races de France, 149 rue de Bercy, 75595 Paris Cedex 12
(3) CAPGENES, Agropole, 2135 route de Chauvigny, 86550 Mignaloux-Beauvoir
(4) IHAP, Université de Toulouse, INRAE, ENVT, 31076 Toulouse
(5) GenPhySE, Université de Toulouse, INRAE, INPT, ENVT, 31326 Castanet-Tolosan

CONTEXTE DU PROJET

Ces dernières années, les trois filières de petits ruminants (PR) ont rapporté l'émergence d'un certain nombre d'anomalies pouvant être à l'origine de troubles du développement ou de maladies et avoir un impact direct sur la santé et le bien-être des animaux, voire conduire à leur mort. Dans un contexte de développement des outils génomiques et afin de répondre aux exigences de santé et bien-être animal, d'image de la filière et de résultats économiques de l'éleveur, les responsables professionnels des trois filières ont affirmé la nécessité et leur volonté de développer un observatoire des anomalies génétiques en PR. Le projet CASDAR PRESAGE (2021-2024) vise à préparer la création de cet observatoire afin de les détecter précocement, de systématiser leur déclaration, de découvrir les mutations causales, de les quantifier dans les populations de PR et de fournir des outils pour leur gestion.

1. OBJECTIFS ET DEROULEMENT DU PROJET

La réussite et la pérennité de l'observatoire des anomalies en PR nécessitent de réfléchir en amont à son organisation (structurelle, financière, pratique, …), de développer les outils nécessaires à son fonctionnement, et de bien communiquer auprès des différents acteurs. Pour répondre à ces enjeux, PRÉSAGE s'articule autour de 5 actions (figure 1) visant à :

- **Action 1** : assurer la coordination du projet, communiquer et sensibiliser les différents acteurs à travers la mise en place d'un site internet et de supports de communication ;
- **Action 2** : réfléchir avec les différents acteurs à l'organisation à mettre en place (périmètre, gouvernance, financements, acteurs, …) en vue de rédiger la charte de fonctionnement du futur observatoire ;
- **Action 3** : préparer les circuits de remontée des anomalies observées sur le terrain, avec notamment le développement d'une application mobile ;
- **Action 4** : proposer des protocoles de validation et d'analyse des anomalies génétiques en s'appuyant sur l'étude du déterminisme génétique des cas remontés, sur l'étude des réarrangements chromosomiques, et sur les travaux de génétique inverse ;
- **Action 5** : proposer des stratégies et des outils pour une gestion des anomalies adaptée aux différentes situations (nature de l'anomalie, prévalence, impact économique…).

Figure 1. Axes du projet

Ce projet associe Idele, INRAE, Races de France, les OS Mouton Vendéen, ROM-Sélection, UPRA Lacaune, CDEO et CAPGENES, ainsi que les UMT « Génétique pour un élevage durable des PR » et « Pilotage de la Santé des Ruminants ». L'Observatoire National des Anomalies Bovines (ONAB) et les Groupements Techniques Vétérinaires participent également aux réflexions menées.

2. PREMIERS RESULTATS ET SUITES ATTENDUES

Communication. Les anomalies étant un sujet sensible, des dessins ont été réalisés par le dessinateur Cled'12 pour faciliter la communication, et éviter d'utiliser des photos d'anomalies ou de mettre en lumière une race en particulier.

Organisation. Les anomalies référencées ou rencontrées sur le terrain ont été recensées et une synthèse de l'organisation des dispositifs existants (en bovins, équins, porcins, canins) a été réalisée. Ces travaux ont permis d'alimenter les réflexions des 1ers focus groupes qui ont abouti à l'identification des missions du futur observatoire PR. D'autres focus groupes sont prévus pour approfondir la réflexion et apporter les éléments nécessaires à la rédaction d'une charte.

Remontée des anomalies. La fiche de déclaration des anomalies mise en place par l'ONAB a été reprise et adaptée aux PR. Une application mobile reprenant ce questionnaire a été développée et va désormais être déployée pour une phase de test terrain par les différents partenaires.

Analyse génétique. Les travaux de génétique inverse en ovins laitiers ont permis d'identifier 13 zones du génome en lien soit avec de la mortalité embryonnaire ou du jeune animal, soit avec des défauts de cornage ou de couleur dans les races Lacaune ou Manech Tête Rousse (Ben Braiek *et al*, 2021, 2022b). Parmi ces zones, une mutation létale a été identifiée dans le gène *CCDC65* causant une anomalie respiratoire chez l'agneau (Ben Braiek *et al.,* 2022a). D'autres anomalies sont actuellement à l'étude dans les deux autres filières de PR.

Gestion. Suite à une première approche bibliographique, l'impact de différentes méthodes de gestion des anomalies appliquées à un schéma PR a été modélisé (Raoul *et al.*, 2022). Ces travaux vont être poursuivis en vue de proposer des stratégies de gestion adaptées aux objectifs des OS. En parallèle, on cherchera à intégrer la prise en compte des mutations dans une méthode de type « Optimal Contribution Selection » (utilisation optimisée des reproducteurs au regard du progrès génétique et de la diversité génétique).

Les contributions des auteurs à cette production ont bénéficié du soutien financier du Ministère de l'Agriculture et de l'Alimentation (CASDAR No.20ART1532777)

Ben Braiek *et al.*, 2021. Genetic Selection Evolution, 53(1):41
Ben Braiek *et al.*, 2022a. Genes (Basel), 13(1): 45
Ben Braiek *et al.*, 2022b. WCGALP 2022, Rotterdam
Raoul *et al.*, 2022. WCGALP, Rotterdam