



HAL
open science

Plans d'accouplements sur la base d'informations génomiques : mieux conseiller les éleveurs en utilisant mieux toute l'information disponible

Marie Bérodiér, Mickaël Brochard, Didier Boichard, Stephanie Minery,
Vincent Ducrocq

► To cite this version:

Marie Bérodiér, Mickaël Brochard, Didier Boichard, Stephanie Minery, Vincent Ducrocq. Plans d'accouplements sur la base d'informations génomiques : mieux conseiller les éleveurs en utilisant mieux toute l'information disponible. 25èmes Rencontre Recherche Ruminants, Dec 2020, Paris, France. hal-03058008

HAL Id: hal-03058008

<https://hal.inrae.fr/hal-03058008v1>

Submitted on 11 Dec 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.

Plans d'accouplements sur la base d'informations génomiques : mieux conseiller les éleveurs en utilisant mieux toute l'information disponible

BERODIER M. (1,2), BROCHARD M. (1,3), BOICHARD D. (2), MINERY S. (4), DUCROCQ V. (2).

(1) MO3 sas, 259 route des Soudanières, 01250 Ceyzériat, France

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

(3) UMOEST, 259 route des Soudanières, 01250 Ceyzériat, France

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

RESUME

Entre 2012 et 2019, le nombre de femelles Montbéliardes nouvellement génotypées chaque année est passé de 7 280 à 62 453. Les informations issues de leur génotypage permettent aux éleveurs de connaître leurs index génomiques mais aussi leur statut de porteur potentiel d'anomalie génétique ou de gène majeur ségrégeant dans la race. Ces informations, combinées à l'apparentement génomique, peuvent être utilisées lors de la planification des accouplements dans le but de maximiser le gain espéré pour l'élevage à travers la descendance femelle. Nous avons comparé 5 méthodes différentes de planification des accouplements pour leur capacité à maximiser le niveau génétique attendu de la descendance tout en limitant l'apparentement des couples ainsi que la probabilité de concevoir un embryon atteint d'une anomalie génétique. L'utilisation des informations génomiques conduit à un meilleur retour économique (+11%) à l'éleveur par rapport à l'utilisation des informations pedigree. La stratégie optimisant les accouplements uniquement sur le niveau génétique attendu de la descendance a donné le meilleur résultat sur ce seul critère mais au prix d'une mauvaise gestion de l'apparentement et d'une probabilité plus élevée de concevoir des embryons atteints d'anomalies génétiques. En effet, ces deux derniers critères augmentent respectivement de 5,0% à 7,1% et de 0,15% à 0,58% entre la méthode optimisant une combinaison de l'ensemble de l'information et la méthode optimisant le niveau génétique seul. La méthode de planification des accouplements utilisant l'ensemble des informations génomiques a été adaptée et appliquée afin d'être déployée au travers des outils de planification des accouplements des coopératives adhérentes d'Umoest. En particulier, un module de calcul de parentés génomiques a été mis en place (service GenEval) ainsi qu'un module de calcul de probabilité des génotypes aux différents gènes d'intérêt pour les descendants de l'ensemble des couples et enfin une intégration de ces différentes informations selon une combinaison linéaire proportionnellement à leurs poids économiques associés.

Mating plans based on genomic information: better recommendations for breeders through a better use of all available information

BERODIER M. (1,2), BROCHARD M. (1,3), BOICHARD D. (2), MINERY S. (4), DUCROCQ V. (2).

(1) MO3 sas, 259 route des Soudanières, 01250 Ceyzériat, France

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

SUMMARY

The number of newly genotyped Montbéliarde females each year increased from 7'280 in 2012 to 62'453 in 2019. Thanks to this information, farmers can have access to the genomic breeding values of their genotyped females and to their carrier status regarding genetic defects or major genes segregating in the breed population. This information, combined with genomic coancestry, can be used to plan the matings in order to maximise the expected on farm profit of future female offspring. Five mate allocation methods were tested for their capacity to maximise the female offspring expected overall genetic merit while limiting the expected inbreeding of the progeny and the probability to conceive an embryo affected by a genetic defect. The use of genomic information led to an economic outcome higher by 11% per mated female when compared to the use of pedigree information. The best results for expected genetic merit of the offspring were obtained with the method optimising the allocation based on expected genetic merit only. However, this method led to a poor management of the expected inbreeding in the offspring and to a poor probability to conceive an embryo affected by a genetic defect. Both these criteria increased from 5.0% to 7.1% and from 0.15% to 0.58% respectively when compared to the method optimising based on complete genomic information available. These mate allocation methods using complete genomic information available were adapted to be incorporated to the mate allocation tools used by Umoest AI companies. In particular, a genomic coancestry calculation procedure (GenEval service), a routine calculation of the genotype status probability of the major genes and genetic defects for all potential couples offspring and a procedure to include this information as a linear combination proportionally to their economic weight were set up.

INTRODUCTION ET CONTEXTE

Dans un élevage bovin laitier, toutes les femelles du troupeau ne sont pas en chaleur le même jour. Afin d'améliorer le niveau génétique des femelles du troupeau de génération en génération pour des caractères d'intérêt pour l'éleveur, il est important de planifier les accouplements des femelles du troupeau avant le jour de l'insémination. Cette étape de planification est généralement réalisée une à deux fois par an

et elle permet d'optimiser les accouplements des femelles à inséminer sur la période à venir, à l'échelle du troupeau et en tenant compte des contraintes logistiques (par exemple, un nombre limité de paillettes d'insémination produites par taureau) et spécifiques de l'élevage (choix de l'éleveur). Afin de réaliser cette planification des accouplements, l'éleveur s'appuie sur les conseils de techniciens et leurs outils d'aide au choix des couples.

Les logiciels de planification des accouplements actuellement utilisés en race Montbéliarde permettent d'optimiser le niveau génétique attendu de la descendance en fonction de celui des parents disponibles c'est-à-dire des mâles du catalogue et des femelles du troupeau. Ces outils s'interdisent en général d'apparier deux animaux dont l'apparentement calculé sur la base des informations de généalogie est supérieur à un seuil variant de 6,5% à 7% selon les zones. De la même façon, afin de limiter les risques de concevoir un embryon atteint d'une maladie génétique, les accouplements entre deux animaux porteurs d'une même anomalie génétique sont généralement exclus. Depuis 2011, le génotypage des femelles de race Montbéliarde est disponible dans les troupeaux commerciaux français (Boichard *et al.*, 2012) et son utilisation annuelle à la demande des éleveurs a fortement augmenté, passant de 7 280 femelles nouvellement génotypées en 2012 à 62 453 en 2019. En 2019-2020, parmi les femelles potentiellement accouplées, 22% disposent d'un résultat de génotypage. Grâce aux informations issues du génotypage, les éleveurs ont accès aux index génomiques de leurs femelles, beaucoup plus précis que la moyenne des index parentaux (seule information disponible avant l'expression de performances). Le génotypage permet également de connaître le statut, porteur ou non, des animaux vis-à-vis des anomalies génétiques et des gènes majeurs ségrégant dans la population. Ces informations, combinées à l'apparentement génomique, peuvent être utilisées lors de la planification des accouplements dans le but de maximiser le gain espéré pour l'élevage à travers la descendance femelle. Dans notre étude, nous avons testé différentes méthodes de planification des accouplements, utilisant ou non l'ensemble des informations génomiques à disposition, pour leur capacité à maximiser le niveau génétique de la descendance tout en limitant sa consanguinité attendue ainsi que la probabilité de concevoir un embryon atteint d'une anomalie génétique. Nous présentons également les applications en élevage qui ont découlé de ces travaux.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. UTILISATION DE DONNEES REELLES

1.1.1. La population d'étude

Les 9 143 femelles génotypées retenues pour tester les différentes méthodes de planification des accouplements appartenaient à 160 troupeaux ayant plus de 20 femelles Montbéliardes à accoupler en septembre 2018 et dont au moins 80% des femelles à accoupler étaient génotypées. Pour les cheptels sélectionnés, nous connaissions également le type de semence choisi par l'éleveur pour chaque femelle de son troupeau et seules celles devant être inséminées en race pure ont été conservées dans l'étude car c'est leur descendance qui forme les femelles de renouvellement. Les mâles considérés étaient les 54 taureaux du catalogue Umotest disponibles à l'accouplement en septembre 2018 (tableau 1).

	Jeunes	Vieux
Semence sexée	15	2
Semence conventionnelle	33	9

Tableau 1 Nombre de taureaux disponibles pour chaque catégorie et chaque type de semence. (3 jeunes et 2 vieux taureaux étaient disponibles pour les deux types de semence). Pour les jeunes taureaux, l'estimation de leur niveau génétique était calculée uniquement sur la base des informations issues de leur génotypage alors que pour les vieux taureaux, les performances de leurs filles étaient également prises en compte.

Pour l'ensemble des mâles et des femelles de l'étude, l'index de synthèse unique (ISU) officiel, calculé sur la base des informations génomiques, était connu. Cet index représente

le niveau génétique additif de chaque individu pour l'objectif de sélection moyen d'un éleveur de vaches Montbéliarde (GenEval, 2020). Il est centré sur 100 avec un écart-type de 20. Dans la méthode de planification utilisant les informations pedigree, l'index ISU des femelles étaient soit leur index polygénique (calculé sur la base de leurs performances propres et celles de leurs apparentés), soit, à défaut, leur index sur ascendance (calculé comme la moyenne des index ISU de leurs parents).

Notons que les 160 troupeaux étudiés avaient chacun au moins une femelle à accoupler en race pure atteinte d'une des trois anomalies génétiques considérées (MH1, MH2 ou MTCP).

ISU	Parenté génomique	MH1	MH2	MTCP
130,6	7,0%	6,4%	4,8%	8,1%

Tableau 2 Valeurs moyennes des femelles et mâles à accoupler, avec **ISU** l'index génomique moyen des animaux (mâles et femelles confondus), **parenté génomique** l'apparentement génomique moyen des 493 722 couples potentiels et **MH1**, **MH2** et **MTCP** la fréquence allélique effective de ces trois anomalies (mâles et femelles confondus).

L'ISU moyen des femelles actives de la population Montbéliarde pour la période considérée (femelles ayant démarré une lactation entre le 1er septembre 2017 et le 31 août 2018 (IDELE, 2018)) est de 107 ce qui est similaire à l'ISU moyen de 110 pour les femelles actives des 160 cheptels que nous avons étudiés.

1.1.2. Le calcul des parentés

Le coefficient de parenté reflète la probabilité que deux individus partagent des allèles hérités d'un même ancêtre commun et il est traditionnellement calculé à partir des informations de généalogie. Nous l'appelons le coefficient de parenté pedigree. Or, du fait de l'aléa de méiose, deux pleines-sœurs ne partagent pas forcément les mêmes allèles et l'une peut donc être plus apparentée à un taureau que l'autre. Nous avons mis au point une méthode de calcul de l'apparentement qui tient compte des allèles réellement partagés par deux individus en utilisant les informations issues du génotypage des mâles et des femelles (Bérodier *et al.*, 2020). Cet apparentement s'exprime dans la même unité que le coefficient de parenté pedigree et nous l'appelons coefficient de parenté génomique.

1.1.3. Le calcul des probabilités de génotype

Le génotypage d'un individu permet de connaître son statut porteur ou non-porteur pour un gène d'intérêt donné. En l'absence d'information de génotypage individuelle, une méthode de calcul de la probabilité qu'un individu soit porteur ou non-porteur d'un gène d'intérêt ségrégeant dans la population Montbéliarde a été proposée par Brochard *et al.* (2018). Les gènes d'intérêt que nous avons considérés sont les trois anomalies génétiques récessives MH1, MH2 et MTCP qui entraînent des pertes embryonnaires ou juvéniles à l'état homozygote. Le risque global d'anomalie a été calculé selon Brochard *et al.* (2018).

1.2. OBJECTIFS DE LA PLANNIFICATION

1.2.1. La fonction-objectif

L'objectif de la planification des accouplements en élevage est de maximiser l'espérance économique issue des choix génétiques pour l'ensemble des couples formés dans le troupeau. Cole (2015) a proposé une formule permettant de calculer un score économique pour chaque couple, synthétisant les informations génétiques additives (index) et des informations génétiques non-additives (apparentement et probabilité de concevoir un embryon atteint d'une anomalie génétique). Nous avons adapté cette formule afin de prendre

en compte le type de semence (sexée ou conventionnelle) choisi par l'éleveur pour inséminer chaque femelle de son troupeau :

$$\text{Score}_{ij} = \left(\frac{\text{ISU}_i + \text{ISU}_j}{2} + \lambda * \text{PAR}_{ij} + \sum_r p(\text{aa})_{r,ij} \times v_r \right) \times \text{prob}(\varphi)_{ij} + \left(\sum_r p(\text{aa})_{r,ij} \times v_r \right) \times \text{prob}(\sigma)_{ij}$$

avec ISU_i l'index ISU du mâle i et ISU_j celui de la femelle j convertis en euros, λ la perte économique associée à une augmentation de 1% de la consanguinité, PAR_{ij} le coefficient de parenté entre les individus i et j en pourcentage, r chacune des 3 anomalies génétiques récessives MH1, MH2 et MTCP, $p(\text{aa})_{r,ij}$ la probabilité de concevoir un embryon atteint de l'anomalie r pour le couple i^*j , v_r la perte économique associée à la présence de l'anomalie r à l'état homozygote, $\text{prob}(\varphi)_{ij}$ la probabilité théorique de concevoir un embryon femelle, supposée égale à 50% avec la semence conventionnelle et à 90% avec la semence sexée, et $\text{prob}(\sigma)_{ij}$ la probabilité théorique de concevoir un embryon mâle, égale à $1 - \text{prob}(\varphi)_{ij}$.

L'ISU, l'apparentement entre deux individus (PAR) ou encore la probabilité que leurs descendants soient atteints de l'anomalie génétique r ($p(\text{aa})_r$) peuvent être estimés à partir d'informations génomiques ou à défaut pedigree. Dans le cas général de cette étude, ISU, PAR et $p(\text{aa})$ ont été estimés à partir des informations génomiques, disponibles pour l'ensemble des mâles et des femelles étudiés puisqu'ils étaient tous génotypés (cf. 1.1.1). Afin d'évaluer l'impact sur la planification des accouplements de l'absence d'informations génomiques pour les femelles, nous avons occulté leurs informations génomiques et nous avons utilisé l'ISU, l'apparentement et les probabilités de génotype estimés à partir des informations issues du pedigree. L'intitulé de ce scénario est préfixé par « p » alors que les autres sont préfixés par « g ».

Les valeurs économiques associées aux caractères élémentaires en race Montbéliarde, calculés dans le projet OSIRIS (Pinard et Régaldo, 2013), nous ont permis d'estimer la valeur économique associée à un point d'ISU pour l'ensemble de la carrière moyenne d'une vache laitière Montbéliarde à 12,3 €. De plus, en combinant ces valeurs économiques avec les baisses de performances associées à la dépression de consanguinité calculée par Dezetter *et al.* (2015), nous avons estimé que l'augmentation de 1% de la consanguinité conduit à une perte économique de 26,1 € pour l'ensemble de la carrière moyenne d'une vache laitière Montbéliarde. Enfin, les pertes économiques associées aux anomalies génétiques MH1, MH2 et MTCP lorsqu'elles sont à l'état homozygote ont été estimées respectivement à 75€, 75€ et 650€ (Hozé *et al.*, 2018, Sébastien Fritz, com. pers.). L'objectif global lors de la planification des appariements des couples était de maximiser, au sein de chaque élevage, le score économique global pour l'ensemble des femelles tout en répondant à un certain nombre de contraintes.

1.2.2. Les contraintes

Plusieurs types de contraintes ont été appliquées à l'ensemble des méthodes de planification des accouplements testées afin de représenter au mieux les pratiques en élevage.

Ainsi, l'ensemble des planifications ont été réalisées au sein de chaque troupeau. L'accouplement de chaque femelle devait être planifiée exactement une fois et un taureau ne pouvait être programmé avec plus de 10% des femelles de chaque cheptel. Les femelles ne pouvaient être accouplées qu'avec des taureaux disponibles dans le type de semence demandé par l'éleveur (par exemple, une femelle devant être inséminée avec de la semence sexée ne pouvait être appariée qu'avec un taureau disponible en semence sexée). Enfin, les génisses devaient être inséminées avec de la

semence conventionnelle ne pouvaient être planifiées qu'avec un sous-ensemble de mâles dont les index répondaient aux recommandations actuelles pour les facilités de naissance et de vêlage.

1.3. METHODES DE PLANIFICATION TESTEES

Nous avons testé 5 méthodes de planification des accouplements différentes, toutes répondant aux contraintes fixées au 1.2.2. : a) La méthode d'accouplement aléatoire (ALEA) dans laquelle les couples sont choisis aléatoirement. b) La méthode séquentielle (gSEQ-€) dans laquelle les femelles sont accouplées séquentiellement avec le taureau donnant le meilleur score économique. Les génisses ayant une contrainte supplémentaire sur la facilité de vêlage, elles sont appariées avant les vaches mais les femelles sont rangées de façon aléatoire au sein de chaque groupe (vaches ou génisses). c) Une troisième méthode testée est l'optimisation linéaire des couples (gLIN-€) sur la base des scores économiques en utilisant le package IpSolve (Berkelaar M. *et al.*, 2015) du logiciel R (R Core Team, 2018). d) La même méthode d'optimisation linéaire mais sur la base de scores économiques calculés à partir des informations pedigree (ISU des femelles, coefficient de parenté et probabilité qu'une femelle soit porteuse d'une anomalie) nommée pLIN-€. Enfin, e) une méthode utilisant l'optimisation linéaire des appariements sur la base de l'ISU seul, sans prendre en compte l'apparentement ni les anomalies génétiques (gLIN-IS).

2. RESULTATS ET INTERPRETATION

Chaque méthode de planification testée renvoie un jeu de 9 143 couples mâle-femelle. Nous avons calculé la moyenne des différentes composantes de la fonction-objectif (score, ISU, PAR et $p(\text{aa})_r$) des 9 143 couples formés par chaque méthode en utilisant les informations génomiques (tableau 3).

	ALEA	gSEQ-€	gLIN-€	pLIN-€	gLIN-IS
Score	150	218,7	223,9	201,4	189,6
ISU	130,5	134,1	134,1	134,1	134,8
Appar	7,0	5,2	5,0	6,2	7,1
Proba. MH1	0,29	0,13	0,10	0,26	0,50
Proba. MH2	0,27	0,06	0,05	0,07	0,04
Proba. MTCP	0,59	0,01	0,00	0,04	0,04
Proba. anom.	1,15	0,20	0,15	0,37	0,58

Tableau 3 Valeurs moyennes des scores des plans et des critères inclus dans la fonction objectif pour l'ensemble des 160 troupeaux (9 143 femelles) accouplés avec les 54 taureaux disponibles. Le score économique (score) est en euros, l'ISU est en unité d'écart-type génétique, l'apparentement (appar) est exprimé en pourcentage tout comme les probabilités d'obtenir un descendant atteint d'une ou plusieurs anomalies génétiques (proba. MH1/MH2/MTCP/anom.).

2.1. COMPARAISON DES MODES D'OPTIMISATION

Les méthodes gSEQ-€ et gLIN-€ donnent des résultats similaires, quoique légèrement meilleurs en utilisant l'optimisation linéaire plutôt que l'optimisation séquentielle. Conformément à nos attentes, la méthode d'accouplement aléatoire (ALEA) a donné globalement les moins bons résultats tant sur le niveau génétique moyen de la descendance que sur l'apparentement moyen ainsi que sur les probabilités qu'un embryon soit homozygote pour une anomalie qui sont toutes les 3 élevées. La différence entre les méthodes gSEQ-€ et gLIN-€ résulte essentiellement d'une meilleure gestion de l'apparentement et des anomalies lorsque l'ensemble des couples est optimisé en une seule étape plutôt que de manière séquentielle.

2.2. INFORMATION GENOMIQUE VS. PEDIGREE

Le tableau 3 indique que la prise en compte des informations génomiques disponibles lors de la planification des

accouplements permet d'obtenir un niveau génétique moyen de la descendance similaire tout en maîtrisant mieux l'apparentement moyen et en gérant mieux les anomalies génétiques. Ainsi, l'apparentement moyen est inférieur de 1,2% dans le cas où l'on utilise l'information génomique par rapport à l'utilisation des informations pedigree pour les femelles (ce qui représente une amélioration relative de 20%). De plus, la prise en compte de l'information génomique permet un gain moyen global de 22,5€ par femelle accouplée. Ces résultats nous amènent à la conclusion que l'utilisation complète des informations issues du génotypage des femelles permet d'améliorer les choix de couples lors de la planification des accouplements.

2.3. OBJECTIF COMPLET (SCORE) VS. PARTIEL (ISU)

La comparaison des méthodes gLIN-€ et gLIN-IS permet d'évaluer l'intérêt de la prise en compte de l'apparentement et de l'effet des gènes dans l'objectif d'optimisation des accouplements. En effet, lorsque seul le niveau génétique additif est pris en compte dans l'optimisation, l'espérance de l'ISU de la descendance est en moyenne légèrement plus élevée. En revanche, l'apparentement moyen est maximal et la probabilité de concevoir un embryon homozygote pour les anomalies génétiques récessives est également beaucoup plus élevée (5 fois plus élevée pour l'anomalie MH1 par exemple). Cette comparaison démontre l'intérêt de l'utilisation combinée de l'ensemble des informations génétiques disponibles (index, parenté et statut pour les gènes majeurs) afin d'optimiser la planification des accouplements.

3. APPLICATION EN ELEVAGE

La méthode précédemment décrite consiste à intégrer l'espérance génétique du descendant, la parenté génomique ou à défaut la parenté pedigree et les probabilités de génotype aux différents gènes d'intérêts, le tout proportionnellement à leur poids économique. Afin de mettre en œuvre cette méthode, nous avons mis en place un calcul génomique des parentés (Bérodier M. *et al.*, 2020), et des probabilités de génotypes pour les différentes anomalies génétiques connues en race Montbéliarde (Brochard M. *et al.*, 2018). Enfin nous avons conçu un système de calcul de la combinaison linéaire de ces trois éléments et de leur inclusion dans les outils d'accouplement.

3.1. SERVICE DE CALCUL DE PARENTES GENOMIQUES

GenEval a déployé un service de calcul de parentés génomiques s'appuyant sur les bases de données de l'évaluation génomique. Le calcul consiste en l'application de la méthode de Bérodier *et al.* (2020) mise en œuvre par le logiciel ParentéGéno (Boichard D., *com pers*) et une étape de conversion d'échelle à partir d'une population de référence Montbéliarde. La cohérence des échelles d'expression entre parenté estimée selon les pedigrees et selon les génotypes est essentielle pour éviter tout biais de traitement entre les couples génotypés et les autres.

Selon les couples, les écarts entre la parenté génomique et la parenté estimée sur pedigree, sont importants. Pour 1 couple sur 2, l'écart en valeur absolue est supérieur à 1% de parenté comme le montre le tableau 4.

	min	q25	moy.	q75	max
parp	0,8	5,0	6,2	6,9	32,3
parg	0,0	4,6	6,2	7,5	34,5
parp-parg	-20,7	-1,0	-0,0	1,0	15,4

Tableau 4 Distribution des coefficients de parenté exprimés en pourcents, estimés à partir des pedigrees (parg) ou des génomes (parp) sur la population de référence.

Au 1^{er} juin 2020, le service mis en place avait traité 1 688 requêtes pour un total de près de 120 millions de couples.

3.2. CALCUL D'UN INGREDIENT GENOMIQUE

L'objectif était de construire un indicateur, nommé ingrédient génomique (IG), intégrant à la fois l'effet de la parenté et des gènes d'intérêt et utilisable avec le minimum de calculs additionnels par les outils actuels de conseil en accouplement. L'IG est exprimé dans la même unité que l'espérance génétique du descendant de telle sorte qu'il suffise de les ajouter pour obtenir la combinaison linéaire complète. Nous avons choisi d'exprimer cet indicateur en unité de type ISU c'est-à-dire standardisé avec un écart-type de 20 points et centré sur 0. Les poids économiques v_r , associés à chaque gène majeur ($r \in \{MH1, MH2, MTCP, SHGC\}$), et λ , associé à la consanguinité du produit à naître, ont été exprimés en unité ISU. L'anomalie SHGC a été incluse. Bien que plus aucun nouveau taureau ne soit porteur (interdiction réglementaire), il demeure que l'anomalie reste présente dans la population et quelques très vieux taureaux porteurs sont toujours disponibles à l'insémination. Afin de garantir la comparabilité entre espérance génétique additive brute du produit et méthode génomique intégrant l'effet non additif de la parenté et des gènes d'intérêt, un centrage a été appliqué. Le centrage est réalisé sur une base de référence des couples formés avec 10 000 femelles échantillonnées de façon aléatoire parmi les femelles actives nées entre n-7 et n-3 et les taureaux des catalogues actuels.

	min	q25	moy.	q75	max
IG	-82	-2	0	+2	14
PAR (%)	0	5,4	6,2	7,2	40
pANO (%)	0	0	1,3	0,7	62,5

Tableau 5 Distribution de l'ingrédient génomique, des parentés et du risque d'anomalie dans la base de référence.

3.3. DANS LES OUTILS D'ACCOUPEMENT

L'IG est mis en œuvre au sein de la plateforme Umotest permettant aux outils d'accouplement l'utilisant (GENERATIONS, PAM, myUMO/MOOTIC...) d'obtenir pour tous les couples potentiels, le coefficient de parenté génomique et à défaut pedigree, le risque d'être atteint d'une des 4 anomalies génétiques connues (pANO) et l'IG. Les outils calculent habituellement un ISEL (qui peut être l'ISU) du produit à naître. Cet ISEL (Index de Synthèse Eleveur) est une combinaison linéaire des valeurs génétiques des différents caractères d'intérêt proportionnellement aux objectifs de l'éleveur.

$$ISEL_{ij}^G = \frac{ISEL_i + ISEL_j}{2} + IG_{ij}$$

En ajoutant l'IG à l'espérance génétique (ISEL exprimé avec un écart-type de 20 points) selon l'équation précédente, les outils de conseil en accouplement proposent des accouplements optimisés intégrant l'ensemble de l'information génomique disponible, ce que nous avons appelé « Accouplement génomique ». Cette solution basée sur le calcul massif et mutualisé de l'IG permet une mise en œuvre du conseil en accouplement génomique avec une modification minimale des outils informatiques en place. Le service déployé en juillet 2019 donne accès aujourd'hui à environ 350 millions de couples potentiels pour 1,024 millions de femelles montbéliardes françaises et étrangères.

CONCLUSION

Cette étude et ses applications qui ont été développées en élevage montrent l'intérêt de l'utilisation des informations issues du génotypage des femelles lorsque celui-ci est disponible. Nous avons montré que la prise en compte de la parenté génomique et la gestion des anomalies dans les accouplements ne réduit pas pour autant le progrès génétique attendu parmi la descendance. En revanche elle permettra d'obtenir de meilleures performances globales à l'échelle du troupeau en minimisant la dépression de

consanguinité et en limitant l'expression des anomalies génétiques. La méthode proposée établit un compromis économique entre les gains génétiques attendus et les pertes liées à la dépression de consanguinité et aux anomalies génétiques, afin de donner à l'éleveur la meilleure réponse possible.

Par ailleurs, face à la réduction continue et inquiétante de la variabilité génétique des populations bovines laitières (Doublet *et al.*, 2019), l'application de cette méthode est recommandée car nettement plus efficace pour la maîtrise du niveau de consanguinité moyen que la méthode à seuil généralement appliquée aujourd'hui. Naturellement cette méthode vient en complément des actions de maîtrise de l'évolution de la variabilité génétique par les schémas de sélection.

Enfin, la formule du score économique permet d'intégrer facilement les effets d'autres gènes majeurs, qu'ils soient défavorables (comme les anomalies génétiques) ou favorables (comme le gène sans-corne), dès lors qu'ils sont connus et qu'une valeur économique peut être associée à l'état homozygote muté, voire à l'état hétérozygote. Cette souplesse du score économique vis-à-vis d'effets génétiques non-additifs futurs offre une grande adaptabilité aux méthodes de planification des accouplements qui reposent sur ce score.

Marie Bérodiér a bénéficié d'une bourse CIFRE cofinancée par l'entreprise MO3 et l'Agence Nationale de la Recherche et Technologie pour réaliser ses travaux de thèse. Nous

souhaitons également remercier Umotest et ses entreprises de mise en place pour nous avoir fourni les données de terrain.

- Bérodiér M., Berg P., Meuwissen T., Boichard D., Brochard M., Ducrocq V., 2020.** Animal (accepté).
- Berkelaar M. et autres, 2015.** lpSolve: Interface to 'Lp_solve' v.5.5 to Solve Linear/Integer Programs. R package version 5.6.13.
- Brochard M., Boichard D., Capitan A., Fayolle G., Fritz S., Nicod L., Vacelet J.M., 2018.** 24èmes Renc. Rech. Ruminants, Paris, France, 5-6 déc. 2018.
- Cole, 2015.** Genet. Sel. Evol., 47-94.
- Dezetter C., Leclerc H., Mattalia S., Barbat A., Boichard D., Ducrocq V. 2015.** J. Dairy Sci., 98, 4904-4913.
- Doublet A.-C., Croiseau P., Fritz S., Michenet A., Hozé C., Danchin-Burge, C., Laloé D., Restoux G., 2019.** Genet Sel Evol 51:52.
- GenEval, 2020.** <https://www.geneval.fr/indexations-races-bovines> (consulté le 07/05/2020).
- Hozé, C., Fritz, S., Baur, A., Grohs, C., Danchin-Burge, C., Boichard, D. 2018.** 24èmes Renc. Rech. Ruminants, Paris, France, 5-6 déc. 2018.
- IDELE, 2018.** <http://idele.fr/domaines-techniques/ameliorer-le-troupeau/index-resultats/publication/idelesolr/recommends/bilan-dindexation-des-races-laitieres-resultats-de-la-campagne-2018.html> (consulté le 17/07/2020).
- Pinard D., Régaldo D., 2013.** 64ème Congrès annuel de la FEZ, Nantes, France, 26-30 août 2013.
- R Core Team, 2018.** R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.