



HAL
open science

Amélioration génétique des bovins allaitants : de la théorie à l'application

Florence Phocas

► **To cite this version:**

Florence Phocas. Amélioration génétique des bovins allaitants : de la théorie à l'application. Sciences du Vivant [q-bio]. Institut National Polytechnique de Toulouse (INP Toulouse), 2008. tel-04035609

HAL Id: tel-04035609

<https://hal.inrae.fr/tel-04035609>

Submitted on 18 Mar 2023

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.

Institut National Polytechnique de Toulouse

Habilitation à Diriger des Recherches



**Amélioration génétique des bovins allaitants :
de la théorie à l'application**

Florence Phocas
Chargée de Recherche de 1^{ère} classe
*INRA - Département de Génétique Animale
Station de Génétique Quantitative et Appliquée*

Membres du Jury

Mr. René Babilé - Professeur ENSAT, Toulouse, Président
Mr. Alain Ducos - Professeur ENVT, Toulouse, Rapporteur
Mr. Vincent Ducrocq - Directeur de Recherches INRA, Jouy-en-Josas, Examineur
Mr. Jean-Michel Elsen - Directeur de Recherches INRA, Toulouse, Rapporteur
Mr. Pascal Leroy - Professeur Université de Liège, Belgique, Rapporteur

Avril 2008

ALIMENTATION
AGRICULTURE
ENVIRONNEMENT

INRA

Table des Matières

CHAPITRE 1 –INTRODUCTION	4
1-1- SITUATION AU SEIN DE L'UNITE – PARTICIPATION A LA VIE COLLECTIVE	4
1-2- HISTORIQUE DES THEMES DE RECHERCHE DEVELOPPES	4
1-3- OBJECTIFS DE SELECTION ANIMALE	5
1-3-1- Enjeux socio-économiques et scientifiques	6
1-3-2- Concepts de base	7
1-4- EVALUATION GENETIQUE ET GESTION DES POPULATIONS ANIMALES SELECTIONNEES	9
1-4-1- Enjeux socio-économiques et scientifiques	9
1-4-2- Concepts de base	10
1-5- VARIABILITE GENETIQUE DES QUALITES D'ELEVAGE	12
1-5-1- Enjeux socio-économiques et scientifiques	12
1-5-2- Concepts de base	12
CHAPITRE 2 – OBJECTIFS DE SELECTION ANIMALE	14
2-1- LES ETUDES TECHNICO-ECONOMIQUES CONDUITES EN RACES BOVINES ALLAITANTES	14
2-1-1- Une grande diversité de systèmes de production et d'aptitudes à améliorer	14
2-1-2- Les modèles bio-économiques proposés	15
2-1-3- Résultats marquants	17
2-2- LES ANIMATIONS PLURI-ESPECES ET INTERDISCIPLINAIRES	17
2-2-1- Un premier essai non transformé	18
2-2-2- Le projet COSADD	18
CHAPITRE 3- EVALUATION GENETIQUE ET GESTION DES POPULATIONS ANIMALES SELECTIONNEES	22
3-1- EVOLUTION DES INDICES SYNTHETIQUES DE SELECTION	22
3-2- EVOLUTION DES EVALUATIONS GENETIQUES DES REPRODUCTEURS	24
3-2-1- Modèles d'évaluation génétique des conditions de naissance	24
3-2-2- Vers une évaluation en ferme de la fertilité des vaches ?	25
3-2-3- Modèles d'évaluation de la longévité	27
3-2-4- Modèles d'évaluation internationale	29
3-3- EVALUATION DE L'EFFICACITE DES PROGRAMMES DE SELECTION	30
3-3-1- Efficacité à court terme de la sélection	30
3-3-2- Efficacité à long terme de la sélection	31
CHAPITRE 4- VARIABILITE GENETIQUE DES QUALITES D'ELEVAGE	34
4-1- QUALITES D'ELEVAGE DES VEAUX	34
4-1-1- Performances des veaux de la naissance au sevrage	34
4-1-2- Comportement et docilité des veaux	34
4-2- QUALITES D'ELEVAGE DES REPRODUCTRICES	35
4-2-1- Qualités d'élevage de la génisse de renouvellement	35
4-2-2- Fertilité de la génisse et de la vache primipare	35
4-2-3- Carrière de la vache allaitante	36
4-3- MISE EN ŒUVRE DE NOUVEAUX PROTOCOLES DANS LES DOMAINES EXPERIMENTAUX	36
4-3-1- Détection de gènes de polyovulation : 2005-2010	37
4-3-3- Précocité et capacité adaptative de la vache allaitante : 2006-2025	38
CHAPITRE 5 – PROJET DE RECHERCHES	39
5-1- DE NOUVEAUX OBJECTIFS DE SELECTION ANIMALE	39
5-1-1- « Par la lorgnette » du profit des éleveurs de bovins allaitants	39
5-1-2- Et un idéal à poursuivre	40
5-2- DE NOUVEAUX CARACTERES EN EVALUATION GENETIQUE DES REPRODUCTEURS	41
5-2-1- Vie productive de la vache allaitante	41

5-2-2- <i>Comportement du veau</i>	42
5-3- VERS UNE MEILLEURE EFFICACITE DES PROGRAMMES DE SELECTION	42
5-4- DES PROTOCOLES EXPERIMENTAUX SUR LA POLYOVLATION A ANALYSER	43
5-4-1- <i>La poly-ovulation naturelle</i>	43
5-4-1- <i>La poly-ovulation induite</i>	43
RÉFÉRENCES	46
ANNEXE 1. LISTE DE PUBLICATIONS	49
I - PUBLICATIONS SCIENTIFIQUES	49
I.1 - <i>Articles primaires dans périodique à comité de lecture</i>	49
I.2 - <i>Rapports diplômants</i>	50
I.3 - <i>Communications courtes à des congrès</i>	50
I.4 - <i>Synthèses scientifiques</i>	52
II - DOCUMENTS A VOCATION DE TRANSFERT	54
II.1 - <i>Travaux personnels</i>	54
II.2 - <i>Mémoires de stage</i>	54
II.3 - <i>Travaux coordonnés par l'auteur</i>	55
ANNEXE 2. CURRICULUM VITAE	56

Chapitre 1 – Introduction

Ce texte est une synthèse de mes travaux de recherche en génétique quantitative animale. La liste des publications qui en découlent est présentée en annexe 1 et mon parcours professionnel est détaillé en annexe 2.

1-1- Situation au sein de l'Unité – Participation à la Vie Collective

Je vais replacer mon activité au sein de la Station de Génétique Quantitative et Appliquée (SGQA) du Département de Génétique Animale de l'INRA. Je fais partie de l'équipe « Bovins Allaitants », pour laquelle j'ai été recrutée en août 1995 comme Chargée de Recherche de 2^{ème} classe sur le profil « Modélisation et Optimisation de programmes de sélection en races bovines allaitantes ». Ce recrutement a fait suite à une thèse (17) sous statut ASC menée sur le même thème et encadrée par Jean-Jacques Colleau, qui développe ce secteur de recherches dans l'équipe « Bovins Laitiers » au sein de l'unité.

La SGQA est structurée en cinq équipes de recherches (Figure 1) dont l'une se consacre à des études méthodologiques d'ordre général et les quatre autres à des recherches finalisées sur l'amélioration génétique d'une production particulière (bovins allaitants, bovins laitiers, cheval, porc). Les activités de recherche de la SGQA se répartissent en trois grands domaines : l'analyse de la variabilité génétique des caractères, l'évaluation génétique des reproducteurs et la gestion des populations animales. Les recherches conduites au sein de chaque filière sont clairement finalisées et motivées par le souci de procurer aux éleveurs les moyens de raisonner et d'entreprendre l'amélioration du patrimoine génétique de leur cheptel. Il s'agit de contribuer à la production d'animaux assurant une productivité optimale de l'élevage dans un contexte qui doit tenir compte des contraintes écologiques et éthiques, de la nécessaire maîtrise des coûts de production et de l'adéquation des produits aux exigences des filières et des consommateurs. Pour mener à bien ses recherches, la SGQA dispose, d'une part, d'unités expérimentales qui permettent une approche analytique du déterminisme génétique des caractères, et, d'autre part, d'accès aux bases de données nationales des contrôles de performance en fermes ou en stations qui procurent les données nécessaires à l'évaluation des reproducteurs.

L'animation scientifique de la SGQA s'organise autour de réunions bi-mensuelles « Les Lundis de la SGQA ». De l'été 1995 à ce printemps 2008, j'ai assuré cette animation seule ou en binôme sur trois périodes : 1995-1998, 2000-2001, puis à partir de septembre 2006. Je participe à ce titre aux réunions des animateurs de la SGQA. Je suis aussi membre élu du conseil de station depuis 2005 ainsi que du conseil scientifique du département de Génétique Animale depuis 2002 (suppléante, puis titulaire). Depuis 2007, je suis également membre de la commission bovine de l'INRA.

1-2- Historique des thèmes de recherche développés

La théorie de base de la génétique quantitative décrit trois phases essentielles à l'amélioration génétique d'une population animale pour un ensemble de caractères quantitatifs, c'est-à-dire gouvernés par de nombreux gènes. La première phase est dédiée à la détermination des objectifs de sélection de cette population. La seconde phase est l'évaluation génétique de tout ou partie de la population sur les caractères d'intérêt économique ou sociétal définis dans la première phase ou sur des caractères corrélatifs à cet intérêt. Cette évaluation a pour but de prédire les valeurs génétiques des animaux transmissibles à la descendance. La dernière phase est l'utilisation des valeurs génétiques prédites au sein de programmes de sélection visant à sélectionner les meilleurs reproducteurs, à savoir ceux qui permettent la réponse génétique maximale sur l'objectif de sélection préalablement défini.

Depuis 1992 et le début de ma thèse, mes travaux m'ont amenée à aborder ces trois phases dans le cadre de l'amélioration génétique des bovins allaitants. Pendant ma thèse, j'ai étudié les aspects théoriques de la modélisation et de l'optimisation de programmes de sélection allaitants. Puis de 1995 à 2000, j'ai développé un modèle bio-économique de détermination des objectifs de sélection et avec l'aide de stagiaires et d'ingénieurs de l'Institut de l'Élevage, je l'ai appliqué aux principales races bovines allaitantes présentes en France : les trois races à viande spécialisées, Limousine, Blonde d'Aquitaine, Charolaise, et les trois races rustiques, Salers, Aubrac et Gasconne. Au fur et à mesure que les UPRA des races concernées validaient les objectifs proposés, des indices de sélection leur étaient proposés pour optimiser chaque étape des schémas de sélection.

A partir de 2001, j'ai élargi mon champ d'activité à la thématique « Evaluation génétique des reproducteurs ». J'ai ainsi défini de nouveaux modèles statistiques pour l'évaluation des conditions de naissance d'une part des taureaux d'IA et, d'autre part, de l'ensemble des animaux évalués en ferme. Je me suis également investie dans l'actualisation de l'évaluation en station des qualités maternelles et dans les travaux préliminaires à une évaluation en ferme des qualités d'élevage des femelles. En 2003-2004, j'ai passé une année sabbatique en Australie à l'Animal Breeding and Genetics Unit (University of New England) afin d'étudier diverses alternatives pour une évaluation internationale des bovins allaitants. A mon retour, j'ai abordé un troisième champ de recherches : « la variabilité génétique des qualités d'élevage », en acceptant la responsabilité scientifique du domaine expérimental de La Grêleraie (Mayenne) et en participant à l'élaboration et au suivi de nouveaux protocoles expérimentaux, à La Grêleraie et au Pin-au-Haras.

Je vais donc présenter mes travaux sous la forme de trois chapitres : le chapitre 2 sera dédié aux travaux sur les objectifs de sélection, le chapitre 3 à ceux concernant la gestion des populations et l'évaluation des reproducteurs, le chapitre 4 à l'analyse de la variabilité génétique des qualités d'élevage. Les enjeux généraux et les concepts à la base de ces travaux sont tout d'abord énoncés dans ce chapitre introductif.

1-3- Objectifs de Sélection Animale

1-3-1- Enjeux socio-économiques et scientifiques

Le but de toute sélection animale est d'améliorer les caractéristiques génétiques des populations sur un ensemble de caractères héréditaires et économiquement intéressants pour les générations à venir. C'est cet ensemble de caractères que les généticiens cherchent à résumer dans une fonction - dite « objectif de sélection » - qui vise à donner une valeur de synthèse des reproducteurs ou des races.

A partir des années 1960, la sélection animale s'est organisée dans des programmes d'amélioration génétique des populations d'élevage visant une productivité maximale. Depuis les années 1990, ces programmes se réorientent progressivement pour faire face à la nécessaire maîtrise des coûts de production dans un contexte de mondialisation des échanges et aux exigences sociétales en matière de sécurité et qualité des produits, de préservation de l'environnement (limitation des rejets, biodiversité, entretien et aménagement de l'espace rural) et d'éthique de production (conditions d'élevage, bien-être animal, biotechnologies). La réorientation effectuée implique d'accroître le nombre de caractères inclus dans l'objectif de sélection d'une population. Cette démarche permet le choix de reproducteurs de niveau génétique équivalent sur l'objectif global, mais améliorateurs sur des aptitudes diversifiées. Elle contribue ainsi indirectement à un maintien de la variabilité génétique intra-population sélectionnée.

Actualiser les objectifs de sélection animale est un enjeu déterminant pour l'avenir de l'élevage en France, en particulier pour l'élevage allaitant qui doit affronter une concurrence internationale de viande à bas prix et une remise en cause forte de son intérêt sur le plan environnemental (FAO, 2006), puisque responsable à l'échelle planétaire de 8% de la production de gaz à effets de serre en équivalent CO₂. Les objectifs des éleveurs français de bovins allaitants visent à maintenir la place des viandes bovines parmi les produits carnés consommés en Europe en renforçant l'adaptation du produit aux exigences de la demande (prix, qualité, typicité, ...) et à valoriser le rôle des troupeaux de bovins allaitants comme outil rémunérateur d'occupation et d'entretien du territoire.

La détermination d'un objectif de sélection nécessite d'intégrer la diversité des systèmes de production et des caractères d'intérêt économique, mais aussi des caractéristiques difficiles à quantifier d'un point de vue économique et biologique (morphologie, aplombs, comportement animal...). Une autre difficulté à lever pour une définition pertinente des objectifs de sélection des bovins allaitants est inhérente à la multiplicité des acteurs impliqués dans la filière bovine, et donc à la diversité voire la divergence de leurs intérêts économiques (cf Figure 2). Cette complexité a amené à raisonner les premiers schémas de sélection allaitants (38) en termes d'objectifs techniques plutôt qu'économiques. Les caractères étaient inclus dans un indice de sélection avec des pondérations calculées de manière à obtenir les niveaux de réponses génétiques souhaitées par les organisations raciales et non pour obtenir une réponse économique maximale au niveau des élevages. Cette démarche technique allait également de pair avec une élaboration des programmes de sélection par étapes successives depuis

les années 1970 (Ménissier, 1988). A partir du milieu des années 1990, compte tenu de l'évolution des programmes et outils de sélection, une approche globale plus rationnelle des objectifs de sélection s'imposait. Ce fut donc ma première thématique en tant que chargée de recherche (cf chapitre 2).

1-3-2- Concepts de base

L'objectif de sélection est une fonction des valeurs génétiques « vraies » (mais inconnues) des caractères à améliorer pour accroître le profit de l'éleveur, de la filière ou de tout autre niveau d'organisation. En théorie, la détermination de l'objectif de sélection doit précéder la mise en oeuvre de tout programme de sélection. L'intérêt de définir une telle fonction est de maximiser l'efficacité économique du programme de sélection.

La mise en oeuvre d'un programme de sélection ne peut se faire qu'après en avoir évalué l'efficacité économique. La sélection est une activité coûteuse et toute prise de décision demande donc au préalable une analyse des coûts et recettes espérés. Les pionniers dans ce domaine ont été Poutous et Vissac (1962). L'évaluation économique d'un programme de sélection nécessite de déterminer son critère d'efficacité économique (objectif de sélection) et d'actualiser les coûts et recettes liés à la sélection en vue d'établir le critère de sélection (indice de sélection). Les coûts interviennent dès la mise en place du programme (construction de stations de contrôle, mesure des performances, acquisition et entretien des candidats, calcul des indices, ...) alors que les recettes sont différées dans le temps : elles ne sont perçues qu'au fur et à mesure que les générations expriment et accumulent le progrès génétique (supplément de valeur des animaux améliorés, nombre d'expressions du caractère par animal amélioré).

L'indice (ou index) de sélection est le critère sur lequel seront classés les animaux candidats à la reproduction. L'index de sélection synthétique est une fonction des index élémentaires, à savoir les valeurs génétiques « prédites » des caractères à sélectionner. Du fait des contraintes liées au coût ou à l'impossibilité de mesurer directement certaines aptitudes à améliorer, les caractères inclus dans l'indice de sélection ne sont pas nécessairement les mêmes que ceux constituant l'objectif de sélection, mais ils doivent au moins être corrélés génétiquement à eux. L'indice de sélection optimal est construit de manière à maximiser la corrélation entre l'indice et l'objectif de sélection et donc maximise la réponse à la sélection (Henderson, 1963).

Il faut distinguer deux catégories d'objectif de sélection, c'est-à-dire deux raisonnements fondamentalement différents pour déterminer une fonction des caractères importants à améliorer d'un point de vue économique.

1) Les **objectifs techniques** consistent à fixer des niveaux de réponse souhaités sur les caractères. Un tel choix d'objectif reflète généralement une connaissance insuffisante du bénéfice économique espéré de la sélection, liée soit à la difficulté de

d'établir une valeur marchande pour certains caractères (qualités de race, aptitudes fonctionnelles, comportement), soit à une grande diversité d'objectifs entre acteurs de la sélection et des filières. Le choix d'un objectif technique peut également traduire des phénomènes économiques non linéaires (existence d'un optimum économique déjà atteint ou d'un seuil de rejet de la part des utilisateurs de la population sélectionnée).

2) Les **objectifs économiques** sont élaborés à partir des recettes et coûts associés à l'amélioration génétique des caractères. Cette fonction peut être très complexe à établir, notamment s'il faut intégrer les intérêts des divers acteurs de la filière concernée ou appréhender l'évolution future du contexte technique, économique et social. Un raisonnement prospectif est pourtant nécessaire car l'impact de la sélection des reproducteurs s'opère au niveau de leur descendance, donc en moyenne cinq ans après l'action de sélection dans l'espèce bovine.

La manière la plus simple et la plus fréquente d'exprimer l'objectif de sélection consiste en une fonction linéaire des valeurs génétiques des caractères d'intérêt économique. Les coefficients de l'objectif sont appelés « pondérations économiques ». **La pondération économique d'un caractère est définie comme le gain marginal réalisé par l'amélioration d'une unité physique du caractère.** Ce gain se mesure généralement par la différence entre recettes et coûts, c'est-à-dire par le calcul d'une marge économique. Dans certaines approches raisonnées en terme d'efficacité maximale du système de production (c'est-à-dire à recettes constantes), ce gain fait également intervenir le rapport entre recettes et coûts (Smith *et al.*, 1986). Les méthodes de calcul des pondérations économiques attribuées aux caractères composant l'objectif de sélection à partir d'une fonction de profit d'un élevage, sont très diverses (Elsen *et al.*, 1986). Ces pondérations peuvent être établies à partir d'une modélisation bio-économique du profit ou encore par sondage et analyse statistique du profit. L'approche bio-économique, si la modélisation est pertinente, a l'avantage de permettre d'envisager des scénarios plausibles d'évolution du contexte technico-économique, point crucial dans la détermination d'un objectif de sélection.

La linéarité de la fonction « objectif » est souhaitable car les méthodes et outils statistiques nécessaires à l'évaluation génétique des reproducteurs ont généralement été développés pour des modèles linéaires. Cependant, cette linéarité ne traduit pas forcément une réalité biologique ou économique. Des objectifs économiques non linéaires peuvent être envisagés, notamment pour des caractères (poids à la naissance par exemple) dont des répercussions biologiques et/ou économiques défavorables (augmentation des difficultés de naissance) ne s'expriment qu'au delà d'un certain seuil (Foulley et Rouvier, 1971). Une « linéarisation » de l'objectif, en se plaçant au voisinage des performances moyennes de la population, est alors généralement efficace et donc souhaitable (Gibson et Kennedy, 1990), à condition de réactualiser les coefficients de l'objectif pour prendre en compte l'évolution des performances moyennes de la population et du contexte technico-économique.

1-4- Evaluation Génétique et Gestion des Populations Animales Sélectionnées

1-4-1- Enjeux socio-économiques et scientifiques

Les recherches sur les méthodes de sélection appliquées aux animaux d'élevage, en particulier aux ruminants, font partie des missions qui ont été confiées à l'INRA par la loi sur l'élevage du 28 décembre 1966 et confirmées par la loi d'orientation agricole du 5 janvier 2006.

Le but est d'effectuer toutes les recherches nécessaires au développement de schémas de sélection français efficaces et adaptés aux besoins tant des éleveurs que de l'ensemble de la filière pour contribuer à la pérennité de l'élevage en France, en intégrant les attentes sociétales en terme de Développement Durable. Les enjeux socio-économiques sont ainsi triples :

- 1- la viabilité économique des schémas d'amélioration génétique français, en proposant en permanence des évolutions visant à sélectionner des reproducteurs bien adaptés aux besoins des marchés nationaux et internationaux.
- 2- la pérennité de ces schémas face aux exigences du Développement Durable en répondant mieux aux attentes des producteurs (réduction des coûts de production, amélioration des conditions de travail) et de la société civile (gestion de l'espace et des ressources naturelles, bien-être animal, qualité et sécurité alimentaire...).
- 3- Le maintien, voire le développement d'une génétique française exportatrice (semences, embryons et reproducteurs sur pieds) par la mise en œuvre de schémas de sélection efficaces et d'évaluations génétiques internationales.

Au niveau mondial, les méthodes et systèmes d'évaluation génétique des animaux progressent constamment. Il s'agit d'accroître à la fois le nombre de valeurs génétiques estimées (augmentation du nombre de caractères inclus dans les objectifs de sélection, augmentation des effectifs d'animaux évalués) et leur valeur prédictive pour permettre une bonne efficacité des schémas de sélection. La finalité d'une évaluation génétique ou d'un programme de sélection est de générer du progrès génétique par le choix d'animaux améliorateurs sur la base de leur valeur génétique prédite. La qualité d'un programme de sélection doit être évaluée à l'aune de cette finalité (maximisation de la réponse à la sélection) en associant critères d'efficacité à court terme (sélection BLUP) et à long terme (maintien de la variabilité génétique).

Une part essentielle de mes recherches visent donc, d'une part, à optimiser l'efficacité des schémas de sélection des bovins allaitants, d'autre part, à développer et améliorer les modèles d'analyse des performances afin de prendre en compte la diversité et la complexité des aptitudes à améliorer et de leur expression (cf Chapitre 3).

1-4-2- Concepts de base

L'évaluation génétique des reproducteurs s'effectue à partir des phénotypes observés, encore appelés performances, et des généalogies des animaux. Le modèle conceptuel d'analyse du phénotype est dû à Fisher (1918). Le **phénotype P** d'un animal est décomposé en une somme des effets dus au **génotype G** de l'animal et une somme d'effets dus à l'**environnement E** : $P = G + E$. Les deux hypothèses de base sont donc la linéarité et l'additivité des effets de l'environnement et du génotype sur le phénotype. Des modélisations plus complexes visent à lever ces hypothèses, en particulier en considérant des interactions G x E. Deux phénomènes biologiques différents peuvent être à l'origine d'interactions. La première source engendre seulement une hétérogénéité de variance entre environnements, ce qui cause des effets d'échelle et des réponses à la sélection plus ou moins fortes par rapport à la réponse attendue. La seconde source d'interaction entraîne quant à elle un reclassement des génotypes entre environnements. Falconer (1952) fait une avancée conceptuelle importante pour l'évaluation des interactions et de leurs conséquences en sélection, en proposant l'estimation de la corrélation génétique entre performances mesurées dans deux environnements comme moyen d'apprécier le phénomène de reclassement des génotypes entre environnements. Une corrélation génétique significativement inférieure à 1 signifie que le déterminisme génétique du caractère n'est pas totalement le même d'un environnement à l'autre (Robertson, 1959). Le génotype G est la somme de trois valeurs résumant l'ensemble des effets des gènes sur le phénotype, c'est-à-dire sur l'expression du caractère : $G = A + D + I$, où **A est la valeur génétique additive**, c'est-à-dire, la somme des effets moyens des gènes régissant l'expression du caractère ; **D est la valeur de dominance**, à savoir la somme des effets d'interaction entre allèles de chaque locus impliqué dans l'expression du caractère ; et **I est la valeur d'épistasie**, soit la somme des effets d'interaction entre allèles de loci différents. Lors de la méiose, un seul allèle parental par locus est conservé dans chaque gamète. De ce fait, en espérance seule la moitié de la valeur génétique additive d'un parent est transmise à chaque descendant. La valeur de dominance n'est quant à elle pas transmissible à la descendance. En revanche, une partie de la valeur d'épistasie peut être transmise, en particulier les effets d'interaction entre allèles impliquant des loci proches sur un même chromosome car ils ont une probabilité forte de co-ségréger, c'est-à-dire d'être transmis ensemble.

L'**environnement E** est la somme de deux types d'effets de milieu : $E = M + R$, où M concerne les effets de milieu identifiés dont la prise en compte dans le modèle d'analyse est nécessaire pour corriger les performances des facteurs de variation environnementale (par exemple, le troupeau, l'année et le mois de naissance de l'animal) ; et R constitue la somme des effets de milieu non identifiés qui ne peuvent donc pas être considérés dans le modèle d'analyse des performances.

Les modèles d'évaluation génétique des animaux sont sur le plan statistique des **modèles mixtes**, c'est-à-dire associant effets fixes (M) et effets aléatoires (A), qui décrivent les performances le plus souvent de manière linéaire.

Tous les facteurs de variation des performances non pris en compte dans le modèle statistique constituent l'erreur résiduelle du modèle. Par définition, celle-ci résulte de l'action combinée d'un grand nombre de facteurs ayant des effets individuels faibles (sinon ils devraient être identifiés), supposés additifs et indépendants. Les erreurs résiduelles sont alors identiquement et indépendamment distribuées selon des lois normales d'espérance nulle et de variance σ_e^2 .

En l'absence d'identification de l'ensemble des effets des gènes régissant l'expression de la plupart des caractères d'intérêt zootechnique, l'évaluation génétique des animaux repose sur la prédiction des valeurs génétiques additives par un modèle génétique « boîte noire » - le **modèle polygénique infinitésimal** - qui repose sur l'hypothèse qu'un caractère quantitatif est gouverné par un grand nombre de gènes ayant des effets individuels faibles, additifs et indépendants. Par application du théorème central limite, leur somme A suit une loi normale d'espérance nulle et de variance σ_a^2 , appelée **variance génétique additive**. En général, les estimations des composantes de la variance génotypique (σ_a^2 pour A, σ_d^2 pour D, σ_i^2 pour I) ont montré (Falconer et Mackay, 1996 ; Hill *et al.*, 2008) que la variance génétique additive explique la majeure partie de la variance génotypique.

L'estimation des valeurs génétiques peut être réalisée grâce à différents modèles génétiques, dont les plus fréquemment utilisés sont le modèle animal et le modèle père. Le **modèle animal** est le plus proche du modèle biologique décrit précédemment. Il permet d'évaluer directement le niveau génétique des animaux ayant une performance, mais aussi, celui de l'ensemble de leurs ascendants et descendants via la prise en compte d'une matrice de parenté. La résiduelle dans un modèle animal ne contient plus aucune composante génétique et a donc une variance égale à la variance environnementale. Toutes les parentés sont prises en compte. Le modèle animal est donc considéré comme le modèle qui utilise au mieux l'ensemble des informations disponibles.

Le **modèle père** se caractérise par le fait que les performances réalisées sont exprimées non pas en fonction de la valeur génétique de l'individu mesuré, mais en fonction de ce que lui a transmis son père en espérance, à savoir la moitié de la valeur génétique de ce dernier. Le modèle permet donc de prédire les valeurs génétiques des pères. La variance père est égale à un quart de la variance génétique additive. La variance résiduelle du modèle père se compose de la variance environnementale et des trois-quarts de la variance génétique additive (effet maternel et aléa de méiose). Les hypothèses liées à ce type de modèle sont nombreuses. Les résiduelles sont supposées indépendantes entre elles et indépendantes des valeurs génétiques des pères. Cela suppose que les mâles soient accouplés à un échantillon aléatoire et non sélectionné de femelles et que ces femelles n'aient qu'un descendant chacune. Le modèle père présente l'avantage d'être relativement simple à résoudre puisque le nombre d'inconnus du système est limité au nombre de mâles et d'effets de milieu. En revanche, si les hypothèses précédemment citées ne sont pas vérifiées, et c'est souvent le cas dans les programmes de sélection, les estimations peuvent être fortement biaisées. Toutefois, il est encore beaucoup utilisé pour l'estimation des composantes de variance dans le cas de modèles non linéaires ou comme équivalent à un modèle animal quand l'information sur la voie maternelle est inconnue (cas des stations de contrôle sur descendance des races à viande spécialisées).

Depuis le début des années 1990, les méthodes systématiquement utilisées pour l'analyse statistique de ces modèles concernent :

- ❖ l'estimation des effets fixes de milieu et la prédiction des valeurs génétiques par la méthode du meilleur prédicteur non biaisé (**BLUP**) et la résolution du système des équations du modèle mixte (Henderson, 1963).
- ❖ l'estimation des composantes de variance par la méthode du maximum de vraisemblance restreinte : **REML** (Patterson et Thompson, 1971).

1-5- Variabilité Génétique des Qualités d'Élevage

1-5-1- Enjeux socio-économiques et scientifiques

Étant donné leur importance économique et sociale (bien-être et santé de l'animal, conditions de travail de l'éleveur), les qualités d'élevage doivent être mieux prises en compte dans les programmes d'amélioration génétique des races bovines allaitantes. À cette fin, deux difficultés sont à lever : les aptitudes évaluées sont souvent très synthétiques et à faible héritabilité. La décomposition analytique et la compréhension des mécanismes biologiques sous-jacents à ces aptitudes doivent permettre, d'une part, de rechercher des prédicteurs précoces, plus héritables et/ou aisément mesurables qui puissent servir de critères de sélection efficaces pour sélectionner les animaux, d'autre part de maîtriser les réponses corrélatives à la sélection en appréhendant les éventuels antagonismes génétiques entre fonctions biologiques.

Depuis les années 1990, la recherche de locus expliquant une part substantielle de la variabilité génétique pour des caractères particuliers est l'une des orientations des généticiens. La démarche peut être orientée vers une approche « gène candidat » ou vers une sélection génomique à l'aveugle (Meuwissen *et al.*, 2001). Ces recherches ouvrent la perspective d'une sélection plus efficace notamment pour les caractères jusqu'ici difficiles à améliorer car peu héritables ou coûteux à mesurer. C'est une voie à privilégier en particulier pour les caractères de reproduction qui ne s'expriment que tardivement dans la vie de l'animal, dans un seul sexe et sont très faiblement héritables, malgré une variabilité génétique souvent forte.

Mes recherches visent donc à mieux comprendre et à modéliser la variation génétique qui détermine les qualités d'élevage des bovins allaitants, en particulier sur de « nouveaux » caractères caractérisant des fonctions biologiques d'intérêt croissant (comportement, précocité sexuelle, polyovulation naturelle ou induite). C'est un domaine privilégié de collaborations avec les collègues de disciplines voisines (éthologie, physiologie, systèmes de production...). Ces travaux nécessitent le recours à des dispositifs expérimentaux complexes qui ne peuvent généralement être maîtrisés qu'en unité expérimentale. Mes recherches sont donc en cours sur les domaines de La Grêleraie (polyovulation) et du Pin-au-Haras (précocité sexuelle), ainsi que dans 25 élevages recrutés par l'UPRA « France Limousin Sélection » (docilité des veaux).

1-5-2- Concepts de base

Un paramètre clé de la théorie de la génétique quantitative est l'**héritabilité h^2** du phénotype étudié, défini ici comme la performance corrigée des effets identifiés de milieu. Il s'agit de quantifier la part de variation des phénotypes qui est expliquée par la variation des valeurs génétiques additives : $h^2 = \sigma_a^2 / (\sigma_a^2 + \sigma_e^2)$.

Ce paramètre, variant de 0 (absence de variabilité génétique additive) à 1 (absence de variabilité résiduelle), est utilisé pour évaluer le progrès génétique que l'on peut espérer en sélectionnant le caractère. Classiquement, on parle de caractère à héritabilité faible en-dessous de 0.2 (très faible, si $h^2 < 0.1$), à héritabilité moyenne entre 0.2 et 0.4 et à héritabilité forte au-dessus de 0.4 (très forte si $h^2 > 0.6$). Les caractères à héritabilité moyenne à forte sont les

caractères de production sur lesquels les premiers efforts de sélection se sont naturellement portés (croissance et morphologie, production laitière, rendement à l'abattage...). Les caractères à faible héritabilité concernent en particulier les capacités adaptatives et reproductives des animaux, non par absence de variabilité génétique mais par absence d'identification suffisante des facteurs de variation dus au milieu conduisant à des modèles d'analyse à forte variabilité résiduelle.

L'héritabilité joue un rôle important dans la **réponse R à une sélection phénotypique** : $R=h^2S$, où **S est la différentielle de sélection**, c'est-à-dire la différence de moyenne de population avant et après sélection au sein d'une génération. Toutefois, Houle (1992) démontre que, dans un certain nombre de cas, il n'est pas pertinent d'utiliser h^2 comme mesure de l'« évolvabilité » d'un caractère, c'est-à-dire sa capacité à répondre à la sélection. Cela aboutit à de fausses conclusions quand h^2 faible n'est pas associée à σ_a^2 faible. Poursuivant l'idée de Crow (1958) d'« opportunité pour une sélection » appréciée par la standardisation de S par la moyenne phénotypique, Houle (1992) propose comme mesure de l'« évolvabilité » d'un caractère, le **coefficient de variation génétique du caractère** : $CVa=100*\sigma_a / \mu$, où μ est la moyenne phénotypique. Contrairement à h^2 , ce paramètre est souvent plus important pour les caractères associés à la capacité adaptative de l'animal que pour les caractères de production.

L'analyse des qualités d'élevage concerne souvent des caractères discrets (réussite de la reproduction, conditions de vêlage...). Du point de vue de la théorie statistique, l'application d'un modèle linéaire n'est alors pas recevable, car les hypothèses de normalité des performances et d'absence de liaison entre leur moyenne et leur variance ne sont pas respectées. Pour l'analyse de variables polytomiques ordonnées, le modèle de référence est alors le **modèle à seuils** introduit en génétique quantitative par Wright (1934). Une variable, non observée, est supposée distribuée normalement et sous-jacente aux performances observées. C'est cette variable sous-jacente qui est analysée selon un modèle linéaire mixte, associant facteurs de variation environnementale et valeur génétique des individus. Des seuils sur cette distribution sous-jacente sont calculés en fonction des proportions d'animaux observés dans chaque catégorie de la variable polytomique. Plusieurs procédures d'estimation des paramètres ont été proposées pour ces modèles, en particulier par Gianola et Foulley (1983) et par Gilmour *et al.* (1985, 1987).

Chapitre 2 – Objectifs de sélection animale

Dans cette partie, je décris les différents travaux de recherche pluri-disciplinaires que j'ai amorcés depuis mon recrutement en chargée de recherche et que je développe toujours. Ces recherches englobent des études technico-économiques initiées en 1995 pour participer à la définition des objectifs de sélection (7) et des index synthétiques correspondants. Leur mise en œuvre à partir de 1998 dans les programmes allaitants a permis d'orienter les schémas de sélection français vers une meilleure efficacité économique (24). Cette évolution s'est poursuivie avec la prise en compte de nouveaux critères de sélection dans les index de synthèse, par exemple les conditions de naissance des veaux dans les index IBOVAL (42). Le projet COSADD démarré en janvier 2007 (55) doit aussi à terme permettre d'inclure de nouveaux objectifs et critères de sélection dans les schémas allaitants pour répondre aux exigences du Développement Durable, en particulier celles relatives à l'équité sociale (conditions de travail de l'éleveur, bien-être animal) et à l'environnement (réduction des rejets animaux).

2-1- Les études technico-économiques conduites en races bovines allaitantes

Un important travail de modélisation a été réalisé de 1995 à 2000 en vue de définir les objectifs de sélection des races bovines allaitantes sur des bases économiques et de les adapter au contexte actuel de l'élevage bovin allaitant (44).

2-1-1- Une grande diversité de systèmes de production et d'aptitudes à améliorer

La production de viande bovine fait appel à des systèmes très diversifiés tant du point de vue des types génétiques exploités (races à viande spécialisées, races rustiques, croisement terminal), des conduites alimentaires retenues (régions herbagères, maïs ensilage, ...) ou des produits commercialisés (animaux maigres, poussés ou engraisés, veaux, jeunes bovins, génisses de boucherie et vaches de réforme). Les composantes biologiques de la production de viande sont donc multiples et leur impact sur la productivité du cheptel doit se raisonner en fonction du système de production considéré. Pour répondre à cette complexité de la production de viande bovine, les programmes de sélection français (cf Figure 3) mis en place par étapes successives (1960-1990) en races bovines allaitantes sont devenus extrêmement lourds à gérer car ils doivent assurer :

- 1) la diversité des besoins de la filière (veaux de boucherie, jeunes bovins, vaches de réforme);
- 2) le choix rationnel des taureaux d'insémination artificielle (IA) mais également des taureaux de monte naturelle (MN) car ce mode de reproduction concerne 60 à 90% des vaches selon la race allaitante considérée;
- 3) l'utilisation en race pure et/ou en croisement des reproducteurs.

Améliorer l'efficacité de l'ensemble de la filière « viande bovine » nécessite donc d'intégrer dans les programmes de sélection de nombreux caractères qui concernent deux ensembles d'aptitudes distinctes :

❖ les « **aptitudes bouchères** » qui interviennent dans la valorisation du produit destiné à l'abattage (croissance avant et après sevrage, efficacité alimentaire, morphologie, qualités de la carcasse et de la viande) ;

❖ les « **qualités d'élevage** » qui jouent sur la productivité en veaux sevrés des vaches allaitantes, influencée à la fois par les aptitudes de celles-ci (précocité sexuelle, fertilité, facilité de vêlage, capacité d'allaitement, comportement, longévité...) et par les caractères du veau né (facilité de naissance, viabilité, comportement ...).

2-1-2- Les modèles bio-économiques proposés

En 1995-1996, j'ai élaboré un premier modèle permettant de déterminer les pondérations économiques de la majeure partie des caractères d'intérêt économique (7). La marge brute d'un élevage type d'un système de production a été modélisé pour un effectif constant de femelles mises à la reproduction. Les coûts et les recettes ont été décrits par des équations, fonctions de paramètres économiques (prix des aliments et des kilos de viande...), techniques (taux de renouvellement, nature des rations ...), et biologiques (capacité d'ingestion et besoins énergétiques des animaux exprimés en fonction de leurs âges, poids et performances de croissance et/ou production laitière). Une étude visant à déterminer par ce modèle l'objectif de sélection de la race Limousine fut menée en collaboration avec l'UPRA (26), l'Institut de l'Élevage et les ingénieurs des Chambres d'Agriculture qui assurent le suivi technico-économique d'un réseau d'élevages de la région Limousine. Cette étude visait d'une part à recueillir les données technico-économiques nécessaires au paramétrage du modèle bio-économique d'efficacité des systèmes de production, d'autre part à effectuer le calcul des pondérations économiques des caractères à améliorer en race Limousine. Les trois principaux systèmes de production existants en races bovines allaitantes ont été modélisés : « veaux sous la mère », « naisseur » et « naisseur-engraisseur ». L'objectif de sélection racial a été défini comme la moyenne des objectifs déterminés par système de production pondérés par les proportions de vaches correspondantes (cf Tableau 1). J'ai encadré ma première stagiaire, Catherine Bloch, pour faire l'analyse de sensibilité des pondérations calculées aux paramètres critiques du modèle (7). Les échanges avec les responsables raciaux sur les orientations à donner à l'amélioration génétique de leur race s'appuient sur ces travaux (40, 41).

Cette étude intéressa l'ensemble des UPRA et/ou unités de sélection des races bovines allaitantes qui furent demandeurs de tels travaux pour leur race respective. A partir du printemps 1997, des études ont donc été amorcées tour à tour en races rustiques (Aubrac, Gasconne et Salers), Blonde d'Aquitaine, Charolaise et Maine-Anjou. Ces projets ont fait appel à des collaborations avec les UPRA concernées et l'Institut de l'Élevage. Le travail en races rustiques s'est initié dans le cadre du programme européen « FAIR » avec le stage ingénieur de Valérie Dodelin (47), prolongé par un contrat de trois mois co-financé par l'INRA, l'Institut de l'Élevage et les UPRA concernées (48). Il

a été valorisé par une communication aux « 3R » de décembre 1998 (25). A la suite de ce travail, Valérie Dodelin a été recrutée par l'Institut de l'Élevage pour notamment prendre en charge le développement des objectifs et index de synthèse de tous les schémas de sélection des races bovines allaitantes, avec mon appui scientifique.

En 2000, j'ai développé un nouveau modèle pour le calcul de l'objectif de sélection de la race Charolaise. Ce développement a fait suite à l'expertise de Jean Devun, ingénieur de l'Institut de l'Élevage travaillant sur les systèmes de production charolais. Il semblait important d'intégrer de nouvelles modalités pour la gestion de la reproduction (cf Figure 4) pour rendre compte de la pratique courante chez les éleveurs charolais d'un volant de sécurité sur l'effectif de femelles mises à la reproduction par rapport à un objectif constant de nombre de vaches vèlées dans le troupeau. Ce modèle intégrant des contraintes supplémentaires au niveau de la gestion du troupeau (capacités d'hivernage et de pâturage considérées constantes) a montré la grande sensibilité des pondérations économiques des qualités d'élevage à des contraintes de reproduction et de coûts de production (non publié).

La pertinence du calcul des pondérations économiques des caractères à améliorer génétiquement repose sur l'hypothèse que le système étudié est dans des conditions technico-économiques optimales, notamment en terme de dimensionnement de l'entreprise (Smith *et al*, 1986). Face à une complexification du modèle sur la gestion de la reproduction, il me semble alors nécessaire de considérer une contrainte d'effectif d'animaux reproducteurs constant au sein de la population. En effet, les contraintes mises sur la gestion de la reproduction amènent en cas de réussite correcte de la reproduction à vendre des vaches pleines ou suitées pour rester à taille de troupeau constante. En terme de loi de l'offre et de la demande, il faut donc qu'un autre élevage achète des animaux reproducteurs pour que le volant de sécurité mis en place par le premier élevage puisse fonctionner. Le calcul des gains potentiels liés à une amélioration génétique des caractères doit se faire en intégrant cette loi de l'offre et de la demande, car il ne s'agit pas de calculer un gain opportuniste pour un éleveur individuel, mais le gain moyen que chaque éleveur peut espérer de l'amélioration génétique des reproducteurs. J'ai donc conseillé de mener un raisonnement mathématique avec contrainte du type « recettes totales constantes » pour calculer les pondérations économiques des caractères à attribuer dans un objectif d'amélioration raciale (44). Un tel raisonnement maintenait une importance forte aux qualités d'élevage *versus* les caractères de production dans l'objectif de sélection, du même ordre de grandeur que dans le modèle utilisé dans les autres races. Mais, l'explicitation aux éleveurs du raisonnement mathématique avec contrainte a semblé trop complexe aux ingénieurs de l'Institut de l'Élevage. L'UPRA Charolaise a décidé d'adopter en 2001 les pondérations économiques obtenues avec le modèle incluant seulement le volant de sécurité de la reproduction. De ce fait, l'objectif de sélection Charolais accorde à mon avis un poids insuffisant aux qualités d'élevage, en particulier à la fertilité de la femelle et à la survie du veau (Tableau 2).

2-1-3- Résultats marquants

Ces diverses études ont conduit à des évolutions majeures des pondérations relatives des différents caractères dans les indices de synthèse de toutes les races, notamment une forte diminution dans les objectifs de sélection du poids relatif des caractères de production au profit des qualités d'élevage, y compris en race Charolaise. L'importance relative des qualités d'élevage *versus* les caractères de production varie de 50 (races à viande spécialisée) à 70% (races rustiques) pour des gains exprimés pour un écart type phénotypique des caractères. Ce sont toujours les composantes de la productivité pondérale au sevrage qui prédominent, à savoir la fertilité de la vache, la survie du veau et les effets directs et maternels du poids au sevrage.

L'intérêt et les conséquences d'une diversification des objectifs de sélection dans un contexte de diversification des conditions de production ont été étudiés. Une trop grande diversification ne semble pas justifiée compte tenu de la grande robustesse des poids économiques relatifs des différents caractères aux variations, même importantes, de ces facteurs, et des effets potentiellement défavorables d'une trop grande dispersion des programmes de sélection.

2-2- Les animations pluri-espèces et interdisciplinaires

Dans toutes les espèces d'animaux de rente, il est nécessaire de développer une démarche scientifique interdisciplinaire pour modéliser les relations biologiques entre les caractères d'intérêt économique, améliorables génétiquement et évaluer l'importance relative à leur accorder en fonction de l'évolution des contextes technique, économique et social. Une telle approche nécessite l'acquisition de connaissances sur les mécanismes biologiques fins des aptitudes recherchées et des génomes impliqués, sur l'expression des aptitudes zootechniques en milieu avec contraintes, sur les caractères actuellement difficiles à mesurer, et sur les caractères non marchands requis par une valorisation propre au Développement Durable.

La démarche prônée par les généticiens pour rationaliser la construction de l'objectif de sélection repose sur la modélisation de systèmes de production dont l'efficacité est souvent considérée en termes strictement économiques. Cependant, certains caractères sans valeur économique quantifiable présentent un intérêt indéniable pour l'un des acteurs de la filière ou pour la société. Par conséquent, la fonction « objectif de sélection » doit désormais intégrer diverses contraintes pour assurer conjointement viabilité économique (réduction des coûts de production), équité sociale (conditions de travail des éleveurs, qualité et sécurité alimentaire, bien-être animal) et durabilité écologique (limitation des rejets ou des intrants pharmaceutiques). Étant donné qu'il faut de nombreuses années et d'importants effectifs d'animaux pour valoriser les ressources génétiques créées, comment peut-on alors définir un objectif de sélection suffisamment stable et consensuel intégrant la diversité des systèmes de production et des attentes de l'éleveur au citoyen? Une démarche interdisciplinaire associant biotechniciens, sociologues et économistes est indispensable pour répondre à une telle question.

Au vue de ma forte implication sur la thématique « objectifs de sélection », les chefs successifs du département de Génétique Animale m'ont demandé d'animer une réflexion trans-espèces et trans-disciplines sur les objectifs de sélection animale.

2-2-1- Un premier essai non transformé

Tout d'abord, à l'automne 1996, Bernard Bibé m'a demandé une note de synthèse sur les questions biologiques et économiques soulevées par la définition des objectifs de sélection à diffuser vers les départements et secteurs de l'INRA susceptibles de contribuer à une réflexion trans-espèces et disciplines sur le thème « contribution des modèles bio-économiques à la détermination des objectifs de sélection en productions animales ». Cette note a reçu un certain écho au sein du secteur « Animaux et Produits Animaux », mais bien peu au niveau du secteur « Société, Economie et Décision ». En 1997, j'ai relancé en vain tous les laboratoires d'économie dont l'activité me semblait susceptible de cadrer avec la thématique définie au niveau multi-espèces, en particulier les unités dont les préoccupations méthodologiques (en terme de consentement à payer du consommateur, de gestion de l'environnement et de prise en compte de l'incertitude dans la prise de décision) me semblaient *a priori* susceptibles de correspondre à certains de nos besoins. Début 1998, une réunion s'est tenue concernant le seul volet biologique pour lequel les collaborations étaient potentiellement nombreuses entre départements du secteur APA. Le but était de déterminer les modalités possibles d'une réflexion commune aux diverses disciplines et espèces pour une modélisation biologique pertinente vis à vis d'une finalité « objectifs de sélection animale ». A cette fin, les généticiens avaient demandé aux biologistes modélisateurs de présenter leurs travaux. J'ai réuni les résumés de leurs interventions ainsi qu'une introduction faite par les généticiens dans un document (53). Les principales préoccupations concernaient la modélisation des grandes fonctions et de leurs interrelations (Ingestion - Croissance - Lactation - Reproduction) et la modélisation de caractères fonctionnels tels que la résistance aux maladies ou le comportement, liés à la longévité de l'animal et à ses capacités d'adaptation plus généralement. Il fut décidé de poursuivre une réflexion trans-espèces en créant un groupe de réflexion inter-départements du secteur APA. Il fallait avant tout que les attentes des uns envers les autres se précisent. Pour les généticiens, l'attente est 1) d'assurer une détermination pertinente sur le plan biologique d'une fonction de synthèse des caractères à améliorer, 2) de mettre en évidence des critères de sélection précoces et indirects et 3) de permettre une anticipation de réponses indirectes à la sélection aux conséquences fâcheuses. Pour les biologistes modélisateurs, l'attente est avant tout une aide à la validation de leurs modèles et bien sûr un intérêt dans leur valorisation en terme de sélection animale. Il était prévu d'organiser une nouvelle journée en 1998 où ce serait au tour des généticiens de présenter soit plus précisément leurs démarches « objectifs de sélection », soit des éléments quantitatifs susceptibles d'aider les biologistes dans l'élaboration ou la validation de leurs modèles (effets de milieu, relations phénotypiques et génétiques entre certaines aptitudes). Faute de combattants, cette réunion a été annulée. Le devenir de ce groupe était compromis sans économistes et avec peu de généticiens réellement prêts à s'investir dans la thématique « objectifs de sélection » sans cette contribution des sciences sociales.

2-2-2- Le projet COSADD

En 2005, j'ai à nouveau relevé le défi en répondant à l'appel d'offre du programme fédérateur de l'ANR « Agriculture et Développement Durable » (ADD). J'élaborai un projet sur les critères et objectifs de sélection animale pour un Développement Durable (COSADD). J'associé 8 espèces-filières (du Poisson au Bovin) et les diverses disciplines de la génétique, physiologie, éthologie, sociologie et économie. Ce premier projet (54), dont la déclaration d'intention avait été retenue, fut éliminé en phase finale essentiellement par défaut d'implication suffisante de chercheurs en sciences sociales. Au nom du département de Génétique Animale, Didier Boichard m'incita à transformer l'essai en répondant à l'appel d'offre 2006 du programme ADD (55). Deux thématiques fortes du Développement Durable furent clairement affichées dans ce nouveau projet, à savoir la réduction des rejets animaux pour le pilier « environnement » et le bien-être animal pour le pilier « éthique » du Développement Durable. Renonçant à convaincre des économistes, je m'attelai à convaincre des sociologues de s'intéresser à ce projet de généticiens. En effet, il me semblait que les méthodes de la sociologie seraient sans doute plus appropriées pour contribuer à l'apport le plus original auquel un tel projet pouvait prétendre, à savoir une définition des objectifs de sélection au niveau de la société, et non plus seulement des éleveurs ou des entreprises de sélection. Avec un lourd investissement de 6 mois de montage de projet, l'essai fut transformé pour 4 des 8 filières animales présentées dans la déclaration d'intention.

Ainsi, le projet COSADD a démarré début 2007 et doit s'achever fin 2009 (37). Il concerne quatre filières animales, choisies pour leurs modes de sélection, d'organisation et de production contrastés : bovins allaitants, porcs, poulets de chair et poissons. Sa finalité, son organisation et les équipes participantes sont indiquées en figure 5. J'en assure la coordination avec l'aide d'un comité de pilotage constitué des animateurs des « work packages » : Pierre-Benoît Joly (INRA - SAE2) - Sandrine Grasteau (INRA - GA) - Anne-Charlotte Dockès (Institut de l'Élevage).

Le premier volet (WP1) vise à apprécier la capacité des schémas de sélection à intégrer de nouveaux objectifs, notamment en termes de bien-être animal ou d'environnement. Il est fondé sur les méthodes des sciences humaines et sociales, mais aussi sur une interaction forte entre chercheurs de ces disciplines, généticiens impliqués dans la sélection animale et représentants des filières. Il s'agit ici d'étudier la construction socio-technique de nouveaux objectifs et critères de sélection, entre les différents acteurs de la recherche, de la sélection et de la production des animaux d'élevage, en portant un intérêt tout particulier aux moments de tension et de reconfiguration des référentiels de connaissance et des modalités de la collaboration entre les différents acteurs impliqués.

Le second volet (WP2) cherche à expliciter les objectifs prioritaires des différents acteurs des quatre filières étudiées, notamment en termes de Développement Durable. Par des entretiens avec des leaders d'opinion, ce second volet vise aussi à tester la légitimité sociale des critères et objectifs de sélection et des priorités proposées par les acteurs des filières. Il s'appuie donc sur des enquêtes socio-économiques menées dans les filières et auprès d'associations civiles ainsi que sur des simulations économiques visant à évaluer l'impact de l'adoption d'une sélection axée sur la réduction de la pollution causée par les rejets animaux.

Le troisième volet (WP3) est consacré aux études biotechniques nécessaires à l'émergence de nouveaux critères de sélection relevant de préoccupations sociétales majeures sur le bien-être animal ou la limitation des rejets animaux. Ces travaux visent à estimer la variabilité génétique des critères étudiés et à analyser les capacités d'adaptation des animaux à de nouvelles conditions d'élevage en quantifiant les interactions entre expressions du génotype de l'animal et processus écologiques, économiques et sociaux. La tâche « bovin allaitant » de ce volet concerne la mise au point d'un critère de sélection de la docilité des bovins en ferme qui soit simple à mesurer et génétiquement discriminant.

L'analyse des travaux conduits dans WP1 et WP2 permettront d'engager une réflexivité critique et collective sur la façon dont se conçoivent, se diffusent et s'approprient les critères de sélection selon des voies qui peuvent être nouvelles au regard de ce qui s'est fait jusqu'à présent. Cela légitimera les recherches biotechniques déjà engagées et/ou fournira de nouvelles voies de recherche sur les critères de sélection.

J'organise quatre journées par an de réunions plénières afin de permettre aux chercheurs de différentes disciplines ou espèces de se doter d'un langage commun et de mettre à disposition du collectif les informations et réflexions utiles à COSADD. La réunion d'ouverture a eu pour objet de préciser l'ensemble des tâches du projet, de définir quelques notions de base à partager par tous (durabilité *versus* Développement Durable, critère de sélection *versus* objectif de sélection...) et les modalités de capitalisation des informations utiles au projet. Puis, deux journées consécutives apportèrent l'information initiale nécessaire à l'appropriation des objets de recherche par les sociologues : les enjeux socio-économiques des filières ont été présentés par les économistes des instituts techniques et les enjeux en sélection animale présentés par les généticiens.

A l'été 2007, j'ai réuni le comité de pilotage pour faire le point sur les moyens de dynamiser la discussion entre filières. En effet, les six premiers mois du projet avaient été riches en terme d'interactions entre disciplines au sein de chaque filière, mais l'interaction entre filières n'avait pas dépassée le cadre des réunions plénières et de la tâche de méthodologie commune à l'élaboration des grilles d'entretien de WP1 et WP2. Hors, assurer une réflexion commune aux diverses filières est une demande forte des comités scientifique et stratégique d'ADD. En effet, le conseil scientifique avait accepté avec réticence un projet sur quatre filières en émettant l'avis suivant : « le Conseil recommande l'organisation d'une concertation associant toutes les équipes afin de consolider les combinaisons « espèces x critères » au sein d'une approche globale de la sélection animale pour un développement durable ». Pour ce faire, le comité de pilotage de COSADD a proposé en réunion plénière de bilan de 1^{ère} année la participation d'intervenants extérieurs sur le thème : « Que peut-on faire au niveau de COSADD et des disciplines du projet pour répondre aux grandes questions que la société pose à l'élevage ? ». Bernard Hubert, concepteur du programme ADD et directeur du GIP INRA-CIRAD, est intervenu sur les grandes interpellations faites à l'élevage par la société, notamment d'après les éléments fournis par le rapport FAO « Livestock's Long Shadow » (2006). Barbara Redlingshöfer, écotrophologue recrutée à la Mission Environnement-Société de l'INRA, nous a présenté les travaux d'Europe du Nord sur l'alimentation durable, en particulier en terme de consommation de produits

carnés (Redlingshöfer, 2006). Trois ateliers vont également être organisés fin mai 2008 pour poursuivre une réflexion commune aux quatre filières autour d'une part des méthodes de construction socio-technique des critères/objectifs de sélection, d'autre part des thèmes « bien-être animal et sélection » et « rejets animaux et sélection ». L'objet est d'identifier autour de ces thématiques les décalages éventuels entre filières ainsi que, au sein de chaque filière, entre recherches génétique et éthologique/physiologique.

Dans l'ensemble, le projet se déroule selon les objectifs initialement définis. La réunion de bilan de 2^{ème} année est prévue sur deux journées consécutives en octobre 2008. Ces journées devront permettre la mise en lumière à partir des travaux déjà conduits en WP1 et WP2 des points critiques et des préoccupations majeures en terme de Développement Durable associées aux quatre filières animales du projet. Elles fourniront le matériel de base à la dernière série d'entretiens prévus dans WP2 auprès d'acteurs de la société civile, leaders d'opinion de la grande distribution ou de diverses associations de consommateurs et de protection des animaux ou de l'environnement.

Chapitre 3- Evaluation Génétique et Gestion des Populations Animales Sélectionnées

Les travaux sur l'évaluation génétique visent à proposer des indices de sélection toujours plus précis et mieux adaptés aux objectifs de la filière. Ils s'inscrivent dans les préoccupations de l'INRA à « adapter les espèces, les pratiques et les systèmes de production à des contextes changeants ».

La mise en œuvre en 1993 (Ménissier *et al.*, 1996) de l'évaluation génétique en ferme «IBOVAL» à l'aide d'un BLUP modèle animal a permis de comparer les valeurs génétiques prédites entre élevages, sous réserve qu'il y ait des connections génétiques entre élevages. Ceci a conduit à un essor notable de l'insémination animale dans les élevages de sélection des races bovines allaitantes et par là même à un fort accroissement des progrès génétiques réalisés. La mise en œuvre à partir de 1998 d'index synthétiques de sélection visant à maximiser pour les éleveurs les bénéfices attendus de la sélection a également permis d'orienter les schémas de sélection français vers une meilleure efficacité économique. Cette évolution continue avec la prise en compte de nouveaux critères de sélection (qualités d'élevage des veaux et femelles, données commerciales d'abattage...) ainsi qu'avec le démarrage d'évaluations génétiques internationales.

La recherche d'indices de sélection adaptés au contexte socio-économique et la proposition de méthodes d'évaluation et de sélection font partie des activités que mène l'équipe en interaction constante avec les organisations professionnelles en charge des programmes d'amélioration génétique (les UPRA, les entreprises de sélection), ou de leur suivi (l'Institut de l'Élevage, la Fédération Bovins Croissance, ...). Depuis l'été 2006, les activités R&D en lien avec l'Institut de l'Élevage ont été ainsi formalisées par la création d'une Unité Mixte Technologique « évaluation génétique des bovins » (cf Encadré 1).

3-1- Evolution des indices synthétiques de sélection

Une fois les objectifs de sélection actualisés, une phase de redéfinition de l'ensemble des indices synthétiques associés à toutes les étapes de sélection d'une race est nécessaire pour assurer l'adéquation de la sélection aux orientations définies. Pour assurer une continuité avec la démarche habituelle à nos partenaires professionnels, cette phase passe par l'étude des réponses élémentaires (sur chaque caractère évalué) à la sélection sur l'indice synthétique proposé. Afin de s'approcher des progrès génétiques relatifs qu'ils souhaitent sur les caractères, il s'agit alors d'adapter les coefficients d'indices proposés sans trop s'éloigner de l'optimum économique. Si l'on se réfère aux théories des sciences de gestion, la démarche suivie est du type « aide à la décision » (Roy, 1992), il s'agit de décrire ce qui s'est passé, de formuler comment les choses pourraient être changées et de développer un chemin pour passer de l'existant à l'alternative proposée. L'hypothèse faite est que les théories en usage empêchent les acteurs d'évoluer. Il faut donc mettre en place un processus d'apprentissage qui permette aux individus d'explorer et de reconcevoir leur théorie de l'action. Cette théorie suppose une réflexion collective et une démarche critique, notamment à l'aide de

modèles formalisés, en particulier des modélisations multicritères. Cette approche multicritère est en rupture épistémologique avec la recherche opérationnelle classique qui travaille sur des formulations de problèmes à un seul critère qu'il s'agit d'optimiser. Pour Roy, l'approche multicritère constitue une « désoptimisation » de la recherche opérationnelle. En outre, sa théorie est en rupture avec l'approche normative qui permettrait une prescription de la « meilleure décision » indépendante des acteurs et du contexte organisationnel. Fondamentalement, l'aide multicritère à la décision se propose d'accompagner scientifiquement les processus de décision, en faisant notamment ressortir ce qui est objectif de ce qui l'est moins (David *et al.*, 2001).

Dans le cas présent, cela s'est traduit par de multiples discussions entre 1998 et 2003, concernant le poids à accorder dans les index synthétiques de sélection au développement squelettique (DS) de l'animal. Traditionnellement, les sélectionneurs souhaitent un progrès notable sur le DS pour des raisons peu formalisées alors que sur le plan économique ce caractère n'intervient pas directement et qu'indirectement il contribue au fort accroissement de format de la vache adulte, donc de ses besoins énergétiques d'entretien. Depuis 2003, les organisations raciales et les entreprises de sélection des races à viande spécialisées ont évolué vers une moindre sélection du DS au profit du développement musculaire (DM), associé à une meilleure valorisation bouchère. En revanche, les organisations de sélection des races rustiques cherchent à se démarquer du format « viande » des races spécialisées en sous-pondérant dans leurs index de synthèse le DM par rapport à l'optimisation économique.

Afin de déterminer ces indices synthétiques de sélection à chaque étape des programmes de sélection allaitants, j'ai écrit en 1998 un programme (43) qui détermine les coefficients de l'indice synthétique de sélection permettant d'obtenir, par optimisation stochastique, le maximum de la réponse observée sur l'objectif de sélection. Il permet également d'étudier les réponses élémentaires sur chacune des composantes de l'objectif ou sur des caractères corrélés suite à une sélection par seuil sur tout indice synthétique de sélection. Ce programme permet de proposer un index « sub-optimal » sur le plan économique, mais satisfaisant les contraintes de progrès génétiques désirés. Je propose aux utilisateurs de ce programme de quantifier le degré de suboptimalité de l'index retenu (cf Figure 6). Un seuil minimum empirique de 90% de la réponse optimale sur l'objectif de sélection économique est proposé pour apprécier l'adéquation de l'index retenu à l'optimum économique.

L'INRA et l'Institut de l'Élevage proposent régulièrement aux UPRA de nouveaux indices synthétiques de sélection permettant d'assurer la cohérence entre sélection et objectifs des races, ainsi que l'intégration de caractères nouvellement évalués dans les indices de synthèse. Ainsi, la mise en place d'une évaluation des conditions de naissance à partir des données en ferme (IBOVAL en 2004) a amené à redéfinir l'ensemble des indices de synthèse IBOVAL pour intégrer ce nouveau caractère dans la sélection des reproducteurs. Après un investissement initial fort dans le développement de ces indices à la fin des années 1990, j'ai pu m'appuyer sur des ingénieurs de l'Institut de l'Élevage pour accompagner les organismes de sélection dans ces changements d'orientation. J'assure maintenant essentiellement la formation et l'appui scientifique nécessaire aux ingénieurs de l'Élevage pour qu'ils soient à même d'effectuer le développement de nouveaux index synthétiques de sélection. En dix ans, j'ai ainsi formé

successivement trois ingénieurs de l'Institut de l'Elevage à la détermination des objectifs et indices synthétiques de sélection : Valérie Dodelin, puis Thierry Pabiou, et enfin cette année, Jean Guerrier en formation continue de Master 2 « STV- Sciences de l'animal - Parcours génétique » (cf chapitre 5). Je contribue aussi à la rédaction de documents de synthèse sur les objectifs et indices de sélection (42, 43, 44).

3-2- Evolution des évaluations génétiques des reproducteurs

Face à de nouveaux caractères à considérer dans la sélection des races allaitantes, la mise en oeuvre d'une évaluation génétique nécessite un travail préalable de recherche des critères et des modèles d'analyses les plus adaptés à la mise en évidence des différences d'origine génétique. Ainsi, l'étude des caractères de reproduction nécessite souvent le traitement statistique de données discrètes et/ou censurées. Aussi, j'ai suivi divers cours sur les modèles non linéaires et linéaires généralisés (cf Annexe 2) pour me permettre d'assurer l'analyse de telles variables.

3-2-1- Modèles d'évaluation génétique des conditions de naissance

En 2001, j'ai fait évoluer le modèle d'évaluation des taureaux d'IA sur la facilité de naissance de leurs veaux en testage en utilisant conjointement la note de difficulté sous un modèle à seuil et le poids à la naissance après avoir estimé les paramètres génétiques pour les trois races à viande spécialisées (non publié). Un nouvel indice synthétique associant poids et note de conditions de naissance a été proposé aux unités de sélection. Jusqu'en 2003, l'évaluation de la facilité de naissance à partir du contrôle de performances en ferme n'utilisait que le poids de naissance à cause des difficultés d'analyse en modèle à seuils de la note de conditions de naissance (4 catégories ordonnées de 1, vêlage sans aide, à 4, césarienne). J'ai donc conduit une étude pour rechercher le meilleur modèle à utiliser pour l'évaluation de ces conditions de naissance, en considérant la faible taille des groupes de contemporains observés et le problème dit des « catégories extrêmes » qui en résulte. Il s'avère qu'il est préférable d'analyser la performance observée comme une variable continue plutôt que discrète afin de pouvoir traiter les groupes de contemporains comme effets fixes plutôt qu'aléatoires (8). Avec l'estimation des paramètres génétiques du poids et de la note de conditions de naissance (cf chapitre 4), la mise en place d'une nouvelle évaluation combinant ces deux caractères et leurs effets génétiques directs et maternels, a été possible dès 2004. La nouvelle évaluation sur les facilités de naissance permet de discriminer au sein des populations les reproducteurs améliorateurs des conditions de naissance de par leurs effets directs sur les veaux nés, des reproducteurs améliorateurs des conditions de vêlage de leurs filles (cf Figure 7), et ainsi mieux répondre aux objectifs de chaque race. J'ai proposé une méthodologie à suivre et des critères d'aide à la décision dans l'élaboration des indices synthétiques de sélection en ferme incluant les conditions de naissance (42)

3-2-2- Vers une évaluation en ferme de la fertilité des vaches ?

Etant donné leur importance économique au niveau des élevages (24, 25), les caractères de reproduction doivent être mieux pris en compte dans les programmes d'amélioration génétique des races bovines allaitantes. A l'heure actuelle, seule une évaluation génétique des taureaux d'insémination artificielle (IA) est effectuée sur de tels caractères mesurés sur leurs filles contrôlées en station de descendance « Qualités Maternelles » (QM) depuis les années 1980 (cf Figure 3). Afin de permettre une évaluation génétique des caractères de reproduction pour l'ensemble des animaux des bases raciales de sélection, les données recueillies en ferme doivent au préalable être analysées pour 1) vérifier la qualité des enregistrements dans les fichiers de performances, 2) déterminer les caractères de reproduction sur lesquels une évaluation génétique serait intéressante et 3) établir les modèles statistiques appropriés au traitement de ces caractères de nature souvent particulière (données discrètes et/ou censurées).

3-2-2-1- Un travail préliminaire en race Gasconne

En 1998, le travail de stage de Thierry Pabiou (49) a montré qu'il était avant tout nécessaire d'améliorer le recueil des données avant de pouvoir mettre en place une quelconque évaluation des caractères de reproduction en races allaitantes. Le problème résidait dans l'absence d'information quant aux conditions de mise à la reproduction des vaches et à leur présence dans le troupeau. C'est ainsi que pour les critères de mesure de la longévité de la vache, le nombre d'observations de carrières complètes étaient trop faible en 1998 car les enregistrements des mouvements d'animaux n'ont été systématiques dans les élevages au contrôle de performance qu'à la fin des années 1980, voire au début des années 1990 selon les races.

Malgré la réforme du système d'information génétique mise en oeuvre en 2000, l'exhaustivité de collecte des informations de saillie en monte naturelle n'a pu être obtenue pour les élevages au contrôle de performance. En conséquence, seules les femelles mises à la reproduction par insémination artificielle peuvent faire l'objet d'une évaluation de la fertilité, ce qui limite beaucoup la portée d'une telle évaluation dans les races allaitantes, en particulier en races rustiques où le taux d'IA est inférieur à 10%.

3-2-2-2- Une nécessaire refonte de l'évaluation « QM » des taureaux d'IA

En 2002, l'essentiel de mon travail a plus été celui d'un ingénieur que d'un chargé de recherche. Cette situation a résulté du congé longue maladie de l'ingénieur en charge de l'évaluation « Qualités Maternelles » (QM) dans les trois races à viande spécialisées. Sans mon implication volontaire à remplir la mission confiée à l'INRA en terme d'évaluation génétique des reproducteurs, il eut fallu annoncer à la profession l'arrêt des évaluations génétiques des QM des taureaux d'IA. Cette activité m'a tout de même permis de publier un article scientifique sur les estimations des paramètres génétiques

des qualités d'élevage évaluées en station (11). Mon travail a consisté en la nécessaire actualisation et automatisation des programmes informatiques, afin d'une part qu'ils puissent tourner dans notre environnement informatique le plus approprié et s'adapter aux modifications du logiciel de saisie en station des données QM et d'autre part qu'ils soient utilisables à l'avenir par tout membre de l'équipe à moindre coût humain. Cette phase était rendue vitale non seulement par l'absence du seul ingénieur en charge de l'évaluation QM, mais aussi par le départ en retraite (non remplacé) d'une technicienne l'aidant dans la gestion des données. J'ai ainsi assuré de 2002 à 2005 la gestion des données QM et les évaluations génétiques avec les nouveaux programmes. En 2005, j'ai formé Eric Venot, le nouvel ingénieur en charge de cette évaluation.

3-2-2-3- L'expérimentation « Bourgogne » en race Charolaise

En 1997, les responsables de coopératives d'insémination artificielle de la région Bourgogne ont engagé une réflexion, associant l'UPRA Charolaise, Bovin Croissance, l'INRA et l'Institut de l'Élevage, sur la faisabilité d'une évaluation génétique des QM des taureaux d'IA à partir des performances de leurs filles contrôlées en ferme. Un des intérêts majeurs de ce projet était d'accroître le nombre de reproducteurs évalués afin d'élargir la gamme de taureaux proposés aux éleveurs sans pour autant augmenter le coût de la sélection. De plus ce nouveau dispositif permettait d'augmenter l'implication des éleveurs dans le programme de sélection puisque toute la phase de testage des taureaux se déroule alors en ferme plutôt qu'en station.

Pendant trois années successives (1998-2000), des IA de testage ont été mises en place pour permettre une évaluation simultanée en ferme et en station de 15 taureaux dits de « double testage ». En 2005, les trois séries de génisses de ce programme expérimental sont arrivées au terme du protocole de contrôle des performances développé en ferme. J'ai alors pris en stage de DESS Pierrette Chagneau (51) pour étudier la faisabilité d'une évaluation génétique des taureaux sur la fertilité de leurs filles contrôlées en ferme (cf Tableau 3). Pour les taureaux de l'expérimentation, la corrélation entre les index calculés en ferme et ceux calculés en station est de 0,26 pour la réussite à l'IAP. Cette faible corrélation était attendue du fait de la très faible héritabilité du caractère et du nombre de descendants contrôlés insuffisant pour obtenir des C.D. élevés. La moyenne des C.D. (0,22) est identique en ferme et en station, en contrôlant 50 et 25 génisses par taureau, respectivement en ferme et en station. Il est donc possible d'obtenir une évaluation de même précision en ferme qu'en station à condition de doubler le nombre de filles contrôlées et d'assurer leur répartition dans le plus grand nombre d'élevages possible pour garantir une estimation des valeurs génétiques sans biais.

Ces premiers résultats laissaient espérer qu'une évaluation des taureaux d'IA sur la fertilité de leurs filles contrôlées en ferme soit envisageable. Une première évaluation génétique de la réussite à l'IAP dans les élevages Charolais faisant du testage en ferme des QM a donc été réalisée à l'été 2006 (cf Figure 8). Toutefois, l'intérêt d'une telle évaluation est conditionné au fait de pouvoir cumuler l'information de réussite à l'IAP des vaches avec celle des génisses pour obtenir des index précis dès les premières années de mise en service des taureaux. Hors, la corrélation génétique estimée est proche de 0 entre caractères mesurés sur génisse et vache (36). J'ai donc renoncé à

mettre en place à court terme une évaluation génétique de la fertilité mesurée en ferme. Je donne la priorité à la mise en place d'une évaluation concernant la carrière des vaches car, d'une part, la longévité est plus héritable (cf chapitre 4), d'autre part, toutes les races allaitantes sont intéressées par une prise en compte de la carrière de la vache dans les évaluations génétiques, alors qu'une évaluation de la seule fertilité sur IA n'intéresse que les races à viande spécialisées dans lesquelles le noyau de sélection a un taux de pénétration de l'IA suffisant (races Charolaise et Blonde d'Aquitaine).

3-2-3- Modèles d'évaluation de la longévité

Du fait de son importance économique (réduction des coûts de remplacement) et éthique (amélioration du bien-être animal), la longévité, appréciée en terme de durée de vie productive (âge à la réforme - âge au premier vêlage), est un caractère qui a reçu une attention croissante dans la dernière décennie en génétique animale, en particulier pour les vaches laitières. Il s'agit maintenant d'inclure une mesure de la vie productive de la vache allaitante dans nos schémas de sélection.

3-2-3-1- Un aperçu sur la méthodologie appliquée

Sur le plan méthodologique, l'évaluation de la longévité fait appel aux méthodes statistiques de l'analyse de survie décrites pour une utilisation en génétique quantitative par Vincent Ducrocq. Ce dernier a proposé une démarche générale pour une évaluation génétique de la durée de vie productive d'un animal et la mise à disposition d'un logiciel, le « survival kit » (Ducrocq et Sölkner, 1998).

L'analyse de données de survie est l'analyse de variables aléatoires positives T qui mesurent la distance entre deux événements (un point d'origine et un point final) qui ne sont pas toujours observés. L'analyse statistique s'effectue par l'estimation de la fonction de survie et de la fonction de risque. La fonction de survie $S(t)$ est la probabilité que $T \geq t$ pour t appartenant à l'intervalle $]0 ; +\infty[$. La fonction de risque $h(t)$ décrit le taux instantané de mortalité au temps t , parmi les individus encore en vie juste avant t . Une modélisation de la distribution des durées de vie par des lois de Weibull est fréquemment effectuée en analyse de survie. C'est donc le modèle développé dans le survival kit. Il décrit le risque instantané de mortalité par $h_0(t) = ab (at)^{b-1}$, avec $a > 0$ et $b > 0$. Si $b=1$, le risque instantané est constant au cours de la vie. Si $b > 1$, le risque est croissant au cours de la vie. Classiquement, chez les bovins, b est estimé à une valeur comprise entre 1 et 2 (cf Figure 9). A ce risque de base, s'ajoute multiplicativement un risque fonction de causes de réforme dues à des effets génétiques (par exemple l'effet aléatoire s du père de la vache) et à des effets de milieu, dont certains β sont supposés constants au cours de la carrière de l'animal (troupeau, période et âge de la mère au 1^{er} vêlage) et d'autres α sont des covariables dépendantes du temps (condition du vêlage, campagne de vêlage,...) : $h(t) = h_0(t) \exp[x(t)\alpha + y\beta + z's]$

La mesure de variables dites de longévité comme « le nombre de vêlages » ou « la durée de vie productive » nécessite une information complète, c'est-à-dire que la carrière

reproductive de l'animal considéré soit effectivement finie et connue (dates de naissance et de mort enregistrées). Dans ce cas, toutes les variables de longévité peuvent être dûment calculées. Mais, cette condition est difficilement remplie dès lors qu'il s'agit de faire de la prédiction de valeurs génétiques pour des animaux reproducteurs encore actifs. On ne dispose alors que d'une information partielle sur les carrières des vaches : on ne connaît alors que les dates d'entrée dans l'élevage (naissance, achat) et les dates de vêlage. L'analyse de données censurées est donc une méthode statistique puissante pour répondre à ce questionnement. Quand le point final (date de réforme) n'est pas observé, on parle alors de donnée censurée à droite. Deux raisons peuvent être invoquées pour cette censure : la fin de la période d'étude, ou la perte de suivi ; ce dernier type de données censurées est plutôt fréquent dans nos fichiers car il concerne les animaux qui sortent d'une exploitation adhérente au contrôle de performance pour être engraisé ou poursuivre une carrière reproductive dans un élevage non adhérent au contrôle de performance. La méthodologie développée pour prendre en compte les données censurées nécessite que la censure soit aléatoire, c'est-à-dire indépendante de la valeur de T. Ceci est un problème dans le genre d'analyse que l'on peut faire. En effet, dans les troupeaux bovins, les raisons de sorties des animaux, sauf causes accidentelles, sont rarement aléatoires : la vente d'animaux d'élevage est en général bien réfléchi par l'éleveur en fonction notamment du potentiel de durée de vie productive de l'animal. Si toutefois le taux de censure est faible, l'incidence du non respect de l'hypothèse de censure aléatoire est, *a priori*, faible.

3-2-3-2- Une première application en race Charolaise

En 2006, une première étude a concerné le choix des modèles statistiques pertinents et l'intérêt génétique de diverses mesures possibles (durée de vie *versus* nombre de vêlages jusqu'à un âge donné) de la vie productive de la vache Charolaise (30). Je me suis pour cela limitée aux performances enregistrées dans les 265 élevages Charolais ayant au moins 100 vêlages de primipares enregistrés entre 1990 et 2004 et au minimum 5 vêlages chaque année, ce qui a conduit à l'analyse de 72435 carrières de vaches.

Pour définir les critères à étudier, je suis partie de deux hypothèses de travail. La première hypothèse est que les causes de réforme et les facteurs génétiques impliqués peuvent être très différents entre jeunes et vieilles vaches. La seconde hypothèse est qu'il est plus pertinent de mesurer la carrière d'une vache allaitante par son nombre de vêlages que par sa durée de vie productive, car le produit est le veau (en général un par vêlage) et non le lait (collecté tous les jours). Deux périodes de 4 et 8 ans d'observation de la carrière de la vache ont donc été définies à partir de la date du 1er vêlage, ainsi que deux mesures différentes de la carrière : la durée de vie productive (L) et le nombre de vêlages (N) sur la période d'observation définie (L4 / L8, N4 / N8). Pour les variables continues L4 et L8, l'analyse s'est faite classiquement sous un modèle de Weibull. Pour N4 et N8, données de survie discrètes, l'analyse a fait appel au modèle discret dit de « données groupées » développé dans le survival kit (Ducrocq, 1999).

Les résultats montrent qu'avec la modélisation appropriée de la fonction de risque, la même aptitude de longévité est appréciée par la durée de vie productive et le nombre de

vêlages. L'héritabilité estimée est très légèrement supérieure pour N (0.17) que pour L (0.15). Les index d'après les mesures à 4 ans et à 8 ans sont bien corrélés, mais pas identiques.

Une étude en race rustique est à mener pour évaluer l'intérêt de ces critères dans un tout autre contexte d'élevage, avant de définir le critère qui sera soumis à évaluation génétique. En effet, le jeu de données étudié (gros élevages charolais) amène sans doute à ces faibles écarts d'héritabilité et d'index entre les quatre critères étudiés. Je m'attends *a priori* à des différences plus fortes en races rustiques où les carrières moyennes sont nettement plus longues, les causes de réforme différentes et le taux d'IA plus faible qu'en races à viande spécialisées.

3-2-4- Modèles d'évaluation internationale

L'évaluation génétique internationale est un enjeu de plus en plus important dans la compétition entre pays pour le commerce des reproducteurs et/ou de matériel génétique. Elle est gérée dans la filière bovine par Interbull, organisme regroupant les principaux pays producteurs. Elle nécessite des développements statistiques complexes, qu'il convient de bien maîtriser afin d'éviter tout risque de biais susceptible de favoriser certains pays. L'INRA constitue depuis près de vingt ans en races laitières une force de proposition majeure dans le domaine.

Suite à un projet sponsorisé par l'Institut de l'Élevage, l'ICBF, le MLC et ICAR, un premier projet d'évaluation internationale « Bovins Allaitants » a vu le jour en 2002. Une première partie du projet s'est déroulée à la SGQA afin d'établir un prototype d'évaluation européenne. La première évaluation pilote a eu ainsi lieu en 2003 en race Charolaise avec les données anglaises, françaises et irlandaises. La seconde partie du projet s'est déroulée à l'AGBU (Université du New South Wales, Armidale, Australie) afin de comparer les diverses stratégies d'évaluation internationale possible sur la base des données australiennes et françaises en race Limousine. J'ai pour ma part été la cheville ouvrière de cette seconde partie lors d'un séjour sabbatique d'un an à l'AGBU (13, 29). En 2006, Interbull a donné naissance à un nouveau comité, Interbeef, pour assurer une évaluation européenne des races allaitantes. L'INRA est en charge de développer la méthodologie pour réaliser ces évaluations en races Charolaise et Limousine. La méthode choisie est une évaluation à partir des performances brutes par un modèle animal avec effets maternels génétiques et d'environnement commun. En effet, lors de mon séjour à l'AGBU, j'ai pu montrer que cette stratégie est la plus souhaitable sur le plan scientifique, même si cette stratégie n'avait pas été retenue par les races laitières pour des raisons essentiellement politiques. Sur le caractère jusqu'alors étudié pour ces évaluations internationales, le poids au sevrage, il a été montré sur plusieurs races allaitantes, notamment les races Hereford, Charolaise et Limousine, que les interactions « génotype x pays » sont faibles, mais qu'il existe une forte hétéroscédasticité des performances entre pays : les variances génétiques et environnementales sont très hétérogènes.

En 2005, j'ai co-encadré le stage de Master 2 « SVT- Sciences de l'animal » d'Eric Venot sur ce projet d'évaluation internationale et je lui ai apporté mon appui en 2006 pour conduire les études préliminaires d'estimation de paramètres génétiques

nécessaires à la mise en œuvre d'évaluations génétiques européennes en races Charolaise et Limousine.

3-3- Evaluation de l'efficacité des programmes de sélection

Afin d'aider les acteurs de la sélection dans leur prise de décisions, il convient d'évaluer l'efficacité des programmes par la prédiction des réponses à la sélection, progrès génétiques et gains économiques réalisés et espérés (1, 2, 3, 4, 19, 20, 21, 22), en vue de les optimiser, voire de les simplifier.

3-3-1- Efficacité à court terme de la sélection

Ainsi, pendant ma thèse (17), j'ai montré que la majeure partie du progrès génétique réalisé sur la croissance avant sevrage en race Limousine était vraisemblablement due à la sélection des taureaux d'IA (2) et que l'efficacité attendue de la sélection de ces mêmes taureaux sur les qualités maternelles était réduite du fait de la faiblesse des effectifs contrôlés en station et de la forte sélection antérieure de ces taureaux sur la croissance (1).

A l'issue de ma thèse, j'ai apporté mon appui méthodologique à une optimisation de schémas de sélection porcins (23, 46) et avicoles (6), en co-encadrant Laurence Maignel en stage de fin d'études d'ingénieur, et Hervé Chapuis l'année du séjour sabbatique aux USA de son directeur de thèse.

La réponse à la sélection dépend de la précision de l'évaluation des candidats à la sélection. La précision de l'estimation des valeurs génétiques dépend des quantités d'informations disponibles et de l'héritabilité des caractères, mais également de l'adéquation du modèle d'analyse utilisé à la structure des données disponibles. Entre 1996 et 2004, une série de travaux conduits avec Denis Laloë (5, 9, 10) ont permis de proposer un critère de mesure de la robustesse à travers le coefficient de détermination (CD) de comparaison minimum, de comparer divers dispositifs de testage des taureaux d'IA et de raisonner l'inclusion d'effets groupes dans leur évaluation. Ces travaux ont fait suite à une demande des unités de sélection visant à réduire le nombre de taureaux témoins qui lient génétiquement les différentes séries de mâles évalués sur descendance en station. J'ai étudié par simulation stochastique la perte d'efficacité (en terme de différentielle de sélection) que risquait d'engendrer une moindre connexion des séries. Cette étude a mis en évidence l'impossibilité d'une comparaison fiable des taureaux entre séries d'évaluation du fait du trop faible nombre de descendants contrôlés par taureau, même dans le cadre d'un dispositif de connexion forte. Il est apparu que le modèle d'évaluation génétique utilisé ne permettait pas d'estimer les différences de niveaux génétiques pouvant exister entre séries, ne serait-ce que du fait du progrès génétique réalisé en base de sélection et ce malgré une très bonne connexion des séries. L'introduction de groupes génétiques dans le modèle statistique permet d'estimer correctement le progrès génétique simulé et d'accroître la réponse prédite à la sélection. En revanche, la réponse vraie n'est pas améliorée et son espérance est alors significativement différente de l'espérance de la réponse prédite. Ces résultats sont liés à l'augmentation de la variance d'erreur de prédiction des valeurs génétiques et ont

pu être confirmés par approches analytiques (cf Encadré 2) et publiés (9, 10). Ils nous ont conduit à juger recevable sur le plan scientifique la demande d'allégement des connexions planifiées entre séries de taureaux évalués en station de contrôle de descendance.

3-4-2- Efficacité à long terme de la sélection

Les recherches sur l'optimisation des schémas de sélection doivent aussi prendre en considération la nécessité de gérer la variabilité génétique conjointement au progrès génétique, afin d'assurer l'efficacité à long terme des programmes de sélection des reproducteurs bovins allaitants contrôlés en ferme et en station.

Par rapport à d'autres méthodes, moins précises, la sélection sur indices BLUP et modèle animal entraîne une augmentation de la probabilité de co-sélection d'individus apparentés, issus des meilleures familles. Cette méthode utilise toute l'information familiale disponible et peut entraîner, à terme, des problèmes de variabilité génétique et d'efficacité de la sélection. En effet, l'indice BLUP d'un taureau d'IA, dont l'ascendance est connue et la descendance nombreuse, est calculé avec plus d'informations qu'un jeune taureau sans descendance et à l'ascendance mal connue. A valeur génétique vraie égale, pour peu que les deux animaux soient améliorateurs, l'indice de valeur génétique du jeune taureau sera régressé vers 0 et le taureau d'IA sera donc avantagé. Pour la procréation de la génération suivante, le progrès génétique est maximisé à court terme par l'utilisation des meilleurs animaux triés sur indice BLUP. Cependant, l'espérance de la valeur génétique ne dépend pas uniquement de la moyenne des valeurs génétiques parentales mais aussi de l'apparementement entre reproducteurs et de la consanguinité résultante chez leurs produits. Ces considérations souvent relevées dans la littérature rencontrent sur le terrain les observations empiriques des professionnels de la sélection des bovins allaitants, qui soulèvent le fait que les méthodes d'évaluation par BLUP avec prise en compte des apparementements connus entre animaux amènent à un choix quasi-exclusif de nouveaux reproducteurs (taureaux d'IA ou de MN, mères à taureaux) parmi les mêmes lignées familiales très bien connues au détriment de lignées nouvelles. En 2005, j'ai donc proposé d'encadrer une thèse sur ce sujet, co-financée par le Département de Génétique Animale et les organismes de sélection des races à viande spécialisées et rustiques. Alban Bouquet a démarré ce sujet de thèse sous la direction de Gilles Renand en octobre 2006.

Les solutions au paradoxe évoqué ci-dessus sont de deux ordres, qui servent de fil conducteur au travail de thèse :

❖ Une intervention sur le modèle statistique de calcul des valeurs génétiques.

Pour des raisons inhérentes aux populations bovines allaitantes et à la connaissance des pedigrees, les évaluations génétiques des caractères mesurés en ferme se font avec des modèles génétiques supposant une population animale de base homogène, sans apparementement, ni sélection. Cette hypothèse n'est pas vérifiée dans la réalité et prend d'autant plus de poids qu'il existe de grosses disparités dans les choix de reproducteurs entre élevages allaitants (niveau d'utilisation de l'insémination artificielle, modalités d'approvisionnement

en taureaux de monte naturelle...). Ces caractéristiques de l'élevage allaitant induisent une connaissance plus ou moins exhaustive des pedigrees et des performances de tous les animaux inscrits au Herd-Book. La stratégie utilisée pour répondre à ces questions est d'apprécier l'impact de l'introduction de groupes de parents inconnus sur l'efficacité de la sélection. L'inclusion d'informations *a priori* sur les animaux les moins connus par la définition de groupes d'animaux supposés de même valeur génétique doit permettre une meilleure estimation des valeurs génétiques en limitant le phénomène de régression vers 0. Si le principe méthodologique est bien connu (Kennedy, 1981; Pollak et Quaas, 1983), deux aspects n'ont que peu été abordés :

1) son intérêt n'a guère été quantifié qu'en termes statistiques de biais et de précision, voire récemment d'efficacité à court terme de la sélection (10). Or, il est important en terme d'efficacité à plus long terme de la sélection de connaître l'incidence de cette solution sur le choix des reproducteurs en terme de variation du nombre de lignées familiales sélectionnées.

2) la définition des groupes s'est toujours basée sur une définition temporelle pour prendre en compte le progrès génétique et une définition spatiale limitée à la migration de reproducteurs d'un pays à l'autre. Dans les populations allaitantes, les migrations à l'échelle nationale doivent être prises en considération.

Par ailleurs, les évaluations génétiques des taureaux à partir de données recueillies en station se font actuellement sans prendre en compte les étapes séquentielles de sélection des taureaux préalablement à leur évaluation en station. Il est vraisemblable que ceci ait des répercussions sur les choix et les origines des taureaux agréés à l'IA. En effet, les animaux évalués en station de contrôle individuel et en contrôle sur descendance sont un échantillon non aléatoire (*a priori* les meilleurs sur la croissance) des descendants mâles de certaines lignées paternelles et/ou maternelles choisis dans un nombre limité d'élevages constituant le noyau de sélection IA parmi l'ensemble des élevages soumis à l'évaluation en ferme. Il est donc important de se préoccuper de limiter l'accumulation de consanguinité dans ces noyaux de sélection. Il s'agit alors de mesurer l'impact en terme d'efficacité à court et long terme des choix de sélection des taureaux d'IA à partir des évaluations actuelles en comparaison des choix qui seraient fait dans une évaluation conjointe des performances en ferme et en stations.

❖ La recherche d'une méthode de gestion des reproducteurs qui ne se fonde pas seulement sur les valeurs génétiques prédites.

Il s'agit de proposer des développements soit en terme de stratégies de sélection, soit en terme de plan d'accouplement pour limiter l'accumulation néfaste de la consanguinité dans les noyaux de sélection approvisionnant les schémas d'IA. De nombreuses démarches ont été publiées dans la littérature bovine laitière et consistent à maximiser l'espérance du progrès génétique en posant une contrainte sur le taux de consanguinité (Meuwissen, 1997), ou *vice-versa* à minimiser le taux de consanguinité à progrès génétique désiré (Colleau *et al.*, 2004). Il s'agit alors de comparer les différentes méthodes susceptibles d'être utilisées dans les programmes allaitants en réalisant une modélisation et des simulations de ces schémas de sélection. Si une méthode semble satisfaisante, il sera alors proposé de l'inclure dans l'élaboration d'un outil de gestion des populations de reproducteurs. Sinon, il s'agira de développer une méthodologie adaptée aux populations de bovins allaitants.

Les solutions proposées doivent être jugées à l'aune de critères d'optimalité pertinents pour assurer l'efficacité de la sélection sur un terme raisonnable de 5 à 10 générations de sélection (25 à 50 ans). En outre, les réponses apportées doivent correspondre aux attentes du monde professionnel. Il s'agira dans la réflexion de ne pas ignorer ce que la sélection génomique pourrait résoudre sur le long terme, en évitant l'utilisation de l'information généalogique et donc en réduisant la probabilité de co-sélection d'individus apparentés. L'application des solutions proposées dans un schéma d'amélioration génétique doit enfin être étudiée sur le plan de la simplicité de mise en œuvre et de leur acceptation par les acteurs de la sélection.

Alban Bouquet achève ce printemps la première des trois études décrites ci-dessus par une phase de valorisation : rédaction du manuscrit de thèse, communications aux mondes professionnel (groupe technique GEMIBA) et scientifiques (séminaires des doctorants ABIES et Département de Génétique Animale, EAAP), rédaction d'un article scientifique.

Chapitre 4- Variabilité génétique des qualités d'élevage

Soucieuse d'améliorer l'évaluation génétique des caractères dont j'avais montré l'importance économique au niveau des élevages, j'ai été amenée depuis 2001 à analyser la variabilité génétique de diverses qualités d'élevage et de croissance-morphologie avant sevrage dans toutes les situations de contrôle de performance : domaine expérimental, stations d'évaluation des reproducteurs et fermes. Si à partir des bases de données nationales il est possible d'estimer la variabilité génétique dans les conditions de production du terrain et donc de proposer des méthodes de sélection adaptées, les caractères mesurés sont souvent très synthétiques. Les connaissances acquises sur le déterminisme génétique des composantes biologiques de la production de viande proviennent pour l'essentiel des dispositifs expérimentaux mis en place dans les domaines de l'INRA.

Ces études ont été motivées par un double intérêt. En premier lieu, ces études correspondent au préalable indispensable à la mise en place de nouvelles évaluations ou à une actualisation nécessaire de paramètres utilisés dans les évaluations existantes. Elles permettent également d'estimer les corrélations génétiques entre aptitudes (croissance et reproduction, par exemple) et donc d'apprécier les réponses indirectes à la sélection.

4-1- Qualités d'Elevage des Veaux

4-1-1- Performances des veaux de la naissance au sevrage

De la naissance au sevrage, les performances des veaux (poids et condition de naissance, poids et morphologie au sevrage) dépendent non seulement de leur propre potentiel génétique mais également de l'aptitude de leur mère à les élever. Grâce à la mise en œuvre de modèles d'analyse *ad hoc* (modèle animal avec effets génétiques maternels et d'environnement permanent), la variabilité de ces effets génétiques directs et maternels a pu être estimée dans toutes les races allaitantes contrôlées en France à partir de données recueillies en ferme (12) et en stations de contrôle sur descendance des taureaux (11). Les corrélations génétiques entre caractères sont relativement homogènes entre races. Elles sont d'amplitude modérée (valeur absolue inférieure à 0.5), à l'exception des corrélations entre effets génétiques directs des poids et facilités de naissance qui sont plus conséquentes (-0.66 à -0.78) dans les races à forte incidence de difficultés de naissance (Charolaise, Blonde d'Aquitaine, Parthenaise et Rouge des Prés).

4-1-2- Comportement et docilité des veaux

Depuis 1990, un test de docilité visant à appréhender la réactivité comportementale de l'animal à la manipulation par l'homme est mis en œuvre dans les stations d'évaluation des reproducteurs en race limousine : station d'évaluation de Lanaud sur performances individuelles et station de Moussours de contrôle sur descendance des filles des taureaux d'IA. Au cours de ces tests, réalisés après sevrage à l'entrée en station vers l'âge de 9-10 mois, sont recueillies différentes informations relatives à l'activité de l'animal (tentatives de fuites, temps de course), les manifestations d'agressivité, et les résultats des tentatives de contrainte sur l'animal. Une note de docilité synthétise l'activité comportementale de l'animal en une seule valeur quantitative.

En 2005, nous avons estimé les paramètres génétiques de divers critères de comportement enregistrés lors de ces tests (34). Les valeurs d'héritabilité observées pour la plupart des caractères mesurés sont moyennes (autour de 0.2) et conformes aux résultats rapportés dans la littérature. Malgré une variabilité génétique et phénotypique parfois plus élevée chez les femelles que chez les mâles, les corrélations génétiques estimées entre sexes montrent que les différents caractères comportementaux sont gouvernés par un même pool de gènes chez les mâles et les femelles (33). Les corrélations génétiques estimées entre critères de comportement mettent en évidence que les animaux agressifs sont aussi ceux qui manifestent le plus de tentatives de fuite, étant sans doute les plus craintifs. Les corrélations génétiques estimées entre comportement et aptitudes maternelles, généralement nulles ou favorables (14), soulignent que les animaux dociles sont au moins aussi productifs que les animaux plus vifs (cf Tableau 4). Une sélection visant à réduire la réactivité et les manifestations de peur de l'animal lors des contacts avec l'homme contribuerait donc à améliorer les conditions de travail de l'éleveur et le bien-être des animaux, sans nuire à la productivité.

En séjour sabbatique à la SGQA en 2005, Kath Donoghue (AGBU, Université de New England, Australie) a estimé les corrélations génétiques entre le score de tempérament noté dans les élevages australiens et les critères de comportement mesurés en station en France (31, 32). L'agressivité de l'animal vis-à-vis de l'homme est clairement appréciée de la même manière entre les deux pays, ce qui se traduit par une corrélation génétique tendant vers 1. En revanche, les notes synthétiques proposées comme indicateurs de docilité dans chaque pays ne montrent qu'une corrélation génétique certes favorable, mais modérée (environ 0.4).

Une sélection en faveur des animaux les moins agressifs et les plus calmes contribuerait à faciliter les opérations de manipulation par l'homme, réduisant les risques inhérents à ces opérations et contribuant au bien-être animal. Il convient maintenant de définir un critère simple, répétable et génétiquement variable de mesure de la docilité qui puisse être mis en œuvre dans les conditions européennes d'élevage en ferme (35). C'est l'objet d'une expérimentation conduite en ferme en race limousine de 2007 à 2009 dans le cadre du projet COSADD (cf chapitre 2) en collaboration avec l'URH (INRA de Theix), l'Institut de l'Élevage et l'UPRA FLS.

4-2- Qualités d'Élevage des Reproductrices

4-2-1- Qualités d'élevage de la génisse de renouvellement

L'existence de dispositifs de testage sur descendance des taureaux d'IA pour évaluer les qualités d'élevage de leurs filles a permis d'obtenir des résultats originaux quant à l'estimation de la variabilité et des relations génétiques entre précocité sexuelle, fertilité, aptitudes au vêlage et à l'allaitement, croissance et morphologie de génisses de deux ans dans les trois races à viande spécialisées, Charolaise, Limousine et Blonde d'Aquitaine (11). L'hypothèse d'un antagonisme entre croissance et caractères d'élevage qui a toujours été craint intra-race, notamment au vue des relations entre races, n'est pas validée par ces résultats. En effet, les corrélations génétiques entre croissance des génisses et qualités d'élevage sont faibles et plutôt favorables (Tableau 5).

4-2-2- Fertilité de la génisse et de la vache primipare

Des études détaillées des qualités d'élevage sont menées au Domaine de Galle sur un troupeau expérimental de race Charolaise spécialement conçu pour analyser la variabilité des composantes de la production de viande bovine : le «Vachotron». Avec l'aide d'une stagiaire, Carole Deloume (50) et d'un ingénieur recruté en 2002, Aurélie Vinet, j'ai analysé les données de fertilité de cette expérimentation (28). Cela permettait d'assurer à la fois une valorisation des données du Vachotron et une formation interne à cet ingénieur nouvellement recruté pour assurer le suivi et l'analyse des données expérimentales de notre équipe. Les résultats obtenus vont à l'encontre des résultats décrits en station de contrôle sur descendance : la fertilité est en corrélation génétique défavorable avec le potentiel de croissance des femelles élevées au domaine de Galle. Bien que non comprise, cette contradiction pourrait être expliquée par deux différences majeures relevées entre les deux situations : en station, les génisses sont mises à la reproduction à 15 mois et sont uniquement issues de pères sélectionnés fortement sur la croissance ; au domaine de Galle, elles ne sont mises à la reproduction qu'à 25 mois et sont issues de pères retenus en sélection divergente sur la croissance. Il est à noter que la corrélation génétique entre la réussite à l'I.A.P. en ferme et la réussite à l'I.A.P. en station a été estimée proche de 1 (51), ce qui signifie que le même caractère semble être apprécié sur génisses de 15 et 25 mois à la mise en reproduction.

L'exploitation des performances contrôlées en ferme pour analyser la variabilité génétique de l'aptitude à la reproduction se heurte pour l'instant à la pertinence des variables qu'il est possible de calculer dans l'état actuel du Système d'Information Génétique. Toutefois, dans le cadre d'une expérimentation mise en place pour étudier la faisabilité d'une évaluation en ferme des qualités (cf chapitre 3), les paramètres génétiques ont été estimés pour la fertilité de génisses et primipares Charolaises contrôlées en ferme (36). Cette étude a conclu à un faible intérêt d'une évaluation de la fertilité des femelles inséminées, en raison de la faiblesse des héritabilités ($h^2 < 2\%$) et de l'absence de corrélation génétique significative entre résultat génisse et résultat vache. Outre la difficulté de définir quel est l'objectif de sélection dans ce cas, une évaluation sur les seules performances de génisses est sans intérêt pour le choix des reproducteurs (autre que les pères à taureaux) car sa faible précision engendrerait d'énormes reclassements des reproducteurs au fur et à mesure du cumul d'information.

4-2-3- Carrière de la vache allaitante

En 2006, une première étude a concerné l'intérêt génétique de diverses mesures possibles (cf chapitre 3) de la vie productive de la vache Charolaise. Cette étude a montré que les héritabilités des diverses mesures sont toutes de l'ordre de 0.15 à 0.20, ce qui est plus favorable pour conduire une sélection que les héritabilités estimées sur la fertilité de la vache allaitante (30).

4-3- Mise en œuvre de nouveaux Protocoles dans les domaines expérimentaux

Deux domaines expérimentaux ont été placés en 2004 sous la responsabilité scientifique de l'équipe « bovins allaitants »: le domaine de La Grêleraie (53) et le domaine du Borculo au Pin-au-Haras (63). L'équipe a donc investi un temps important à la définition de nouveaux protocoles expérimentaux pour ces deux domaines de 2004 à 2006, dont les résultats ne seront obtenus qu'à partir de 2010.

4-3-1- Détection de gènes de polyovulation : 2005-2010

Suite à la mise en place en 2000 d'un suivi échographique des profils d'ovulation des génisses et vaches du troupeau Rouge des Prés sélectionné sur la gémellité à La Grêleraie, nous avons émis l'hypothèse qu'un gène majeur de poly-ovulation était en ségrégation dans ce troupeau. Dans le cadre du projet européen SABRE, nous avons obtenu une aide financière pour la mise en place d'un protocole de détection de ce gène majeur en 2005-2006. Par superovulation, insémination, sexage et transfert des embryons, nous avons procréé 2 x 30 filles issues de mères supposées homozygotes pour un gène majeur d'ovulation (mères mono-ovulantes ou poly-ovulantes) et de pères supposés hétérozygotes. Les dernières filles issues de ce protocole sont nées en septembre 2007 et les mesures d'échographie ont commencé à cette période. Les mesures vont se poursuivre jusqu'en 2009-2010, puis les filles extrêmes sur leur phénotype seront transférées à la PRC (INRA Nouzilly) pour des études physiologiques, en particulier de sensibilité des cellules de la granulosa aux BMPs.

Le protocole établi fin 2004 prévoyait d'explorer uniquement certaines zones ciblées du génome avec une demi-douzaine de microsatellites par zone afin de permettre une primo-localisation de gènes ayant un effet majeur sur la poly-ovulation. Les zones ciblées correspondaient à une dizaine de zones candidates chez la brebis ou la vache (gène Booroola, zone Lacaune, GDF9, BMP15, ...).

Fin 2007, la disponibilité au sein du Département de Génétique Animale d'une puce bovine pan-génomique avec au total 58331 SNPs a permis d'envisager un programme plus ambitieux et original grâce à une couverture complète du génome à une très haute densité ; l'intervalle moyen entre marqueurs est de 46 Kb. La production de la puce est réalisée par la compagnie Illumina (San Diego, USA) et le choix des SNPs est fait dans le cadre d'un consortium nord-américain (Université du Missouri, Université d'Alberta et USDA). Cette puce a été obtenue à un prix très intéressant grâce à l'implication de l'INRA dans le consortium. Cela augmente considérablement les chances d'aboutir rapidement à une localisation fine du ou des gènes putatifs. Un génome scan doit être fait en 2008 avec cette puce sur 15 taureaux fondateurs du troupeau et deux cents femelles phénotypées (ou à phénotyper d'ici 2010).

En parallèle, l'INRA se désengageant fin 2010 du domaine de La Grêleraie, un protocole de conservation de la génétique du troupeau de vaches à jumeaux a démarré en 2007 et doit se poursuivre jusqu'en 2010. Il y aura eu plus de 30 ans (1972-2004) de sélection pour la gémellité dans le troupeau expérimental de race Rouge des Prés : à partir d'un taux de gémellité de 5% pour la race (Manfredi *et al.*, 1991), la sélection effectuée par l'INRA a amené le troupeau à un taux de vêlage gémellaire de 25%. L'INRA a donc créé une sous-population génétiquement bien distincte de la population générale de vaches Rouge des Prés. A ce titre, il est important pour les besoins des générations futures de

conserver la génétique particulière ainsi créée par 30 ans d'effort de sélection. En outre, si le dernier protocole conduit sur La Grêleraie met en évidence un ou des gène(s) d'ovulation et permet d'aboutir à une primo-localisation relativement fine, il sera nécessaire de créer de nouveaux animaux pour identifier le(s) gène(s) et en comprendre l'action. La connaissance moléculaire peut permettre de mieux appréhender les caractères de reproduction tant chez les bovins que chez les espèces plus poly-ovulantes (ovins, porcs). Afin de préserver le patrimoine génétique créé, il est donc prévu de mettre en cryobanque la semence des taureaux (entre 50 et 150 doses) ayant servi à fonder le troupeau et de congeler des embryons des femelles poly-ovulantes. L'objectif est de produire si possible au moins 10 embryons de chaque mère en faisant attention à maintenir un maximum de variabilité dans les origines génétiques des mères. Trois taureaux, supposés hétérozygotes sur les gènes expliquant la poly-ovulation, sont utilisés pour cette production.

4-3-3- Précocité et capacité adaptative de la vache allaitante : 2006-2025

L'importance des aptitudes à la reproduction dans l'économie des élevages allaitants nous a conduit à mettre en place une expérimentation en race Charolaise sur le domaine du Pin au Haras. Suite aux échanges avec nos collègues de l'URH, cette expérimentation a été conçue en deux temps. Dans une première phase, un dispositif original de détection de QTL est mis en place avec l'utilisation de reproducteurs de 1^{ère} génération qui diffèrent de plus de deux écarts type génétiques quant à leur aptitude génétique de précocité sexuelle (d'après les index estimés en station de contrôle sur descendance « Qualités Maternelles »). Ce dispositif est donc optimisé pour rechercher des QTLs sur la précocité sexuelle, qui est un facteur limitant de la pratique des vêlages à deux ans. Nous espérons qu'il permette aussi de repérer indirectement des QTLs ayant un effet fort sur d'autres composantes de la précocité (développement corporel) ainsi que sur la fertilité. Dans une seconde phase, les capacités adaptatives des femelles (ingestion, variations de poids et d'état d'engraissement, besoins d'entretien et émission de méthane, reprise d'activité sexuelle post partum) à des milieux herbagers contrastés seront mises en relation avec leur précocité de développement sexuel. Malgré l'utilisation des techniques de superovulation et transfert embryonnaire pour accélérer la production des animaux, les performances de reproduction des génisses F2 ne seront observables qu'à partir de 2013 et sur les sept années suivantes pour obtenir les données des 400 F2 nécessaires à une détection de QTLs avec une puissance raisonnable. L'horizon de réalisation dépassant les dix ans, nous n'aborderons donc pas l'analyse de ces données dans le projet de recherches.

Chapitre 5 – Projet de recherches

En conclusion des travaux réalisés depuis seize ans, je tiens à souligner la richesse de l'environnement humain et scientifique dont j'ai bénéficié à la SGQA pour me permettre de développer une approche globale des questions soulevées par l'amélioration génétique des bovins allaitants. Au fur et à mesure de mes interrogations, j'ai trouvé dans le département, souvent au sein même de la SGQA, des personnes ressources disponibles pour toute expertise. Des collaborations avec des chercheurs d'autres départements (PHASE, SAD, SAE2) ainsi qu'avec les ingénieurs de l'Institut de l'Élevage et les professionnels des organismes de sélection, m'ont également permis de développer des recherches très diversifiées et appliquées. J'adhère en effet pleinement à la conception de la recherche-action telle que définie par Lewin (1951) qui considère que la connaissance n'est pas produite pour elle-même, mais pour aider l'action individuelle et collective. Ainsi que Bertrand Vissac (2003) le rappelait au sujet de l'élevage bovin, pour qu'on puisse parler de développement durable, il faudra maîtriser, à travers la recherche-action et la prospective, les conjonctions entre savoirs empiriques et scientifiques. Une telle épistémologie de l'action, développée ces dernières décennies en sciences de gestion (David *et al.*, 2001), m'est chère tant par conviction personnelle qu'en terme de réactivité de notre équipe à répondre aux questions de nos partenaires professionnels ou aux priorités de recherche émanant de l'INRA. Cette conception me semble importante pour développer des recherches en génétique animale appliquée vers un Développement Durable, en renonçant à l'illusion d'une réponse unique, apportée par le seul « chercheur qualifié » et prétendument optimale sur le plan scientifique.

Dans les années à venir, je compte donc poursuivre cette approche globale de l'amélioration génétique des bovins allaitants, voire des bovins plus largement. En effet, début 2009, les équipes des filières bovines « Lait » et « Viande » fusionnent au sein d'une même équipe «Génétique et Génomique Bovine» dans le cadre de la restructuration en une unité unique des sept unités actuelles du département de Génétique Animale situées sur le centre de Jouy-en-Josas. En raison du contexte très évolutif de notre équipe et unité, je ne décrirai pas de perspectives de recherche au-delà d'un terme de 3-4 ans et des travaux déjà peu ou prou amorcés.

5-1- De Nouveaux Objectifs de Sélection Animale

5-1-1- « Par la lorgnette » du profit des éleveurs de bovins allaitants

La rationalisation des objectifs de sélection doit se poursuivre pour permettre la réactualisation des index de synthèse en fonction de l'évolution du contexte socio-économique et du développement d'évaluations génétiques sur de nouveaux caractères. Ainsi, l'équipe a annoncé aux professionnels une évaluation de la vie productive de la vache allaitante à mettre en place d'ici 3 ans. En parallèle, il s'agit donc de proposer un

nouveau modèle bio-économique de détermination des objectifs de sélection permettant de raisonner sur une carrière de vache plutôt que sur un seul cycle de reproduction. Cette évolution permettra de chiffrer l'importance économique à accorder à la longévité de la vache allaitante dans les index de synthèse. A cette fin, Jean Guerrier, ingénieur de l'Institut de l'Élevage en formation permanente est en cours de stage de Master 2 avec moi de février à juillet 2008 pour développer ce nouveau modèle et en réactualiser les équations biologiques, notamment face aux évolutions proposées par l'URH dans les calculs des valeurs d'aliments, besoins énergétiques et capacités d'ingestion des animaux (INRA, 2007).

Suite à ce stage, Jean Guerrier devra développer l'automatisation et la systématisation des apports de paramètres technico-économiques afin de permettre une actualisation fréquente des objectifs de sélection face aux fortes fluctuations attendues des prix des matières premières et de la viande. Il s'agira de mettre en œuvre un observatoire assurant le recueil des données nécessaires pour paramétrer les modèles bio-économiques établis et déclencher des procédures d'actualisation des objectifs de sélection *via* des indicateurs d'évolutions technico-économiques. Un tel observatoire pourrait être une des finalités des « Réseaux d'Élevage » animés par l'Institut de l'Élevage. Cette approche serait facilitée par l'accroissement du nombre des élevages suivis conjointement par ces réseaux et par les organismes de contrôle des performances.

5-1-2- Et un idéal à poursuivre

Rappelons que les enjeux de la gestion des populations de ruminants sont multiples. Ils concernent le domaine marchand (de la production à la consommation), mais aussi l'aménagement du territoire et l'écologie, et la perception de l'élevage par la société (respect de l'animal, naturalité et authenticité de la production). La crise de la vache folle en 1996 ou des rapports médiatisés comme « Livestock's Long Shadow » en 2006 montrent que ces aspects non marchands sont de plus en plus présents et peuvent remettre en cause l'existence même de l'élevage. En raison de cette complexité croissante des enjeux, il devient impossible aux seuls maîtres d'œuvre des programmes de sélection de juger de l'importance relative à accorder aux caractères à améliorer en vue de matérialiser en terme d'objectif de sélection leur stratégie. Pour actualiser les objectifs de sélection, il est alors indispensable de développer des outils et démarches communs aux divers acteurs des filières, mais aussi d'établir un dialogue avec les responsables des politiques d'aménagement des territoires ainsi qu'avec le secteur associatif pour considérer les attentes sociales fortes. En terme de Développement Durable, il paraît donc nécessaire de privilégier les systèmes de recherches qui visent à appréhender les perspectives multiples des divers acteurs, encourager la participation et l'action et résoudre les conflits pour le bien commun et futur. En effet, aucun changement opérationnel ne peut être effectué sans l'implication totale de toutes les parties concernées et une représentation adéquate de leurs points de vue.

Cette démarche a été amorcée au sein du projet COSADD. Il m'est pour le moment difficile de présager des apports effectifs qu'aura le projet et des pistes de recherche qu'il dégagera. Toutefois, certaines évidences demeureront pour maîtriser ce domaine primordial qu'est la détermination des objectifs de sélection des populations animales.

Ainsi, il y aura toujours nécessité de poursuivre une démarche scientifique interdisciplinaire pour modéliser les relations biologiques entre les caractères d'intérêt économique améliorables génétiquement et évaluer l'importance relative à leur accorder en fonction de l'évolution des contextes technique, économique, écologique et social. Une telle approche nécessite l'acquisition de connaissances sur les mécanismes biologiques fins des aptitudes recherchées et des génomes impliqués, sur l'expression des aptitudes zootecniques dans des environnements avec contraintes, sur les caractères actuellement difficiles à mesurer, et sur les caractères non marchands requis par une valorisation propre à l'environnement. L'inclusion de ces derniers dépendra de l'intégration des notions de coût et recette écologiques dans notre société.

5-2- De Nouveaux Caractères en Evaluation Génétique des Reproducteurs

5-2-1- Vie productive de la vache allaitante

Les caractères étudiés dans l'analyse préliminaire en race Charolaise ont été la durée de vie productive (écart entre âges à la réforme et au premier vêlage) et le nombre de vêlages au cours de la carrière de la vache. Toutefois, la longévité *sensu stricto* de la vache allaitante n'est pas l'objectif recherché par l'éleveur d'une race à viande spécialisée car celui-ci attend une valorisation élevée de ses vaches de réforme qui ne doivent donc pas être vendue trop âgée pour être labelisables (baisse des prix après 8 ans d'âge à la réforme). En revanche, un début de carrière régulier est important pour rentabiliser la phase d'élevage d'une nouvelle reproductrice. Il s'agit alors de définir la période optimale pour évaluer cette efficacité reproductive. Il est souvent estimé que 3 à 4 produits sont nécessaires pour amortir le coût de renouvellement de la femelle en reproduction. Par contre, en races rustiques il y a dualité des objectifs de sélection, d'une part l'efficacité reproductive, d'autre part la longévité *sensu stricto* comme prédicteur de la rusticité de l'animal, c'est-à-dire de sa capacité à se maintenir dans le troupeau (aplombs, résistance aux maladies...) indépendamment de sa productivité en veaux sevrés. Il s'agit donc de déterminer selon les races les critères les plus pertinents par rapport aux objectifs des éleveurs : longévité et/ou efficacité reproductive. Plutôt qu'une mesure sur la carrière complète, il me semble plus intéressant de regarder la productivité de la vache sur un laps de temps donné. Cela permet une évaluation de l'efficacité reproductive de la vache moins dépendante de la stratégie de l'éleveur en terme de taux de renouvellement de son troupeau. Dans cet esprit, plusieurs critères peuvent être proposés : le nombre V de vêlages observés sur n campagnes ou un ratio d'efficacité en terme de durée d'obtention des V vêlages. Wilcox (1957) avait ainsi étudié le rapport d'une durée optimale ($335*(V-1)$) sur la durée observée entre premier et dernier vêlage.

En janvier 2008, François Guiton a commencé un stage de 6 mois de Master 2 professionnel pour étudier si les critères de longévité étudiés en race Charolaise sont aussi pertinents pour une race rustique où les carrières des femelles sont nettement plus longues qu'en race à viande spécialisée et les causes de réforme vraisemblablement

bien différentes. La race étudiée est la race Aubrac. Ensuite, il s'agira d'étudier des critères alternatifs, plus basés sur une efficacité reproductive que sur un critère de longévité.

L'attendu est de proposer *in fine* un ou deux critères permettant une évaluation de la carrière de la vache allaitante, que cette dernière soit de race à viande spécialisée ou rustique. Il s'agira dans les années à venir de mettre en œuvre les évaluations génétiques sur ce(s) critère(s) dans toutes les races bovines allaitantes.

5-2-2- Comportement du veau

La production de viande bovine à partir du troupeau allaitant évolue de plus en plus vers une extensification des surfaces à main-d'oeuvre au mieux constante pour assurer la durabilité des élevages. Dans ce contexte, les relations homme-animal sont à la fois un facteur déterminant de la productivité du travail et un point critique sur le plan éthique tant en termes de bien-être animal que de réduction pour les éleveurs des risques inhérents aux manipulations des bovins. Nos travaux tendent à montrer que les animaux dangereux pour l'homme sont les plus craintifs, donc sans doute les plus sensibles au mal-être ; ils sont en outre plutôt moins productifs que les animaux dociles. Il semble donc y avoir un intérêt convergent entre économie et éthique pour améliorer génétiquement la docilité des animaux, dès lors que les critères de sélection mis en œuvre visent à améliorer l'état de bien-être de l'animal sans altérer sa capacité d'autonomie et de soin au veau. Le projet COSADD devrait aboutir à un système d'appréciation du comportement qui puisse servir à l'évaluation génétique en ferme des bovins allaitants. Deux idées sont poursuivies : une appréciation du nombre de mouvements et de leur brusquerie en cage de contention lors de la pesée des veaux ou une appréciation des postures lors du pointage des veaux vers 7-8 mois. Une fois établi le critère génétiquement le plus discriminant et le plus cohérent avec les tests plus fins conduits en station de contrôle sur descendance, il s'agira pour les organismes de sélection raciaux d'inciter au développement du test en ferme avec l'appui de l'Institut de l'Élevage et des agents de Bovins Croissance. Cela permettra alors de mettre en place une évaluation génétique en ferme du comportement du veau et donc une sélection des reproducteurs les plus aptes à procréer des animaux faciles à élever.

5-3- vers une meilleure efficacité des programmes de sélection

Les premiers résultats de la thèse d'Alban Bouquet montrent qu'en terme d'évaluation génétique des reproducteurs en ferme, il faudra inclure des effets groupes de parents inconnus afin d'éviter des biais dans les valeurs génétiques prédites pour les reproductrices. Ceci permettra d'améliorer l'efficacité à court terme de la sélection, de mieux estimer les progrès génétiques et n'aura que peu de répercussion sur les lignées familiales diffusant dans la population. En effet, les choix de reproducteurs élites largement diffusés par IA restent inchangés par la modification de modèles ; seuls peuvent être sensiblement modifiés le choix des taureaux utilisés en monte naturelle en concentrant plus les origines vers les élevages pratiquant beaucoup l'IA et donc vers les

lignées d'IA. Toutefois, ce risque est limité par le fait que ce sont souvent des élevages producteurs et non sélectionneurs qui détiennent alors les mâles qui seraient avec les meilleurs indices. Alban Bouquet va maintenant étudier les améliorations de modèle d'évaluation génétique pour la sélection des mâles en stations et les stratégies d'accouplements raisonnés susceptibles d'assurer le maintien à long terme de la variabilité génétique dans les schémas IA. Au vu des résultats obtenus, nous adapterons les évaluations génétiques et/ou proposerons des outils de gestion des reproducteurs pour limiter l'accumulation de la consanguinité dans les noyaux de sélection approvisionnant les schémas d'IA.

A partir de 2009, je dois également être impliquée dans la thèse de Thierry Tribout, ingénieur dans l'équipe « Porc ». Son sujet concernera l'amélioration de l'efficacité des programmes de sélection porcins. Le travail portera tout d'abord sur la prise en compte des informations marqueurs et gènes dans les schémas d'amélioration génétique tels qu'ils existent à l'heure actuelle. Cette étape suppose de revisiter la modélisation des schémas déjà réalisée (29) pour tenir compte de cette information non seulement en terme d'amélioration de tel ou tel caractère mais aussi en terme de précision de l'évaluation. Il faudra ensuite développer une réflexion sur l'utilisation du contrôle individuel et sur collatéraux et sur les moyens à mettre en œuvre pour optimiser ces outils.

5-4- Des protocoles expérimentaux sur la polyovulation à analyser

5-4-1- La poly-ovulation naturelle

Le protocole décrit au chapitre 4 pour la dernière expérimentation INRA conduite sur le domaine de La Grêleraie doit permettre la mise en évidence de gène(s) de polyovulation grâce à des analyses de liaison génétique entre marqueurs moléculaires et phénotypes. Cette analyse devra attendre un cumul d'informations et des résultats préliminaires ne seront donc pas envisageables avant 2009, l'analyse complète ne pouvant au mieux avoir lieu qu'à l'automne 2010.

Au préalable, une analyse polygénique du troupeau sera effectuée incluant une 1^{ère} estimation de l'héritabilité du taux d'ovulation, ainsi que l'étude du taux de vêlages géminaires, les conditions de naissance et la croissance des veaux et femelles.

5-4-1- La poly-ovulation induite

La production d'embryons est un outil au cœur des schémas de sélection puisque la majorité des taureaux actuellement en testage sont issus de transfert embryonnaire. Elle permet en outre le stockage d'embryons dans des cryobanques à des fins de conservation de la diversité génétique de l'espèce, ainsi que nous l'utilisons pour sauvegarder la génétique de la gémeité des vaches de La Grêleraie. Cette méthodologie repose sur l'administration préalable d'un traitement de stimulation ovarienne par des gonadotropines (traitement de superovulation), visant à obtenir un nombre maximal d'embryons par femelle traitée. Néanmoins, malgré les progrès réalisés dans l'amélioration des traitements de superovulation, l'existence d'une forte variabilité

individuelle de la réponse ovarienne à un tel traitement constitue toujours actuellement un frein très important au développement de cette méthodologie (Mapletoft, 2002). En effet, 20% des femelles ne produisent aucun embryon, et chez les femelles qui répondent au traitement, le nombre d'embryons transférables varie de 2 à 50. Actuellement, la réponse d'un animal à un traitement de superovulation est difficilement prévisible, ce qui contribue au coût élevé de la production d'embryons.

Parmi les facteurs déterminant le nombre d'embryons transférables après superovulation, le nombre de follicules ovariens capables de se développer et d'ovuler en réponse au traitement joue un rôle crucial. Ainsi, des vaches à ovaires « peu actifs », renfermant des nombres faibles de follicules ovariens en croissance, ovulent peu ou pas en réponse à un traitement de superovulation (Monniaux *et al.*, 1984). A l'opposé, des vaches à ovaires « très actifs » répondent par de grands nombres d'ovulations, mais avec un risque élevé d'hyperstimulation, souvent délétère pour la qualité des ovocytes et leur aptitude au développement. Disposer d'un outil de test prédictif de la réponse ovarienne permettrait de pallier ce problème de variabilité des états ovariens, en opérant un tri sur le terrain des animaux capables de répondre de façon optimale, et/ou en modulant les doses d'hormones administrées.

Dans le cadre des traitements de procréation médicalement assistée chez la femme, les concentrations plasmatiques d'Hormone Anti-Müllérienne (AMH), sécrétée par les cellules de granulosa des follicules ovariens en croissance permettent aux cliniciens de prédire avec une bonne fiabilité la réponse ovarienne des femmes soumises à un protocole de stimulation ovarienne. Danielle Monniaux et son équipe à la PRC ont initié récemment une étude sur 9 vaches Prim'Holstein. Ces premières données suggèrent que la concentration plasmatique d'AMH pourrait aussi être chez la vache un bon prédicteur de la capacité de réponse à un traitement de superovulation. Une demande a donc été déposée à l'appel à projets de prévalorisation INRA/DGER 2008 pour confirmer cette hypothèse sur des animaux en nombre plus conséquent, et appartenant à diverses races laitières et allaitantes. Nous sommes impliqués car cette confirmation se fera pour l'essentiel à partir d'animaux des domaines de La Grêleraie (vaches Rouge des Prés) et du Pin-au-Haras (vaches Charolaises et croisées Prim'Holstein x Normand). La réponse à la superovulation sera analysée non seulement en termes de nombre d'ovulations, mais aussi, quand les données le permettront, en termes de nombre et de qualité d'embryons produits.

L'héritabilité du nombre d'ovulations après traitement est estimée entre 0,23 et 0,57, tandis que celle du nombre d'embryons varie de 0,03 à 0,65 selon les auteurs (Peixoto *et al.*, 2004). A l'heure actuelle, les schémas expérimentaux des UE de génétique bovine ne permettent pas de calculer l'héritabilité du caractère « réponse à la superovulation », ni celle du caractère « concentration plasmatique d'AMH ». Néanmoins, une première approche génétique sera entreprise en race Rouge des Prés grâce au génome scan réalisé en 2008 sur une centaine de génisses descendantes de 2 taureaux, susceptibles d'être hétérozygotes pour un gène majeur contrôlant la polyovulation naturelle des vaches Rouge des Prés. La mesure des concentrations plasmatiques d'AMH de ces génisses de génotype connu permettra de rechercher l'existence et la localisation éventuelle d'un ou plusieurs QTLs associés au caractère « concentration plasmatique d'AMH ».

Références

- Colleau J.J., Moureaux S., Briend M., Béchu J. (2004). A method for the dynamic management of genetic variability in dairy cattle. *Genet. Sel. Evol.* 36: 373-394
- Crow J.F. (1958). Some possibilities for measuring selection intensities in man. *Hum. Biol.* 30: 1-30
- David A., Hatchuel A., Laufer R. (2001). *Les Nouvelles Fondations des sciences de gestion*, Vuibert/FNEGE, Paris
- Ducrocq V., Sölkner H. (1998). The Survival Kit V3.0. a package for large analyses of survival data. *Proc. 6th World Congr. on Genetics Applied to Livestock Prod.*, Armidale. 27: 447-450
- Ducrocq V. (1999). Extension of survival analysis models to discrete measures of longevity. *Interbull Bulletin* N° 21: 41-47.
- Elsen J.M., Bibé B., Landais E., Ricordeau G. (1986). Twenty remarks on economic evaluation of selection goals. In : *Proc. 3th WCGALP. Vol XII.* 321-327
- Falconer D.S. (1952). The problem of environment and selection. *Amer. Nat.* 88: 293-298
- Falconer D.S., Mackay T.F.C. (1996). *Introduction to Quantitative Genetics*. Longman, England : 464 p.
- FAO, Lead (2006). *Livestock's long shadow. Environmental issues and options*. Lead website <http://www.virtualcentre.org>
- Fisher R.A. (1918). The correlation between relatives on the supposition of mendelian inheritance. *Trans R Soc Edingburgh* 52: 399-433
- Foulley J.L, Rouvier R. (1971). Méthodes d'établissement des index de sélection des taureaux de race à viande sur la valeur économique de leurs descendants. *Ann Génét Sél Anim* 3: 497-507
- Gianola D., Foulley J.L. (1983). Sire evaluation for ordered categorical data with a threshold model. *Genet. Sel. Evol.* 15: 201-224
- Gibson J.P., Kennedy B.W. (1990). The use of constrained selection indexes in breeding for economic merit. *Theor Appl Genet* 80: 801-805
- Gilmour A.R., Anderson R.D., Rae A.L. (1985). The analysis of binomial data by a generalized linear mixed model. *Biometrika* 72: 593-599

Gilmour A.R., Anderson R.D., Rae A.L. (1987). Variance components on a underlying scale for ordered multiple threshold categorical data using a generalized linear mixed model. *J. Anim. Breed. Genet.* 104: 149-155

Henderson C.R. (1963). Selection index and expected genetic advance. In: *Statistical genetics and plant breeding*. NAS - NRC Publ 982, Washington DC.: 141-163

Hill W.G., Goddard M.E., Visscher P.M. (2008). Data and Theory Point to Mainly Additive Genetic Variance for Complex Traits. *PLoS*

Houle D. (1992). Comparing evolvability and variability of quantitative traits. *Genetics* 130: 195-204

INRA (2007). Alimentation des bovines, ovins et caprins. Besoins des animaux - Valeurs des aliments. Tables Inra 2007, Quae

Kennedy B.W. (1981). Bias and Mean Square Error from ignoring genetic groups in Mixed Model Sire Evaluation, *J. Dairy Sci.* 64: 689-697

Lewin K. (1951). *Field Theory in Social Science*, Harper and Row

Manfredi E., Foulley J.L., San Cristobal M., Gillard P. (1991). Genetic parameters for twinning in the Maine-Anjou breed. *Genet. Sel. Evol.* 23: 421-430.

Mapletoft R.J., Steward K.B., Adams G.P. (2002). Recent advances in the superovulation in cattle. *Reprod Nutr Dev* 42: 601-611.

Ménissier F. (1988). 3^{ème} Cong. Mondial Sél. Reprod. ovins et bovins à viande. INRA, Paris. vol 2: 215-236

Ménissier F., Journaux L., Laloë D., Rehben E., Lecomte C., Boulesteix I., Sapa J. (1996). "IBOVAL" : une révolution tranquille dans l'évaluation génétique des bovins allaitants en France. *Renc Rech. Ruminants* 3 : 321-324

Meuwissen T.H.E. (1997). Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding. *J. Animal Science* 75: 934-940

Meuwissen T.H.E., Hayes B.J., Goddard M.E. (2001). Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics* 157(4): 1819-1829

Monniaux D., Mariana J.C., Gibson W.R., C. R. (1984). Cycles folliculaires et croissance terminale du follicule chez la vache au cours du cycle normal ou après stimulation. In: *Colloque de la Société Française pour l'étude de la Fertilité "Période péri-ovulatoire"*; Paris, France. 69-84

Patterson H.D., Thompson R. (1971). Recovery of interblock information when block sizes are unequal. *Biometrika* 58: 545-554

Peixoto M.G.C.D., Pereira C.S., Bergmann J.A.G, Penna V.M., Fonseca C.G. (2004). Genetic parameters of multiple ovulation traits in Nellore females. *Theriogenology* 62: 1459-1464

Pollak E.J., Quaas R.L. (1983). Definition of Group Effects in Sire Evaluation Models, *J. Dairy Sci.* 66: 1503-1509

Poutous M., Vissac B. (1962). Recherche théorique des conditions de rentabilité maximum de l'épreuve de descendance des taureaux d'insémination artificielle. *Ann Zootech* 11: 233-256

Redlingshöfer B. (2006). Vers une alimentation durable ? Ce qu'enseigne la littérature scientifique. *Courrier de l'environnement de l'INRA* 53 : 83-102

Roberston A. (1959). The sampling variance of the genetic correlation coefficient. *Biometrics* 15: 469-485

Roy B. (1992). Science de la décision ou science de l'aide à la décision. *Revue internationale de systématique* 6(5) : 497-529

Smith C., James J.W., Brascamp E.W. (1986). On the derivation of economic weights in livestock improvement. *Anim Prod* 43: 545-551

Vissac B. (2003). L'élevage des bovins et le développement durable. *Le Courrier de l'environnement* 49 : 1-9

Wilcox C.J., Pfau K.O., Bartlett J.W. (1957). *J. Dairy Sci* 40 : 942-947

Wright S. (1934). An analysis of variability in number of digits in an inbred strain of guinea pigs. *Genetics* 19: 506- 536

Annexe 1. Liste de publications

I - Publications scientifiques

I.1 - Articles primaires dans périodique à comité de lecture

- 1 Phocas F, Colleau JJ, Ménissier F (1995). Expected efficiency for growth in a French beef cattle breeding scheme. 1. Multistage selection of bulls used in artificial insemination. *Genetics Selection and Evolution* 27, 149-170
- 2 Phocas F, Colleau JJ, Ménissier F (1995). Expected efficiency for growth in a French beef cattle breeding scheme. 2. Prediction of asymptotic genetic gain in a heterogeneous population. *Genetics Selection and Evolution* 27, 171-188
- 3 Phocas F, Colleau JJ (1995). Approximating selection differentials and variances for correlated selection indices. *Genetics Selection and Evolution* 27, 551-565
- 4 Phocas F, Colleau JJ (1996). Genetic steady-state under BLUP selection for an infinite and homogeneous population with discrete generations. *Theoretical and Applied Genetics* 93, 287- 294
- 5 Laloë D, Phocas F, Ménissier F (1996). Considerations on measures of precision and connectedness in mixed linear models of genetic evaluation. *Genetics Selection and Evolution* 28, 359-378
- 6 Chapuis H, Ducrocq V, Phocas F, Delabrosse Y (1997). Modelling and optimizing of sequential selection schemes : a poultry breeding application. *Genetics Selection and Evolution* 29, 327-356
- 7 Phocas F, Bloch C, Chapelle P, Bécherel F, Renand G, Ménissier F (1998). Developing a breeding objective for a French purebred beef cattle selection programme. *Livestock Production Science* 57, 49-65.
- 8 Phocas F, Laloë D (2003). Model of evaluation and genetic parameters for calving difficulty in beef cattle. *Journal of Animal Science* 81, 933-938.
- 9 Laloë D, Phocas F (2003). A proposal of criteria of robustness analysis in genetic evaluation. *Livestock Production Science* 80, 241-256.

- 10 Phocas F, Laloë D (2004). Should genetic groups be fitted in BLUP evaluation? Practical answer for the French AI beef sire evaluation. *Genetics Selection and Evolution* 36, 325-345.
- 11 Phocas F, Sapa J (2004). Genetic parameters for growth, reproductive performance, calving ease and suckling performance in beef cattle heifers. *Animal Science* 79, 41-48.
- 12 Phocas F, Laloë D (2004). Genetic parameters for birth and weaning traits in French specialized beef cattle breeds. *Livestock Production Science* 89, 121-128.
- 13 Phocas F, Donoghue K, Graser H.U. (2005). Investigation of three strategies for an international genetic evaluation of beef cattle weaning weight. *Genetics Selection and Evolution* 37, 361-380.
- 14 Phocas F., Boivin X., Sapa J., Trillat G, Le Neindre P (2006). Genetic correlations between docility and other breeding traits in Limousin heifers. *Animal Science* 82, 805-811.

I.2 - Rapports diplômants

- 15 Phocas F (1991). Modélisation du métabolisme de la vache laitière. *Mémoire conjoint du DAA « Productions Animales » de INA P-G et du DEA de Biomathématiques, Université de Paris VII.* 80 p.
- 16 Phocas F (1992). Modélisation et optimisation d'un programme de sélection conjointe des aptitudes bouchères et des qualités maternelles : application à la race bovine Limousine. *Mémoire du DEA de Statistiques et Santé, Université de Paris XI.* 55 p.
- 17 Phocas F (1995). Modélisation et optimisation de programmes de sélection sur la croissance en races bovines allaitantes. *Thèse de doctorat, INA PG.* 188 p.

I.3 - Communications courtes à des congrès

- 18 Sauvart D, Phocas F (1992). A mechanistic model to simulate the long term regulation of the dairy cow nutrition. *J Dairy Sci* 75 suppl, 168
- 19 Phocas F, Colleau JJ, Ménissier F (1993). Optimization of AI bulls' selection in stations in a French beef cattle breed. *44th Annual Meeting of the European Association for Animal Production, 16-19 August 1993, Aarhus, DK, vol 1, 244-245*

- 20 Colleau JJ, Phocas F (1994). Introduction des caractères secondaires dans les programmes de sélection intensifs chez les bovins laitiers. in *1ères Rencontres autour des Recherches sur les Ruminants, 1-2 décembre 1994, Paris, 253-256*
- 21 Phocas F, Colleau JJ, Ménissier F (1994). Efficacité génétique d'un noyau de sélection à objectif de croisement industriel en races bovines allaitantes. in *1ères Rencontres autour des Recherches sur les Ruminants, 1-2 décembre 1994, Paris, 183-186*
- 22 Phocas F, Colleau JJ, Ménissier F (1995). Efficiency of alternative beef cattle breeding schemes for terminal crossing. *46th Annual Meeting of the European Association for Animal Production, 4-7 September 1995, Prague, CZ, vol 1, 38*
- 23 Maignel L, Phocas F, Bidanel JP (1997). Etude de modalités d'utilisation des stations publiques de contrôle de performances porcines en France. *Les 29èmes Journées de la Recherche Porcine, 4-5 février 1997, Paris*
- 24 Phocas F, Renand G, Ménissier F (1998). Results from a bio-economic model for French beef cattle breeding objectives. *Proceedings of the 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 11-16 January 1998, Armidale, Australia, vol 25, 343*
- 25 Dodelin V, Phocas F, Havy A, Renand G (1998). Importance économique des qualités d'élevage dans les objectifs de sélection des races rustiques Aubrac, Gasconne et Salers. *5èmes Rencontres autour des Recherches sur les Ruminants, 2-3 décembre 1998, Paris, p145-148*
- 26 Boulesteix P, Journaux L, Phocas F, Chapelle H, Ménissier F, Longy G, Bonnet JN (1998). Prise en compte des besoins des filières viande dans l'orientation de la race bovine Limousine. *5èmes Rencontres autour des Recherches sur les Ruminants, 2-3 décembre 1998, Paris, p149-152*
- 27 Devun J., Ferre N., Chopard L., Holleville P., Phocas F. (2000). Influence du poids de carcasse et de la conformation dans l'élaboration du prix du kg de carcasse des bovins Charolais. *7èmes Rencontres autour des Recherches sur les Ruminants, 6-7 décembre 2000, Paris, p43-46*
- 28 Phocas F, Vinet A, Renand G. (2002). Genetic variability of reproductive traits in Charolais cows. *7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Montpellier, France, August 19-23, 2002, CD-Rom, Communication n°02-19.*
- 29 Phocas F, Donoghue K, Graser H.U. (2004). Comparison of alternative strategies for an international genetic evaluation of beef cattle breeds. *Interbull Meeting, Sousse, Tunisia, May 29-31, 2004, Interbull Bulletin 32*

- 30 Phocas F., Ducrocq V. (2006) Discrete vs continuous time survival analysis of productive life of Charolais cows. . *8th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production, 13-18 august 2006, Belo Horizonte, Brésil*, CD-Rom, Communication n°03-13.
- 31 Donoghue K.A., Sapa J., Phocas F., (2006). Genetic relationships between measures of temperament in Australian and French Limousin cattle. *8th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production, 13-18 august 2006, Belo Horizonte, Brésil*, CD-Rom, Communication n°17-10.
- 32 Donoghue K., Sapa J., Phocas F., McDonald A. (2006). Genetic Relationships between measures of docility in Australia, France and North America. *International Limousin Council Congress, April 10-14, 2006, Sydney, Australia*.
- 33 Sapa J., Donoghue K.A., Phocas F. (2006). Genetic parameters between sexes for temperament traits in Limousin cattle. *8th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production, 13-18 august 2006, Belo Horizonte, Brésil*, CD-Rom, Communication n°17-09.
- 34 Sapa J., Boivin X., Phocas F. (2006). Paramètres génétiques du comportement et relations avec les performances zootechniques en race limousine. *13^{èmes} Rencontres autour des Recherches sur les Ruminants, 6-7 décembre 2006, Paris*
- 35 Boivin X, Waiblinger S, Brulé A, L'hotellier N, Phocas F, Coleman G (2007). EurSafe2007 - Sustainable Food Production and Ethics. 7th Congress of the European Society for Agriculture and Food Ethics September 13-15 2007 - Vienna, Austria, p233
- 36 Phocas F. (2007). Fertility in beef cows. 58th Annual Meeting of the European Association for Animal Production, Dublin, Irlande. communication n° G10.31
- 37 Phocas F., Dockès A.C., Dupont-Nivet M., Gilbert H., Grasteau S., Joly P.B. (2008). A multidisciplinary research program for sustainable breeding goals and selection criteria. 59th Annual Meeting of the European Association for Animal Production, Vilnius, Lituanie (soumis)

I.4 - Synthèses scientifiques

- 38 Phocas F, Hanocq E, Bouix J, Renand G, Poivey JP, Elsen JM, Bibé B, Ménissier F (1997). Détermination des objectifs de sélection chez les ruminants allaitants :

situation actuelle et perspectives d'évolution. *4èmes Rencontres autour des Recherches sur les Ruminants, 4-5 décembre 1997, Paris, 171-178 (texte intégral)*

II - Documents à vocation de transfert

II.1 - Travaux personnels

- 39 Phocas F (1998). Quelques éléments utiles pour analyser les résultats d'une analyse de variance. *Mini-formation destinée aux nouveaux stagiaires, document interne*, 11 p.
- 40 Phocas F (1998). Importance, dans le contexte actuel, des caractères zootechnique mesurables et sélectionnables dans l'évolution possible du revenu de l'éleveur. *Document destiné à l'UPRA « France Limousin Sélection »*, 3 p.
- 41 Phocas F (1998). Elaboration de nouveaux indices synthétiques de sélection. *Document destiné à l'UPRA « France Limousin Sélection »*, 4 p.
- 42 Pabiou T, Phocas F. (2003). Prise en compte des notes de conditions de naissance dans les index allaitants et objectifs de sélection. *Document de travail à l'usage des ingénieurs de l'Institut de l'Elevage*, 19 p.
- 43 Pabiou T, Phocas F. (2005). Construction d'index de synthèse IBOVAL sur des bases économiques en races allaitantes - Synthèse des travaux 1995-2005. CR 010579102, collection résultats, Institut de l'Elevage, INRA. 75 p.
- 44 Phocas F., Fouilloux M.N., Guerrier J. (2007). Etudes économiques de définition des objectifs de sélection : synthèse des travaux 1995-2007. *document INRA - Institut de l'Elevage*, 33 p.

II.2 - Mémoires de stage

- 45 Bloch C (1996). Détermination de l'objectif de sélection en race bovine Limousine. *Mémoire du DAA « Sciences et Techniques des Productions Animales »*, INA PG. 48 p.
- 46 Maignel L (1996). Modélisation de schémas de sélection porcins. Application à l'étude de deux cas concrets : comparaison de stratégies de sélection sur la prolificité et d'utilisation des stations de contrôle de performances. *Mémoire du DEA « Biologie des Populations, Génétique et Eco-Ethologie »*, INA PG. 24 p.
- 47 Dodelin V (1998). Caractérisation des systèmes d'élevage des races rustiques Aubrac, Gasconne et Salers ; et premières étapes de la détermination d'un objectif de sélection en race Salers. *Mémoire de fin d'études, ISAB*, 47 p.

- 48 Dodelin V (1998). Caractérisation des systèmes d'élevage des races rustiques Aubrac, Gasconne et Salers et détermination d'un objectif de sélection racial. *Rapport IE-INRA*, 43 p.
- 49 Pabiou T (1998). Analyse de données de reproduction en race Gasconne. *Mémoire de fin d'études, ENITA de Bordeaux*. 63 p.
- 50 Deloume C (2001). Analyse de données expérimentales de reproduction en race bovine Charolaise. *Mémoire de fin d'études, ENESAD*. 34 p.
- 51 Chagneau P (2005). Comparaison des évaluations des taureaux charolais sur la fertilité de leurs filles contrôlées en station ou en ferme. *Mémoire du DESS MASI, Université de Bretagne-Sud*. 56 p.
- 52 Venot E (2005). Evaluation génétique internationale en race Charolaise : étude des interactions génotype x milieu sur le poids au sevrage en France et en Irlande. *Mémoire du master « Sciences et Technologies du Vivant », INA PG-ENV Alfort-INRA*. 40 p.

II.3 - Travaux coordonnés par l'auteur

- 53 Phocas F coord (1998). Modèles biologiques et objectifs de sélection en productions animales. *Document destiné à l'animation du groupe de réflexion sur la « contribution des modèles bio-économiques à la définition des objectifs de sélection en productions animales »*, 34 p.
- 54 Phocas F. coord (2005). Ecriture d'un premier projet « Objectifs et critères de sélection des populations d'animaux pour un élevage et un développement durables » (refusé), réponse au 1^{er} appel d'offre du programme fédérateur « Agriculture et Développement Durable ». 76 p.
- 55 Phocas F. coord (2006). Ecriture d'un second projet « Critères et Objectifs de Sélection Animale pour un Développement Durable » (accepté), réponse au 2nd appel d'offre du programme fédérateur « Agriculture et Développement Durable ». 53 p.

Annexe 2. Curriculum vitae

Etat civil

Florence Christiane Phocas
née le 4 février 1969 à Chadrac (43)
nationalité française
mariée, 2 enfants
domiciliée au 5bis, rue de Chevreuse - 91 140 Villebon-sur-Yvette
tél (bureau) : 01 34 65 21 99
email : florence.phocas@jouy.inra.fr

Diplômes acquis

1986 Baccalauréat série C
1991 Diplôme d'ingénieur agronome de l'INA Paris-Grignon
 Diplôme d'Agronomie Approfondie (DAA) en Productions Animales
 DEA de Biomathématiques de l'Université Paris VII
1992 DEA de Statistiques et Santé de l'Université Paris XI
1995 Doctorat de l'INA Paris-Grignon

Situation professionnelle

Affectation : INRA, Département de Génétique Animale,
 Station de Génétique Quantitative et Appliquée, Jouy-en-Josas

1^{er} novembre 1991 : Attachée Scientifique Contractuelle

1^{er} août 1995 : Chargée de Recherche de 2^{ème} classe

1^{er} août 1999 : Chargée de Recherche de 1^{ère} classe

Séjour professionnel à l'étranger

Août 2003- Juillet 2004

Séjour de Longue Durée à l'université de New England (Armidale, New South Wales, Australie) au sein de Animal Breeding and Genetics Unit (AGBU).

Formation complémentaire

8-19 mars 1993

Cours sur la théorie et l'application des méthodes de calcul pour les modèles non linéaires en génétique animales, par V. Ducrocq et D. Sorensen, Foulum, DK

26-29 septembre 1994

Séminaire du Département de Génétique Animale : « Modèle Animal », La Colle sur Loup, FR

02-04 avril 1996

Séminaire du Département de Génétique Animale : « Planification Expérimentale en Génétique Animale », Saint-Martin de Ré, FR

25-26 septembre 1997

Cours sur les modèles linéaires généralisés et les variables discrètes, par J.L. Foulley, Toulouse, FR

20-24 avril 1998

Cours sur l'analyse de données de survie en Génétique Animale et en Epidémiologie, par V. Ducrocq, Grignon, FR

2001-2002

70 heures de formation permanente en Anglais

23-24 avril 2001

Formation « Nouveautés du logiciel SAS v8 » par Lincoln, Jouy-en-Josas, FR

24-25 janvier 2002

Cours sur les modèles linéaires généralisés par J.R. Mathieu, Paris, FR

24-26 septembre 2001

Séminaire du Département de Génétique Animale : «QTL : de la détection à l'utilisation », Batz-sur-mer, FR

12-15 mai 2003

Cours sur l'analyse statistique et génétique des caractères utilisant les marqueurs moléculaires et les microarrays, par M. Perez-Enciso, Jouy-en-Josas, FR.

30 mai - 2 juin 2005.

Séminaire du Département de Génétique Animale « Méthodes MCMC et approches connexes », La Londe les Maures, FR

12-16 juin 2006.

Cours « Computational techniques in animal breeding » par I. Misztal, Jouy, FR

Activités et Responsabilités

Orientation scientifique générale

Génétique quantitative des bovins à viande :

Modélisation et optimisation des programmes d'amélioration génétique

Evaluation génétique des bovins allaitants

Variabilité génétique des qualités d'élevage

Participation à des projets internationaux

Projet 2001-2004 « Evaluation internationale en races bovines allaitantes Charolaise et Limousine », financé par l'Irish Cattle Breeding Federation society limited (ICBF) en Irlande, le Meat and Livestock Commission (MLC) au Royaume-Uni et l'Institut de l'Élevage en France, sous l'égide d'ICAR.

Projet européen 2006-2009 SABRE: « Cutting Edge Genomics for Sustainable Animal Breeding ». WP6

Participation à des projets nationaux

Programme ANR ADD « Agriculture et Développement Durable » **2007-2009**

Formations et encadrements assurés

Novembre 1994, Juin 1997, Novembre 2002, Mars 2005

Contributions (2h) au Cours Supérieur d'Amélioration Génétique des Animaux

Février - Septembre 1996

Co-encadrement de L. Maignel (DEA de Génétique Animale)

Mars - Septembre 1996

Encadrement de C. Bloch (mémoire ingénieur INA PG)

Février - Août 1998

Encadrement de V. Dodelin, de l'ISAB (mémoire ingénieur ISAB)

Avril - Septembre 1998

Encadrement de T. Pabiou (mémoire ingénieur ENITA Bordeaux)

Avril - Septembre 2001

Encadrement de C. Deloume (mémoire ingénieur ENESAD)

Janvier- Juillet 2005

Encadrement de P. Chagneau (DESS MASI) et d'E. Venot (Master SVT)

Octobre 2006 - Septembre 2009.

Co-encadrement de la thèse d'A. Bouquet : « *Amélioration de l'efficacité à long terme des programmes de sélection des reproducteurs bovins allaitants contrôlés en ferme et en station : de nouveaux modèles d'évaluation génétique et des outils de gestion des populations* »

Janvier 2008-juin 2008

Encadrement de J. Guerrier (Master 2 SVT) et F. Guiton (Master 2 Pro MASI)

Responsabilités

A partir de Septembre 1995

Animation des réunions scientifiques de la SGQA

Août 1997 - décembre 1998

Animation d'un groupe de réflexion sur la contribution des modèles bio-économiques à la définition des objectifs de sélection en productions animales.

A partir de septembre 2002

Membre élu du Conseil Scientifique du DGA, suppléante jusqu'en 2006 puis titulaire et membre élu du conseil de station (depuis 2005)

A partir d'août 2004

Responsabilité scientifique de l'Unité Expérimentale de La Grêleraie

A partir de 2006

Coordination du projet COSADD (« Critères et Objectifs de Sélection Animale pour un Développement Durable ») au sein du programme fédérateur « Agriculture et Développement Durable ».

A partir de 2007

Membre de la commission bovine de l'INRA