



HAL
open science

La sélection dans l'espèce bovine et ses perspectives

Didier Boichard, Sophie Mattalia, Sebastien Fritz

► **To cite this version:**

Didier Boichard, Sophie Mattalia, Sebastien Fritz. La sélection dans l'espèce bovine et ses perspectives. Bulletin de l'Académie Vétérinaire de France, 2018, 170 (5), pp.215-221. hal-02617862

HAL Id: hal-02617862

<https://hal.inrae.fr/hal-02617862>

Submitted on 25 May 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial - NoDerivatives 4.0 International License

LA SÉLECTION DANS L'ESPÈCE BOVINE ET SES PERSPECTIVES

SELECTION OF CATTLE: SITUATION AND PERSPECTIVES

Par Didier BOICHARD⁽¹⁾, Sophie MATTALIA⁽²⁾, Sébastien FRITZ⁽³⁾
(Communication présentée le 6 Avril 2017,
Manuscrit accepté le 5 Février 2018)

RÉSUMÉ

Cet article présente la sélection bovine dans les deux filières bovines laitière allaitante qui ont chacune leurs particularités, en particulier la place de l'insémination animale ou le développement de la base de sélection, mais aussi des propriétés communes, pour la plupart issues de la Loi sur l'Élevage qui a défini l'organisation de la sélection. Progressivement, les objectifs de sélection ont évolué vers la prise en compte d'un nombre croissant de caractères et la diminution du poids de la productivité au profit des caractères fonctionnels. La Loi d'orientation agricole de 2006 et l'émergence de la sélection génomique à partir de 2009 ont profondément modifié l'organisation de la sélection avec l'abandon du testage sur descendance, la mise en place de populations de référence, la concentration des acteurs économiques, une mutualisation nationale moindre au profit d'initiatives d'entreprises mais aussi d'accords internationaux. Un nouveau changement majeur est attendu avec la mise en application en 2018 du Règlement Zootechnique Européen qui modifie le cadre organisationnel de la sélection.

Mots clés : sélection bovine ; sélection génomique ; objectif de sélection.

ABSTRACT

This paper presents an overview of selection in both dairy and beef cattle in France. Both branches have their own particularities such as the extent of insemination use or the level of performance recording development, but also common properties derived from the Breeding Law (1966) which defined the major management characteristics of cattle breeding in France. Gradually, breeding objectives have included an increasing number of traits and been reoriented from productivity to functional traits. The Agriculture Orientation Law in 2006 and the emergence of genomic selection in 2009 deeply modified the selection procedures with the end of progeny testing, the implementation of reference populations for accurate genomic prediction, but also larger companies, a lower national influence replaced by company driven strategies and some international initiatives. A new major change is expected with the application of the European Regulation on Animal Selection in 2018.

Keywords: cattle breeding; genomic selection; selection objective.

INTRODUCTION

Les populations bovines sont organisées en races qui sont des isolats génétiques. Si le croisement industriel (c'est-à-dire le croisement entre un taureau de race bouchère et une vache de race laitière ou rustique, afin d'accroître la valeur bouchère du produit) a pris une importance notable, le croisement continu

se développe lentement et reste encore très minoritaire (par exemple, en 2015, environ 1% des vaches laitières étaient croisées). La plupart des femelles reproductrices sont donc de race pure. Par ailleurs, la réglementation européenne impose que les taureaux de monte publique soient de race puce.

(1) UMR1313 Génétique Animale & Biologie Intégrative, INRA, AgroParisTech, Université Paris Saclay, 78350 Jouy-en-Josas.
E-mail : didier.boichard@inra.fr

(2) IDELE, 75595 Paris.

(3) ALLICE, 75595 Paris.

La sélection bovine est donc réalisée intra race. Cette situation n'est pas un hasard car elle résulte avant tout de la faible capacité reproductive des vaches. En effet, une sélection en race pure pour le croisement, comme elle est la règle chez le porc ou les volailles, implique la procréation d'un grand nombre de descendants aux étages de sélection et de multiplication pour alimenter les flux génétiques vers l'étage de production, ce qui est biologiquement impossible chez le bovin. Une possibilité réside dans le croisement rotatif qui commence à se développer, mais à un rythme lent, limité par des contraintes culturelles et organisationnelles (par exemple, le manque d'outils génétiques adaptés).

Même intra race, le nombre réduit de produits par vache limite considérablement les possibilités de sélection sur la voie mère-fille. Depuis longtemps, la sélection bovine repose sur le choix des taureaux, puisque le nombre de reproducteurs nécessaires pour couvrir les besoins de reproduction est bien inférieur au nombre de mâles disponibles.

Mais la sélection nécessite de connaître précisément le potentiel génétique des candidats à la reproduction. Or les taureaux sont restés longtemps génétiquement mal caractérisés, sauf pour les caractères héréditaires et mesurables sur eux-mêmes, principalement le standard et les caractères de morphologie (taille, musculation...).

Dans les années 1950, l'insémination animale avec semence congelée a constitué une véritable révolution en dissociant la production de l'utilisation de la semence dans le temps et l'espace et en permettant sa large diffusion. Ce potentiel de diffusion a nécessité de connaître précisément la valeur des taureaux : il n'était pas concevable de diffuser largement un reproducteur de valeur mal connue. Mais il a aussi apporté la solution, le testage sur descendance : une première utilisation, limitée, d'un taureau permet de caractériser son potentiel à partir des performances de ses produits ; ces résultats sont ensuite utilisés pour diffuser largement les meilleurs taureaux. Ce dispositif conceptuellement simple est particulièrement lourd à organiser : il nécessite une population large, la récolte de beaucoup d'informations (pedigree et performances), un temps long (5 ans environ en testage laitier) et beaucoup d'argent : le coût d'un taureau testé s'élève à environ 40 k€ ; en considérant que seuls 10% des taureaux testés sont diffusés après sélection, le coût de revient unitaire d'un taureau d'insémination est d'environ 400 k€, nécessitant une large diffusion pour être économiquement rentable. Il n'en demeure pas moins que cette méthode a été la règle pendant plus de 50 ans pour les bovins laitiers.

Pour mettre en place ce dispositif, l'État a promulgué la Loi sur l'Élevage en décembre 1966. Si cette loi ne concerne pas que les bovins, ils y occupent cependant une place centrale. Cette loi a organisé la sélection, mais aussi sa co-gestion et son financement par l'État et les professionnels. Elle a organisé l'activité par métiers (identification, certification de parenté, contrôle de performances, insémination, évaluation génétique...) et par monopoles géographiques (établissements de l'élevage, contrôle de performances, centres d'insémination) ou fonctionnels (calcul

des index, diffusion des index, orientation raciale). Elle a conçu un système centralisé avec une base de données nationale et une évaluation génétique par l'INRA. Cette mutualisation des outils a contribué, entre autres, au maintien d'une forte diversité raciale en France.

En 2006, la remise en cause des monopoles, source de contentieux récurrents, a débouché sur une nouvelle loi, la Loi d'Orientation Agricole. Cette loi a eu deux grandes conséquences : elle a réduit, voire supprimé, les monopoles territoriaux comme dans le cas de l'insémination, et a réduit le rôle de l'État, entérinant ainsi la baisse régulière des crédits affectés à ces missions. Cette loi a toutefois maintenu les rôles de l'INRA et de l'Institut de l'Élevage (IDELE) dans la gestion de la base nationale et l'évaluation génétique.

À partir de 2009, la sélection devient génomique pour les grandes races laitières et ce processus s'étend progressivement à un nombre croissant de races laitières et allaitantes. Cette évolution induit de profonds changements techniques mais aussi des changements structurels.

Noté le 6 juin 2016, le Règlement Zootechnique Européen (http://eur-lex.europa.eu/legal-content/FR/TXT/?uri=uriserv:OJ.L_.2016.171.01.0066.01.FRA) modifiera sensiblement l'organisation de la sélection en novembre 2018, date de sa mise en application.

Cet article présente une synthèse de la sélection bovine, son évolution et ses perspectives.

CONTEXTE DE LA SÉLECTION BOVINE

Rappel des filières

La production bovine rassemble deux filières sensiblement différentes, les bovins laitiers et les bovins allaitants. Les bovins laitiers se caractérisent par la prédominance de l'insémination animale comme mode de reproduction, un taux élevé de contrôle de performances en fermes conduisant à une base de sélection large, un testage sur descendance très efficace, un progrès génétique élevé (de l'ordre de 0,2 écart-type génétique par an sur l'objectif de sélection, soit un gain financier d'environ 15 à 20 € par animal et par an), mais en contrepartie une érosion assez rapide de la diversité (l'effectif génétique des races laitières est généralement proche de $N_e=50$, correspondant à une évolution de consanguinité de 1% par génération). Trois races principales rassemblent 96% des effectifs et l'évolution des 50 dernières années se caractérise par le développement majeur de la race Holstein et, dans une moindre mesure, de la Montbéliarde, au détriment de toutes les autres, y compris de la Normande en troisième position. Mais une douzaine d'autres races gardent une importance locale et la plupart sont soumises à des programmes de sélection. L'économie de la sélection est favorable, permettant de dégager des investissements en recherche-développement dans le domaine de la génétique.

De son côté, la filière des bovins allaitants est marquée par une prédominance de la monte naturelle comme mode de reproduction, l'insémination ne représentant que 5 à 20% selon les races. La base de sélection est relativement étroite, du fait du développement plus limité du contrôle de performances. La sélection des mâles se pratique pour partie dans des stations permettant la comparaison des taureaux dans des conditions comparables. Le progrès génétique est modéré, compte tenu de paramètres (intensité et précision de sélection) moins favorables. Trois races spécialisées (Charolaise, Limousine, Blonde d'Aquitaine) dominent le cheptel allaitant mais plusieurs autres races, dont certaines races rustiques, ont un impact régional important. La diversité génétique intra race est plus importante que chez les laitières, avec des effectifs génétiques variant de 100 à 300. Le coût de la sélection est élevé par rapport à l'économie de la filière, ce qui limite les investissements et constitue une menace récurrente sur la pérennité des outils.

Un outil pour la sélection : l'évaluation génétique (ou « indexation »)

L'évaluation génétique est l'estimation statistique de la valeur génétique d'un candidat reproducteur, à partir des phénotypes, des généalogies et des données du génome. Elle vise à distinguer la composante génétique des effets du milieu dans chaque performance. Elle prend en compte les performances propres du reproducteur et celles de tous ses apparentés pour construire l'index de sélection, les pondérations respectives étant définies de façon optimale en fonction du niveau d'apparentement entre individus et des paramètres génétiques (héritabilité, corrélations génétiques) pour maximiser la précision. Les méthodes ont beaucoup évolué avec les progrès de l'informatique, les statistiques, la génomique, et la sélection des ruminants a toujours été en pointe dans ces évolutions (Ducrocq, 1992). En effet, la base de sélection est répartie dans de nombreux troupeaux aux systèmes et niveaux de production très variés, répartis dans l'espace, et les données sur plusieurs générations couvrent des temps longs. À la fin des années 1980, la méthode dite BLUP Modèle Animal est devenue le modèle d'évaluation génétique de référence. BLUP signifie « Best Linear Unbiased Prediction » ou meilleur prédicteur linéaire non biaisé. L'expression Modèle Animal signifie que le modèle statistique décrit la performance d'un individu en fonction de sa valeur génétique propre (par opposition au modèle père qui attribue la performance des produits à leur père). Ce modèle permet de comparer les valeurs génétiques d'animaux placés dans des milieux très différents, de prendre en compte tous les apparentements et les accouplements non aléatoires, et de corriger les biais liés à la sélection. Le modèle génétique est de type polygénique, la ressemblance entre apparentés étant supposée proportionnelle à leur apparentement, lui-même déduit du pedigree supposé connu. Ce modèle a connu de nombreuses variantes dans la partie description des données, avec des modèles multicaux, à effets maternels (lorsque le caractère mesuré chez le produit dépend du potentiel génétique de la mère), non linéaires (par exemple un modèle de survie pour la longévité), à seuil (par exemple pour les conditions de mise

bas notées avec des classes), à variances hétérogènes (lorsque les conditions de milieu modifient non seulement les moyennes mais aussi la variabilité), à régression aléatoire (pour décrire des trajectoires au cours du temps), etc. Mais le modèle génétique sous-jacent est resté le même, du moins jusqu'à l'émergence de la sélection génomique : la valeur génétique d'un individu est supposée égale à la somme de trois termes : la moitié de la valeur du père, la moitié de la valeur de la mère, et un aléa de méiose, d'espérance nulle et de variance égale à la moitié de la variance génétique. C'est cet aléa de méiose qui explique la différence entre frères ou sœurs.

L'évaluation génétique analyse des données provenant de nombreux élevages. Elle repose donc sur une base de données, gérée en France par le Centre de Traitement de l'Information Génétique (CTIG, Jouy-en-Josas) de l'INRA et alimentée par des centaines d'organismes différents (Établissements de l'Élevage (EDE), contrôle de performances, centres d'insémination, organismes de sélection, laboratoires, etc). Cette base s'est beaucoup enrichie au cours du temps. D'abord limitée à la production et à la croissance ainsi qu'aux pedigrees, elle s'est diversifiée avec la composition du lait, la morphologie, la reproduction, les conditions de naissance, les mortalités, la longévité, la résistance aux mammites, le comportement, les qualités de carcasses en abattoir, etc. Concernant la génomique, elle contient également les typages réalisés sur les candidats reproducteurs pour plusieurs dizaines de milliers de marqueurs. On peut imaginer que cette base continuera à s'enrichir en fonction des besoins de la sélection, en particulier dans le domaine de la santé, l'impact environnemental ou la qualité des produits.

Les index de valeur génétique sont optimaux pour la sélection, c'est-à-dire pour maximiser la réponse à la sélection à la génération suivante, et c'est leur objectif premier. C'est aussi un outil essentiel de la gestion des accouplements. On peut également les utiliser pour gérer la carrière des animaux, par exemple pour le choix des réformes, mais dans ce cas, il convient de garder à l'esprit que ce n'est pas l'outil optimal. En effet, il existe des outils plus précis de prédiction de la suite de la carrière, donnant plus de poids aux performances propres et plus généralement à l'histoire vécue par chaque animal.

Au cours des années 2000, après le séquençage du génome du bovin, sont apparues les premières puces de génotypage SNP (Single Nucleotide Polymorphism). Les deux les plus utilisées sont les suivantes. La puce standard dite 50k, proposée fin 2007 par Illumina, contenait 54 000 marqueurs couvrant tout le génome. En 2012 est apparue une puce de moindre densité, dite Low Density, ou LD (Boichard *et al.*, 2012). Elle contenait initialement 6909 marqueurs mais la plupart des utilisateurs ont rajouté des marqueurs supplémentaires, option proposée par le fabricant. Cette puce a été de loin la plus utilisée, après le développement de technologies d'imputation, c'est-à-dire de reconstitution statistique d'un typage 50k. Ces typages permettent de mesurer l'apparentement vrai entre individus et pas seulement son espérance compte tenu du pedigree. Ils permettent aussi de déterminer les portions du génome identiques entre individus.

Cette information est incluse dans l'évaluation et remplace les parentés déduites du pedigree.

Évolution des objectifs de sélection

Les objectifs de sélection ont beaucoup évolué au cours du temps. Dans les années 1970, la sélection s'est focalisée sur les caractères de production, quantité de lait ou croissance selon les filières. La morphologie, un groupe de (nombreux) caractères très prisés des sélectionneurs, a été évaluée à partir des années 80. La composition du lait en matière grasse et protéique est apparue explicitement en 1990. Les années 90 ont été dédiées aux caractères fonctionnels, fertilité, résistance aux mammites, longévité, conditions de naissance et mortinatalité et, en 2001, l'index de synthèse a été remis à jour pour inclure ces caractères (Colleau & Regaldo, 2001). Les années 2000 ont vu le nombre d'index augmenter considérablement pour les bovins allaitants dans le cadre du système IBOVAL (pour Indexation des Bovins Allaitants), en distinguant les effets génétiques directs des effets génétiques maternels. En 2012, l'index de synthèse des bovins laitiers a de nouveau évolué pour donner plus de poids aux caractères fonctionnels, la production ne représentant plus qu'un tiers (**figure 1**). Cette évolution de l'objectif de sélection est logique et répond à plusieurs critères : au démarrage, la sélection devait être simple, peu coûteuse et cibler les caractères essentiels ; au cours du temps, elle s'est raffinée progressivement pour prendre en compte des besoins complémentaires, pour corriger des évolutions défavorables et pour tirer parti de données nouvelles ; elle évoluera encore en fonction des conditions économiques, sociétales et environnementales. Bien sûr, la prise en compte de nombreux caractères limite le progrès réalisable sur chacun, de sorte qu'il convient de bien les hiérarchiser et de limiter les pertes de charge dans le fonctionnement du programme de sélection. On verra plus loin que la sélection génomique, en offrant un progrès génétique potentiel plus élevé, permet de sélectionner sur plus de caractères sans sacrifier les précédents.

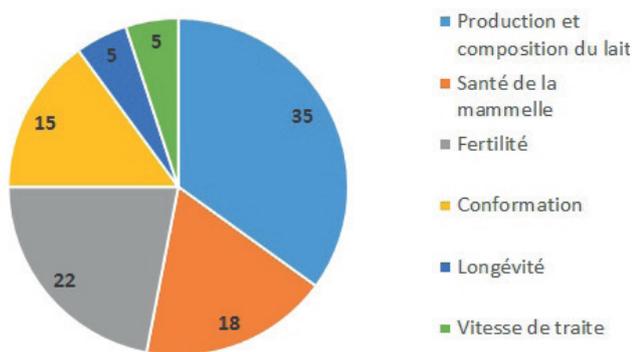


Figure 1 : Composition de l'objectif de sélection en race bovine Holstein depuis 2012.

Les évolutions génétiques

L'Institut de l'Élevage et l'INRA éditent chaque année les évolutions génétiques réalisées (Moureaux & Le Mezec, 2017 ;

Boulesteix *et al.*, 2017). Ces bilans disponibles en ligne sont particulièrement complets, en termes de races et de caractères, sur des durées longues.

Les évolutions génétiques ont été particulièrement notables pour les caractères de production (production laitière chez les races laitières, croissance dans les races allaitantes). Chez les races laitières, les caractères de conformation de la mamelle se sont également considérablement améliorés. Le format a augmenté (de l'ordre de +1 cm au sacrum par génération), du fait d'une sélection forte et supérieure à ce que son poids économique supposerait. En revanche, les caractères fonctionnels (fertilité, résistance aux mammites) se sont dégradés dans les années 80-90, avant de se stabiliser depuis une dizaine d'années et on note aujourd'hui une nette inversion de tendance, en particulier une remontée de la fertilité, du fait de l'évolution des objectifs de sélection (Moureaux & Le Mezec, 2017). Chez les allaitants, l'augmentation de croissance et de conformation s'est malheureusement accompagnée d'une dégradation des conditions de naissance (Boulesteix *et al.*, 2017)

L'ÉMERGENCE DE LA SÉLECTION GÉNOMIQUE

Principe

C'est une sélection fondée sur une estimation de la valeur génétique des candidats à partir de l'information de marqueurs denses couvrant tout le génome. Son principe est présenté en détail dans un article de Boichard (Boichard, 2013). Elle repose sur l'utilisation d'une population de référence, constituée d'individus avec phénotype et génotype. Le génotype est ici constitué de plusieurs dizaines de milliers de marqueurs génétiques couvrant tout le génome. Cette population de référence suffisamment large est utilisée pour estimer la valeur (statistique, pas biologique) des allèles de chaque marqueur. Ces valeurs sont ensuite appliquées à des candidats à la sélection eux-mêmes génotypés, mais sans phénotype. Leur estimation de valeur génétique est obtenue simplement en sommant, sur l'ensemble des marqueurs, les effets des allèles qu'ils portent.

Cette méthodologie présente de nombreux avantages, tout particulièrement chez le bovin : l'évaluation est précoce car elle ne nécessite pas la mesure du phénotype chez le candidat ou ses descendants, elle permet donc une réduction de l'intervalle de génération ; elle est relativement peu coûteuse par rapport au testage sur descendance, ce qui permet une intensité de sélection élevée grâce à un génotypage large ; elle est assez précise au moins dans les grandes populations disposant de populations de référence de grande taille. Ces avantages sont particulièrement marqués chez les bovins, puisque dans cette filière, la sélection génomique permet de doubler le progrès génétique, principalement par réduction de l'intervalle de génération, et sans induire de surcoût (Schaeffer, 2006). La **figure 2** illustre le gain de temps dans le cas de l'évaluation des taureaux. Cette situation, qui n'est pas transposable à toutes les espèces, explique le développement précoce et rapide de la sélection génomique bovine.

Sélection	Années	0	1,5	2,5	5	6
Avec testage sur descendance		Naissance du taureau	Mise en testage	Naissance des filles de testage	Evaluation sur testage, Sélection Diffusion	Naissance des produits
Génomique		Naissance, Génotypage, Evaluation	Diffusion	Naissance des produits		



Figure 2 : Illustration de la réduction de l'intervalle de génération apportée par la sélection génomique par rapport à une sélection fondée sur le testage sur descendance.

Chez les bovins, la sélection génomique est appliquée depuis 2009 à certaines races. Cette révolution a été permise par les premières puces de génotypage réellement adaptées, apparues en 2007. Ces puces permettent de déterminer le génotype à plusieurs dizaines de milliers de sites du génome. Le coût, initialement élevé, a progressivement diminué, au fur et à mesure de l'augmentation des volumes. En 2016, la sélection génomique était pratiquée sur douze races bovines (Abondance, Pie Rouge, Brune, Tarentaise, Simmental, Limousine, Charolaise, Montbéliarde, Normande, Holstein, Vosgienne, Blonde d'Aquitaine). En 2017, environ 200 000 animaux ont été génotypés en France et ce chiffre est en augmentation rapide et régulière. Il reste toutefois très en deçà du marché potentiel, si on considère les quelques 1,5 millions de nouvelles génisses laitières ou allaitantes gardées chaque année, ou les dizaines de milliers de taureaux de monte naturelle en races allaitantes.

Conséquences techniques

Les changements induits dans la réalisation et l'organisation de la sélection ont été considérables et sont loin d'être terminés. Bien entendu, la première conséquence est la fin du testage sur descendance. Les taureaux peuvent être sélectionnés dès leur évaluation peu après leur naissance et utilisés dès leur puberté, ce qui réduit considérablement l'intervalle de génération. Cela a fortement affecté l'activité des centres d'insémination qui ont supprimé le délai d'attente des résultats de testage (ou « lay-off ») et ont produit de la semence de taureaux beaucoup plus jeunes et juste pubères. Les éleveurs et inséminateurs ont dû apprendre à utiliser des taureaux moins connus, voire inconnus, en plus grand nombre, disponibles sur des périodes plus courtes, et faire confiance en la valeur de ces reproducteurs, prédite sans performance de descendants. Le plus grand nombre de reproducteurs et la disponibilité moindre de la semence rend aussi les plans d'accouplements plus complexes.

Une deuxième conséquence est relative à la diversité génétique. L'évolution de la diversité génétique résulte de mécanismes parfois contradictoires et il convient de faire des bilans réguliers pour mesurer *a posteriori* la pertinence des politiques conduites. Les reproducteurs ont un coût unitaire plus faible et sont utilisés en nombre plus élevé ce qui est un élément favorable à la diversité. L'évaluation génomique dépend moins de l'infor-

mation parentale que l'évaluation polygénique, de sorte qu'il est en théorie plus facile de détecter des individus originaux appartenant à l'élite, ce qui est un autre élément favorable. Mais le raccourcissement de l'intervalle de génération a un effet très défavorable sur l'évolution de la consanguinité (Colleau *et al.*, 2015). Il convient donc de compenser cet effet par le maintien d'un assez grand nombre de reproducteurs et de pères à taureaux.

Une troisième conséquence majeure est le génotypage des femelles. Pour la première fois, les vaches peuvent avoir des index aussi précis que les taureaux. Cela a d'abord permis un choix bien plus fiable des mères à taureaux. Mais rapidement après 2011, le génotypage s'est étendu à la sélection intra troupeau. En effet, en combinant sexage de la semence (qui se développe aussi très rapidement) et génotypage, on peut assurer le renouvellement avec la moitié supérieure du troupeau, elle-même précisément évaluée, et induire ainsi un progrès génétique supplémentaire important. De plus, l'objectif est défini par l'éleveur lui-même.

Une quatrième conséquence est la possibilité de sélectionner un caractère dès lors qu'une population de référence est constituée. Cette possibilité est d'autant plus pertinente que la sélection génomique bovine induit deux fois plus de progrès génétique potentiel et laisse donc de la place à de nouveaux caractères. On voit ainsi se développer de nombreuses initiatives pour créer ces populations, au minimum de quelques milliers à quelques dizaines de milliers d'animaux (Boichard & Brochard, 2012). Citons quelques exemples.

On peut valoriser des données existantes mais précédemment inutilisées pour la sélection : c'est le cas des données d'abattage pour les qualités bouchères, ou le carnet sanitaire pour les caractères de santé ; on peut également tirer plus d'information des données existantes, comme la persistance laitière mesurable à partir des contrôles mensuels successifs ou la mortalité chez le jeune, disponibles dans les bases de données mais naguère ignorées.

On peut aussi organiser et normaliser l'enregistrement de certaines activités de conduite du troupeau pour créer de nouveaux phénotypes. C'est le cas de l'activité de parage qui permet de constituer une base de données de pathologies des pattes.

L'utilisation de données haut débit : c'est le cas des spectres moyen infra rouge du lait qui permettent de prédire des caractères aussi variés que la composition en acides gras, protéines, minéraux du lait, l'aptitude fromagère, l'acétonémie, voire la production de méthane entérique. À l'avenir, on utilisera sans doute les mesures issues de capteurs ou de systèmes d'imagerie, par exemple pour la détection des œstrus, la mesure de la mobilisation corporelle ou la détection des boiteries.

Enfin, même si c'est un choix coûteux, on peut organiser un protocole de mesure et d'enregistrement spécifique, par exemple pour la mesure de l'ingestion alimentaire ou le statut pour la paratuberculose. C'est aussi le cas pour les anomalies génétiques avec l'Observatoire National des Anomalies Bovines (www.onab.fr).

En parallèle, il faut bien sûr génotyper ces animaux, mais cela est de moins en moins une contrainte avec le développement du génotypage des femelles par l'éleveur. Il faut aussi régulièrement rectifier les objectifs de sélection pour inclure les nouveaux caractères en fonction de leur importance économique.

Conséquences organisationnelles

La sélection génomique a entraîné de grands changements organisationnels. Alors que l'activité était organisée au niveau national, en particulier avec une base de données mutualisée et une évaluation génétique, on observe aujourd'hui le développement d'initiatives plus globales et d'autres plus locales.

En France, le changement réglementaire de 2006 et la sélection génomique ont provoqué une grande réorganisation. Le contexte plus concurrentiel a favorisé la concentration des acteurs (généralement par fusion). Ces nouvelles entreprises ont fait évoluer leurs activités et ont souvent développé leur propre Recherche & Développement, historiquement plutôt réduite. La façon la plus efficace et économe d'agrandir sa population de référence est de la partager avec des alliés. Ce constat a été à la base de la constitution de consortiums internationaux visant à mutualiser l'effort d'investissement. C'est ainsi que dès 2009 s'est constituée l'alliance EuroGenomics, mutualisant l'ensemble de la population de référence Holstein entre sept puis neuf pays européens. Intergenomics est un consortium équivalent pour la race Brune.

Alors que la mise en commun des données était historiquement la norme, elle n'est plus naturelle aujourd'hui en cas d'investissement pour obtenir des index pour des caractères nouveaux. On

observe donc actuellement un grand nombre d'initiatives visant autant à se différencier qu'à améliorer la sélection. Dans le même ordre d'idée, on observe des rapprochements stratégiques entre les opérateurs de sélection et ceux produisant des phénotypes, alors qu'ils étaient historiquement indépendants.

C'est dans ce contexte mouvant qu'a été voté le Règlement Zootechnique Européen, qui entrera en application en novembre 2018. Il est adapté à la situation actuelle d'une majorité de pays européens mais remet fortement en cause le système génétique français. Il prévoit la création d'Organismes de Sélection aux prérogatives renforcées incluant la tenue du livre généalogique, le contrôle de performances, l'évaluation génétique et la conduite du programme de sélection. Des discussions sont en cours pour organiser ce nouveau modèle sans perdre les avantages du système actuel, à la fois mutualisé et performant.

CONCLUSION

La sélection bovine vit des changements techniques et organisationnels importants. En parallèle, les connaissances scientifiques évoluent rapidement, en particulier dans le domaine de la génomique mais aussi de l'agriculture de précision et des données à haut débit. Les évolutions seront donc encore nombreuses et la sélection doit se mettre en ordre de marche pour intégrer et digérer ces changements. La sélection génomique se généralisera à toutes les populations. Les objectifs de sélection prendront en compte plus de caractères, en particulier de santé, et évolueront pour un élevage plus durable et plus agro-écologique, avec un moindre impact environnemental. Le croisement se développera d'autant plus facilement que des outils génétiques d'évaluation et d'accouplements seront disponibles.

Les travaux de recherche en cours déboucheront sur l'utilisation des informations sur les gènes et pas seulement de marqueurs génétiques comme aujourd'hui, ouvrant la porte à la prise en compte des interactions entre gènes. On saura aussi mieux prédire les interactions génotype x milieu, ce qui ouvrira la voie à une sélection personnalisée déjà engagée avec le développement du génotypage femelle qui a vocation à se généraliser. Les plans d'accouplement seront particulièrement sophistiqués pour intégrer de nombreux caractères, les anomalies génétiques, limiter la consanguinité et favoriser la complémentarité entre génomes.

BIBLIOGRAPHIE

- Boichard D. La sélection génomique : une opportunité pour l'amélioration de la santé des animaux d'élevage. Bull. Acad. Vét. France. 2013; 166: 25-31.
- Boichard D & Brochard M. New phenotypes for new breeding goals in dairy cattle. *Animal*. 2012; 6: 544-50.
- Boichard D, Chung H, Dassonneville R, David X, Eggen A, Fritz S, *et al.*. Design of a Bovine Low-Density SNP Array Optimized for Imputation. *Plos One*. 2012; 7(3): e34130. doi: 10.1371/journal.pone.0034130.
- Boulesteix P, Guerrier J, Venot E. Statistiques nationales raciales BGTA 2017. L'Institut de l'Élevage, ISSN 2017. 1773-4738 (Ref 00-17-202-010), 340p. Disponible sur <http://idele.fr/?eID=cmis_download&oID=workspace://SpacesStore/3e55c014-5c6e-405b-83fc-f3da3a9606f8>.
- Colleau JJ Fritz S, Guillaume F, Baur A, Dupassieux D, Boscher MY *et al.*. Simulation des potentialités de la sélection génomique chez les bovins laitiers. *INRA Prod Anim*. 2015; 28: 251-258.
- Colleau JJ & Regaldo D. Définition de l'objectif de sélection dans les races bovines laitières. In *Proceedings of 8èmes Rencontres Recherche Ruminants*, 329-332 ; 5-6 décembre 2001 ; Paris, France. Disponible sur <http://journées3r.fr/LMG/pdf/2001_genétique_02_colleau.pdf>.
- Ducrocq V. Les bases de la génétique quantitative : Du modèle génétique au modèle statistique. *INRA Prod Anim*. 1992; 5 (hors série): 75-81.
- Moureaux S & Le Mezec P. Bilan d'indexation des races bovines laitières : résultats de l'année 2016. 2017. L'Institut de l'Élevage, ISSN 1773-4738 (Ref 00-17-202-008), 143 p. Disponible sur <http://idele.fr/?eID=cmis_download&oID=workspace://SpacesStore/2bd5e3aa-6c0d-48eb-a2d1-c3b9033c184f>.
- Schaeffer LR. Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle. *J Anim Breed Genet*. 2006; 123: 218-223.