



The role of INRA in the French Holstein breeding programme.

Didier Boichard

► **To cite this version:**

Didier Boichard. The role of INRA in the French Holstein breeding programme.. 11th World Holstein Conference, 2004, Paris. hal-02759877

HAL Id: hal-02759877

<https://hal.inrae.fr/hal-02759877>

Submitted on 4 Jun 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.

THE ROLE OF INRA IN THE FRENCH HOLSTEIN BREEDING PROGRAMME

Didier BOICHARD

Institut National de la Recherche Agronomique
Animal Genetics Department, 78352 Jouy-en-Josas - France



Summary

After an overview of the different organizations involved in animal breeding in France at the local and national level, this paper presents the role of INRA, a governmental research organization. Since the French Breeding Law (1966), INRA is in charge of the national data base and of genetic evaluation. The recent implementation of the new information system (SIG) common to all organizations involved in cattle selection reinforced the role of central point for INRA's computer centre (CTIG) where all the information is received, stored and exchanged. CTIG is also a service provider for different customers, including the French Holstein association (PHF). The quantitative genetics laboratory is in charge of all genetic evaluations, for all species, breeds and traits, from statistical theory to software developments and routine computations. This activity is performed in close collaboration with Institut de l'Elevage, an organization in charge of the supervision of the whole design and of the distribution of breeding values. Because of its relationship with the breeders, INRA is also strongly involved in research applied to selection, e.g. in the definition of the breeding objectives. LABOGENA, a commercial company jointly owned by INRA and its main partners, is the major lab for parentage testing and is the French reference lab. Behind its quantitative genetics activity, INRA also works on molecular genetics. Several large QTL experiments have been carried out. Because of its broad activity, INRA is able to integrate different disciplines and collaborates with breeders for a rapid use of research results, as illustrated by the implementation of marker-assisted selection. For the next 5 years, a large-scale project (AGENAE) will associate the industry in the orientation and funding of the structural and functional genomics in livestock.

Animal breeding in France in the last 40 years: the role of the different organizations

Since 1966, genetic improvement of cattle, sheep, goat, and pig, has been organized according to the Breeding Law which defines the missions and the geographic areas of influence for the different organizations involved in animal breeding. Many organizations are involved in animal breeding and many of them also have non genetic activities.

Some organizations have a local or regional missions, like EDEs (Etablissements Départementaux de l'Elevage) in charge of identification and parentage information, milk recording agencies, or artificial insemination centres. The law introduced an important distinction between AI centres in charge of the services, and breeding companies in charge of bull selection and semen production. AI centres have a territorial monopoly and have to serve every farmer at a flat rate. In contrast, breeding companies are competing against each other. Eleven regional computer centres are in charge of farm data collection, their transmission to the national data base, and the data processing for local organizations.

Some other organizations are national. For each breed, an association, called 'Union pour la promotion de la race' (UPRA) is in charge of the usual roles of the herd books (pedigree certification, type recording and classification, promotion of the breed) but it is also a kind of breed "parliament" with representatives of the individual breeders as well as of the organizations involved in selection (e.g. semen production companies) and the users of genetic germplasm (e.g. cattle

traders, milk processing industry...). An important role of UPRA is the definition of the breeding goal of the breed. The UPRA for the French Holstein is Prim'Holstein France.

Two other organisations have a mission at the national level for all breeds, the INRA and the Institut de l'Élevage (IE). The role of INRA will be developed later on. The IE is in charge of the coordination of the whole structure, the respect of the rules and the supervision of the activity of all other organizations. In the past, this supervision involved mainly a posteriori verifications (milk recording supervision; milk analysis lab supervision, random animal samples for parentage testing...). More and more, IE is involved in data quality management and implementation of guidelines. IE is also strongly involved in the development of the national data base (Genetic Information System = SIG). This project is devoted to the development of a unified platform-free software shared by all organizations involved in dairy and beef cattle breeding. This effort started several years ago is scheduled to be completed by the end of 2004. IE is also in charge of the first delivery of breeding values. It is the French Interbull representative and is also in charge of the distribution of foreign breeding values in France.

All these organizations are members of the National Committee for Animal Breeding, a consultative committee of the Ministry of Agriculture.

The role of INRA in the maintenance of the national data base

INRA, the French Institute for Agricultural Research, is a large governmental organization depending from both Ministries of Research and Agriculture and deals with nearly all aspects related to agriculture, food science and safety, and environment. Its activities are distributed over 14 departments, including the Animal Genetics Department. This department gathers 450 people including 150 scientists working in quantitative and molecular genetics of farm species.

The Animal Genetics department of INRA is in charge of the national data base for animal breeding. Its computer centre, the 'Centre de Traitement de l'Information Génétique' (CTIG = Centre for genetic data processing) was created in 1970 in order to centralize this information and to guarantee its exhaustivity and homogeneity over time.

This data base was entirely renovated a few years ago and replaced by the SIG data base. With this system, a piece of data enters the data base at any regional point, is sent to CTIG which forwards it again to any other "subscriber" point within an hour. Data include: identification and related information (name, sex, breed...), birth, death, physical location, pedigree, foreign identifications, test-day, insemination and other reproduction events, weights (for beef and dual purpose breeds), parentage testing, and of course all breeding values... Pedigree information is generated based on available data in the data base. Type information is scheduled to be included next fall in the SIG data base. In this new system, CTIG plays the role of a central point, receiving, keeping, and exchanging all the information. It is also the only place where the information is complete over time and for all breeds. As an illustration, the data base presently includes about 100 million cattle, 75 million lactations, 360 million test-day (since 1987), 45 million inseminations (since 1994). With its long experience in large data files processing, CTIG also strongly contributed in the development and the implementation of SIG.

In addition to its general interest activities, CTIG is a service provider for different customers such as Prim Holstein France. For PHF, it runs the breed data base (to be merged with SIG next fall), plans the activity of classifiers, receives classification data, computes mating plans, and sends cow's and herd's summaries.

The role of INRA in genetic evaluation

The Animal Genetics Department, and particularly the Quantitative Genetics Unit (located at Jouy en Josas next to CTIG), is in charge of the genetic evaluation for all breeds and all traits. This has

been and still is the main motivation of CTIG's existence. This responsibility given to the AGD guarantees unbiased evaluations. Moreover, it allows a rapid integration of new research results and its cost is reasonable due to its application to all species, breeds, and traits.

Genetic evaluation has always been integrated in the research activity and INRA scientists develop theories, statistical models, computing algorithms up to genetic evaluation softwares (some of them, like the "Survival Kit" (Ducrocq and Sölkner, 1999) are available on the Web). Routine evaluations are performed as often as required, from once a year in horse or beef cattle, up to once a week in pig. In dairy cattle, official genetic evaluations are routinely computed for production, milk composition, somatic cell scores, female fertility, calving conditions, functional longevity, milking speed, temperament, and, of course, all type traits. Experimental or test evaluations are also periodically computed for stillbirth, persistency, calving to first insemination interval, and clinical mastitis. An original strategy is used to compute the total merit index of bulls and cows with little approximation, by analysing pre-corrected data (obtained from each separate evaluation) within a multiple-trait linear model (Ducrocq et al, 2000). This approach also provides a multiple trait evaluation for longevity, including information from early predictors such as type or cell counts.

INRA scientists periodically attended Interbull meeting and contributed until recently by proposals to improve or validate national evaluations (Boichard et al, 1995), in order to make inputs of international evaluations more reliable and homogeneous. More recently, in the framework of the Proteje project in collaboration with European colleagues (Canavesi et al, 2002), we proposed two methods suitable for international evaluation: 1) the use of pre-corrected data as input data for international evaluation, to make female evaluation possible while being easy to compute and keeping the benefit of the specificities of the national evaluations; 2) a reparameterization of the genetic parameters across countries, in order to make them easier to estimate (Delaunay et al, 2002).

In addition to official evaluations, non-official evaluations are performed either to prepare some evolutions (new traits, new methods...) or to fulfil some particular request. Since 1993, non-official breeding values are computed for AI bulls owners on a contract basis, in order to cull the poorest bulls and to produce semen from the best bulls in lay-off as early as possible.

Whereas INRA is in charge of the computations of the evaluations, IE is responsible for the data control, and for validation and distribution of EBVs. Because of their close missions, INRA and IE are used to work in close connection and, partly, in the same offices. Sire summaries at each release, annual statistics, and a "Cattle Evaluation Letter" are published jointly. Quarterly meetings are organized in order to communicate with breeding organizations.

This close relationship between breeders and INRA generates many collaborations. For instance, INRA scientists are periodically requested to bring technical solutions to the optimisation of breeding programmes (how to integrate biotechnologies, how to select while maintaining genetic variability in the long term, or how to define the breeding objectives (Colleau, this congress)).

LABOGENA, a company for parentage testing

Up to 1993, parentage testing was performed in an INRA lab with blood groups. Because of the tremendous increase in activity, a more flexible company was created in Jouy en Josas. LABOGENA shareholders are INRA and its main partners and customers in different species (particularly cattle, horse, and sheep). Although several labs are accredited for parentage testing, LABOGENA is the French reference lab, it performs the vast majority of the DNA tests and it centralizes the results in the SIG data base. After having used an efficient, fully automatized and very cheap blood group method on large quantities until 2001, LABOGENA moved to DNA microsatellites markers. Presently, it uses a high-quality set of 16 markers, including the 9 ISAG reference markers. About 45,000 cattle are genotyped each year for parentage testing.

In addition to parentage testing, LABOGENA has a large genotyping activity, either for identified genes or for marker-assisted selection.

The synergy between research and genetic improvement

The Animal Genetics Department gathers about 150 scientists in quantitative and molecular genetics of different species. On the one hand, it is in charge of the national data base and the genetic evaluation; on the other hand, it develops genome maps and conducts large QTL detection experiments. This situation provides a nice opportunity to integrate molecular information in selection programmes in collaboration with the breeders.

The first QTL experiment was funded by the AI industry. It was a large granddaughter design with 1554 bulls distributed in 14 sire families, evaluated for 25 traits and genotyped for 169 markers (Boichard et al, 2003). This design relied primarily on a DNA bank established in 1992 at INRA with the help of the AI industry. Today this bank includes more than 11,000 bulls. A second design is carried out on an experimental farm with 700 Holstein x Normande F2 cows, characterized for a number of original traits such as individual cheese production, fatty acid composition in milk, passive and active body mobilisation tests, electric conductivity of milk, or milking kinetics (Larroque et al, 2002). This experiment is planned to be completed in 2005. In both cases, the genotyping work was mainly done by LABOGENA.

In 1999, after the first QTL experiment was completed, two projects were started simultaneously. On the one hand, some research was undertaken to characterize some promising and original QTL for fertility (chromosome 7), mastitis resistance (chromosome 15), and production (chromosomes 7 and 26). On the other hand, marker-assisted selection was implemented at a very large scale. These two projects complement each other very well. MAS accounts for new information and improves gradually in accuracy. It also makes available many new families necessary for QTL fine mapping.

This MAS project has been described in details by Boichard et al (2002). Briefly, 12 chromosomal regions are traced by 43 microsatellite markers. 8,000 to 10,000 animals are genotyped each year by LABOGENA. Marker information is incorporated into a marker-assisted BLUP to predict breeding values returned to the customers. Started in 2000, this project is still limited to 8 French AI companies which accepted to invest and pay for the genotyping work of many non-candidates animals. The service will be opened to individual farmers on a commercial basis after the exclusivity period necessary to make the investment profitable.

AGENAE

This long history of collaboration between farm organizations and INRA led to the recent signature of AGENAE, a 5-year contract for the joint orientation and funding of the research on structural and more particularly on functional genomics in farm animals (cattle, pig, chicken, and trout). Industry representatives are not only breeders but also representatives of meat and milk branches, allowing for much larger funding. The goal of this ambitious project is to understand what genes are involved in the different functions and how they are (co-)regulated.

As a conclusion, INRA's goal is to provide the best service to the French breeders by using complete and reliable phenotypic data, by developing the most appropriate statistical tools, but also to find the genes responsible for the phenotypic variability and to integrate this information and up-to-date technologies in animal breeding programmes.

References

- BOICHARD D., BONAITI B., BARBAT A., MATTALIA S., 1995. Three methods to validate the estimation of genetic trend for dairy cattle. *J. Dairy Sci.*, **78**, 431-437.
- BOICHARD D., FRITZ S., ROSSIGNOL M.N., BOSCHER M.Y., MALAFOSSE A., COLLEAU J.J., 2002. Implementation of marker-assisted selection in French dairy cattle. 7th WCGALP, Montpellier, 19-23 août 2002, paper 22-03.
- BOICHARD D., GROHS C., BOURGEOIS F., CERQUEIRA F., FAUGERAS R., NEAU A., RUPP R., AMIGUES Y., BOSCHER M.Y., LEVEZIEL H., 2003. Detection of genes influencing economic traits in three French dairy cattle breeds. *Genet. Sel. Evol.* **35**, 77-102
- CANAVESI F., BOICHARD D., DUCROCQ V., GENGLER N., DE JONG G., LIU Z. 2002. An alternative procedure for international evaluations : production traits European joint evaluation (Proteje). 7th WCGALP, Montpellier, August 19-23 2002, paper 01-59.
- DELAUNAY I., DUCROCQ V., BOICHARD D., 2002. A structural model for the matrix of genetic correlations between countries in international evaluations. 7th WCGALP, Montpellier, August 19-23 2002, paper 01-14.
- DUCROCQ V. et al, 2001. Implementation of an approximate multitrait BLUP evaluation to combine production traits and functional traits in a total merit index. 52nd Ann. Meet. Eur. Assoc. Anim Prod, Budapest, August 26-30 2000, 14p
- DUCROCQ V., SOLKNER J., 1999. The survival kit – v3.1. <http://www-dga.jouy.inra.fr/sgqa/diffusions/survkit/logskitF.htm>
- GAUTIER M., BOICHARD D., EGGEN A., 2002. Fine mapping of a QTL affecting fertility to the telomeric end of bovine chromosome 7 and identification of the homeologous region of HSA5. 7th WCGALP, Montpellier, August 19-23 2002, paper 08-09.
- LARROQUE H., GALLARD Y., THAUNAT L., BOICHARD D., COLLEAU J.J., 2002. A crossbreeding experiment to detect quantitative trait loci in dairy cattle. 7th WCGALP, Montpellier, August 19-23 2002, paper 01-42.

LE ROLE DE L'INRA DANS LE PROGRAMME D'AMELIORATION GENETIQUE HOLSTEIN FRANÇAIS

Didier BOICHARD

Institut National de la Recherche Agronomique
Département de Génétique Animale, 78352 Jouy-en-Josas, France



Résumé

Après une description rapide des différents organismes impliqués en sélection en France, tant au niveau local qu'au niveau national, cet article présente le rôle de l'INRA qui est un institut de recherche d'état. Depuis la Loi sur l'Élevage (1966), l'INRA est en charge de la base nationale de données d'élevage et de l'évaluation génétique. La récente mise en place du nouveau système d'information génétique (SIG) commun à tous les organismes renforce le rôle de point central du centre de calcul de l'INRA (CTIG), point où toute l'information est stockée et échangée. Le CTIG fournit aussi des prestations informatiques à différents clients, dont Prim'Holstein France. La Station de Génétique quantitative et appliquée est en charge des évaluations génétiques pour toutes les races et caractères. Elle est impliquée dans toutes les étapes, des fondements statistiques théoriques jusqu'aux développements logiciels et aux calculs périodiques. Cette dernière activité est réalisée en étroite collaboration avec l'Institut de l'Élevage, en charge de la diffusion des index et plus généralement de la supervision de l'ensemble du dispositif génétique. Par ses relations nombreuses avec les sélectionneurs, l'INRA joue aussi un rôle important en recherche appliquée à la sélection, par exemple en aidant à la définition des objectifs de sélection. Une compagnie commerciale, LABOGENA, détenue conjointement par l'INRA et par ses principaux partenaires, réalise l'essentiel des contrôles de paternité en France et a le statut de laboratoire de référence. A côté de ses activités en génétique quantitative, l'INRA mène également d'importantes recherches en génétique moléculaire, avec plusieurs grands programmes de détection de QTL. Grâce à son large spectre d'activité, l'INRA peut intégrer les résultats de recherche de différentes disciplines et collaborer avec les sélectionneurs pour l'utilisation rapide des résultats comme par exemple en sélection assistée par marqueurs. Dans les 5 prochaines années, un vaste projet (AGENAE) associera la profession agricole française à l'orientation et au financement de la recherche en génomique structurale et fonctionnelle des espèces d'élevage.

Amélioration génétique en France dans les 40 dernières années : rôle des différents organismes.

Depuis 1966, l'amélioration génétique des bovins, ovins, caprins et porcins est régie par la Loi sur l'Élevage qui définit les missions et les régions géographiques des différents organismes impliqués. Ces organismes sont nombreux et ont des activités variées souvent non génétiques.

Certains organismes ont des missions locales ou régionales comme les EDE (Etablissements Départementaux de l'Élevage) en charge de l'identification, l'état civil et du contrôle laitier (généralement délégué à un syndicat), ou les centres de mise en place des inséminations. La loi introduit une distinction importante entre les centres de mise en place et les centres de production de semence. Les centres de mise en place ont un monopole territorial et doivent en contrepartie assurer le service à tous les éleveurs qui le demandent. Au contraire, les centres de production de semence sont en situation de concurrence. Onze centres régionaux informatiques sont en charge de la collecte des données d'élevage, de leur transmission à la base nationale, et de leur traitement pour les organismes locaux et régionaux.

D'autres organismes sont nationaux. Pour chaque race, l'UPRA ('Unité nationale de sélection et de promotion de la race') est en charge des activités des livres généalogiques (certification raciale,

contrôle de morphologie, qualification des reproducteurs, promotion de la race) mais il est aussi une sorte de parlement de la race, avec trois collèges représentant les éleveurs sélectionneurs, les organismes de sélection, et les utilisateurs de la sélection. Un rôle important de l'UPRA est de définir l'objectif de sélection de la race. L'UPRA pour la race Holstein est Prim'Holstein France.

Deux autres organismes ont une mission nationale pour l'ensemble des races, l'INRA et l'Institut de l'Élevage (IE). Le rôle de l'INRA sera présenté plus loin. L'IE est responsable de la coordination de l'ensemble du dispositif génétique, du respect des réglementations et de la supervision de l'activité des autres organismes. Dans le passé, les supervisions impliquaient surtout des vérifications a posteriori (supervision du contrôle laitier, des laboratoires d'analyse, contrôle du taux d'erreur de filiation...). De plus en plus, l'IE est impliqué dans le management de la qualité des données et la mise en place de guides de référence. L'IE est aussi fortement impliqué dans le développement de la base de données nationale (Système d'information génétique ou SIG). Ce projet vise au développement d'une base unifiée indépendante des plates formes et partagée par tous les organismes impliqués dans la génétique des bovins laitiers et à viande. Cet effort a démarré il y a plusieurs années et doit être terminé fin 2004. L'IE est aussi responsable de la diffusion des index de valeur génétique. Il est le représentant français à Interbull et il est responsable de la diffusion des index étrangers.

Tous ces organismes sont membres de la Commission Nationale d'Amélioration Génétique (CNAG), un comité consultative du Ministère de l'Agriculture.

Le rôle de l'INRA pour la base nationale de données d'élevage

L'INRA, ou Institut National de la Recherche Agronomique, est un organisme de recherche d'état dépendant des Ministères de la Recherche et de l'Agriculture. Ses activités touchent pratiquement tous les domaines de l'agriculture, l'alimentation et l'environnement et sont réparties dans 14 départements dont celui de Génétique Animale. Ce département regroupe 450 personnes dont 150 scientifiques travaillant en génétique quantitative ou moléculaire des espèces d'élevage.

Le Département de Génétique Animale est en charge de la base de données nationale pour les animaux d'élevage. Son centre informatique, le 'Centre de Traitement de l'Information Génétique' (CTIG) a été créé en 1970 pour centraliser cette information et garantir son exhaustivité et son homogénéité.

Cette base de données a été entièrement rénovée il y a quelques années et remplacée par la base SIG. Avec le SIG, une donnée rentrant dans le système en un point donné est envoyé au CTIG qui le transmet immédiatement à tous ses abonnés. Les données concernées sont relatives à l'identification et l'information apparentée (nom, sexe, race...), la naissance et ses conditions, la situation physique, la généalogie, les identifications étrangères, le contrôle laitier, les inséminations et autres événements de reproduction, les pesées (pour les races à viande ou mixtes), le contrôle de filiation, et bien sûr les index. L'information morphologique doit entrer dans le SIG à l'automne 2004. Dans ce système SIG, le CTIG joue le rôle de point focal qui reçoit, stocke et échange toutes les informations. C'est aussi le seul endroit où l'information est complète dans le temps et pour toutes les races. A titre d'illustration, la base de données comprend environ 100 millions de bovins, 75 millions de lactations, 360 millions de contrôles laitiers (depuis 1987), 45 millions d'inséminations (depuis 1994). Avec sa longue expérience dans la gestion de gros fichiers, le CTIG a aussi largement contribué au développement et à la mise en place du SIG.

En plus de ses activités d'intérêt général, le CTIG est aussi un fournisseur de prestations informatiques à différents clients, et en particulier Prim'Holstein France. Pour PHF, il maintient la base de données (qui sera intégrée au SIG à l'automne 2004), il planifie les tournées morphologiques, il stocke les données reçues, calcule les plans d'accouplements et envoie les bilans génétiques et les fiches individuelles vaches.

Le rôle de l'INRA en évaluation génétique

Le Département de Génétique Animale, et en particulier la Station de Génétique Quantitative et Appliquée (située à Jouy en Josas, à côté du CTIG) est responsable de l'évaluation génétique pour toutes les races et tous les caractères. C'est ce qui a justifié et justifie encore l'existence du CTIG. Cette mission du département garantit des évaluations impartiales. De plus, elle permet une intégration rapide des résultats de la recherche et son coût reste raisonnable car amorti sur les différentes espèces, races et caractères.

L'évaluation génétique a toujours été intégrée à l'activité de recherche et les scientifiques de l'INRA développent à la fois les aspects théoriques, les modèles statistiques, les algorithmes de calcul jusqu'aux logiciels d'évaluation (certains d'entre eux, comme le Kit de Survie (Ducrocq et Sölkner, 1999) sont disponibles sur le Web). Les évaluations périodiques sont réalisées selon un rythme variable, d'une fois par an pour les chevaux à une fois par semaine pour le porc. En vache laitière, les évaluations officielles sont calculées pour la production, la composition du lait, les comptages de cellules somatiques, la fertilité femelle, les conditions de naissance et de mise bas, la longévité fonctionnelle, la vitesse de traite, le tempérament, et bien sûr pour tous les caractères de morphologie. Des évaluations expérimentales ou en test sont aussi réalisées périodiquement pour la mortalité, la persistance, l'intervalle vêlage 1^{ère} insémination, ou les mammites cliniques. Une stratégie originale est utilisée pour calculer l'index de synthèse des vaches et des taureaux en analysant des données précorrignées (obtenues séparément de chacune de évaluations) avec un modèle multicaractère (Ducrocq et al, 2000). Cette approche fournit aussi une évaluation multicaractère de la longévité incluant l'information des prédictors précoces comme la morphologie ou les comptages cellulaires.

Les scientifiques de l'INRA assistent aux réunions Interbull et ont principalement contribué dans le passé par des propositions pour améliorer ou valider les évaluations nationales (Boichard et al, 1995), en vue de rendre les évaluations internationales plus fiables. Plus récemment, dans le cadre du projet Proteje en collaboration avec des équipes européennes (Canavesi et al, 2002), nous avons proposé deux méthodes pour l'évaluation internationale: 1) l'utilisation de données précorrignées comme variable d'entrée pour l'évaluation internationale, pour rendre possible et relativement facile l'évaluation des femelles tout en conservant le bénéfice des spécificités des évaluations nationales ; 2) une reparamétrisation des paramètres génétiques entre pays, pour les rendre plus faciles à estimer (Delaunay et al, 2002).

Au-delà des évaluations officielles, différentes évaluations non officielles sont réalisées, pour préparer des évolutions (nouveaux caractères, nouvelles méthodes) ou pour couvrir certains besoins. Ainsi, depuis 1993, des valeurs génétiques non officielles sont calculées pour les centres de production de semence sur une base contractuelle, à des fins de gestion optimale de taurellerie.

Alors que l'INRA est en charge du calcul des évaluations, l'IE est responsable du contrôle de la qualité des données et de la validation et la diffusion des index. Ces missions étant très interdépendantes, l'INRA et l'IE travaillent en étroite collaboration et, parfois, dans les mêmes locaux. Les index des taureaux, les bilans d'indexation, la 'Lettre d'indexation bovine' sont publiés conjointement. Des réunions trimestrielles sont organisées pour rencontrer les organismes de sélection.

La relation étroite construite avec les sélectionneurs induit de nombreuses collaborations. Par exemple, les scientifiques de l'INRA reçoivent des demandes régulières de solutions pour l'optimisation des programmes de sélection (comment intégrer les biotechnologies, comment maintenir la variabilité génétique sur le long terme, ou comment définir l'objectif de sélection (Colleau et al, ce congrès)).

LABOGENA, une compagnie pour les tests génétiques

Jusqu'en 1993, le contrôle de filiation était réalisé dans un laboratoire INRA à l'aide de groupes sanguins. Du fait de l'augmentation très importante de l'activité, une structure plus souple a été créée à Jouy en Josas. Les actionnaires de LABOGENA sont l'INRA d'une part, les principaux clients et partenaires dans les différentes espèces d'autre part (en particulier bovins, chevaux, ovins). Alors que plusieurs laboratoires sont accrédités pour le contrôle de filiation, LABOGENA est le laboratoire français de référence, il réalise la grande majorité des tests ADN et il centralise les résultats dans la base SIG. Après avoir longtemps utilisé les groupes sanguins à l'aide d'une méthodologie très efficace et peu chère adaptée aux gros volumes, LABOGENA est passé aux marqueurs microsatellites en 2001. Aujourd'hui, il utilise un jeu de haute qualité, comprenant 16 marqueurs dont les 9 du panel ISAG de référence. Environ 45 000 bovins sont analysés chaque année pour le contrôle de filiation.

Au-delà du contrôle de filiation, LABOGENA a une importante activité de génotypage, soit pour des gènes identifiés, soit pour les programmes de sélection assistée par marqueurs.

Synergie entre recherche et amélioration génétique

Le Département de Génétique Animale regroupe environ 150 scientifiques en génétique quantitative et moléculaire de différentes espèces d'élevage. D'une part, il a en charge la base de données nationale et l'évaluation génétique des reproducteurs, d'autre part il conduit des recherches sur l'analyse des génomes et conduit des programmes de détection de QTL. Cette situation fournit une excellente opportunité d'intégrer l'information moléculaire dans les programmes de sélection, en collaboration avec les sélectionneurs.

Le premier dispositif INRA de détection de QTL a été financé par la profession de l'insémination. C'était un grand protocole dit 'petites-filles' avec 1554 taureaux répartis dans 14 familles, évalués pour 25 caractères et génotypés pour 169 marqueurs (Boichard et al, 2003). Ce protocole reposait sur une banque d'ADN mise en place dès 1992 à l'INRA avec l'aide des centres d'insémination. Aujourd'hui cette banque comprend plus de 11 000 taureaux. Un second dispositif est en cours à la ferme expérimentale du Pin au Haras. Il comprend 700 vaches croisées F2 Holstein x Normande, caractérisées pour un grand nombre de caractères souvent originaux comme l'aptitude fromagère individuelle, la composition en acides gras du lait, des tests actifs et passifs de mobilisation corporelle, la conductibilité électrique du lait, ou les cinétiques de traite (Larroque et al, 2002). Cette expérimentation se terminera en 2005. Dans les deux cas, le travail de génotypage est réalisé en grande partie à LABOGENA.

En 1999, après la fin du premier protocole QTL, deux projets ont été engagés simultanément. D'une part, plusieurs QTL intéressants et originaux, affectant la fertilité (chromosome 7), la résistance aux mammites (chromosome 15) et la production (chromosomes 7 et 26) ont fait l'objet d'une cartographie fine. D'autre part, un vaste programme de sélection assistée par marqueurs (SAM) a été mis en place. Ces deux projets se complètent très bien : en effet, la SAM intègre les résultats nouveaux et gagne progressivement en précision ; par ailleurs elle fournit beaucoup d'information nouvelle au programme de cartographie fine.

Ce programme de SAM est décrit en détail par Boichard et al (2002). Brièvement, 12 régions chromosomiques sont suivies par 43 marqueurs microsatellites. 8 000 à 10 000 animaux sont génotypés chaque année par LABOGENA. L'information marqueur est intégrée dans l'évaluation BLUP assistée par marqueurs pour prédire les valeurs génétiques fournies aux clients. Démarré en 2000, ce projet est réservé aux 8 centres de production de semence français qui ont accepté d'investir dans le génotypage massif d'animaux non candidats. Ce service sera ouvert aux éleveurs individuels sur une base commerciale après une période d'exclusivité nécessaire pour rentabiliser l'investissement.

AGENAE

Cette longue collaboration entre les organisations agricoles et l'INRA a conduit à la signature récente d'AGENAE, un contrat sur 5 ans pour l'orientation conjointe et le financement d'une recherche sur la génomique structurale et fonctionnelle dans quatre espèces d'élevage (bovin, porc, poule et truite). Les partenaires ne sont pas seulement les sélectionneurs mais aussi les représentants des filières viande et lait, ce qui permet un niveau de financement élevé. Le but de cet ambitieux projet est de comprendre quels gènes sont impliqués dans les différentes fonctions et comment ils sont (co-)régulés.

En conclusion, le but de l'INRA est de fournir le meilleur service aux sélectionneurs français en utilisant les données phénotypiques exhaustives et fiables, en développant les outils statistiques les plus appropriés, mais aussi en identifiant les gènes responsables de la variabilité phénotypique et d'intégrer cette information et les technologies les plus modernes dans les programmes d'amélioration génétique des animaux.

Références

- BOICHARD D., BONAÏTI B., BARBAT A., MATTALIA S., 1995. Three methods to validate the estimation of genetic trend for dairy cattle. *J. Dairy Sci.*, **78**, 431-437.
- BOICHARD D., FRITZ S., ROSSIGNOL M.N., BOSCHER M.Y., MALAFOSSE A., COLLEAU J.J., 2002. Implementation of marker-assisted selection in French dairy cattle. 7th WCGALP, Montpellier, 19-23 août 2002, paper 22-03.
- BOICHARD D., GROHS C., BOURGEOIS F., CERQUEIRA F., FAUGERAS R., NEAU A., RUPP R., AMIGUES Y., BOSCHER M.Y., LEVEZIEL H., 2003. Detection of genes influencing economic traits in three French dairy cattle breeds. *Genet. Sel. Evol.* **35**, 77-102
- CANAVESI F., BOICHARD D., DUCROCQ V., GENGLER N., DE JONG G., LIU Z. 2002. An alternative procedure for international evaluations : production traits European joint evaluation (Proteje). 7th WCGALP, Montpellier, August 19-23 2002, paper 01-59.
- DELAUNAY I., DUCROCQ V., BOICHARD D., 2002. A structural model for the matrix of genetic correlations between countries in international evaluations. 7th WCGALP, Montpellier, August 19-23 2002, paper 01-14.
- DUCROCQ V. et al, 2001. Implementation of an approximate multitrait BLUP evaluation to combine production traits and functional traits in a total merit index. 52nd Ann. Meet. Eur. Assoc. Anim Prod, Budapest, August 26-30 2000, 14p
- DUCROCQ V., SOLKNER J., 1999. The survival kit – v3.1. <http://www-dga.jouy.inra.fr/sgqa/diffusions/survkit/logskitF.htm>
- GAUTIER M., BOICHARD D., EGGEN A., 2002. Fine mapping of a QTL affecting fertility to the telomeric end of bovine chromosome 7 and identification of the homeologous region of HSA5. 7th WCGALP, Montpellier, August 19-23 2002, paper 08-09.
- LARROQUE H., GALLARD Y., THAUNAT L., BOICHARD D., COLLEAU J.J., 2002. A crossbreeding experiment to detect quantitative trait loci in dairy cattle. 7th WCGALP, Montpellier, August 19-23 2002, paper 01-42.