

Le progrès génétique et l'amélioration des performances techniques et économiques des élevages bovins lait qui génotypent.

Etude sur un échantillon d'élevages adhérents à la
Coopérative XR Repro

Noémie Brun

Option Adapter l'Elevage aux nouveaux Enjeux (A2E)

2021

Le progrès génétique et l'amélioration des performances techniques et économiques des élevages bovins lait qui génotypent.

Etude sur un échantillon d'élevages adhérents à la
Coopérative XR Repto

Noémie Brun

Option Adapter l'Élevage aux nouveaux Enjeux (A2E)

2021

Tuteur de stage : Jacky Martin

Enseignant référent : Fabienne Blanc

« L'étudiant conserve la qualité d'auteur ou d'inventeur au regard des dispositions du code de la propriété intellectuelle pour le contenu de son mémoire et assume l'intégralité de sa responsabilité civile, administrative et/ou pénale en cas de plagiat ou de toute autre faute administrative, civile ou pénale. Il ne saurait, en cas, seul ou avec des tiers, appeler en garantie VetAgro Sup. »

Remerciements

Je tiens d'abord à remercier tout particulièrement mon tuteur de stage Jacky Martin pour son encadrement et sa bienveillance pendant cette année de contrat de professionnalisation. Je tiens également à remercier Tiphaine Didry pour sa gentillesse, son aide, son accompagnement et pour ses moments de réflexion partagés.

Merci à Fabienne Blanc, ma tutrice pédagogique qui a su me conseiller et me guider concernant le déroulé de mon étude de stage et la rédaction de mon mémoire de fin d'études.

Je remercie aussi Camille Robert et Marion Coicaud, pour leur soutien et leur aide ponctuelle apportée sur différentes tâches.

Merci également à Willy Quironblondin qui a su prendre le temps de me partager certains de ses outils de travail, de me mettre en lien avec des élèves et de m'avoir apporté des éléments de réponse sur cette étude.

Merci également à Guillaume Crépet et Laura Balbérini de s'être rendus parfois disponibles afin de répondre à certaines de mes interrogations.

Et je tiens également à remercier tous les élèves qui ont su prendre le temps de me recevoir ou d'échanger par téléphone pendant une période d'activité soutenue. Je les remercie pour la sympathie dont ils ont fait preuve, pour la transmission de leurs connaissances et de leur passion. Ils ont été la source de moments d'échanges riches et plaisants.

Résumé

Tant à l'échelle mondiale, européenne ou française la sélection génomique en bovins lait est une méthode de sélection récente et en voie de développement. Elle est sujette à de nombreux travaux de recherche dans le but d'ouvrir son champ de prédiction pour indexer plus de caractères. Ce type de sélection possède de nombreux avantages. Il permet notamment d'augmenter la précision de sélection et d'accélérer le progrès génétique. C'est également un levier pour répondre aux enjeux sociaux, sociétaux et environnementaux auxquels font face les éleveurs. La sélection génomique est mise à profit des éleveurs par le biais du génotypage en ferme depuis une dizaine d'année. Bien que cet outil d'aide à la décision exige une certaine capacité d'investissement, il offre de nombreuses opportunités aux éleveurs qui l'utilisent. Il existe une diversité de conduites et de stratégies de sélection propres à chaque éleveur qui génotype. Certains troupeaux ont génétiquement progressé de manière significative suivant les index. Le délai d'attente estimé nécessaire à l'observation d'une différence significative est de 2-3 ans pour l'index de synthèse lié à la reproduction, de 3-4 ans pour l'index LAIT, et de 6-7 ans pour les index TP et TB en race Montbéliarde et Holstein. Globalement, les performances laitières des femelles génotypées se sont améliorées. Cependant, un progrès génétique marqué ne signifie pas forcément une amélioration significative des performances. Il est nécessaire de maîtriser les facteurs environnementaux auxquels sont soumis les phénotypes dans le but d'optimiser l'expression des potentiels génétiques des animaux.

Abstract

On global, European or French scale, genomic selection in dairy cattle is a recent and developing method of selection. It is subject to a lot of research in order to open its prediction field to index more characters. This type of selection has many benefits. In particular, it makes it possible to increase the precision of selection and accelerate genetic progress. It is also a lever for responding to social, societal and environmental issues dairy farmers are facing up to.. Genomic selection has been used by breeders through on-farm genotyping for the past ten years. Despite the fact that this decision-support tool requires a certain capacity of investment, it offers many opportunities to breeders who use it. There is a diversity of guideline and selection strategies specific to each breeder who genotypes. Some herds have genetically and significantly progressed according to the indexes. The necessary waiting period estimated to the observation of a significant difference is about 2-3 years for the synthesis reproduction index, 3-4 years for the MILK index and 6-7 years for the TP and TB indexes for Montbéliarde and Holstein breed. Generally speaking, milk performance of genotyped females improved. However, important genetic progress doesn't necessarily mean a significant improvement in performances. It is required to control the environmental factors which influence phenotypes in order to optimize the genetic potential expression of dairy cattle.

Table des matières

I.	Introduction.....	1
II.	Etat des lieux de l'utilisation du génotypage	3
1.	La France, un acteur majeur dans l'essor de la génomique	3
2.	Le génotypage, un outil largement diffusé et mondialement utilisé.....	4
a)	EuroGenomics, le premier programme de collaboration génomique européen	4
b)	Le génotypage, un outil utilisé à l'échelle mondiale	4
III.	Le génotypage, un outil d'amélioration du progrès génétique.....	5
1.	Augmentation de la précision de sélection	5
2.	Accélération du progrès génétique.....	6
IV.	De nouveaux caractères accessibles à la sélection pour répondre aux nouveaux enjeux sociaux, environnementaux et sociétaux	7
1.	Génotyper pour s'adapter.....	7
a)	Adapter son troupeau à son système d'élevage et à son éleveur	7
b)	Faire face aux enjeux environnementaux	8
c)	Répondre aux nouvelles attentes sociétales	8
2.	Le génotypage, un outil pour améliorer la rentabilité des élevages.....	10
a)	Indexer l'efficacité alimentaire pour diminuer les charges d'alimentation	10
b)	Génotyper, utiliser de la semence sexée et augmenter le croisement terminal pour améliorer ses revenus	10
V.	Les limites du génotypage.....	12
1.	Pour être pertinente, la prédiction génomique nécessite une grande population de référence	12
2.	Génotyper est un investissement direct pour un retour sur investissement à plus long terme.	12
VI.	Problématique et hypothèses de travail.....	14
VII.	Matériels et méthodes	15
1.	Echantillonnage des troupeaux	15
a)	Choix et mise en place des critères de tri	15
b)	Description de l'échantillon.....	17
2.	Choix des variables étudiées et collecte des données	17
a)	Investigation des données à notre disposition	17
b)	Variables choisies pour étudier le progrès génétique	17
c)	Variables choisies pour étudier les performances techniques des troupeaux	18
d)	Caractériser les performances économiques des élevages.....	18
e)	Qualifier les différentes conduites de reproduction.....	18

3. Méthode de traitement statistique	19
VIII. Résultats de l'étude	20
1. Résultats de l'enquête réalisée auprès des éleveurs	20
a) La diversité de conduites d'élevage des éleveurs de l'échantillon	20
b) Les changements observés au sein des élevages de l'échantillon sur l'échelle de temps étudiée	20
2. Evolution du progrès génétique et des performances de reproduction	21
a) Evolution des index REPRO et FERs sur la période 2013-2020.....	21
b) Analyse des performances de reproduction des troupeaux ayant présenté une évolution significative de l'index de synthèse lié à la reproduction	22
3. Evolution du progrès génétique et des performances de la production laitière	22
a) Analyse du progrès génétique.....	22
b) Analyse des performances de production laitière	24
4. Analyse économique	25
a) Gain économique des élevages ayant progressé génétiquement et techniquement de manière significative	25
b) La primipare moyenne Montbéliarde ou Prim'Holstein née en 2018 est plus productive que celle née en 2013.	26
IX. Discussion des résultats de l'étude et de la méthode employée.....	26
1. Retour sur les résultats de l'analyse	27
2. La présence de facteurs externes influençant les résultats	28
a) La stratégie de sélection propre à chaque éleveur	28
b) L'influence des taureaux utilisés et du progrès génétique racial	29
c) L'effet milieu présent au sein de chaque élevage	30
3. Discussion de la méthode employée	31
a) L'effectif des populations étudiées a été parfois limitant	31
b) Le manque de recul sur l'échelle de temps étudiée	32
c) Effectuer une analyse plus complète adaptée à la diversité des stratégies de sélection ..	32
d) Effectuer une analyse économique plus globale en intégrant le coût du génotypage, et l'utilisation de la semence sexée et du croisement terminal	32
X. Conclusion	33

Table des illustrations

Table des figures :

- Figure 1: Evolution du rendement des vaches laitières en France (toutes races) (D'après Guesdon, 2021)
- Figure 2: Evolution du nombre de géotypages par an effectué par Valogène (D'après Patry, 2020)
- Figure 3: Formule du progrès génétique (D'après Boichard et al., 2018)
- Figure 4: Average incidence of mastitis and metritis in the herd from year -4 to 15 for the 4 simulation strategies (D'après Kaniyamattam et al., 2020)
- Figure 5: Pourcentage de femelles inséminées en France par type de semence (D'après Le Mezec, 2019)
- Figure 6: Nombre total de prélèvements pour géotypage effectués par année au sein de la coopérative XR REPRO (source personnelle)
- Figure 7: Zone d'activité de la Coopérative XR REPRO (D'après site internet XR Repro)
- Figure 8: Méthode d'échantillonnage et création des bases de données (source personnelle)
- Figure 9: Répartition géographique des 19 élevages retenus pour de l'étude (Google Map)
- Figure 10: Illustration de la méthode de traitement statistique appliquée (source personnelle)
- Figure 11: Evolution des médianes des index REPRO (Montbéliardes) et FERs (Prim'Holstein) des femelles géotypées de l'échantillon par année de naissance
- Figure 12: Evolution des médianes de l'index LAIT des femelles Prim'Holstein et Montbéliardes géotypées de l'échantillon par année de naissance
- Figure 13: Evolution des médianes des index TP et TB des femelles Montbéliardes géotypées de l'échantillon par année de naissance
- Figure 14: Evolution des médianes des index TP et TB des femelles Prim'Holstein géotypées de l'échantillon par année de naissance
- Figure 15: Modélisation de l'interaction géotype * milieu influençant les performances de lactation d'une vache laitière (D'après Bryant et al., 2005)

Table des tableaux

Tableau 1: Coefficient de corrélation entre l'index LAIT et deux index fonctionnels (Fertilité Vache et Longévité) en fonction des races de bovins laitiers (D'après GenEval, 2021)

Tableau 2: Activité de typage en détail par race effectuée au cours de l'année 2020 (D'après Valogène, 2021)

Tableau 3: Tableau de synthèse renseignant la précision d'une évaluation génomique comparativement à une évaluation sur ascendance selon plusieurs études (D'après Hay et al., 2009)

Tableau 4: Reliability of genomic prediction with various reference populations (D'après Chesnais et al., 2016)

Tableau 5: Illustration de la réduction de l'intervalle de génération apportée par la sélection génomique par rapport à une sélection basée sur le testage sur descendance (D'après Boichard et al., 2018)

Tableau 6: Rates of genetic gain and inbreeding for breeding schemes where young bulls are genotyped (D'après Pryce et Daetwyler, 2012)

Tableau 7: Mean reliabilities of sire indices with pedigree information and genomic information (D'après Parker Gaddis et al., 2014)

Tableau 8: Ecart de l'activité semence sexée par type de femelle et type de taureau entre 2019 et 2020 en nombre d'IA première, France (D'après Dominique et Faradji, 2021)

Tableau 9: Présentation détaillée des 19 élevages retenus pour de l'étude (source personnelle)

Tableau 10: Classement des critères de sélection de tous les éleveurs enquêtés (source personnelle)

Tableau 11: Evolution significative de l'index REPRO pour 3 élevages de l'échantillon Montbéliard

Tableau 12: Evolution significative de l'index FERs pour 4 élevages de l'échantillon Prim'Holstein

Tableau 13: Evolution significative de l'index LAIT des élevages de l'échantillon Montbéliard

Tableau 14: Evolution significative de l'index LAIT de 2 élevages de l'échantillon Prim'Holstein

Tableau 15: Evolution significative de l'index TP de 3 élevages de l'échantillon Prim'Holstein

Tableau 16: Evolution significative de l'index TB de 2 élevages de l'échantillon Prim'Holstein

Tableau 17: Evolution de la lactation de référence moyenne des femelles Montbéliardes de l'échantillon en première lactation

Tableau 18: Evolution de la lactation de référence moyenne des femelles Prim'Holstein de l'échantillon en première lactation

Tableau 19: Comparaison de l'évolution d'une lactation de référence moyenne par vache par année de naissance, à l'échelle de deux populations différentes (race Holstein)

Tableau 20: Evolution du Taux Butyreux moyen calculé sur une lactation de référence des femelles Montbéliardes de l'échantillon en première lactation

Tableau 21: Evolution du Taux Protéique moyen calculé sur une lactation de référence des femelles Montbéliardes de l'échantillon en première lactation

Tableau 22: Evolution du Taux Butyreux moyen calculé sur une lactation de référence des femelles Prim'Holstein de l'échantillon en première lactation

Tableau 23: Comparaison de l'évolution du TB305j calculé sur une lactation de référence des femelles à l'échelle de deux populations différentes (troupeaux Holstein)

Tableau 24: Evolution du Taux Protéique moyen calculé sur une lactation de référence des femelles Prim'Holstein de l'échantillon en première lactation

Tableau 25: Performances laitières moyennes des femelles Montbéliardes et Holstein génotypées de l'échantillon par année de naissance

Liste des abréviations et sigles

AP : Index Aplombs

AURA : Auvergne Rhône-Alpes

CL : Index Cellule

Code race 46 : Montbéliarde

Code race 66 : Prim'Holstein

DigeR : Index Efficience alimentaire (Umotest)

EBV : Valeur génétique sur ascendance

EFA : Index Efficience Alimentaire (Evolution)

ES : Entreprise de Sélection

FERg : Index Fertilité génisse

FERs : Index Fertilité synthèse

FertBV : Fertility Breeding Value

FERv : Index Fertilité Vache

GC : Génotypage Commercial

GEBV : Valeur génomique prédite

GEMBAL : Génomique Multi race des Bovins Allaitants et Laitiers

HTH\$: Index de synthèse Santé

IA : Insémination artificielle

IPE : Insémination Pour l'Éleveur

ISU : Index de Synthèse Unique

LAIT : Index Lait

LGF : Index Longévité

MACL : Index Mammite Clinique

MAST : Index Mastitis

METR : Index Metritis

Nbr IA/IAF : nombre d'insémination par insémination fécondante

NM\$: Index Lifetime Net Merit

REPRO : Index de synthèse reproduction

RFI : Residual Feed Intake

SAM : Sélection Assistée par Marqueurs

STMA : Index Santé Mamelle

TB : Taux Butyreux

TP : Taux protéique

Intervalle VIA1 : Intervalle vêlage insémination première

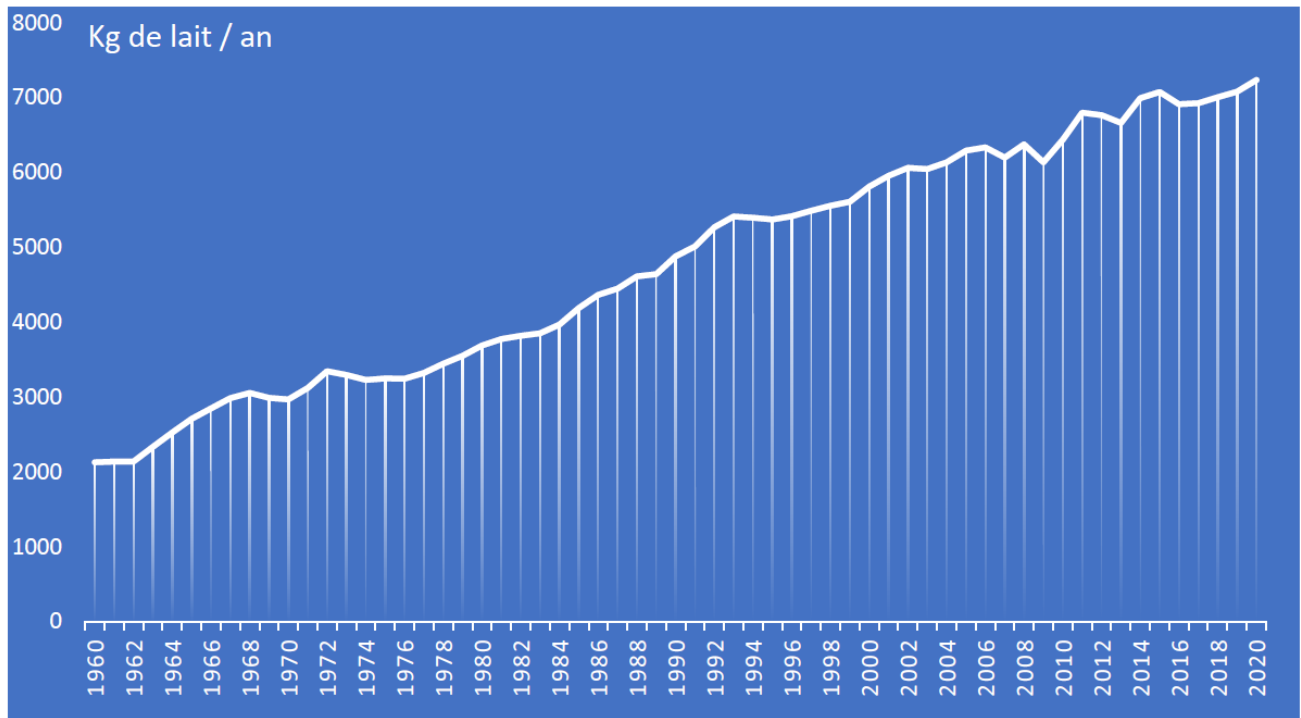


Figure 1: Evolution du rendement des vaches laitières en France (toutes races) (D'après Guesdon, 2021)

Race	Corrélation index LAIT/ FerV	Corrélation index LAIT/ LGF
Montbéliarde	-0.21	-0.14
Prim'Holstein	-0.22	-0.16
Normande	-0.2	-0.18
Abondance	-0.09	-0.19
Brune	-0.24	-0.11
Tarentaise	-0.15	-0.16
Simmental	-0.2	-0.21

Tableau 1: Coefficient de corrélation entre l'index LAIT et deux index fonctionnels (Fertilité Vache et Longévité) en fonction des races de bovins laitiers (D'après GenEval, 2021)

I. Introduction

Depuis la deuxième moitié du 20^{ème} siècle, les enjeux économiques et sociaux auxquels est soumis l'élevage laitier ont fortement évolués.

La période post seconde guerre mondiale est caractérisée par une intensification de l'agriculture. Le mot d'ordre était d'augmenter l'efficacité et les volumes de la production agricole dans le but de satisfaire les besoins alimentaires des populations (Boinon, 2011). La sélection génétique en systèmes bovins lait a donc été tournée vers l'amélioration de la production laitière (Brochard, 2013). Dans la plupart des pays développés, la production laitière par vache a plus que doublé en 20 ans. Par exemple l'augmentation globale estimée au Royaume Uni est de 200kg par vache laitière et par an entre 1996 et 2002 toutes races confondues. Une évolution marquée s'observe également aux Etats Unis, avec une augmentation de 1287kg de lait par vache/an entre 1957 et 2003 en race Suédoise. En France, nous pouvons également observer cette augmentation marquante du rendement laitier par vache au sein de la figure 1. Cette progression est due pour moitié à la sélection génétique et pour l'autre moitié à la gestion de l'alimentation et à l'amélioration de la qualité des fourrages (Oltenu et Algers, 2005).

Cependant, l'augmentation du potentiel génétique laitier des vaches laitières a eu comme conséquence une diminution de la fertilité des animaux et une augmentation des troubles de la santé du fait d'une corrélation négative entre ces caractères (Cole et VanRaden, 2018 ; Pryce et al., 2016). Le tableau 1 nous renseigne par exemple de la corrélation génétique présente entre l'index Lait et deux index fonctionnels en fonction des races considérées. Ces corrélations sont systématiquement négatives.

La détérioration de ces caractères fonctionnels à un impact technique et économique à l'échelle des exploitations (Liang et al., 2017). Il est donc indispensable d'opter pour une sélection génétique multi-trait dans le but d'obtenir des animaux productifs et rentables par leur fonctionnalité et leur résilience (Delaby et al., 2018).

L'évolution des enjeux se positionne également à l'échelle de la filière laitière. La filière étant mondialisée, le prix du lait est soumis au cours mondiaux, et à des règles de régulation spécifiques à chaque filière, comme le paiement incitatif pour la qualité du lait ou encore à des politiques publiques, comme la suppression des quotas. Ces changements nécessitent une capacité d'adaptation des systèmes laitiers. Parmi les leviers d'adaptation, la sélection génétique a un réel rôle à jouer (Brochard et Minery, 2016) en particulier grâce à l'accélération et au ciblage du progrès génétique permis par l'essor de la génomique (Cole et VanRaden., 2018).

Les nouveaux enjeux relèvent aussi de préoccupations et d'attentes formulées par les consommateurs qui sont de plus en plus exigeants vis-à-vis du bien-être animal et de l'utilisation d'intrants médicamenteux en élevage. L'utilisation des antibiotiques est notamment remise en cause du fait de l'antibiorésistance qui est un enjeu majeur de la santé globale (Jensen, 2016). Dans leur étude, Kaniyamattam et al., (2020) ont démontré qu'il était possible d'améliorer la résistance aux mammites ou encore aux métrites, pathologies fréquentes et coûteuses au sein des élevages laitiers, grâce à la sélection génomique. Enfin, l'élevage de bovins a également un rôle à jouer face aux enjeux environnementaux. La transformation des ressources alimentaires et l'émission de méthane sont par exemple des problématiques auxquelles pourrait sans doute répondre la sélection génomique (Le Roy et al., 2019 ; Pflimlin et al., 2009).

Depuis le XX^{ème} siècle, la sélection génétique a connu de nombreuses ruptures techniques et technologiques. Accompagnée par le progrès, tel que la congélation de la semence, son sexage, ou encore la génomique, elle s'est complexifiée.

Elle s'est également structurée par la création d'organismes de sélection, d'entreprises de sélection ou encore d'entreprises de mise en place (Labatut et al., 2014).

L'arrivée de la génomique en 2009 a modifié la sélection bovine. Ce type de sélection consiste à « sélectionner des reproducteurs sur la base de leur valeur génétique prédite à partir de marqueurs génétiques répartis sur le génome » (Boichard, 2012). Dans certaines conditions, elle permet notamment d'augmenter la précision de sélection et de réduire l'intervalle de génération. Elle constitue aujourd'hui une innovation puissante applicable en élevage grâce au génotypage. « Le génotypage est la discipline qui vise à déterminer l'identité d'une variation génétique, à une position spécifique sur tout ou partie du génome, pour un individu ou un groupe d'individus donné appartenant à une espèce animale, végétale, etc. » (Wikipédia, 2020). Le génotypage nécessite un prélèvement d'ADN du bovin en ferme (sang, cartilage, etc) et une analyse en laboratoire. D'abord réservé aux entreprises de sélection dont les offres de taureaux se sont élargies et précisées (France génétique élevage, 2011), il est aujourd'hui, et ce depuis 10 ans, accessible aux éleveurs de bovins laitiers. Réel outil de pilotage, le génotypage permet d'accélérer et d'optimiser les stratégies de sélection de chacun dans un but d'adaptation des systèmes de production et de rentabilité. Toutefois, le coût associé au génotypage (Bérodier et al., 2019) fait de cet outil un certain investissement. De plus, ses effets sur l'amélioration génétique du troupeau et les retombées économiques permises par ce progrès ne sont pas immédiates.

L'objectif de cette synthèse bibliographique est de faire un état de l'art de l'utilisation du génotypage et de ses potentialités afin d'effectuer cette étude en s'appuyant sur certaines bases déjà approuvées. Puis, l'objectif est de pouvoir valider certaines affirmations émises à l'échelle des élevages de la zone XR REPRO.

Dans un premier temps, nous ferons un état des lieux de l'utilisation du génotypage en France et dans le monde. Puis nous discuterons des apports de cette technologie sur le progrès génétique et des potentialités qu'elle offre afin de répondre aux nouveaux enjeux qui font face aux systèmes bovins lait. La dernière partie de cette synthèse portera sur les limites de cette technologie. À la suite de cet état de l'art, une partie sera dédiée à la présentation du matériel et de la méthode utilisée pour mener cette étude. Puis les résultats seront présentés suivis d'une discussion sur le déroulement de cette étude et sur les résultats qu'il en ressort. Enfin, une conclusion viendra clore ce mémoire de fin d'étude.

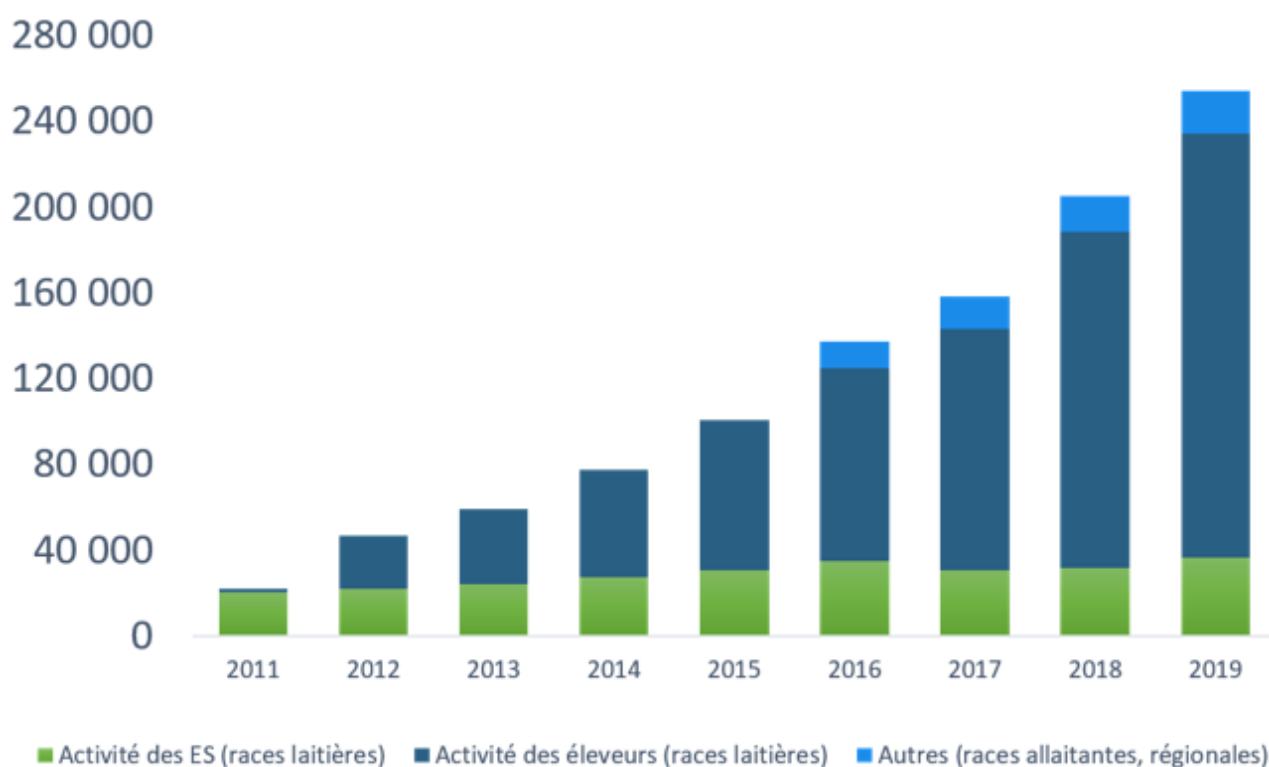


Figure 2: Evolution du nombre de génotypages par an effectué par Valogène (D'après Patry, 2020)

VALOGENE INFO 2020	Total 2020							TOTAL
	ES				GC			
	Mâles	Femelles	Embryons	Total ES	Mâles	Femelles	Total GC	
Brune	218	563	-	781	-	2 043	2 043	2 824
Montbéliarde	5 718	3 568	-	9 286	-	65 685	65 685	74 971
Normande	1 552	1 903	103	3 558	-	18 482	18 482	22 040
Holstein + Pie Rouge	9 436	11 638	887	21 961	-	161 667	161 667	183 628
Abondance	186	257	54	497	-	2 278	2 278	2 775
Tarine	165	243	-	408	-	909	909	1 317
Vosgienne	36	269	-	305	-	-	0	305
Simmental France	66	450	-	516	-	362	362	878

Tableau 2: Activité de typage en détail par race effectuée au cours de l'année 2020 (D'après Patry, 2021)

II. Etat des lieux de l'utilisation du génotypage

1. La France, un acteur majeur dans l'essor de la génomique

La mise en place du premier programme de sélection assistée par marqueurs (SAM) a été faite à l'initiative de l'INRA, du laboratoire LABOGENA et de l'Union Nationale des Coopératives d'Elevage et d'Insémination Animale (UNCEIA) aujourd'hui appelée ALLICE (Fritz et al., 2003). Afin d'optimiser ces outils, la société Valogène a été créée.

A l'échelle nationale, le laboratoire Valogène est aujourd'hui majoritaire concernant l'activité de génotypage. C'est une « société d'exploitation en charge de la gestion des échantillons (circulation de l'ADN de la ferme au centre de calcul en passant par le laboratoire de génotypage) et de la valorisation de l'information génomique (diffusion d'index génomiques, mais aussi contrôle de parenté et tests génétiques) » (Patry et Le Mezec, 2018).

Depuis les débuts de cette technologie datant de 2009, le nombre de génotypages effectués en France toutes races laitières confondues s'est drastiquement développé. Comme on peut le voir sur la figure 2, qui représente l'évolution du nombre de génotypages effectués par an par la société Valogène, il s'est multiplié par sept en 10 ans. La quantité de génotypages faite dans le cadre des entreprises de sélection est restée stable. Cela n'est pas le cas des génotypages commerciaux, c'est-à-dire les génotypages qui sont faits à la demande des éleveurs qui eux n'ont cessé d'augmenter au fil des années. En 2020, 305790 génotypages ont été réalisés au total par Valogène soit 20% de plus qu'en 2019 (Patry, 2021).

Actuellement, cette technologie est disponible pour de nombreuses races. Depuis 2011 pour les grandes races laitières telles que la Prim Holstein, la Montbéliarde et la Normande, suivies de la Brune des Alpes. Depuis 2016 pour les races à plus petit effectif telle que la Tarine, l'Abondance, et la Vosgienne. Et c'est seulement depuis novembre 2020 que les index génomiques en race Simmental ont été publiés. Si l'on se réfère au nombre de génotypages total effectués dans le cadre des entreprises de sélection et à la demande des éleveurs en 2020, présenté au sein du tableau 2, la race Prim'Holstein est majoritaire avec un peu plus de 183 000 génotypages effectués suivi de la Montbéliarde avec 74971 génotypages. Pour ces deux races, 88% des génotypages ont été faits à la demande des éleveurs. Enfin, la Normande se positionne en troisième place avec un peu plus de 22040 génotypages dont 84% à la demande des éleveurs (Patry, 2021).

La France fait également partie d'un consortium Européen, appelé EuroGenomics (Tesniere, 2017). Parmi les 650 000 génotypages bovins toutes races confondues réalisés au sein de la zone d'EuroGenomics, les génotypages français représentent 35% (ALLICE, 2019).

2. Le génotypage, un outil largement diffusé et mondialement utilisé

a) EuroGenomics, le premier programme de collaboration génomique européen

En 2009, des éleveurs de race Prim'Holstein de plusieurs pays européens ont décidé de se réunir et de former un consortium dont le but est la mise en commun des données et de connaissances afin de gagner en précision et d'accélérer le progrès génomique au sein des pays adhérents. Les pays à l'initiative de cette mise en commun sont l'Allemagne, la France, les Pays-Bas, le Danemark, la Suède et la Finlande, rejoints plus tard par l'Espagne, la Pologne, la Belgique, l'Autriche et le Luxembourg. Aujourd'hui, ce sont plus 35 000 taureaux et 10 millions de femelles Holstein génotypés qui composent la population de référence de la zone EuroGenomics (EuroGenomics, sd). La race Brune profite également d'un consortium nommé Intergenomics avec une population de référence de plus de 5 300 taureaux (Colombani, 2012).

En revanche, des pays comme l'Irlande où l'industrie laitière est développée et où la génomique est également utilisée, ont fait le choix de ne pas faire partie de consortiums. L'État irlandais et les professionnels ont mis en place à l'échelle nationale un dispositif coopératif et centralisé via l'organisation ICBF (« Irish Cattle Breeding Federation »). L'évaluation génomique est publique et prend en compte la particularité herbagère des systèmes bovins laitiers. En Irlande, c'est l'ICBF qui est en charge du calcul des index et de leur publication (Tesniere, 2017).

b) Le génotypage, un outil utilisé à l'échelle mondiale

En 2008, les Etats Unis et le Canada se sont réunis et ont collaboré dans un but de partage de données génomiques pour la race Prim'Holstein afin d'augmenter leur population de référence et la fiabilité des indexations. Aujourd'hui, ce consortium s'est également élargi avec l'adhésion de l'Italie, de l'Angleterre et même du Japon. Chavinskaia (2020) affirme même que c'est suite à la création de ce consortium Nord-Américain, et dans l'optique de faire face à cette concurrence mondiale qu'EuroGenomics a été créé par les pays Européens. Un autre exemple international est le NAV ((Nordic Cattle Genetic Evaluations), organisme né d'une collaboration entre la Finlande, la Suède et le Danemark afin d'effectuer une évaluation génomique commune principalement en races Holstein, Rouge scandinave et Jersiaise. Soulignons que les pays émergents tels que l'Afrique du Sud sont également intéressés par la rapidité du progrès génétique et les faibles coûts de sélection permis par la génomique. Limités par les faibles effectifs de leurs populations bovines, la collaboration mondiale est également pour ces pays une solution pour pallier cette contrainte (Chavinskaia, 2020).

Ce qu'il faut retenir : Le génotypage en élevage est une technologie récente datant de 2009. Elle est disponible au sein de nombreuses races de bovins laitiers. Diffusée à l'échelle mondiale, cette technologie est à l'origine de nombreux consortium afin d'augmenter le partage de données et d'améliorer sa fiabilité de prédiction.

Source	Pays d'étude	Population de référence	Caractères étudiés	Précision de l'estimation de GEBV* par rapport l'estimation EBV**
<i>In Hay et al. 2009</i>	Australie	798 taureau Holstein	Rendement en protéines du lait Fertilité	17 à 20% -2% à 4%
<i>Harris et al. 2008</i>	Nouvelle Zélande	4500 taureaux (race non précisée)	Production laitière, Poids, Longévité, Fertilité, Cellules	16 à 33 %
<i>VanRaden et al. 2009</i>	USA	3576 taureaux Holstein	Non précisés	23 %
<i>DeRoos communication personnelle in Hay et al. 2009</i>	Pays Bas	1583 taureaux (race non précisée)	Rendement matière grasse lait Rendement protéique du lait Pieds/Pattes Mamelle Fertilité	+ 33% +19% +15% +13% +9%

Tableau 3: Tableau de synthèse renseignant la précision d'une évaluation génomique comparativement à une évaluation sur ascendance selon plusieurs études (D'après Hay et al., 2009)

*GEBV: Valeur génomique prédite

**EBV: Valeur génétique prédite sur ascendance

Reference population	Daughters/sire (no.)	Total records (no.)	Reliability based on heritability		
			0.05	0.20	0.50
2,000 bulls	50	1,000,000	0.11	0.20	0.23
	100	200,000	0.16	0.22	0.24
10,000 bulls	50	500,000	0.40	0.57	0.63
	100	1,000,000	0.48	0.62	0.65
1,000 cows	—	1,000	0.02	0.06	0.14
2,000 cows	—	2,000	0.04	0.14	0.30
5,000 cows	—	5,000	0.08	0.25	0.47
10,000 cows	—	10,000	0.14	0.40	0.65

Tableau 4: Reliability of genomic prediction with various reference populations (D'après Chesnais et al., 2016)

III. Le génotypage, un outil d'amélioration du progrès génétique

1. Augmentation de la précision de sélection

L'une des principales difficultés de l'évaluation génomique est d'estimer avec suffisamment de précision le potentiel génétique des bovins avant même qu'ils aient atteint l'âge pour lequel des performances sont mesurables. Un des principaux leviers de précision se trouve être la taille de la population de référence. Une population de référence est constituée d'animaux génotypés et phénotypés servant de base de référence pour l'indexation génomique. (ALLICE, sd). Comme vu précédemment, de nombreux accords nationaux et internationaux se sont faits dans un but d'un agrandissement des populations de référence et de mise en commun des données de génotypage. Un organisme nommé Interbull a également été créé afin d'indexer les bovins de façon commune (méthode MACE) et de pouvoir les comparer entre eux à l'échelle internationale.

Hay et al., (2009) ont recensé des résultats d'études sur la précision d'une évaluation génomique en comparaison à celle effectuée sur ascendance. Les résultats de ces études sont regroupés au sein du tableau de synthèse ci-contre (Tableau 3). Dans le cadre de ces études, l'auteur nous fait part que les méthodes de calcul de la précision ont différencié et qu'une comparaison des résultats entre eux est donc difficile. Cependant, nous pouvons remarquer que pour chaque étude, la précision s'accroît pour tous les caractères étudiés lorsque la valeur prédite est génomique. Excepté pour la fertilité au sein de l'étude australienne qui pourrait être discutée du fait d'une population de référence inférieure en taille par rapport à celles des autres études. Sans faire référence à l'index fertilité, ces résultats sont partagés par Guarini et al (2019) qui affirment que la précision des modèles d'évaluation génomique est plus importante que celle d'une évaluation avec un modèle classique sur ascendance.

Chesnais et al., (2016) ont eux effectués une étude comparative au sein d'une population de bovins de races Holstein aux Etats-Unis et au Canada sur la précision d'index génomiques en fonction de l'héritabilité des caractères et de la taille de la population de références considérée. Leurs résultats sont référencés au sein du tableau 4. On peut remarquer que pour chaque population, quel que soit le type d'individu qui la compose, au plus le nombre d'enregistrements est important, au plus la précision de l'indexation est élevée. Cela s'accroît d'autant plus quand l'héritabilité du caractère augmente.

$$\Delta G = \frac{i.R.\sigma_g}{T}$$

Figure 3: Formule du progrès génétique (D'après Boichard et al., 2018)

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

Tableau 5: Illustration de la réduction de l'intervalle de génération apportée par la sélection génomique par rapport à une sélection basée sur le testage sur descendance (D'après Boichard et al., 2018)

SC, sires of cows; SI, selection intensity in SC pathway; ΔG , the genetic gain; ΔG as % CONV, %increase of genomic selection over conventional progeny testing; L , generation interval; ΔF , the rate of breeding

Authors	Bulls screened	SC	SI	Reliability (%)	ΔG /year (σ_a)	ΔG as % CONV	ΔF /year (%)	ΔF /generation (%)	L
König and Swalve (2009)	50 000	500	2.67	56	0.31	+44 ^A			4.60
Pryce et al. (2010)	1000	20	2.42	60	0.40	+59	0.07	0.20	2.67
Winkelman and Spelman (2010)	500	10	2.42	52	0.36	+44			3.75
Buch (2011)	2000	30	2.52	50	0.29	+65	0.31	0.74	2.38
Lillehammer et al. (2011)	750	20	2.31	37	0.28	+28	0.18		3.04
de Roos et al. (2011)	1000	20	2.42	58	0.50	+108	0.52	1.14	2.20
McHugh et al. (2011)	500	30	1.99	59	0.34	+100	0.70	1.73	2.48

^ACompared with the rate of genetic gain of conventional progeny testing of Schaeffer (2006).

Tableau 6: Rates of genetic gain and inbreeding for breeding schemes where young bulls are genotyped (D'après Pryce et Daetwyler, 2012)

2. Accélération du progrès génétique.

La prédiction du progrès génétique s'exprime sous la formule précisée au sein de la figure 3. Avec i l'intensité de sélection, R la corrélation entre valeur génétique prédite et valeur génétique vraie, σ l'écart type génétique et T l'intervalle de génération. Une augmentation du gain génétique peut donc être permise par l'augmentation de la précision de prédiction du potentiel génétique des animaux comme abordé précédemment, par la diminution de la l'intervalle de génération et par une intensification de de la sélection (Boichard et al., 2018). Comme illustré au sein du tableau 5, la sélection génomique permet de diminuer de moitié l'intervalle de génération comparé au testage de taureaux reproducteurs sur descendance.

L'utilisation de la génomique a nécessité de repenser en partie les schémas de sélection. Pryce et Daetwyler (2012) ont recensé au sein d'un tableau de synthèse (tableau 6) les conséquences techniques de plusieurs types de schémas de sélection génomiques en comparaison de schémas de sélection avec testage sur descendance. Ce tableau met en évidence que les résultats divergent et que le gain génétique annuel est fonction de nombreux facteurs et notamment du taux de renouvellement des reproducteurs. L'étude ayant l'intervalle de génération le plus long n'obtient pas le gain génétique le plus faible et l'étude ayant l'intensité de sélection la plus faible affiche un gain annuel génétique élevé. Bien que le gain génétique soit fonction de multiples facteurs, tous ces auteurs affirment qu'un schéma de sélection génomique augmente le gain génétique annuel par rapport à un schéma de sélection avec testage sur descendance. La valeur du gain génétique supplémentaire allant de 28 à 108%.

Hjorto et al. (2015) affirment également que l'utilisation du génotypage sur les génisses, cette fois-ci à l'échelle d'un élevage, accentue le progrès génétique. C'est également un résultat approuvé par Bérodiér et al. (2019) qui ont évalué le gain génétique de trois types de systèmes laitiers en race Montbéliarde en fonction de l'utilisation ou non du génotypage sur génisses, de la semence sexée et du croisement terminal. Sur l'échelle de temps étudiée qui était de 10ans, les scénarios utilisant la sélection génomique au sein de leur troupeau (semence sexée ou conventionnelle) ont gagné, en moyenne, 5 mois de gain génétique global par rapport aux scénarios qui utilisaient la sélection sur ascendance. Remarquons que ces auteurs affirment aussi qu'une combinaison entre le génotypage et la semence sexée accentue le progrès génétique. De plus, au plus les résultats de génotypage sont utilisés souvent avec des décisions de sélection basées sur ces derniers, au plus la technologie est optimisée (Hjorto et al., 2015 ; Clasen et al. 2021).

Ce qu'il faut retenir : La sélection génomique permet une augmentation du gain génétique. Si le progrès génétique est influencé par plusieurs facteurs, cette augmentation est principalement due à l'augmentation de précisions d'indexation, par la diminution de l'intervalle de génération pour les reproducteurs et à une intensification de la sélection. En élevage de bovins laitiers, utiliser de la semence sexée en parallèle du génotypage accentue d'avantage la vitesse du progrès génétique.

IV. De nouveaux caractères accessibles à la sélection pour répondre aux nouveaux enjeux sociaux, environnementaux et sociétaux

1. Génotyper pour s'adapter

Afin de développer des systèmes d'élevages modernes, en adéquation avec les nouveaux enjeux auxquels ils sont confrontés, il a été nécessaire de repenser et de réorienter les objectifs de sélection. Cette réorientation a été faite en faveur d'une meilleure gestion de la santé des animaux d'élevage, de plus de robustesse et de plus d'efficacité alimentaire (Le Roy et al., 2019). Ces caractères sont à l'origine de nombreux travaux de recherche génomiques.

a) Adapter son troupeau à son système d'élevage et à son éleveur

Barbat et al., (2016), ont effectué une étude sur la santé productive des vaches laitières et notamment sur l'acétonémie en race Holstein et Normande. L'acétonémie est l'un des troubles de la santé les plus fréquents en élevage de bovins laitières dû à un déficit énergétique en début de lactation. Il concerne principalement les vaches laitières hautes productrices. Il peut être à l'origine d'une diminution de la production laitière, de troubles de reproduction et d'augmentation des mammites cliniques. Les résultats de cette étude ont démontré que le taux d'incidence d'acétonémie sur des bovins ayant un index génomique acétonémie compris entre 1 et 2 s'élevait à moins de 1% pour les acétonémies cliniques et seulement 8% pour les acétonémies subcliniques. En revanche, les taux de prévalence s'élevaient respectivement à 8% et 25% pour les animaux ayant un index génomique négatif compris entre -2 et -1. Un éleveur qui est confronté à l'acétonémie peut donc sélectionner sur cet index dans le but de diminuer le taux de prévalence de cette pathologie.

Les éleveurs souhaitant mettre leurs femelles à la reproduction précocement peuvent également s'appuyer sur l'évaluation génomique. Meier et al., (2021) ont étudié l'âge à la puberté et les performances de reproduction d'un échantillon de femelles Holstein en fonction de leur index Fertilité (Fertility breeding value = FertBV). Ils ont comparé un groupe de femelles ayant un index FertBV positif à un groupe de femelles ayant un index FertBV négatif. Les génisses avec un index positif ont atteint la puberté plus tôt et à un poids corporel plus léger. L'âge à la puberté a été atteint à 358 jours pour 274 kg vif contre 385 jours à 294 kg vif pour le groupe avec index négatif. La différence de taux de gestation à 21 jours des génisses était de 12.6 pourcent entre le groupe positif et le groupe négatif en faveur des génisses positives.

Dans un esprit d'adaptation des troupeaux à leur système, nous pouvons par exemple citer l'index de synthèse Grazing Merit Index qui a été créé pour les systèmes bovins laitiers pâturant aux Etats-Unis. Un poids important est dédié à la reproduction des animaux et à leur morphologie afin que ces derniers soient plus adaptés à la conduite d'élevage de ces systèmes (Gay et al. 2014).

Actuellement de nombreux caractères fonctionnels sont indexés permettant à l'éleveur de mieux adapter son troupeau à son système et à ses propres objectifs de sélection.

b) Faire face aux enjeux environnementaux

Face au changement climatique, la capacité d'adaptation des animaux aux conditions météorologiques doit être améliorée. Afin de moins subir les augmentations de fréquence et d'intensité des événements météorologiques extrêmes tels que les vagues de chaleur en période estivale par exemple, des travaux génomiques ont été menés sur la résistance au stress thermique. C'est par exemple le cas en Australie où une étude a permis de travailler sur l'indexation de la capacité des animaux à résister à la chaleur au sein d'un échantillon de bovins de race Holstein et Jersiais. La prédiction génomique, d'une fiabilité estimée à 38% a été estimée par la baisse du rendement en lait, en matières grasses et en protéines par unité d'augmentation de l'indice température-humidité (THI). (Nguyen et al., 2017) Mais, en 2017, Carabaño et al., affirmaient que la résistance au stress thermique était un caractère complexe et que mise à part le gène responsable du poil lisse, il n'y avait pas de gènes pour lesquels des variants avaient été précisément associés à ce caractère. Cependant, ils affirment qu'il existe une relation antagoniste entre le niveau de production et la réponse au stress thermique. De nombreuses recherches sont en cours à ce sujet, des biomarqueurs associés à la résilience climatique chez les bovins laitiers ont été identifiés mais pour le moment aucune race ne possède un tel index. Il en est de même pour la prédiction des émissions de méthane (CH₄) (Slipa et al., 2021). En effet, l'enregistrement des rejets de méthane par animal est un phénotype difficilement enregistrable. De ce fait, une étude a été réalisée dans le but d'estimer la précision de prédiction génomique de rejet de méthane en incluant ou en omettant les données phénotypiques des émissions de CH₄ aux données. L'étude a été faite sur une population de vaches laitières danoises de race Holstein. Une prédiction génomique multi traits a été testée avec des traits fortement corrélés au CH₄. Il est ressorti de cette étude la nécessité d'intégrer des mesures phénotypiques des rejets de méthane jusque-là insuffisantes, afin d'augmenter la précision de la prédiction génomique (Manzanilla-Pech et al., 2020).

c) Répondre aux nouvelles attentes sociétales

Les consommateurs sont de plus en plus regardants et exigeants vis-à-vis du bien-être animal et de l'utilisation médicamenteuse en élevage (Cole et VanRaden, 2018 ; Brito et al., 2020). Le bien-être joue également un rôle important dans les objectifs d'élevage pour les éleveurs car il est source de durabilité des systèmes. La sélection génomique peut être utilisée pour améliorer la résistance aux maladies, aux facteurs de stress, et le comportement social du bétail, etc (Brito et al., 2020). Elle peut également être un levier pour ne plus recourir à certaines pratiques d'élevages controversées telle que l'écornage par exemple. La génomique et le génotypage permettent aujourd'hui de sélectionner des animaux porteurs du gène sans cornes. L'alternative d'élever des animaux sans cornes améliore le bien-être animal mais également celui de l'éleveur. Aux Etats-Unis par exemple, en race Holstein, le nombre d'individus sans cornes a été multiplié par 10 au cours des 10 dernières années (Ducos et al., 2017).

Health event	Pedigree information			Blended pedigree and genomic information			Overall gain ³
	Overall mean	Unproven sires ¹	Proven sires ²	Overall mean	Unproven sires	Proven sires	
Displaced abomasum	0.44	0.22	0.65	0.55	0.38	0.71	0.11
Ketosis	0.35	0.18	0.52	0.48	0.35	0.61	0.13
Lameness	0.24	0.15	0.32	0.39	0.31	0.47	0.15
Mastitis	0.39	0.26	0.52	0.51	0.40	0.61	0.12
Metritis	0.35	0.24	0.46	0.48	0.38	0.57	0.13
Retained placenta	0.55	0.42	0.67	0.64	0.54	0.73	0.09

1 Unproven sires considered sires with less than 10 daughters.

2 Proven sires considered sires with at least 10 daughters.

Tableau 7: Mean reliabilities of sire indices with pedigree information and genomic information (D'après Parker Gaddis et al., 2014)

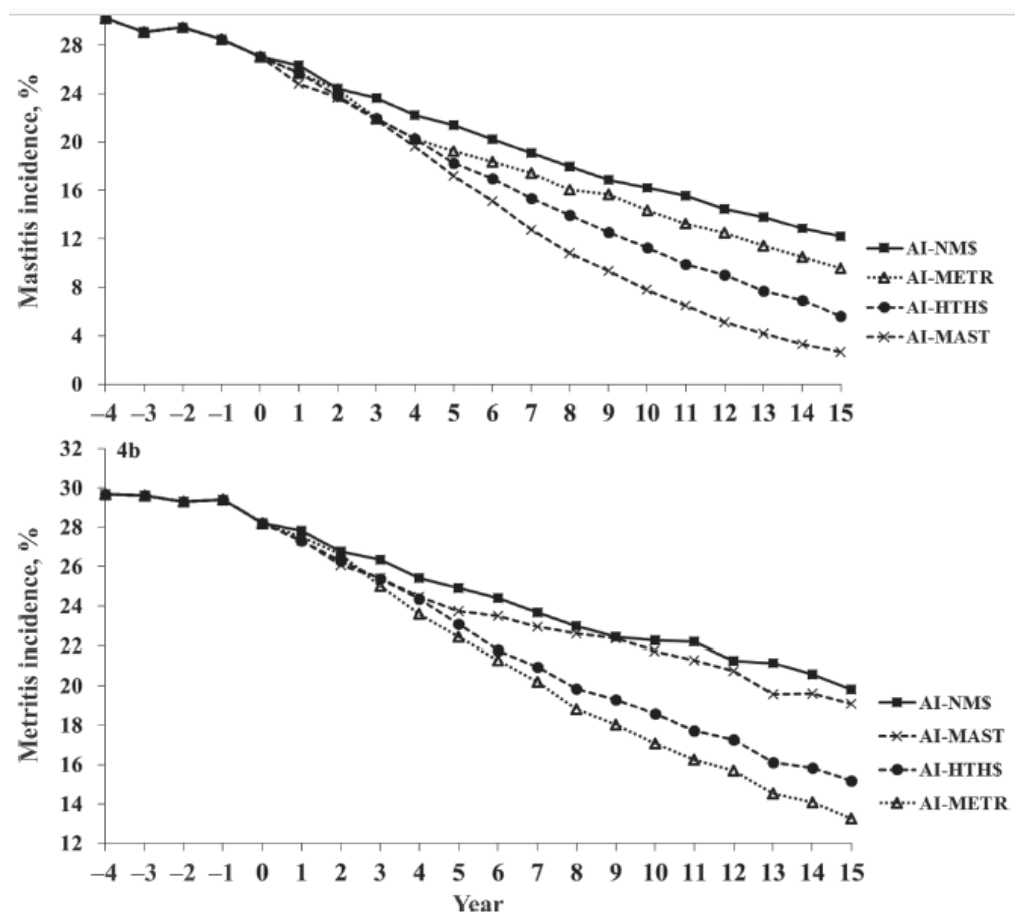


Figure 4: Average incidence of mastitis and metritis in the herd from year -4 to 15 for the 4 simulation strategies (D'après Kaniyamattam et al., 2020)

Concernant la santé des animaux, l'intérêt pour l'enregistrement des données de santé a augmenté. Cependant, la saisie de ces données en ferme reste souvent incomplète et imprécise. Par conséquent, il est difficile de différencier les troupeaux pour lesquels les troubles de la santé sont sous-déclarés et ceux pour lesquels les taux d'incidence de maladies sont réellement faibles (Pryce et al., 2016).

L'évaluation génomique des caractères de santé est récente. Dans leur revue datant de 2016, Pryce et al., affirment que seulement le Canada, la France et les pays nordiques incluent l'information génomique dans leur prédiction génétique des troubles de santé et que les Etats Unis sont encore en phase de recherche.

L'héritabilité des caractères liés à la santé est relativement faible. Par exemple, les héritabilités basées sur des modèles linéaires pour des bovins laitiers de diverses races variaient de 0,01 à 0,39 pour la cétose, de 0,00 à 0,08 pour la caillette déplacée, de 0,01 à 0,08 pour la fièvre de lait et de 0,004 pour la tétanie. Au vu de la faible héritabilité générale de ces caractères, la génomique a un réel rôle à jouer dans l'amélioration génétique de la santé (Pryce et al., 2016).

Une étude a été effectuée aux Etats Unis sur la base de données de santé collectées en ferme afin d'estimer la précision de l'évaluation génomique de ces traits. Comme on peut le voir au sein du tableau 7, la fiabilité des prédictions s'accroît grâce à l'apport de l'information génomique. L'incorporation d'informations génomiques a augmenté la fiabilité moyenne des taureaux de 9 à 15%. Remarquons également que la fiabilité d'indexation des taureaux ayant plus de 10 filles est systématiquement supérieure à celle des taureaux ayant moins de 10 filles. Cependant, le plus grand écart d'amélioration de la fiabilité des taureaux a été observé chez ceux ayant moins de 10 filles (Gaddis et al., 2014). Les résultats de Vukasinovic et al., 2017 sont assez similaires. Les fiabilités d'évaluation génomiques estimées pour des femelles Holstein génotypées et n'ayant pas encore eu d'évènements de santé enregistrés étaient de 50.2% pour le déplacement de la caillette et 51.9% pour les mammites.

Kaniyamattam et al., (2020) ont eux modélisé l'incidence de différentes stratégies de sélection génomique appliquée pendant 15 ans sur les performances techniques de vaches laitières de race non précisée. Quatre stratégies ont été testées. L'une priorisait l'index « Lifetime Net Merit 2018 » (AI-NM\$), une deuxième qui priorisait l'index de synthèse Santé (AI-HTH\$), la résistance aux mammites (AI-MAST) ou encore la résistance aux métrites (AI-METR). Comme on peut le voir sur les courbes de la figure 4, dans tous les cas, quel que soit la stratégie choisie, le taux d'incidence des mammites et des métrites diminue fortement. La stratégie AI-NM\$ permet la plus faible diminution de ces troubles. Cela s'explique très probablement par le faible poids de la santé qui représente seulement 2% au sein de cet index de synthèse économique. La diminution maximum du taux d'incidence des mammites a été obtenue avec la stratégie centrée sur l'index MAST et la diminution maximum du taux d'incidence des métrites a été obtenue avec la stratégie centrée sur l'index METR. Ces diminutions du taux d'incidence des pathologies permettent ensuite une diminution de l'utilisation d'antibiotiques.

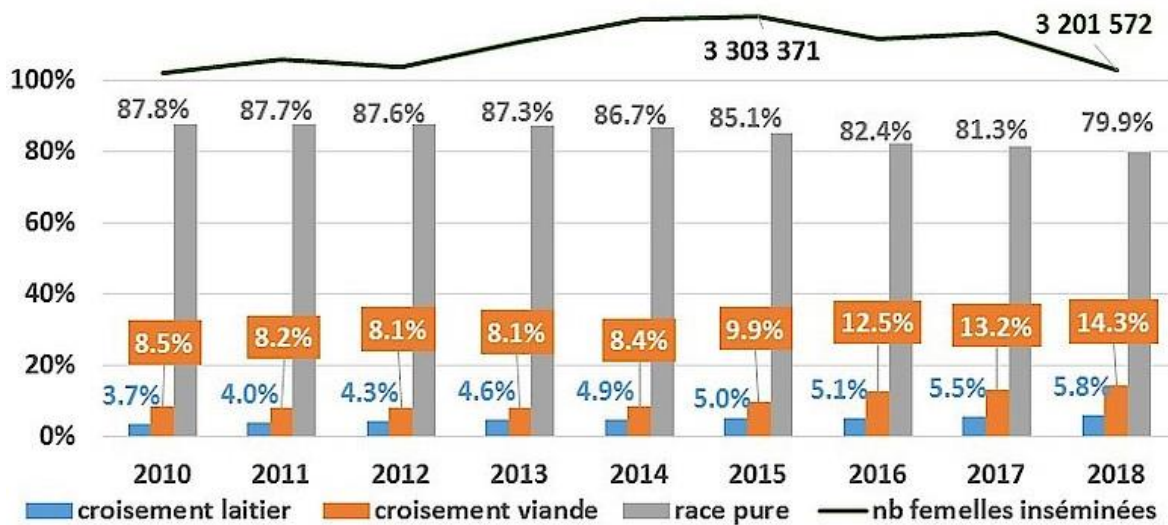


Figure 5: Pourcentage de femelles inséminées en France par type de semence (D'après Le Mezec, 2019)

		Taureaux			
		Lait		Viande	
Lait	Femelles	Semsex ♂	Semsex ♀	Semsex ♂	Semsex ♀
		Génisses	+285	+12 761	+178
	Vaches	+161	+20 000	+4 022	+67

Tableau 8: Ecart de l'activité semence sexée par type de femelle et type de taureau entre 2019 et 2020 en nombre d'IA première, France (D'après Dominique et Faradji, 2021)

2. Le génotypage, un outil pour améliorer la rentabilité des élevages

a) Indexer l'efficacité alimentaire pour diminuer les charges d'alimentation

L'alimentation en système bovins lait est la plus importante charge d'exploitation. (Laughton, 2016) Des travaux génomiques ont donc été menés sur l'efficacité alimentaire des vaches laitières. Une étude Américaine a été conduite dans l'objectif de prédire la valeur génomique RFI (Residual feed intake) d'une population de bovins Holstein et d'évaluer la fiabilité de cette prédiction. Le RFI représente la différence entre ce qui a été ingéré réellement par un animal par rapport à un ingéré prédit. Il ressort de cette étude que la fiabilité des prédictions se situaient entre 13 et 34% suivant les méthodes d'analyses (Li et al., 2020). Cole et VanRaden, (2018) évoquent la moindre efficacité des vaches lourdes et de grande taille. Ils nous informent également que des index se rapportant à l'efficacité alimentaire ont été introduits en Australie, au Pays Bas et aux USA pour la race Holstein. Cependant, les fiabilités de prédictions étant considérées comme trop faibles impliquent de continuer la collecte de données phénotypiques et d'augmenter les populations de références. (Li et al., 2020 ; Cole et VanRaden, 2018)

En France, au sein de certaines races telles que la Montbéliarde, l'index génomique DigeR a été mis à disposition des éleveurs en 2021. Cet indicateur est issu d'analyses des acides gras du lait. UMOTEST (Entreprise de sélection en race Montbéliarde) affirme qu'une étude comparative a été menée entre les 25 % moins bons animaux sur le critère d'efficacité alimentaire DigeR dans un troupeau et les 25 % meilleurs animaux. Cette étude non accessible révèle une différence entre ces deux groupes de 450 kg de lait/vache/an, de 5 jours d'intervalles vêlage-vêlage et une diminution des mobilisations des réserves corporelles en début de lactation. (UMOTEST, sd). Des index efficacité alimentaire sont également disponibles en race Holstein et Normande. (Evolution, 2019) Une étude a été réalisée en comparant la consommation de concentré entre le tiers supérieur des animaux sur l'index EFA (Efficacité Alimentaire) et le tiers inférieur. Ils ont constaté une différence de 1.1 kg de concentré ingéré pour la production de 1000L de lait.

Ces travaux étant très récents, peu d'études sont disponibles et il n'est pas possible de prendre du recul sur ces résultats. Mais nous pouvons tout de même constater que la génomique est engagée dans ce domaine et que l'efficacité alimentaire est source de recherches.

b) Génotyper, utiliser de la semence sexée et augmenter le croisement terminal pour améliorer ses revenus

Comme illustré au sein de la figure 5 et du tableau 8, le génotypage accompagné de la semence sexée et du croisement terminal tendent à se développer au sein des élevages laitiers. Dans leur étude, Clasen et al., (2021) ont simulé plusieurs conduites d'élevage en race Suedoise Holstein et Suédoise Rouge. Ils ont fait varier plusieurs facteurs tels que le pourcentage d'utilisation de semence sexées, l'utilisation de semence en race pure ou en croisement terminal et l'utilisation du génotypage en ferme. De manière générale, les rendements économiques totaux les plus élevés ont été trouvés dans les scénarios utilisant simultanément ces trois outils de sélection. C'est également ce qu'avance Bérodiér et al., (2019) dans leur étude où ils comparent plusieurs stratégies de conduite au sein de trois systèmes d'élevage de race Montbéliarde. Pour eux, les bénéfices les plus élevés ont toujours été obtenus en combinant l'utilisation de semence sexée avec du croisement terminal pour un coût de génotypage inférieur à 37€/femelle. Newton et al., (2018) ont-eux démontré que l'association du

génotypage et de la semence sexée en système pâturant était la plus rentable lorsque qu'elle était utilisée sur les génisses, à condition que les génisses vendues dépassent un prix de vente de 400\$ et que le pourcentage de réussite de la semence sexée ne soit pas en deçà de 10% de celui effectué avec de la semence conventionnelle. Cependant, un publication de Hjorto et al., (2015) affirme que dans la majorité des cas, il n'est pas rentable de génotyper de façon systématique ses femelles au vu du coût trop élevé de ce service.

Ce qu'il faut retenir : La sélection génomique offre de très nombreuses opportunités. Elle permet d'adapter les bovins laitiers à leur système, aux attentes de leurs éleveurs, et aux nombreuses attentes sociétales et environnementales. Le génotypage permet également d'augmenter la rentabilité des élevages dans certaines conditions. Il n'est donc pas seulement une technologie au service des éleveurs mais au service d'une société toute entière. De nombreux travaux sont encore en cours mais les résultats des études cités précédemment sont encourageants et font de la génomique un levier certain pour répondre à de nombreux enjeux.

V. Les limites du génotypage

1. Pour être pertinente, la prédiction génomique nécessite une grande population de référence

La taille et la structure de la population de référence ont un impact majeur sur la précision des prédictions génomiques (Colombani, 2012). Cette population de référence constitue la base de l'indexation. Meuwiss et al., (2001) ont démontré que quand la taille de la population de référence est réduite de 2 200 individus à 500, la corrélation entre les valeurs d'élevage génomiques prédites et les valeurs vraies diminue de 60%, 21% et 17% suivant les méthodes de prédiction génomique utilisées. Cela a été démontré pour un caractère dont l'héritabilité est de 0,3. Se pose alors la question de l'évaluation génomique au sein de races locales à faible effectif telle que la Villard de Lans par exemple, la Ferrandaise, et bien d'autres. Pour pallier cette contrainte, une solution est d'utiliser une population de référence multiraciale. En France, un projet de sélection génomique multiraciale a justement été mené de 2010 à 2014, ANR GEMBAL («GÉnomique Multi-race des Bovins Allaitants et Laitiers») (Colombani, 2012). Cependant l'indexation multiraciale n'est pas encore opérationnelle.

2. Génotyper est un investissement direct pour un retour sur investissement à plus long terme.

Bérodier et al., (2019) affirment que la mise en place des tests génomiques au sein des systèmes d'élevage engendre des coûts supplémentaires et exige donc une certaine capacité d'investissement des éleveurs. Dans leur étude où ils comparent plusieurs stratégies de conduite au sein de trois systèmes d'élevage de race Montbéliarde ils ont estimé le prix d'équilibre du génotypage (calculé dans les années 9 et 10 de la simulation) et le prix de génotypage maximum investi pour obtenir un retour sur investissement non négatif 10 ans après le début du génotypage des génisses. La rentabilité du génotypage dépend du coût du service et du système d'exploitation concerné. Le prix d'équilibre du génotypage était plus élevé dans les systèmes d'agriculture biologique et fromagère caractérisés par une meilleure valorisation de leurs produits d'exploitation. Pour la stratégie utilisant de la semence sexée et du croisement terminal, au sein des trois systèmes, un retour positif sur investissement a été estimé uniquement si le prix de génotypage était inférieur ou égal à 19,5 € pour le système d'élevage fromager, 12,4 € pour le système d'agriculture biologique et 7,9 € pour le système d'élevage laitier. C'est également cette stratégie qui était la plus rentable car elle offrait le prix d'équilibre de génotypage le plus élevé. Dans leur étude, Boichard et al., (2013) ont estimé le prix d'équilibre du génotypage entre 48 € et 53 € 10 ans après l'adoption du génotypage femelles et affirment qu'en prenant en compte seulement le coût du génotypage et le gain génétique des femelles du troupeau, génotyper ses femelles est rentable à partir de 5 à 8 ans. Hjortø et al., (2015) ont eux évalué le prix d'équilibre du génotypage dans un système d'élevage Holstein danois. Leur étude effectuée sur une échelle de temps de 20 ans, a donné comme résultat un prix d'équilibre pour le génotypage allant de 21 € à 37 €. Ils affirment cependant que le génotypage des génisses n'est pas rentable s'il n'est pas couplé à l'utilisation de la semence sexée. Cela est rentable pour seulement un scénario où 25% des génisses sont génotypées et où les performances de reproduction sont estimées être « bonnes ».

La rentabilité du génotypage est dépendante du prix du service, du système étudié, de la conduite d'élevage et des performances de reproduction. On s'aperçoit que les auteurs ne sont pas d'accord

sur le prix du génotypage favorable à sa rentabilité. La rentabilité de ce service dépend donc de nombreux facteurs et les avis divergent.

Ce qu'il faut retenir : La génomique a de nombreux avantages mais possède également certains inconvénients. Son application nécessite d'avoir une population de référence suffisamment grande afin d'être suffisamment précise. De ce fait, elle n'est pas applicable sur des populations bovines à faible effectif. De plus, le génotypage est un service qui a un coût et même si celui-ci tend à diminuer au fur et à mesure de son développement, l'utiliser est un investissement et demande donc aux éleveurs une certaine capacité d'investissement.

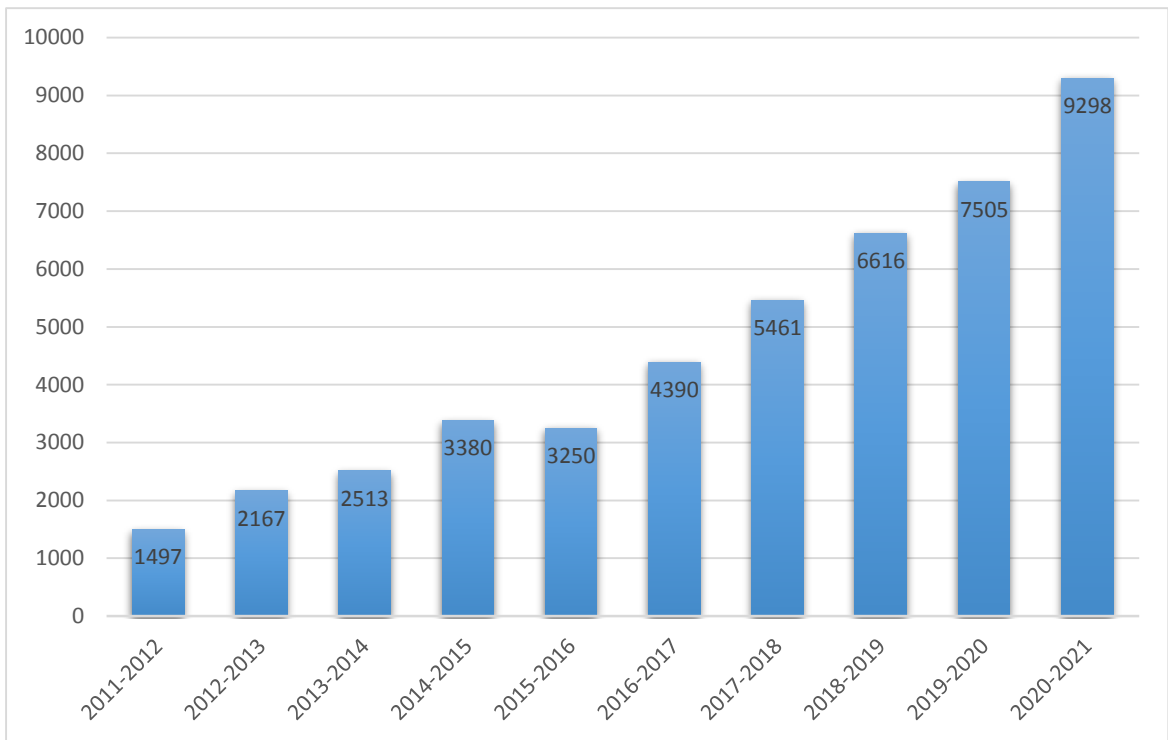


Figure 6: Nombre total de prélèvements pour génotypage effectués par année au sein de la coopérative XR REPRO (source personnelle)

VI. Problématique et hypothèses de travail

Le génotypage est une technologie récente et en progression tant au niveau national qu'à l'échelle de la Coopérative XR Repro. Les données du terrain étaient jusqu'à présent insuffisantes pour évaluer les effets du génotypage sur les performances des troupeaux et ses impacts sur l'évolution des conduites. Il est donc nécessaire de prendre du recul sur l'utilisation de cet outil. Intéressés, les éleveurs sont de plus en plus demandeurs, et le volume de génotypages en élevage voit son nombre augmenter. La figure 6 illustre cette évolution marquée du nombre total de prélèvements pour génotypage effectués par année au sein de la coopérative XR REPRO. Cependant, le coût de ce service qui s'élève à une cinquantaine d'euros par animal et le retour sur investissements permis par le progrès génétique percevable à plus long terme font du génotypage un outil qui demande aux élevages une capacité d'investissement (Bérodier et al., 2019)

En réponse à cette constatation faite par la coopérative une première étude a été réalisée à travers ce mémoire en vue de répondre à la question suivante « Comment peut-on caractériser le progrès génétique et l'amélioration des performances techniques et économiques des élevages de la zone XR REPRO qui génotypent depuis 2013 ? »

Les objectifs de cette étude sont de 1/ de caractériser le progrès génétique dans les troupeaux réalisant du génotypage depuis plusieurs années 2/ d'évaluer les effets sur les performances techniques et économiques de ces troupeaux et 3/ d'estimer le temps nécessaire permettant de constater des changements significatifs dans les résultats techniques et/ou dans les conduites d'élevage en lien avec l'adoption du génotypage.

La première hypothèse testée est qu'au sein des élevages de l'échantillon, sur une échelle de temps de 7 ans, nous observerons des différences significatives entre la valeur génétique moyenne des femelles nées en 2013 et celles nées en 2020 selon les index considérés. La deuxième hypothèse testée est celle qui affirme qu'au sein des élevages qui se sont distingués par un progrès génétique élevé, nous observerons une amélioration significative des performances associées aux index considérés. La dernière hypothèse testée affirme que la vache moyenne née en 2018 est plus performante que la vache moyenne née en 2013.

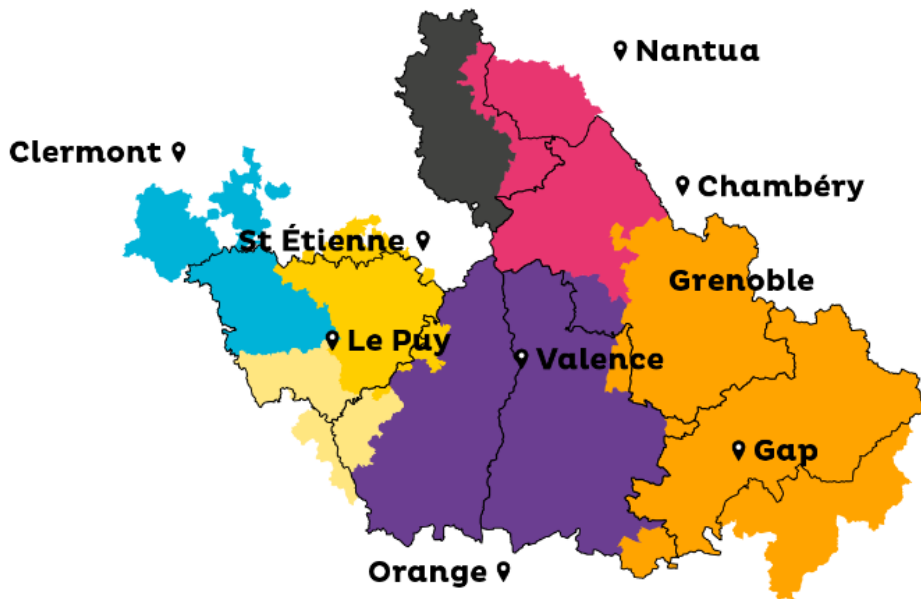


Figure 7: Zone d'activité de la Coopérative XR REPRO (D'après site internet XR Repro)

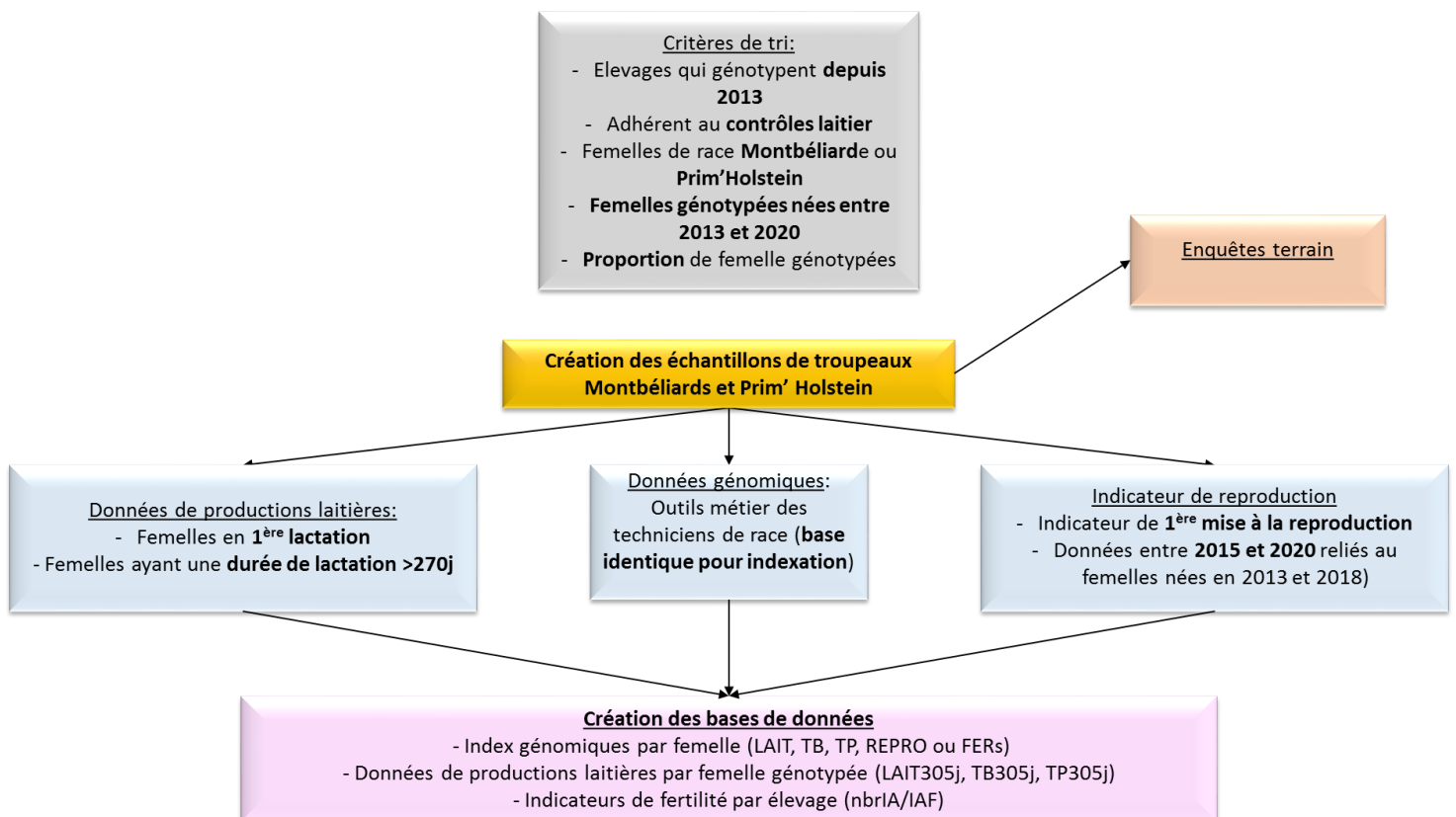


Figure 8: Méthode d'échantillonnage et création des bases de données (source personnelle)

VII. Matériels et méthodes

Cette étude porte sur les élevages adhérents de la coopérative XR Repro. Comme on peut le voir sur la figure 7, la coopérative s'étend sur 10 départements et compte 5300 élevages adhérents dont 4300 élevages en système bovins laits. L'étendue de la zone géographique couverte par la coopérative nous a permis de bénéficier d'une diversité de systèmes d'élevage. Tous les élevages de l'échantillon sont localisés dans la Région Auvergne Rhône Alpes. La région est caractérisée en 2017 par 82% de vaches laitières situées en zone de montagne, avec un nombre moyen de vaches laitières compris entre 40 pour la zone de montagne et 49 hors zone de montagne. 15 % des exploitations régionales sont spécialisées en « Bovins lait » avec en moyenne 83 ha de SAU dont 72 ha de SFP. La région AURA compte 56% de Montbéliardes et 30% de Prim'Holstein. (Agreste, 2020)

1. Echantillonnage des troupeaux

a) Choix et mise en place des critères de tri

La première étape a consisté à définir des critères d'inclusion et d'exclusion des élevages. Ces critères de tri sont précisés au sein de la figure 8. L'étude portant sur le progrès génétique et sur les performances techniques des bovins lait au sein d'élevage pratiquant le génotypage, le premier critère de tri a porté sur l'ancienneté d'utilisation de cet outil. L'activité de génotypage commercial au sein de la coopérative s'est réellement mise en place en 2013. La nomination « génotypage commercial » désigne les génotypages femelles faits à la demande des éleveurs, hors du cadre des schémas de sélection. La décision prise a donc été de retenir les élevages pratiquant le génotypage depuis 2013 jusqu'à 2020 pour bénéficier de l'échelle de temps la plus grande possible. A l'issue de ce premier tri, 60 élevages étaient disponibles.

Le deuxième critère de tri a porté sur la race. Les indexations étant faites intra-race, la comparaison des niveaux génétiques de femelles de races différentes n'est pas envisageable. La Montbéliarde est la race laitière la plus représentée sur la zone d'XR Repro suivi de la race Prim'Holstein. Ce sont également celles que l'on retrouve majoritairement au niveau de l'activité de génotypage. En effet, depuis le début de la campagne 2020-2021, la Montbéliarde représente 80% des femelles génotypées et la Prim'Holstein 14%. Le choix a donc été fait de cibler seulement des éleveurs de Montbéliardes, de Prim'Holsteins ou des éleveurs mixtes possédant les deux races.

Le troisième critère de tri a été l'adhésion au contrôle laitier des élevages afin de pouvoir disposer des performances de production laitière des troupeaux.

Le quatrième critère de tri a porté sur la proportion de femelles génotypées par élevage. L'objectif étant de cibler au maximum des élevages génotypant la totalité de leurs génisses.

Suite à l'application de ces quatre critères de tri, vingt élevages étaient disponibles. Cependant, pour des raisons propres à un éleveur, un élevage a été retiré de la liste.

L'estimation du pourcentage de femelles génotypées par élevage a été faite grâce à l'outil Winedit. La base de données informatique Winedit contient toutes les informations concernant l'activité de la coopérative. Des extractions de données ont donc été faites afin d'estimer le nombre de femelles génotypées par an par rapport au nombre de femelles nées. Les extractions n'ont porté que sur les femelles de race pure. Pour chaque élevage, il a été possible de retrouver le nombre de génotypages effectués chaque année à partir de 2013. Le calcul du nombre total de veaux femelles nés chaque année sur l'ensemble des élevages bovins laitiers adhérents à XR Repro a été fait via le nombre d'inséminations premières enregistrées. Le nombre de femelles nées a été évalué à en considérant un sex ratio de 70% par rapport au nombre total de veaux nés. Cette estimation a été nécessaire du fait que cette donnée n'est pas accessible. Nous avons admis que le nombre d'inséminations premières en race pure nous renseignait assez précisément le nombre de veaux nés purs. En effet, des planning d'accouplements sont effectués pour tous les élevages. Si une vache laitière est programmée pour être accouplée en race pure, le planning sera respecté dans la majorité du temps. Cette estimation peut être faussée par les femelles ayant des problèmes de reproduction et nécessitant un nombre d'insémination plus important. Dans ce cas-là, le recours au croisement terminal est souvent privilégié.

La liste des élevages ciblés a ensuite été approuvée par le responsable technique et commercial et par les techniciens de race Montbéliarde et Holstein. Le but étant de valider l'intérêt que les éleveurs portent au génotypage et la fidélité dont ils font preuve auprès de la coopérative.



Figure 9: Répartition géographique des 19 élevages retenus pour de l'étude (Google Map)

Département	Type de système	Race	Nombre VL	SAU (ha)
Ain	Conventionnel		66	95
Ardèche	Conventionnel		46	50
	Conventionnel		46	80
	Conventionnel		46	120
Haute Loire	Conventionnel		66	36
	Conventionnel		46	90
	Conventionnel		46	115
	Conventionnel		46	100
	Conventionnel		46	80
	Conventionnel		46	35
	Conventionnel		46	68
Isère	Conventionnel	mixte	60	140
	Conventionnel		46	123
	Conventionnel		46	105
Puy de Dôme	Conventionnel		46	70
Drôme	Conventionnel		66	85
	IGP Saint Marcellin		46	160
	IGP Saint Marcellin		66	132
Rhône	Conventionnel		46	74
		moyenne	60	111

Tableau 9: Présentation détaillée des 19 élevages retenus pour de l'étude (source personnelle)

*Code race : 46 Montbéliarde, 66 Prim'Holstein

b) Description de l'échantillon

L'échantillon est composé de 856 femelles Prim'Holstein et de 1748 femelles de race Montbéliarde, soit 33% de femelles Holstein et 67% de femelles Montbéliardes, nées entre 2013 et 2020 et génotypées. Cette proportion par race au sein de l'échantillon est assez représentative de celle observée à l'échelle de la région AURA. Ces femelles appartiennent à 19 élevages de la zone XR Repro dont 14 élevages de race Montbéliarde, 4 élevages de race Prim'Holstein, et 1 élevage mixte en races Montbéliarde et Holstein. Parmi eux, 17 sont spécialisés en lait et 2 possèdent également un autre atelier de bovins allaitants. Un élevage se trouve dans le département de l'Ain, trois dans l'Ardèche, trois dans la Drôme, trois en Isère, sept en Haute-Loire, un dans le Puy de Dôme et un dans le Rhône (Figure 9). Les élevages sont présentés au sein du tableau 9. Deux d'entre eux font partie d'une appellation d'origine protégée, l'IGP Saint Marcellin. Les élevages sont en moyenne de taille supérieure à la moyenne des élevages de la région Auvergne Rhône Alpes avec un nombre de vaches laitières moyen qui s'élève à 60 pour un peu plus de 110 ha. L'échantillon d'élevages est donc représentatif de la région pour la race mais légèrement plus important concernant la taille des exploitations. Notons également la diversité de tailles des exploitations présentes dans l'échantillon avec le troupeau le plus petit composé de 35 vaches laitières et le plus gros composé de 95 vaches laitières. Il est en de même concernant la Surface Agricole Utile (SAU) allant de 50ha à 232 ha. De par leur structure, les élevages de l'échantillon ne sont donc pas similaires.

2. Choix des variables étudiées et collecte des données

a) Investigation des données à notre disposition

Une réunion a été organisée avec le responsable technique et commercial et la cheffe de projet génétique d'XR REPRO afin de valider les attentes de la coopératives et les données pertinentes à analyser pour cette étude. Puis, une phase exploratoire des outils informatiques de la coopérative et des échanges avec les informaticiens ont été nécessaires pour référencer les données qui étaient à notre disposition dans les bases informatiques. Suite au recensement de ces informations et dans un souci de faisabilité de l'étude, nous nous sommes limités aux données génétiques et de performance que nous avons à disposition à la coopérative. Les index de chaque femelle, leurs données de production laitière et les résultats de reproduction des élevages étaient disponibles. Il fallait cependant collecter les données qualitatives propre à chaque exploitation afin de caractériser les exploitations de l'échantillon et chaque conduite d'élevage.

b) Variables choisies pour étudier le progrès génétique

Afin d'étudier le progrès génétique des femelles génotypées de chaque élevage, seulement certains index ont été choisis pour l'étude. Parmi tous les index disponibles pour une femelle, nous en avons retenu quatre : l'index LAIT, l'index TP, l'index TB et l'index REPRO en race Montbéliarde nommé FERs en race Holstein (figure 8). Les index REPRO et FERs sont des index de synthèse résultant d'une pondération des index élémentaires Fertilivité vache (FERv), Fertilité génisse (FERg) et Intervalle vêlage insémination première (VIA1) (IDELE, 2012). Ces index ont été récupérés via

les outils métier des techniciens de race. Nous avons choisi ces quatre index car nous avons à disposition les performances techniques associées propres à chaque femelle génotypée.

c) Variables choisies pour étudier les performances techniques des troupeaux

Pour étudier les performances techniques des femelles des troupeaux, nous avons fait le choix d'analyser les performances laitières par femelle en première lactation, constituées du volume de lait produit par lactation et des taux. Nous avons souhaité comparer les femelles au même rang de lactation dans un souci d'augmenter la pertinence des résultats. Ces données ont été extraites de l'outil informatique Wincia. Uniquement les femelles nées entre 2013 et 2018 ayant une lactation supérieure ou égale à 270 jours ont été gardées pour l'analyse des performances laitières (figure 8). Les résultats de performances sont exprimés sur la base de lactations dites de référence, ramenées à 305 jours. Cela signifie que si la lactation d'une femelle n'atteint pas 305 jours, la lactation de référence est égale à la lactation brute. Par contre, si une lactation est plus longue, la méthode de calcul consiste à retrancher de la lactation brute la production réalisée au-delà du 305ème jour. (Ministère de l'Agriculture et de l'Alimentation, 2018) Les performances laitières ont été ramenées à 305 jours afin de pouvoir s'affranchir de l'hétérogénéité de la durée de lactation présente entre les animaux et de pouvoir les comparer entre eux. Suite à ce tri, les données de production laitière ont été analysées pour 756 Montbéliardes et 430 Prim'Holstein.

Les performances de reproduction ont été étudiées par le biais d'un indicateur présent dans le bilan de reproduction calculé par année pour chaque élevage. L'indicateur choisi est le nombre d'inséminations nécessaires pour avoir une insémination fécondante (nbrIA/IAF) à la première mise à la reproduction des femelles de l'échantillon. L'indicateur utilisé a été le nbrIA/IAF des génisses à l'échelle d'un élevage par année. Un intervalle de deux ans a été considéré entre la date de naissance des femelles de l'échantillon et l'année de mise à la reproduction (figure 8).

d) Caractériser les performances économiques des élevages

L'amélioration des performances économiques a été estimée à partir de l'amélioration des performances techniques. Des estimations ont été faites à partir de chiffres clés renseignant le prix de base moyen du lait acheté aux producteurs laitiers en Auvergne Rhône Alpes hors lait biologique ou sous signe de qualité, la rémunération d'un point supplémentaire de TB ou de TP. Le coût moyen d'une dose étant très variable et dépendant de nombreux facteurs, l'analyse économique n'a pas été effectuée vis-à-vis des performances de reproduction. Les chiffres clés de production laitière ont été extraits de la bibliographie.

e) Qualifier les différentes conduites de reproduction

Les conduites de reproduction sont propres à chaque élevage. Des enquêtes ont donc été réalisées pour collecter des informations sur les élevages et leur type de conduite. Le questionnaire disponible en annexe 1, a été construit en vue de réaliser des entretiens semi directifs. En effet le but

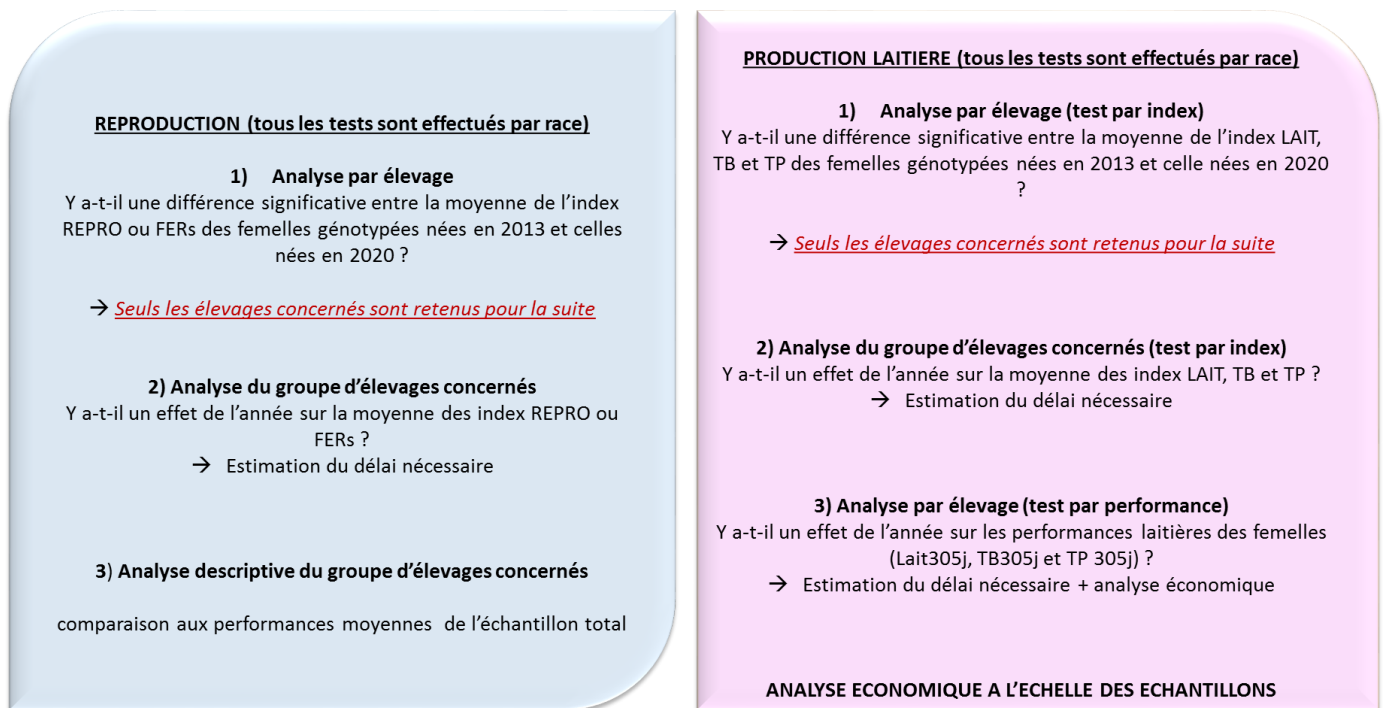


Figure 10: Illustration de la méthode de traitement statistique appliquée (source personnelle)

de ces entretiens était de comprendre comment les éleveurs conduisent et raisonnent leur activité. Tout en ayant une discussion orientée pour ne pas passer à côté du recueil de certaines informations, ce type d'entretien a permis d'ouvrir le dialogue et de restituer les choix techniques des éleveurs au regard de leurs idées et de leurs pratiques. Des entretiens en présentiel sur les exploitations ont été privilégiés afin de faciliter le dialogue avec les éleveurs. En raison d'un manque de temps de certains, 5 entretiens sur 19 ont été effectués par téléphone, dont quatre directement avec les éleveurs et un avec un inséminateur possédant une bonne connaissance de l'élevage concerné.

Des premières questions fermées ont été posées afin de caractériser les élevages (type de système, taille du troupeau, surfaces). Concernant la conduite de reproduction, des indications sur l'utilisation de la semence sexée, du croisement terminal et le type d'utilisation des résultats de génotypage ont été collectés grâce à des questions ouvertes. Ces enquêtes ont également permis de prendre connaissance de potentiels changements qui ont eu lieu au sein des systèmes étudiés ou qui ont été observés par les éleveurs au sein de leur troupeau sur l'échelle de temps considérée. Ces informations se rattachent au deuxième objectif de cette étude qui vise à caractériser l'évolution des performances techniques des élevages.

3. Méthode de traitement statistique

La méthode de traitement statistique est illustrée au sein de la figure 10. Dans un premier temps, à l'échelle de chaque élevage, la normalité et l'égalité des variances des index étudiés ont été testées à l'aide des tests de Shapiro et de Fisher. Puis, suivant le résultat de ces premiers tests, les variables ont été soumises à des tests appropriés (Test de Wilcoxon, de Welch ou de Student) dans le but de répondre à la question « Y a-t'il une différence significative entre les moyennes des index REPRO ou FERs, LAIT, TB ou TP des femelles nées en 2013 et celles nées en 2020 ? ». Seulement les élevages se distinguant des autres par une différence significative ont été retenus pour la suite des tests. Suite à la vérification du respect des conditions favorables à son utilisation, l'analyse ANOVA avec comparaison multiple des moyennes a été effectuée sur les index au sein du groupe d'élevages retenus, dans le but d'estimer le temps nécessaire à l'observation des différences significatives des moyennes des index. Si les conditions d'application de l'ANOVA n'étaient pas respectées, un test non paramétrique de Kruskal-Wallis suivi d'un test de Tukey.

Les performances de reproduction, ont été étudiées à l'aide d'une analyse descriptive. En effet, l'indicateur de performances utilisé n'étant pas calculé à l'échelle d'une femelle mais à celle d'un troupeau, il n'a pas été possible d'effectuer des tests statistiques au vu du nombre d'élevages trop limitant dont nous disposions. Cependant, nous avons pu tester l'effet de l'année sur les performances techniques de production laitière (Anova + Post Hoc). Ainsi, nous avons pu faire ressortir les élevages qui s'étaient distingués des autres par leur progrès génétique mais également par l'amélioration significative des performances de production laitière de leurs femelles. Nous avons pu estimer le temps d'attente nécessaire à l'observation de différences significatives pour ces différentes variables.

Les troupeaux qui se distinguaient des autres par leur progrès génétique et technique ont systématiquement été comparés à l'échantillon total auquel ils appartenaient. Des troupeaux n'ayant pas significativement progressés sur les index mais seulement sur les performances ont été identifiés.

L'analyse économique a ensuite été faite pour les élevages ayant progressé génétiquement et techniquement de manière significative sur les index et les performances en lien avec la production laitière. Peu d'élevages étaient concernés. Alors nous avons effectué une analyse économique globale

1ers critères de sélection	% éleveurs	2èmes critères de sélection	% éleveurs
Lait	47	Fonctionnels	32
Mamelle	32	Aplombs	42
Aplombs	16	Mamelle	32
Morphologie	16	Taux	21
Fonctionnels	11	Morphologie	5
Taux	5	Lait	5

Tableau 10: Classement des critères de sélection de tous les éleveurs enquêtés (source personnelle)

à l'échelle de l'échantillon Montbéliard et Prim'Holstein. En utilisant les différences de moyenne des performances de production laitière des femelles nées entre 2013 et 2020, nous avons pu estimer le gain économique supplémentaire entre une femelle moyenne en première lactation née en 2013 et une femelle moyenne en première lactation née en 2018.

VIII. Résultats de l'étude

1. Résultats de l'enquête réalisée auprès des éleveurs

a) La diversité de conduites d'élevage des éleveurs de l'échantillon

Effectuer des enquêtes auprès des éleveurs a permis de mieux comprendre la conduite de sélection appliquée à l'échelle de chaque élevage. Ces enquêtes nous ont permis de nous rendre compte de la diversité des stratégies de sélection possible. Tous les éleveurs enquêtés utilisaient la semence sexée et le croisement terminal avant la mise en place du génotypage au sein de leur exploitation. Mais suite à l'introduction du génotypage, trois stratégies ont été identifiées. 9/19 éleveurs utilisent de la semence sexée pour assurer le renouvellement de leur troupeau et utilisent le croisement terminal sur l'intégralité des autres femelles. 6/19 éleveurs utilisent de la semence conventionnelle. Et 4/19 éleveurs ont changé de stratégie de reproduction au cours de la période étudiée. Ils ont maintenu l'utilisation de la semence conventionnelle au sein de leur troupeau jusqu'aux années 2017-2018 puis l'ont abandonnée pour n'utiliser que de la semence sexée sur l'ensemble de leurs femelles du troupeau accouplées en race pure. Aussi, environ 40% des éleveurs procèdent à des transferts embryonnaires sur leurs femelles. Le transfert embryonnaire permet d'accroître la vitesse du progrès génétique en élevage (Dubois, 2016).

De plus, les éleveurs n'ont pas tous la même approche vis-à-vis de l'exploitation des résultats génomiques. Tous les éleveurs de l'échantillon utilisent les résultats de génotypage de leurs femelles au moment d'effectuer leur planning d'accouplement. Mais 40% d'entre eux gardent un œil plus subjectif pour trier leurs animaux. C'est-à-dire que certains feront le choix d'élever sur une femelle ayant une indexation moyenne mais répondant tout de même à leurs attentes au sein de leur système d'élevage. Au moment du tri des animaux deux approches majoritaires ont été mises en évidence. La première est celle qui vise à éliminer les animaux ayant les plus gros défauts génétiques dans le but d'avoir des animaux complets et un troupeau homogène. A l'inverse, la deuxième approche ne cherche pas forcément une homogénéisation du troupeau mais à maximiser le progrès génétique sur les femelles considérées comme étant les meilleures.

b) Les changements observés au sein des élevages de l'échantillon sur l'échelle de temps étudiée

Concernant les changements constatés par les éleveurs sur les femelles de leur troupeau, 1/3 d'entre eux ont affirmé avoir observé une amélioration des mamelles et 1/4 des éleveurs ont observé une amélioration des membres et des caractères fonctionnels de manière générale. 4 éleveurs estiment que la production laitière ainsi que la vitesse de traite des femelles se sont améliorées. 2 éleveurs ont affirmé avoir des femelles plus dociles. Mais 4 éleveurs ont fait part de leur difficulté à observer une amélioration de la reproduction au sein de leur troupeau. Ces observations sont à mettre en lien avec les critères de sélection des éleveurs. La majorité des éleveurs sélectionne en priorité le lait la mamelle

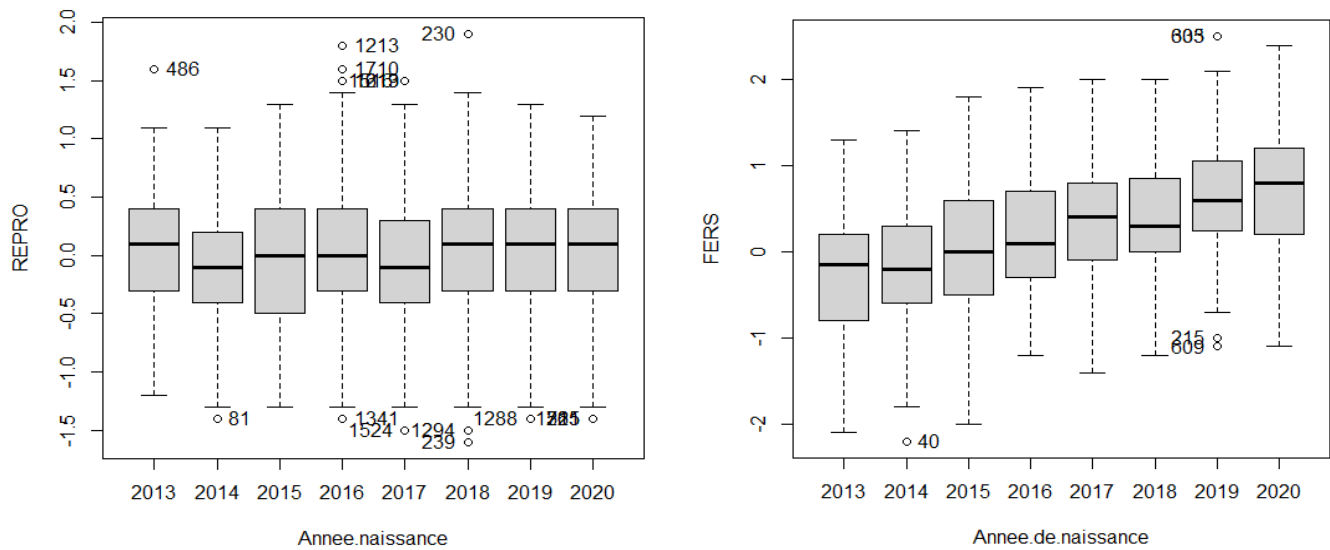


Figure 11: Evolution des médianes des index REPRO (Montbéliardes) et FERs (Prim'Holstein) des femelles génotypée de l'échantillon par année de naissance

Elevages	Année de naissance 2013	Année de naissance 2020	pvalue ANOVA
R1	-0.3 [-0.55 ; -0.18]	0.3 [0.1 ; 0.56]	p < 0.05
R2	-0.1 [-0.13 ; -0.05]	0.2 [0 ; 0.45]	p < 0.05
R3	0.1 [-0.4 ; 0.2]	0.45 [0.1 ; 0.7]	p < 0.05

Tableau 11: Evolution significative de l'index REPRO pour 3 élevages de l'échantillon Montbéliard

Elevages	Année de naissance 2013	Année de naissance 2020	pvalue ANOVA
F1	-0.2 [-0.2 ; 0.1]	1.3 [0.75 ; 1.8]	p < 0.05
F2	-0.4 [-0.9 ; 0]	0.9 [0.4 ; 1.1]	p < 0.001
F3	-0.65 [-1.1 ; 0.1]	0.65 [0.17 ; 1.2]	p < 0.001
F4	0 [-0.7 ; 0.25]	0.65 [-0.3 ; 1]	p < 0.001

Tableau 12: Evolution significative de l'index FERs pour 4 élevages de l'échantillon Prim'Holstein

et les aplombs. Puis les principaux critères de sélection regardés dans un deuxième temps sont les fonctionnels (Tableau 10).

Outre les changements phénotypiques observés sur les femelles des troupeaux, des changements ont également eu lieu à l'échelle des systèmes d'exploitation. 4 élevages ont vécu un changement d'unités de main d'œuvre, 2 élevages ont construit un nouveau bâtiment pour vaches laitières et 2 autres élevages un bâtiment pour génisses. De plus, un bâtiment de vaches laitières a été modifié pour passer d'une aire paillée à des logettes. Au sein de deux exploitations, des robots de traite ont récemment été mis en place. Aussi, 7 troupeaux ont vécu une variation d'alimentation. En effet, 3 éleveurs ont mis en place un dispositif de distributeurs automatiques de concentrés, 5 éleveurs ont intégré un nouveau fourrage dans la ration, et un éleveur a investi dans un nouveau bol mélangeur. Pour terminer, un éleveur s'est formé à l'insémination pour inséminer lui-même ses femelles.

2. Evolution du progrès génétique et des performances de reproduction

a) Evolution des index REPRO et FERs sur la période 2013-2020

L'index REPRO des femelles Montbéliardes de l'échantillon génotypées par année de naissance n'a pas varié sur la période étudiée (0.1 [-0.3 ; 0.4] pour les femelles nées en 2013 vs 0.1 [-0.3 ; 0.4] pour les femelles nées en 2020, $p=0.9^*$) (Figure 11). Cependant une évolution significative de cet index est observée dans 3 troupeaux de l'échantillon. Pour les femelles nées en 2013, nous avons obtenu comme résultats R1 : -0.3 [-0.55 ; -0.18] ; R2 : -0.1 [-0.13 ; -0.05] ; R3 : 0.1 [-0.4 ; 0.2] vs les femelles nées en 2020 R1 : 0.3 [0.1 ; 0.56] ; R2 : 0.2 [0 ; 0.45] ; R3 : 0.45 [0.1 ; 0.7]. Ces résultats sont synthétisés au sein du tableau 11.

Concernant les femelles génotypées de race Prim'Holstein, l'index FERs a progressé de façon significative sur l'ensemble de la population. (-0.15 [-0.8 ; 0.2] pour les femelles nées en 2013 vs 0.8 [0.2 ; 1.2], $p<0.001$ pour les femelles nées en 2020) (Figure 11). 4 élevages se distinguent cependant par rapport à l'évolution moyenne du progrès génétique observé sur les vaches génotypées. Pour les femelles nées en 2013, nous avons obtenus comme résultats F1 : -0.2 [-0.2 ; 0.1] ; F2 : -0.4 [-0.9 ; 0] ; F3 : -0.65 [-1.1 ; 0.1] ; F4 : 0 [-0.7 ; 0.25] vs les femelles nées en 2020 F1 : 1.3 [0.75 ; 1.8] ; F2 : 0.9 [0.4 ; 1.1] ; F3 : 0.65 [0.17 ; 1.2] ; F4 : 0.65 [-0.3 ; 1]. Ces résultats sont synthétisés au sein du tableau 12.

Les femelles de race Prim'Holstein ont progressé plus rapidement sur l'index de synthèse lié à la reproduction par rapport aux femelles Montbéliardes. Pour observer une différence significative, le délai est de 2 ans en race Holstein contre 3 ans en race Montbéliarde.

*pvalue test non paramétrique Kruskal-Wallis puis Tukey

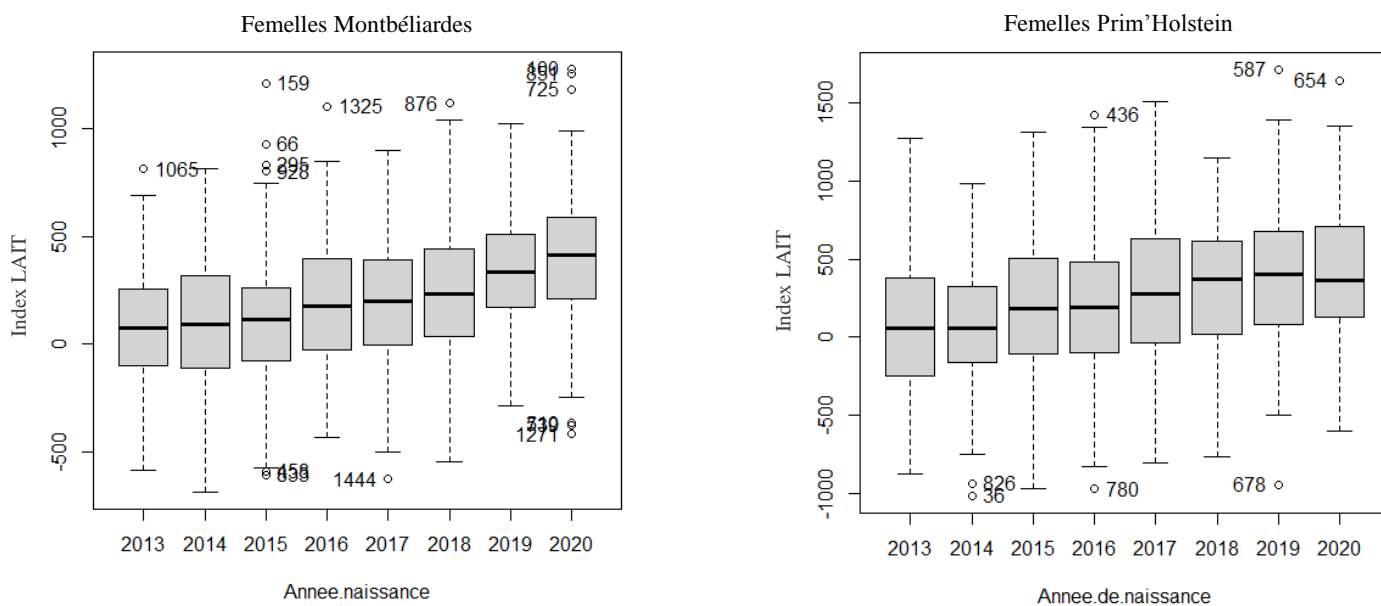


Figure 12: Evolution des médianes de l'index LAIT des femelles Prim'Holstein et Montbéliardes génotypées de l'échantillon par année de naissance

Elevages	Année de naissance 2013	Année de naissance 2020	pvalue
L1	17 [-95 ; 105]	327 [116,5 ; 431]	p<0.01
L2	102 [-78 ; 277]	547 [395 ; 627]	p<0.001
L3	-178 [-298 ; -165]	322 [162 ; 604]	p<0.01
L4	111.5 [-205 ; 225]	526 [218 ; 601]	p<0.01
L5	5 [-102 ; 260]	360 [290 ; 529]	p<0.001
L6	105 [-57.8 ; 431.5]	430 [214 ; 618]	p<0.05
L7	-41 [-116.5 ; 219.3]	557 [516 ; 665]	p<0.01
L8	52.5 [-108.5 ; 250.7]	479 [136 ; 692]	p<0.01
L9	59.5 [-123 ; 210.8]	330 [251 ; 458.5]	p<0.05
L10	184 [-184 ; 242]	410 [354.5 ; 576.5]	p<0.01
L11	36 [-135 ; 308.5]	605 [502.8 ; 674.5]	p<0.01
L12	66.5 [-86 ; 322.8]	392.5 [118.8 ; 543,3]	p<0.01
L13	95 [5 ; 231]	477.5 [279.8 ; 552.5]	p<0.01
L14	152 [-88 ; 274]	386.5 [213.3 ; 386.5]	p<0.01
L15	117.5[-112.5 ; 228.5]	274 [87.5 ; 418]	p<0.05

Tableau 13: Evolution significative de l'index LAIT des élevages de l'échantillon Montbéliard

Elevages	Année de naissance 2013	Année de naissance 2020	pvalue
L1'	77 [-199 ; 367.5]	340.5 [149.5 ; 642]	p<0.05
L2'	64.5 [-141.5 ; 294.5]	445.5 [187.8 ; 732]	p<0.01

Tableau 14: Evolution significative de l'index LAIT de 2 élevages de l'échantillon Prim'Holstein

b) Analyse des performances de reproduction des troupeaux ayant présenté une évolution significative de l'index de synthèse lié à la reproduction

Etant donné que le nombre moyen d'IA/IAF est une variable disponible à l'échelle d'un troupeau, l'évolution de cette variable a été observée seulement à l'aide d'une analyse descriptive du fait d'un effectif d'élevages trop faible.

À l'échelle de l'ensemble des femelles Montbéliardes, le nombre d'IA/IAF est passé de 1.9 ± 0.3 en 2015 à 1.3 ± 0.1 en 2020 tandis qu'il est passé de 1.7 ± 0.4 en 2015 à 1.4 ± 0.3 pour les 3 élevages Montbéliards ciblés par leur progrès génétique significatif sur l'index REPRO (R1, R2 et R3).

À l'échelle de l'ensemble des élevages Prim'Holstein, le nombre moyen d'IA/IAF est resté stable (1.4 ± 0.3 en 2015 et 1.5 ± 0.2 en 2020). Parmi les 4 élevages Holstein ciblés par leur progrès génétique significatif sur l'index FERs (F1, F2, F3 et F4), un éleveur (F2) est devenu IPE (Insémination pour l'éleveur) avant 2015 et un éleveur est devenu IPE en 2019. Nous n'avons plus le nombre d'IA/IAF à disposition à partir du moment où les éleveurs deviennent IPE. Nous avons donc retiré l'élevage F2 et observé les résultats seulement jusqu'à 2018. À l'échelle du groupe d'élevages F1, F3 et F4, le nombre d'IA/IAF est resté identique à celui observé à l'échelle de tous les troupeaux Holstein. Ici, seulement un élevage différencie le groupe d'éleveurs de l'échantillon Holstein total.

Au vu de l'effectif d'élevages trop faible disponible pour analyser l'évolution de cet indicateur, aucune conclusion n'a été émise. Nous n'avons pas pu prédire un délai d'attente nécessaire à l'amélioration significative de cet indicateur.

3. Evolution du progrès génétique et des performances de la production laitière

a) Analyse du progrès génétique

Evolution de L'index LAIT sur la période 2013-2020

L'index LAIT des femelles Montbéliardes génotypées à partir de 2013 a fortement progressé sur la période 2013-2020 (Figure 12). Entre les femelles nées en 2013 et celles nées en 2020 on observe que la moyenne de l'index LAIT a été multipliée par plus de 5.5. Cette progression est significative (76.5 [-111 ; 258.5] pour les femelles nées en 2013 vs 413 [211 ; 587] pour les femelles nées en 2020, $p < 0.001$). Une évolution significative de cet index est observée pour tous les troupeaux de l'échantillon. Les résultats des tests sont synthétisés dans le tableau 13.

L'index LAIT des femelles Prim'Holstein de l'échantillon génotypées par année de naissance a également fortement progressé (Figure 12) et de manière significative (54 [-233.2 ; 378.5] pour les femelles nées en 2013 vs 365 [132.5 ; 695.5] pour les femelles nées en 2020, $p < 0.001$). 2 élevages se distinguent cependant par rapport à l'évolution moyenne du progrès génétique observé sur les vaches génotypées. Pour les femelles nées en 2013, nous avons obtenu comme résultats par élevage L1' 77 [-199 ; 367.5] ; L2' 64.5 [-141.5 ; 294.5] vs pour les femelles nées en 2020 L1' 340.5 [149.5 ; 642] ; L2' 445.5 [187.8 ; 732] (Tableau 14). Les femelles Montbéliardes de l'échantillon ont progressé plus rapidement sur l'index LAIT que les femelles Holstein. Un délai de 3 ans en race Montbéliarde est nécessaire pour observer une différence significative contre un délai de 4 ans en race Prim'Holstein

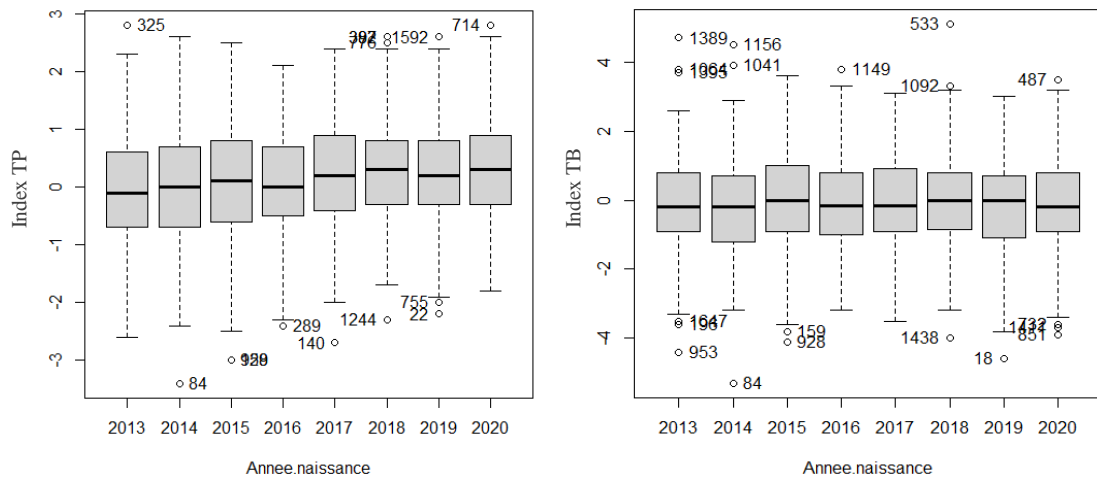


Figure 13: Evolution des médianes des index TP et TB des femelles Montbéliardes génotypées de l'échantillon par année de naissance

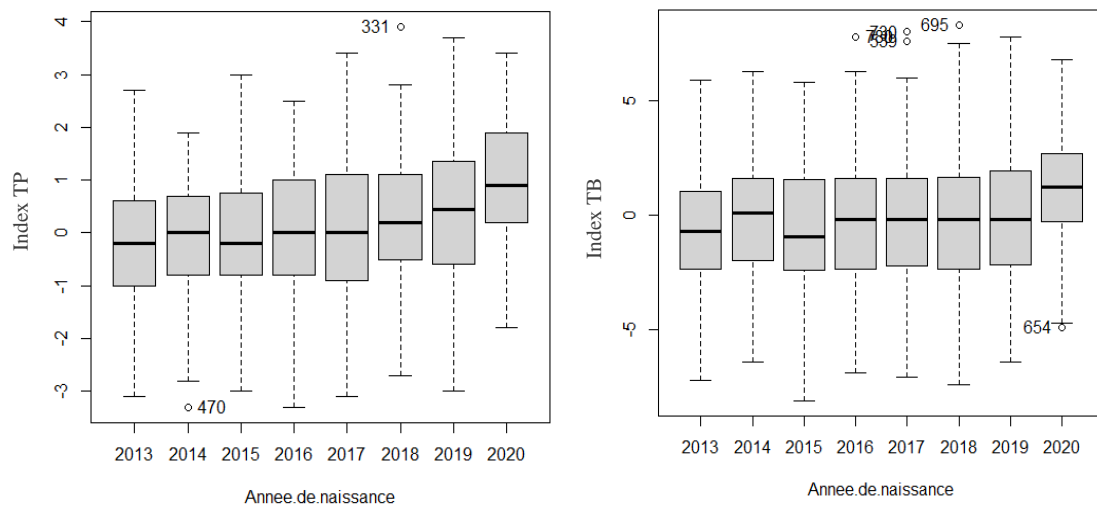


Figure 14: Evolution des médianes des index TP et TB des femelles Prim'Holstein génotypées de l'échantillon par année de naissance

Elevages	Année de naissance 2013	Année de naissance 2020	pvalue
TP1'	0.1 [-0.4 ; 0.75]	0.75 [0.13 ; 1.6]	p<0.05
TP2'	-0.4 [-1.1 ; 0.55]	1 [0.43 ; 2.1]	p<0.001
TP3'	-0.4 [-1.1 ; 0.6]	0.8 [0.08 ; 1.6]	p<0.01

Tableau 15: Evolution significative de l'index TP de 3 élevages de l'échantillon Prim'Holstein

Elevages	Année de naissance 2013	Année de naissance 2020	pvalue
TB1'	-0.8 [-2.5 ; 1.4]	1.3 [0.1 ; 2.7]	p<0.01
TB2'	-1,3 [-3 ; 1.9]	1.9 [-1.4 ; 2.9]	p<0.01

Tableau 16: Evolution significative de l'index TB de 2 élevages de l'échantillon Prim'Holstein

Evolution de l'index Taux protéique

L'index Taux Protéique (TP) des femelles Montbéliardes de l'échantillon génotypées par année de naissance reste proche de 0 (Figure 13) mais a progressé de manière significative (-0.1 [-0.6 ; 0.6] pour les femelles nées en 2013 vs 0.3 [-0.3 ; 0.9] pour les femelles nées en 2020, $p < 0.05^*$). Cependant une évolution significative de cet index est observée pour seulement 1 troupeau de l'échantillon pour les femelles nées en 2013 -0.2 [-0.9 ; 0.55] vs les femelles nées en 2020 0.85 [0.08 ; 1.22], $p < 0.05$

L'index TP des femelles Prim'Holstein de l'échantillon génotypées par année de naissance (figure 14) a progressé de manière significative (-0.2 [-1 ; 0.6] pour les femelles nées en 2013 vs 0.9 [0.2 ; 1.9] pour les femelles nées en 2020, $p < 0.001$). 3 élevages se distinguent cependant par rapport à l'évolution moyenne du progrès génétique observé sur les vaches génotypées. Pour les femelles nées en 2013, nous avons obtenus comme résultats par élevage TP1' 0.1 [-0.4 ; 0.75], TP2' -0.4 [-1.1 ; 0.55], TP3' -0.4 [-1.1 ; 0.6] vs pour les femelles nées en 2020 TP1' 0.75 [0.13 ; 1.6], TP2' 1 [0.43 ; 2.1], TP3' 0.8 [0.8 ; 1.6]. Ces résultats sont présentés au sein du tableau 15.

Le temps nécessaire pour observer une différence significative sur l'index TP est compris entre 6 et 7 ans.

Evolution de l'index Taux Butyreux

L'index Taux Butyreux (TB) des femelles Montbéliardes de l'échantillon génotypées par année de naissance proche de 0 (figure 13) n'a pas varié sur la période étudiée (-0.2 [-0.9 ; 0.8] pour les femelles nées en 2013 vs -0.2 [-0.9 ; 0.8] pour les femelles nées en 2020, $p = 0.87$). De plus, aucun troupeau ne se distingue des autres par une évolution significative observée de cet index.

L'index TB des femelles Prim'Holstein de l'échantillon génotypées par année de naissance a progressé de manière significative (-0.7 [-2.33 ; 1.02] pour les femelles nées en 2013 vs 1.25 [-0.3 ; 2.7] pour les femelles nées en 2020, $p < 0.001$). (Figure 14) 2 troupeaux se distinguent cependant par rapport à l'évolution moyenne du progrès génétique sur cet index TB. Pour les femelles nées en 2013, nous avons obtenu comme résultats par élevage TB1' -0.8 [-2.5 ; 1.4], TB2' -1,3 [-3 ; 1.9] vs pour les femelles nées en 2020 TB1' 1.3 [0.1 ; 2.7], TB2' 1.9 [-1.4 ; 2.9]. Ces résultats sont présentés au sein du tableau 16.

Similairement au TP, le délai nécessaire à l'observation d'une différence significative pour l'index TB est estimé à 7 ans.

*pvalue test non paramétrique Kruskal-Wallis puis Tukey

Année de naissance	Moyenne Lait305j ± écart type (en L)	Effectif	pvalue ANOVA
2013	6850 ± 1137	127	
2014	6991 ± 1226	142	
2015	7142 ± 1093	173	
2016	7433 ± 1288	184	p<0.001
2017	7509 ± 1268	114	p<0.001
2018	7344 ± 1448	16	

Tableau 17: Evolution de la lactation de référence moyenne des femelles Montbéliardes de l'échantillon en première lactation

Année de naissance	Moyenne Lait305j ± écart type (en L)	Effectif	pvalue ANOVA
2013	8130 ± 1381	69	
2014	8275 ± 1268	88	
2015	8592 ± 116	99	
2016	8571 ± 1213	80	
2017	8410 ± 1357	77	
2018	9066 ± 1172	17	p=0.07

Tableau 18: Evolution de la lactation de référence moyenne des femelles Prim'Holstein de l'échantillon en première lactation

Population	Année	Moyenne Lait305j ± écart type (en L)	Effectif
L1', L2'	2013	8852 ± 1300	34
L1', L2'	2018	8517 ± 991	9
Echantillon Holstein	2015	8130 ± 9065	69
Echantillon Holstein	2018	9066 ± 1172	17

Tableau 19: Comparaison de l'évolution d'une lactation de référence moyenne par vache par année de naissance, à l'échelle de deux populations différentes (race Holstein)

Année de naissance	Moyenne TB305j ± écart type (en g/kg)	Effectif	pvalue ANOVA
2013	39.4 ± 3.5	127	
2014	39.9 ± 3.3	142	
2015	40 ± 3.3	173	
2016	40.1 ± 3.2	184	
2017	40 ± 2.8	114	
2018	40.4 ± 3.6	16	p=0.8

Tableau 20: Evolution du Taux Butyreux moyen calculé sur une lactation de référence des femelles Montbéliardes de l'échantillon en première lactation

b) Analyse des performances de production laitière

La production laitière de référence

La production laitière de référence (Lait305j) moyenne des femelles Montbéliardes de l'échantillon génotypées par année de naissance a progressé de manière significative (pour les femelles nées en 2013 $6850L \pm 1137$ vs les femelles nées en 2016 $7433L \pm 1288$, $p < 0.001$ et pour les femelles nées en 2013 vs les femelles nées en 2017 $7509L \pm 1268$, $p < 0.001$). Les résultats sont synthétisés au sein du tableau 17. Le délai nécessaire pour observer une différence significative de la production laitière de référence moyenne au sein de cet échantillon s'élève à 3 ans.

La production laitière de référence moyenne des femelles Prim'Holstein de l'échantillon génotypées par année de naissance n'a pas varié de manière significative. La plus grosse différence de moyennes s'observe entre les femelles nées en 2013 $8130L \pm 1381$ et les femelles nées en 2018 $9066L \pm 1172$, $p = 0.07$ (Tableau 18). À l'échelle des 2 élevages Holstein ciblés par leur progrès génétique significatif sur l'index LAIT (L1', L2') nous observons une évolution opposée entre le génotype et les performances (Lait305j). Cette baisse du Lait305j s'observe à partir des femelles nées en 2017 ($n = 38$) (Tableau 19). Nous n'avons pas pu prédire un délai d'attente nécessaire à l'amélioration significative du Lait305j en race Holstein.

Remarquons qu'un troupeau Holstein ne s'étant pas distingué des autres par son progrès génétique s'est cependant distingué par une amélioration significative de sa production laitière de référence (pour les femelles nées en 2013 6854 ± 482 vs pour les femelles nées en 2017 7810 ± 665 , $p < 0.05$)

Les taux calculés pour une lactation de référence

Le Taux Butyreux moyen par lactation de référence (TB305j) des femelles Montbéliardes de l'échantillon génotypées par année de naissance n'a pas varié de manière significative (pour les femelles nées en 2013 $39.4 \text{ g/kg} \pm 3.5$ vs pour les femelles nées en 2018 40.4 ± 5.6 , $p = 0.8$). L'évolution moyenne du taux butyreux par lactation de référence au sein de l'échantillon de femelles Montbéliarde est présentée au sein du tableau 20.

Un troupeau Montbéliard ne s'étant pas distingué par un progrès génétique sur l'index TB s'est cependant distingué des autres par une amélioration significative du TB305j (pour les femelles nées en 2013 6854 ± 482 vs pour les femelles nées en 2017 7810 ± 665 , $p < 0.05$)

Le Taux Protéique moyen par lactation de référence (TP305j) des femelles Montbéliardes de l'échantillon génotypées par année de naissance a progressé de manière significative (pour les femelles nées en 2013 33.1 ± 2 vs pour les femelles nées en 2017 34 ± 1.9 , $p < 0.05$). L'écart entre les femelles nées en 2013 et celles nées en 2018 est supérieure, 34.5 ± 2 , mais n'est pas considéré comme significatif par le test $p = 0.06$. Cette évolution est présentée au sein du tableau 21. À l'échelle du troupeau Montbéliard ciblé par son progrès génétique significatif sur l'index TP, nous n'observons pas une amélioration significative du TP305j (pour les femelles nées en 2013 32 ± 1.4 vs pour les femelles nées en 2017 32.6 ± 2.3 , $p = 0.9$).

Année de naissance	Moyenne TP 305j ± écart type (en g/kg)	Effectif	pvalue ANOVA
2013	33.1 ± 2	127	
2014	33.3 ± 1.9	142	
2015	33.5 ± 2	173	
2016	33.6 ± 2	184	
2017	33.9 ± 1.9	114	p<0.05
2018	34.5 ± 2	16	p=0.06

Tableau 21: Evolution du Taux Protéique moyen calculé sur une lactation de référence des femelles Montbéliardes de l'échantillon en première lactation

Année de naissance	Moyenne TB 305j ± écart type (en g/kg)	Effectif	pvalue ANOVA
2013	38 ± 3.6	69	
2014	39 ± 3.6	88	
2015	38.9 ± 3.7	99	
2016	39.4 ± 3.7	80	p=0.2
2017	38.7 ± 4.5	77	
2018	38.7 ± 4.5	17	

Tableau 22: Evolution du Taux Butyreux moyen calculé sur une lactation de référence des femelles Prim'Holstein de l'échantillon en première lactation

Population	Année de naissance	Moyenne TB305j	Ecart type	Effectif
TB1', TB2'	2013	37.4	3.5	39
TB1', TB2'	2017	40.5	3.3	49
Echantillon Holstein	2013	38	3.6	69
Echantillon Holstein	2017	38.7	4.5	77

Tableau 23: Comparaison de l'évolution du TB305j calculé sur une lactation de référence des femelles à l'échelle de deux populations différentes (troupeaux Holstein)

Année de naissance	Moyenne TP 305j ± écart type (en g/kg)	Effectif	pvalue ANOVA
2013	31.6 ± 1.8	69	
2014	32.2 ± 1.8	88	
2015	32.3 ± 1.7	99	p=0.1
2016	32.2 ± 1.9	80	
2017	32.1 ± 2.1	77	
2018	32 ± 1.4	17	

Tableau 24: Evolution du Taux Protéique moyen calculé sur une lactation de référence des femelles Prim'Holstein de l'échantillon en première lactation

Un troupeau Montbéliard ne s'étant pas distingué par son progrès génétique sur l'index TP s'est cependant distingué des autres par une amélioration significative du TP305j (pour les femelles nées en 2013 32.3 ± 1.8 vs pour les femelles nées en 2016 34.3 ± 1.5).

En race Montbéliarde, nous n'avons pas pu prédire le temps nécessaire à une amélioration significative du TB305j et du TP305j pour les troupeaux ayant génétiquement progressé de manière significative.

Le Taux Butyreux moyen par lactation de référence (TB305j) des femelles Prim'Holstein de l'échantillon génotypées par année de naissance n'a pas varié de façon significative sur l'échelle de temps étudié (38 ± 3.6 pour les femelles nées en 2013 vs 38.7 ± 4.5 pour les femelles nées en 2018, $p=0.1$) (Tableau 22). À l'échelle des 2 élevages Holstein ciblés par leur progrès génétique significatif sur l'index TB (TB1', TB2'), nous observons une amélioration significative du TB305j (pour les femelles nées en 2013 37.4 ± 3.5 vs pour les femelles nées en 2015 39.5 ± 3.4 , $p<0.05$; pour les femelles nées en 2013 vs les femelles nées en 2016 40 ± 3.3 , $p<0.05$; et pour les femelles nées en 2013 vs les femelles nées en 2017 40.5 ± 3.3 , $p<0.001$). Comme présenté au sein de tableau 23 les troupeaux des élevages TB1' et TB2' ont progressé plus rapidement que l'échantillon global de femelles Prim'Holstein.

Le Taux Protéique moyen par lactation de référence (TP305j) des femelles Prim'Holstein de l'échantillon génotypées par année de naissance n'a pas varié de façon significative entre l'année de naissance 2013 et 2018 (pour les femelles nées en 2013 31.6 ± 1.8 vs pour les femelles nées en 2018 32 ± 1.3 , $p=0.09$) (Tableau 24). À l'échelle des 3 élevages Holstein (TP1', TP2', TP3') ciblé par leur progrès génétique significatif sur l'index TP, nous n'observons pas d'amélioration significative du TP305j (pour les femelles nées en 2013 31.6 ± 1.8 vs pour les femelles nées en 2018 32.2 ± 1.3 , $p=0.9$).

En race Prim'Holstein, le délai nécessaire à l'observation d'une amélioration du TB305j est de 2 ans. Ce délai d'attente n'a pas pu être estimé pour le TP305j.

4. Analyse économique

a) Gain économique des élevages ayant progressé génétiquement et techniquement de manière significative

Cette partie concerne les 15 troupeaux Montbéliards qui ont progressé sur l'index LAIT et sur la production laitière de référence et deux élevages en race Prim'Holstein (TB1', TB2') qui ont progressé à la fois sur l'index TB et sur le TB 305j.

En moyenne les élevages Montbéliards de l'échantillon ont gagné 494 L de lait sur une lactation de référence entre les femelles nées en 2013 et celles nées en 2018. Si l'on se réfère au prix moyen du lait de vache 2015-2018 en Auvergne Rhône Alpes qui s'élève à 333€ les 1000L (Agreste, 2020), les éleveurs Montbéliards ont gagné 165 € de plus par vache entre les femelles nées entre 2013 et celles nées en 2016 en prenant en compte seulement le volume de lait produit et le prix de base du lait pour une lactation de référence.

Les deux élevages qui se distinguaient des autres par leur progrès génétique sur l'index TB en race Prim'Holstein ont gagné en moyenne 3gTB/kg de lait sur une lactation ramenée à 305j entre les vaches nées entre 2013 et 2017. La rémunération d'un point de TB est d'environ 3€/1000 L de lait

	Année de naissance	Moyenne de LAIT305j (en L)	Moyenne de TP305j (en g/kg)	Moyenne de TB305j (en g/kg)
Femelles Montbéliardes	2013	6850,2 ± 1137	33,1 ± 2	39,4 ± 3.5
	2018	7344,3 ± 1448	34,5 ± 2	40,4 ± 3.6
	Différence	494	1.4	1
Femelles Prim'Holstein	2013	8130, 3 ± 1381	31.6 ± 1.8	38 ± 3.6
	2018	9065, 5 ± 1171	32 ± 1.3	38.7 ± 4.5
	Différence	935	0.4	0.7

Tableau 25: Performances laitières moyennes des femelles Montbéliardes et Holstein génotypées de l'échantillon par année de naissance

(Fourdin et al., 2018). Les éleveurs ont donc gagné environ 9€/1000L de lait sur les lactations de leurs vaches laitières.

b) La primipare moyenne Montbéliarde ou Prim'Holstein née en 2018 est plus productive que celle née en 2013.

Les performances moyennes des femelles en 1^{ère} lactation par race et par année de naissance sont présentées au sein du tableau 25.

En moyenne les élevages Montbéliards de l'échantillon ont gagné en 494 L de lait sur une lactation de référence en première lactation entre les femelles nées en 2013 et celles nées en 2018 soit 165 € de plus par femelle. Ils ont également gagné 1.4 gTP/kg de lait sur une lactation de référence entre les femelles nées en 2013 et celles nées en 2018. La rémunération d'un point de TP est d'environ 5.5€/1000 L de lait. (Fourdin et al., 2018) Si l'on se réfère à ce prix, en se basant seulement sur la progression du TP, les éleveurs Montbéliards gagnent environ 8€/1000 L de plus par primipare entre les femelles nées en 2013 et celles nées en 2018 en prenant en compte seulement le TP produit ramené à 305j et le paiement du TP. Etant donné l'augmentation de 495L par femelle, cela représente 4€ supplémentaire. En moyenne ces mêmes élevages ont gagné 1 gTB/kg sur une lactation de référence entre les femelles nées en 2013 et celles nées en 2018. La rémunération d'un point de TB est d'environ 3€/1000 L de lait. (Fourdin et al., 2018) En se basant seulement sur la progression du TB, les éleveurs Montbéliards gagnent 3€/1000 L de plus par primipare entre les femelles nées en 2013 et celles nées en 2018 en prenant en compte seulement le TB produit ramené à 305j et le paiement du TB. Etant donné l'augmentation de 495L/femelle/lactation305j, cela représente 1.5€ supplémentaire par lactation

Au total, la primipare moyenne Montbéliarde née en 2018 rapporte 170.5 € de plus à son éleveur par rapport à celle née en 2013 grâce à l'amélioration de ses performances de production laitière.

En se rapportant aux moyennes présentes au sein du tableau 25 et sur les mêmes bases de calcul, la primipare moyenne de race Prim'Holstein née en 2018 rapporte 315 € de plus par an à son éleveur par rapport à celle née en 2013 grâce à l'amélioration de ses performances de production laitière.

IX. Discussion des résultats de l'étude et de la méthode employée

Le but de cette étude était de tester 3 hypothèses. 1/ Au sein des élevages qui génotypent depuis 2013, nous observerons des différences significatives entre la valeur génétique moyenne des femelles nées en 2013 et celles nées en 2020 selon les index étudiés. Cette première hypothèse a été vérifiée pour certains élevages suivant les index étudiés. Le délai d'attente nécessaire pour observer une différence significative est de 2 à 3 ans pour l'index de synthèse lié à la reproduction, un délai de 3 à 4 ans pour l'index LAIT, et un délai plus long de 6 à 7 ans pour les index TP et TB. 2/ La deuxième hypothèse testée est celle qui affirme qu'au sein des élevages qui se sont distingués par un progrès génétique élevé, nous observerons une amélioration significative des performances associées aux index. Cette hypothèse est rejetée. En effet, dans les conditions testées, cette hypothèse a été vérifiée seulement pour l'index LAIT des élevages Montbéliards et le Lait305j et pour l'index TB de 2

élevages Holstein et le TB305j. 3/La dernière hypothèse testée affirme que la vache moyenne née en 2018 est plus performante que la vache moyenne née en 2013. Cette hypothèse a été validée. Que ce soit en race Holstein ou Montbéliarde, les performances des femelles en 1ère lactation ont augmenté au fur et à mesure des années de naissance.

1. Retour sur les résultats de l'analyse

Tous les éleveurs de l'échantillon qui génotypent leurs femelles utilisent la semence sexée et le croisement terminal. Cette constatation est un point fort de la stratégie de sélection des éleveurs. En effet, de nombreuses publications affirment de manière générale que les rendements économiques totaux les plus élevés ont été trouvés dans les scénarios utilisant simultanément ces trois outils de sélection (Clasen et al., 2021 ; Bérodiér et al., 2019). Cependant, nous avons constaté que 40% des éleveurs font preuve de subjectivité au moment du tri de leurs femelles. Au plus les résultats de génotypage sont utilisés souvent avec des décisions de sélection basées sur ces derniers, au plus la technologie est optimisée (Hjorto et al., 2015 ; Clasen et al. 2021). Ce point mériterait donc d'être approfondi dans le but de comprendre cette part de subjectivité optée par certains éleveurs afin d'optimiser l'utilisation du génotypage chez ces derniers. Les résultats de l'enquête ont également mis en valeur la diversité des objectifs de sélection et des conduites de production existantes. Cela donne du sens à la diversité de caractères indexés à disposition des éleveurs et aux nombreux travaux en cours effectués dans le but d'indexer des caractères supplémentaires.

Le Roy et al., (2019) ont affirmé que pour développer des systèmes d'élevages modernes, en adéquation avec les nouveaux enjeux auxquels ils sont confrontés, une réorientation des objectifs de sélection avait été faite en faveur d'une meilleure gestion de la santé des animaux d'élevage, de plus de robustesse et de plus d'efficacité alimentaire. Si les éleveurs de l'échantillon n'ont jamais évoqué l'efficacité alimentaire de leurs animaux, ils ont cependant accordé une grande importance à leur fonctionnalité. La mamelle, les membres et les index fonctionnels dans un second temps sont des index sélectionnés par la majorité d'entre eux. Les éleveurs de notre échantillon progressent donc génétiquement en adéquation avec les enjeux auxquels ils sont confrontés.

Concernant l'index de synthèse lié à la reproduction, un progrès significatif a été effectué au sein de l'échantillon de femelles Prim'Holstein contrairement à l'échantillon Montbéliard. Seulement 3/15 troupeaux Montbéliards ont significativement progressé contre 4/5 troupeaux Holstein. Cette progression significative a été réalisée en 2-3 ans. Ce résultat soulève peut-être une difficulté des éleveurs Montbéliard à progresser sur cet index ou un à l'inverse le fait que les éleveurs Holstein l'ont davantage sélectionné. Remarquons que les éleveurs Montbéliards ont tous significativement progressé sur l'index Lait. Le lait étant négativement corrélé à la reproduction, cela peut être une première explication. Aussi, Balandraud et al., (2018) affirment que les performances de reproduction des génisses au sein des deux races sont similaires mais qu'elles sont à l'avantage de la race Montbéliarde chez les vaches (- 0,3 IA par IA fécondante). Cet auteur nous informe également que l'expression des chaleurs en race Montbéliarde est plus marquée qu'en race Holstein. Nous pouvons relier cette information au fait que 2 des éleveurs Holstein soient IPE et qu'une bonne détection des chaleurs est donc indispensable. Les éleveurs de Prim'Holstein sélectionnent donc sans doute davantage sur la reproduction de leurs femelles.

Au sujet de la production laitière, un progrès significatif a été observé au sein des deux races à l'échelle des échantillons. Tous les troupeaux Montbéliards ont significativement progressé contre 2 en race Holstein. Le délai estimé est de 3 à 4 ans. En parallèle, tous les troupeaux Montbéliards ont

progressé de manière significative en Lait305j contrairement aux 2 troupeaux Holstein. Les femelles Holstein produisent en moyenne plus de lait que les femelles montbéliardes et expriment d'autant plus leur potentiel laitier que les apports nutritifs permis par la ration sont élevés. (Balandraud et al., 2018). Les éleveurs Holstein peuvent donc plus aisément jouer sur la ration pour faire varier la production laitière. Les éleveurs Montbéliards de l'échantillon sélectionnent donc davantage sur l'index Lait que les éleveurs Holstein et ce travail de sélection s'observe à travers les performances laitières de leurs femelles.

Concernant les taux. Le TP est un index qui a progressé significativement à l'échelle des deux échantillons de femelles Holstein et Montbéliardes. Cependant, nous n'avons pas observé d'amélioration significative du TP305j.

Le TB n'a pas varié à l'échelle des échantillons. Aucun troupeau Montbéliard ne s'est distingué des autres par un progrès génétique et le TB305j n'a pas non plus significativement augmenté. Cependant, 2 troupeaux Holstein ont génétiquement et techniquement progressé sur le taux butyreux. Le délai pour observer une différence significative sur l'index TB et l'index TP est estimé à 7 ans.

Ces résultats montrent que les éleveurs sélectionnent davantage sur le TP que sur le TB. Cette sélection plus accentuée sur le TP peut s'expliquer par la rémunération plus élevée de ce critère de qualité du lait. Un point de TB supplémentaire pour 1000L de lait est rémunéré aux éleveurs environ 3€ contre 5.5€ pour le TP. (Fourdin et al., 2018) De plus, la race Montbéliarde produit moins de lait que la race Holstein mais son TB et son TP sont supérieurs lorsqu'elles sont élevées dans les mêmes conditions (Balandraud et al., 2018). Cela peut donc expliquer le fait que les éleveurs Holstein ont été plus nombreux à se distinguer par un progrès génétique sur les taux.

2. La présence de facteurs externes influençant les résultats

a) La stratégie de sélection propre à chaque éleveur

Effectuer des enquêtes auprès des éleveurs a permis de mieux comprendre la conduite de sélection appliquée à l'échelle de chaque élevage. Ces enquêtes nous ont permis de nous rendre compte de la diversité des stratégies de sélection possible. En effet, chaque éleveur ne possède pas les mêmes objectifs de sélection. Certains éleveurs recherchent avant tout des animaux fonctionnels qui effectueront une carrière productive plutôt longue. A l'inverse, certains d'entre eux priorisent plutôt les capacités de production des animaux et ne cherchent pas forcément à les faire vieillir. Ces différentes stratégies de sélection influencent donc le progrès génétique selon les index. En race Montbéliarde par exemple, seulement un troupeau s'est distingué des autres par un progrès génétique significatif sur l'index TP et aucun sur l'index TB. Cela est cohérent avec les dires des éleveurs au moment des enquêtes. Le classement des critères de sélection prioritaires évoqués par les éleveurs est renseigné au sein du tableau 10. On peut se rendre compte que peu d'éleveurs sélectionnent sur les taux contrairement au lait, à la mamelle, aux aplombs puis dans un second temps aux caractères fonctionnels. De plus, les résultats de cette étude ont montré que les femelles Montbéliardes de l'échantillon ont progressé plus rapidement sur l'index LAIT que les femelles des deux troupeaux Holstein qui se sont distingués par leurs progrès génétique sur cet index. Parmi les éleveurs Montbéliards, la majorité (2/3) ont évoqué la production laitière comme faisant partie d'un de leurs principaux critères de sélection. La production laitière faisait également partie des critères de sélection principaux des deux éleveurs Holstein. Cependant, la plus faible progression sur l'index

LAIT de ces deux élevages peut-être en partie expliquée par une réorientation des objectifs de sélection de ces derniers. Un des élevages a construit un nouveau bâtiment pour génisses et vaches laitières en 2017 munis de logettes. Cela a donc nécessité de travailler davantage les aplombs des femelles et de ce fait, de rendre prioritaire l'index AP (Aplomb) au moment du tri des animaux depuis quelques années. L'éleveur nous a également fait part qu'il avait priorisé les taux ces dernières années au détriment du lait. A l'Inverse, le deuxième éleveur nous a informé que la production laitière était devenue un critère de sélection prioritaire récent. Enfin, comme évoqué précédemment, les éleveurs n'utilisent pas tous à la même fréquence le transfert embryonnaire, la semence conventionnelle, la semence sexée et le croisement terminal. Ils ne possèdent pas tous les mêmes taux de renouvellement et n'utilisent pas non plus de la même façon les résultats de génotypage au moment du tri de leurs animaux. Cette hétérogénéité de conduite observée a donc une influence sur le progrès génétique inter-élevage (Hjorto et al., 2015 ; Bérodiér et al., 2019 ; Dubois, 2016) et vient influencer les résultats de cette étude.

b) L'influence des taureaux utilisés et du progrès génétique racial

Le progrès génétique effectué au sein de chaque troupeau est également dépendant des taureaux choisis au moment du planning d'accouplement. Une diversité de taureaux est proposée au sein des deux races afin de satisfaire un maximum d'éleveurs au vu de la diversité de leurs objectifs de sélection. Au sein des offres, il y a un classement des taureaux. C'est-à-dire que suivant leurs qualités génétiques, les taureaux sont classés dans certaines catégories appelées segments ou gammes suivant la race. Pour la race Prim'Holstein, il existe quatre segments. VALUE, composé de taureaux de qualité sur les taux et la santé mamelle. VOLUM avec des taureaux dont les points forts sont sur la quantité de lait, la mamelle et la santé mamelle. AUTONOM qui est le segment qui regroupe les taureaux les plus équilibrés entre index de production et index fonctionnels. Et pour finir le segment PATURE composé des taureaux dont les points fort sont la fonctionnalité. (Auriva, 2020). Similairement, en race Montbéliarde, les gammes de taureaux qui sont proposées sont les gammes PRODUCTION, RENTABILITE, SERENITE, QUALITE et MORPHOLOGIE (Umotest, 2019). Suivant leurs objectifs de sélection, les éleveurs priorisent certains segments ou certaines gammes de taureaux et cela influence donc le progrès génétique réalisé au sein de chaque élevage.

Le progrès génétique est également dépendant de l'orientation génétique choisie à l'échelle de la race. Par exemple, concernant les résultats de cette étude sur l'analyse du progrès génétique de l'index de synthèse lié à la reproduction, on s'aperçoit que parmi les élevages qui se sont distingués par un progrès génétique significatif, il y a seulement 3/15 élevages Montbéliards contre 4/5 éleveurs Holstein. Parmi les 4 éleveurs Holstein, un seul d'entre eux avait affirmé que la reproduction faisait partie d'un de ses critères de sélection principaux. Ce progrès réalisé malgré l'absence de ce caractère fonctionnel au sein des objectifs de sélection peut-être en partie expliqué par le fait qu'au sein de l'ISU en race Prim'Holstein, le poids de la reproduction représente 22% contre seulement 18% en race Montbéliarde. Indirectement, la race Prim'Holstein progresse donc génétiquement plus vite sur l'index lié à la reproduction que la race Montbéliarde. Le souhait de cette race de progresser sur la reproduction des animaux est mis en évidence par le nouvel ISU sorti en 2020 au sein duquel le poids de la reproduction a augmenté de 22% à 25%. (IDELE, 2021) De plus, bien que le fait que la reproduction n'ait pas été citée au sein des critères de sélection des éleveurs Holstein, cela n'exclue pas le fait qu'ils lui portent un intérêt au moment du tri de leurs animaux.

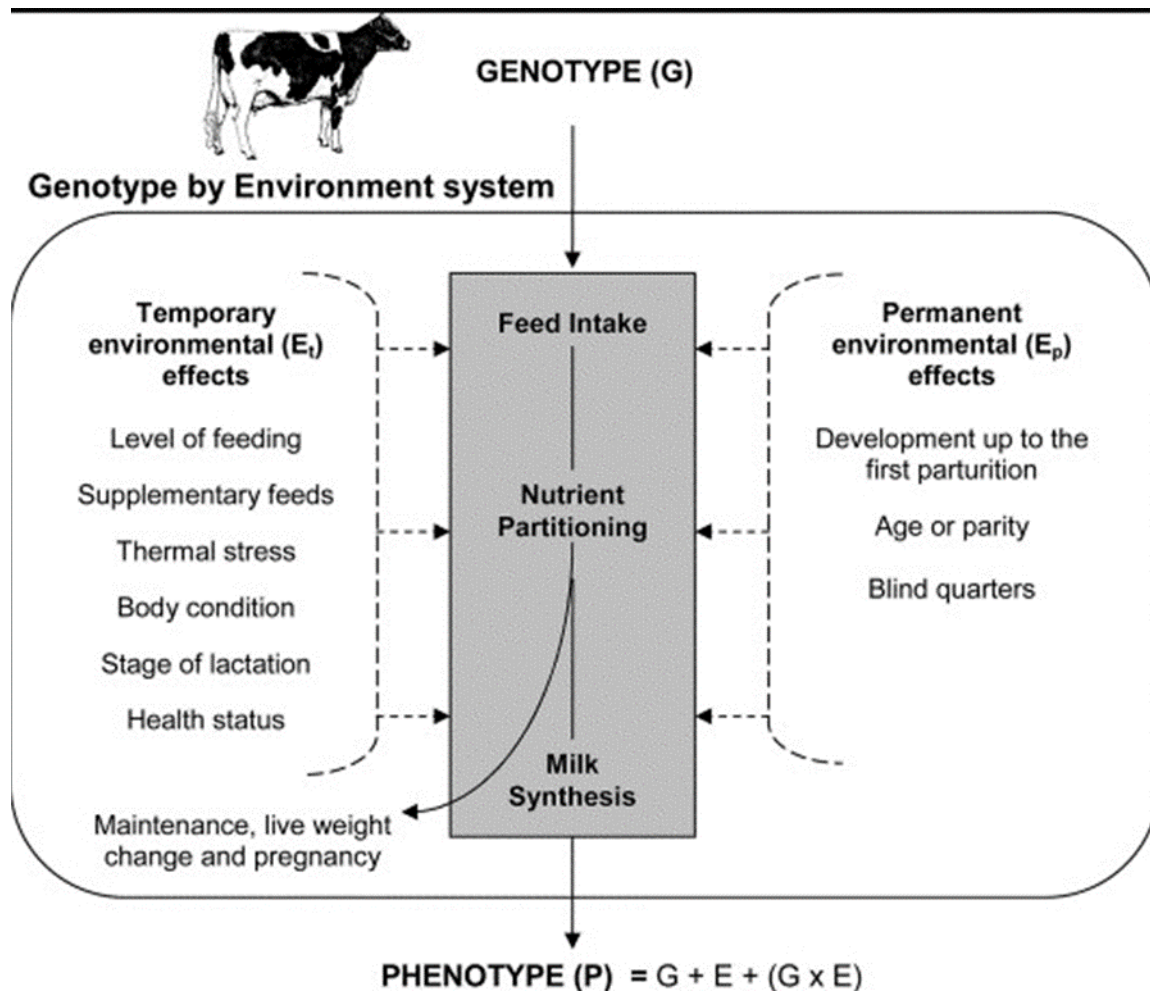


Figure 15: Modélisation de l'interaction génotype * milieu influençant les performances de lactation d'une vache laitière (D'après Bryant et al., 2005)

G= genotype ; E = environment ; P = phenotype

c) L'effet milieu présent au sein de chaque élevage

Le potentiel génétique d'une femelle lui est propre et ne varie pas. Cependant, ses performances sont soumises à des effets milieu. Appréhender ces effets milieu a donc été la plus grande difficulté de cette étude. Nous avons pu observer pour certains troupeaux qu'un progrès génétique significatif sur un index ne signifiait pas forcément une amélioration significative des performances des femelles.

La conduite de reproduction, l'état sanitaire des animaux et l'alimentation sont les principaux facteurs environnementaux influençant les performances de reproduction (Leborgne et al., 2013). Cette liste n'est pas exhaustive, mais nous pouvons citer par exemple la détection des chaleurs faite par l'éleveur, le moment de l'insémination par rapport aux chaleurs, les pathologies utérines telles que les métrites, ou encore la sur ou la sous-alimentation.

Bryant et al., (2015) ont-eux modélisé la multitude de facteurs environnementaux influençant les performances de production d'une vache laitière (Figure 15). A l'instar de la reproduction, on s'aperçoit que l'état sanitaire des animaux et l'alimentation sont également des facteurs qui influencent la production laitière des femelles. A ces deux facteurs s'ajoutent le stress thermique, l'état corporel des animaux, le stade et le rang de lactation, le développement de l'animal au stade génisse ou encore l'état physiologique de la mamelle.

Au sein de cette étude, les groupes de femelles par année de naissance ont été identifiés comme des échantillons de femelles indépendants. Cependant, les femelles d'un même élevage sont soumises à des effets milieux identiques. Ces effets milieu intra-élevage viennent donc influencer les résultats observés. Nous avons essayé d'expliquer certains résultats en prenant en compte les effets milieu propres à chaque exploitation.

Les deux troupeaux Holstein qui se sont distingués par leur progrès génétique significatif sur l'index LAIT n'ont pas progressé sur le Lait305j. On observe notamment une chute de la moyenne LAIT 305j de 400L des femelles nées en 2017 par rapport à celles nées en 2016 au sein d'un élevage. Cet élevage est celui qui a construit un nouveau bâtiment pour vaches et génisses en 2017. Cette baisse de lait peut être en partie expliquée par la réorientation des critères de sélection comme vu précédemment mais aussi par le changement de conditions d'élevage des génisses qui a pu influencer leur croissance et leur développement (Figure 15)

Concernant le troupeau Montbéliard qui s'était distingué par un progrès significatif sur l'index TP, mais dont le TP305j n'a pas augmenté significativement. Au moment de l'enquête l'éleveur nous a fait part qu'il avait observé un effet troupeau négatif sur les taux au sein de son élevage. L'effet troupeau est l'ensemble des conditions communes aux vaches d'une même race dans un même troupeau (système alimentaire, conditions sanitaires, fréquence de traite, ambiance du bâtiment, etc) (Le Mézec et al., 2018). Cet effet troupeau négatif est probablement dû au fait que cet éleveur conduit un système herbager sans maïs et qu'il cherche à être le plus autonome possible. Le niveau d'apport énergétique étant le principal facteur de variation du taux protéique (Kaouche, 2019) cette amélioration non significative du TP305j peut être en partie expliquée par le type de conduite de cet éleveur où l'alimentation est le facteur limitant (Balandraud et al., 2018).

Remarquons que pour les troupeaux Holstein qui se sont distingués des autres sur l'index TB, l'amélioration significative des performances a été observée précocement à l'amélioration génétique significative de l'index. S'ajoute à cela, la présence de certains élevages ne s'étant pas distingués des

autres par leur progrès génétique mais dont les performances de production laitière ont augmenté significativement.

Les résultats de cette étude mettent donc en évidence l'importance des effets milieu. Un progrès génétique rapide observé à l'échelle des élevages qui génotypent doit être accompagné de conditions d'élevages propices à l'expression du potentiel génétique des animaux. Il est donc nécessaire de maîtriser au maximum la variabilité du milieu. L'optimisation de ces conditions d'élevage peut être effectuée par le biais du conseil. En effet, un conseil est apporté aux éleveurs au moment des planning d'accouplements mis en place à l'aide de l'inséminateur et parfois du technicien de race. Mais un conseil plus poussé serait peut-être intéressant à mettre en place auprès des éleveurs de la coopérative qui génotypent et dont le niveau génétique des femelles tend à progresser rapidement. Ce conseil mériterait cependant d'aborder les systèmes d'exploitation dans leur globalité et nécessiterait donc probablement la mise en place de formations. Cette idée pourrait être une voie de développement de l'activité de génotypage au sein de la coopérative.

3. Discussion de la méthode employée

a) L'effectif des populations étudiées a été parfois limitant

Au sein de cette étude, nous avons fait le choix d'observer les progrès génétiques et l'amélioration des performances techniques à l'échelle de chaque élevage. Le tableau 9 dans lequel les élevages retenus pour l'étude sont présentés, nous permet de nous rendre compte de la variabilité des tailles de troupeaux. De ce fait, l'effectif de femelles étudiées a parfois été limitant. En effet, pour les plus grands troupeaux, le nombre de femelles génotypées par année de naissance était suffisamment grand mais pour les plus petits troupeaux, la puissance statistique du test était faible. L'effectif a d'autant plus été limitant pour l'élevage mixte présent au sein de l'échantillon. La race majoritaire était la montbéliarde et par conséquent, l'effectif de femelles Holstein était très faible. Aussi, pour cette étude, l'indicateur de fertilité utilisé était calculé à l'échelle d'un troupeau. Nous n'avons pas à disposition cet indicateur par femelle et cela ne nous a donc pas permis d'effectuer des tests statistiques par troupeau. Il serait intéressant de se munir de cet indicateur par femelle génotypée afin de d'augmenter la justesse des comparaisons et de pouvoir effectuer des tests statistiques. Cela permettrait de confirmer les tendances observées à l'aide de l'analyse descriptive et de pouvoir émettre une conclusion sur les résultats observés.

Une autre difficulté rencontrée a été l'effectif de femelles nées en 2018 et ayant une première lactation enregistrée. Le test de comparaison de moyenne (ANOVA + Post hoc) prend en compte la variabilité et l'effectif des échantillons comparés. A l'échelle de l'échantillon total, au moment de la comparaison des moyennes des performances laitières, l'écart entre le nombre de femelles par année de naissance entre les années 2013 à 2017 et l'année 2018 a varié de façon trop importante. De ce fait, l'écart entre les femelles nées en 2013 et celles nées en 2018 n'a pas été considéré comme significatif alors qu'il s'élevait à presque 1000L de lait supplémentaire (Tableau 18). Les résultats de comparaisons de moyennes des performances laitières des femelles devront donc être confortés en ajoutant le reste des femelles génotypées nées en 2018 avec leurs résultats de production quand ces derniers seront disponibles.

b) Le manque de recul sur l'échelle de temps étudiée

L'échelle de temps étudiée est également un facteur à prendre en compte. Nous avons fait le choix d'effectuer cette étude sur 7 ans qui était le temps maximum pour lequel nous avons des données à disposition. Etant donné le manque de recul que nous avons sur le sujet étudié, nous ne sommes pas en capacité de dire si cette échelle de temps est suffisante. Une échelle de temps trop courte peut-être une explication possible du fait que nous n'ayons pas observé une amélioration des performances techniques des femelles au sein des troupeaux s'étant distingués par une amélioration significative de leurs index. Dans des systèmes où les effets milieu sont forts et limitants, un temps plus long est peut-être nécessaire pour observer des différences de performances techniques.

c) Effectuer une analyse plus complète adaptée à la diversité des stratégies de sélection

Dans le cadre de cette étude, seulement 4 index ont été étudiés. Ces 4 index ne correspondent pas forcément à ceux priorisés par tous les éleveurs de l'échantillon au moment du tri de leurs animaux. Parmi les éleveurs enquêtés, 50% d'entre eux ont affirmé que les index fonctionnels, de manière générale (reproduction, santé mamelle, vitesse de traite, tempérament, etc) et/ou les aplombs faisaient partie d'un de leurs critères de sélection principaux. Aussi, les 3/4 des éleveurs sélectionnent fortement sur la mamelle. Cette étude n'était donc pas réellement adaptée à ces éleveurs-là. Il serait intéressant d'analyser davantage d'index, auxquels seraient reliées des performances techniques et d'estimer ensuite les retombées économiques permises par le progrès. Prenons par exemple l'index fonctionnel synthétique Santé Mamelle (STMA) dont le calcul se fait par pondération des index Mammite clinique (MACL) et Cellule (CL). Un protocole d'enregistrement des cas de mammites serait à mettre en place ainsi que la récupération des données cellulaires du contrôle laitier. Puis une analyse similaire à celle effectuée dans cette étude nous permettrait d'analyser le taux d'incidence de la pathologie, le comportement du comptage cellulaire des femelles et d'en déduire une estimation du gain ou de la perte économique. De plus, comme précisé au sein de la partie « Résultats de l'enquête auprès des éleveurs », 1/4 d'entre eux ont affirmé avoir observé une amélioration des membres. Cette amélioration pourrait être mise en lien avec le taux d'incidence des boiteries. 1/3 des éleveurs ont observé une amélioration des mamelles de leurs femelles. L'indicateur technique qui pourrait être mis en lien avec l'amélioration de la mamelle qui nous permettrait d'effectuer une analyse économique est moins évident. Il en est de même pour le tempérament et la vitesse de traite évoqués par 3 éleveurs comme étant des critères de sélection principaux. Ce constat met en évidence le fait que le progrès génétique n'a pas seulement un but économique mais permet également d'améliorer le confort de travail des éleveurs. Etant donné la diversité des objectifs de sélection propre à chaque élevage, cette étude a donc été plus adaptée aux éleveurs s'intéressant particulièrement à la production laitière et à la reproduction.

d) Effectuer une analyse économique plus globale en intégrant le coût du génotypage, et l'utilisation de la semence sexée et du croisement terminal

L'analyse économique au sein de cette étude ne met pas en évidence une augmentation de bénéfice mais plutôt une augmentation du chiffre d'affaire par vache. Cette analyse se concentre uniquement sur les rentrées d'argent supplémentaires permises par l'amélioration des performances

mais ne prend pas en compte les coûts supplémentaires engendrés par la mise en place du génotypage. Afin d'augmenter en précision et en pertinence, il serait intéressant de prendre en compte à l'échelle de chaque élevage ce que représente le coût du génotypage des génisses, le coût supplémentaire engendré par la semence sexée, mais également la plus-value d'une conduite de reproduction optimisant le croisement terminal et la vente de veaux croisés. Une vision plus globale de la rentabilité du génotypage serait apportée aux éleveurs. Nous avons essayé de réfléchir à une telle étude, mais celle-ci était trop complexe et ambitieuse par rapport à l'échelle de temps qui nous était accordée.

X. Conclusion

Cette étude a été menée suite à la constatation d'un développement important de l'activité de génotypage au sein de la coopérative XR Repro. Dans un contexte où l'élevage laitier est de plus en plus confronté à des enjeux environnementaux, sociaux et sociétaux, de nombreux éleveurs adhérents se tournent vers cet outil d'aide à la décision. Pour rappel, la sélection génomique est mise au profit des éleveurs par le biais du génotypage qui consiste à analyser un fragment d'ADN des animaux dans le but de prédire de façon précoce leur potentiel génétique sur une multitude de caractères.

Cette étude a été menée sur 19 élevages adhérents qui ont choisi de génotyper leurs femelles de race Holstein ou Montbéliarde depuis le début de la mise en place de ce service au sein de la coopérative, c'est-à-dire depuis 2013. Nous avons pu étudier et caractériser le progrès génétique effectué par les femelles génotypées de ces élevages puis analyser leurs performances techniques. Nous avons pu estimer de cette amélioration technique des retombées économiques. Ce travail n'est pas exhaustif car seulement quelques index et performances associées ont été étudiés et cela dans des conditions particulières. Cependant, cette étude est une première prise de recul sur la mise en place du génotypage au sein des élevages et a pour but d'amener des éléments de réponse et de discussion à la coopérative.

Les stratégies de sélection des éleveurs de l'échantillon sont variées. Pour chaque système de production étudié, les objectifs de sélection sont différents et les moyens mis en œuvre pour y parvenir le sont également. Si l'utilisation de la semence sexée et du croisement terminal sont adoptées de tous, chaque éleveur conduit son système différemment en fonction de ses attentes et de ses contraintes. Les élevages diffèrent notamment par leur taille. Cette première constatation permet d'affirmer que le génotypage peut être utilisé aussi bien dans une petite exploitation que dans une structure de taille plus importante.

Au sein de certains troupeaux, nous avons pu observer un progrès génétique significatif entre les valeurs génétiques moyennes des femelles nées en 2013 et celles nées en 2020 suivant les index. Le délai d'attente estimé nécessaire à l'observation d'une différence significative est de 2-3 ans pour l'index de synthèse lié à la reproduction, un délai de 3-4 ans pour l'index LAIT, et un délai plus long de 6-7 ans pour les index TP et TB. Les résultats de cette étude nous ont cependant montré qu'un progrès génétique marqué ne signifiait pas forcément une amélioration significative des performances des femelles. Cela a été observé seulement sur la quantité de lait en race Montbéliarde et sur le taux butyreux en race Holstein. Précisons que les résultats de reproduction n'ont pas pu être soumis à des tests statistiques et aucune conclusion n'a donc été tirée. Cependant, les résultats obtenus sur la production laitière nous ont permis de mettre en évidence l'importance des facteurs environnementaux auxquels sont soumises les performances des vaches laitières et la nécessité de les maîtriser dans le but d'optimiser l'expression des potentiels génétiques des animaux. Malgré l'observation non significative de certaines performances, nous avons pu constater que la vache

laitière moyenne en première lactation née en 2018 est plus performante que celle née en 2013 au sein des deux races étudiées.

Pour aller plus loin, il est envisageable de réfléchir à un approfondissement du conseil de ces élevages qui génotypent afin qu'ils maîtrisent au maximum les effets environnementaux et qu'ils puissent pleinement bénéficier de l'amélioration du potentiel génétique de leurs femelles.

Cette étude mérite d'être approfondie. Une analyse plus globale prenant en compte plus d'index et de performances serait intéressante. L'analyse économique devra également prendre en compte le coût du génotypage, de la semence sexée et la valorisation des veaux croisés. De ce fait, la pertinence de cette étude serait augmentée par une approche globale des exploitations.

Références bibliographiques :

- Agreste Auvergne Rhône-Alpes. 2020. La filière Bovins lait. In : Site de l'Agreste. Essentiel, n°2. [Consulté le 15/07/21]. Disponible à l'adresse : https://draaf.auvergne-rhone-alpes.agriculture.gouv.fr/La-filiere-Bovins-lait?id_rubrique=971
- ALLICE. 2019. Rapport d'activité 2019. In : site de ALLICE. Consulté le [28/07/21]. Disponible à l'adresse : <https://www.allice.fr/documents-chiffres-cles/rapports-et-comptes-allice.html>
- ALLICE. sd. Qu'est-ce qu'une population de référence ? In : site de ALLICE. Consulté le [30/07/21]. Disponible à l'adresse : <https://www.allice.fr/genetique-selection/revolution-de-la-selection-genomique/population-de-referance.html>
- AURIVA. 2020. Catalogue Prim'Holstein 2019-2020. In : Site de AURIVA. [Consulté le 29/08/21]. Disponible à l'adresse : <https://fr.calameo.com/read/00600826737b428c67225>
- Balandraud N, Mosnier C, Delaby L, Dubief F, Goron J-P, Martin B, Pomies D, Cassard A. 2018. Holstein ou Montbéliarde : des différences phénotypiques aux conséquences économiques à l'échelle de l'exploitation. INRAE Productions Animales. Vol. 31, n°4. p. 337-352. <https://doi.org/10.20870/productions-animales.2018.31.4.2394>
- Barbat A, Leclerc H, Philippe M, Fritz S, Daviere J.B, et al. 2016. GénoSanté : améliorer la santé productive des vaches laitières par la sélection génomique et la conduite d'élevage : une première étape avec l'acétonémie. Rencontres autour des Recherches sur les Ruminants. n°23. hal-01608258
- Bérodier M, Brochard M, Boichard D, Dezetter C, Bareille N, Ducrocq V. 2019. Use of sexed semen and female genotyping affects genetic and economic outcomes of Montbéliarde dairy herds depending on the farming system considered. Journal of Dairy Science, Vol. 102, p. 10073-10087. <https://doi.org/10.3168/jds.2018-16041>
- Boichard D. 2012. La sélection génomique : une opportunité pour l'amélioration de la santé des animaux d'élevage. Académie Vétérinaire de France. 6p. hal-01001347
- Boichard D, Dassonneville R, Mattalia S, Ducrocq V, Fritz S. 2013. All Cows are Worth to be Genotyped ! Inrbull Bulletin n°47. In : Site web Interbull. Consulté le [10/08/21], Disponible à l'adresse : <https://journal.interbull.org/index.php/ib/article/view/1333>
- Boichard D, Mattalia S, Fritz S. 2018. La sélection dans l'espèce bovine et ses perspectives. Bulletin de l'Académie Vétérinaire de France, Académie vétérinaire de France, tome 170 n°5, p. 215-221. hal-02617862
- Boinon J.P. 2011. Les politiques foncières agricoles en France depuis 1945. Economie et Statistique, INSEE, 2011, p. 19-37. hal-02647061
- Brito L.F, Oliveira H.R, McConn B.R, Schinckel A.P, Arrazola A, Marchant-Forde J.N, Johnson J.S. 2020. Large-Scale Phenotyping of Livestock Welfare in Commercial Production Systems: A New Frontier in Animal Breeding. Frontiers in Genetics. Vol. 11, n° 793. <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.00793>

- Brochard M, Boichard D, Ducrocq V, Fritz S. 2013. La sélection pour des vaches et une production laitière plus durables : acquis de la génétique et opportunités offertes par la sélection génomique. INRAE Productions Animales, Vol. 26, n°2, p. 145–146. <https://doi.org/10.20870/productions-animales.2013.26.2.3144>
- Brochard M, Minery S. 2016. La sélection génomique, pour des animaux encore mieux adaptés à leur système d'élevage. Le cas des bovins laitiers. Fourrages, n° 225, p. 55-63. Disponible à l'adresse : <https://afpf-asso.fr/article/la-selection-genomique-pour-des-animaux-encore-mieux-adaptes-a-leur-systeme-d-elevage-le-cas-des-bovins-laitiers>
- Bryant J, López-Villalobosa N, C Holmesa Pryce J. 2005. Simulation modelling of dairy cattle performance based on knowledge of genotype, environment and genotype by environment interactions: current status. Agricultural Systems. Science Direct. Vol. 86, n°2. p. 121-143. <https://doi.org/10.1016/j.agsy.2004.09.004>
- Carabaño MJ, Ramon M, Diaz C, Molina A, Pérez-Guzman MD, Serradilla JM. 2017. BREEDING AND GENETICS SYMPOSIUM: Breeding for resilience to heat stress effects in dairy ruminants. A comprehensive review. Journal of Animal Science. Vol. 95, p. 1813–1826. <https://doi-org.ezproxy.vetagro-sup.fr/10.2527/jas.2016.1114>
- Chavinskaia L. 2020. La science fait de la résistance. Revue d'anthropologie des connaissances. Open Edition Journals. n°14-1. URL : <http://journals.openedition.org/rac/4262>
- Chesnais J.P, T.A Cooper, Wiggans G.R, Sargolzaei M, Pryce J.E, Miglior F. 2016. Using genomics to enhance selection of novel traits in North American dairy cattle. Journal of Dairy Science. Vol. 99, p. 2413-2427. <https://doi.org/10.3168/jds.2015-9970>
- Clasen J.B, Kargo M, Østergaard S, Fikse W.F, Rydhmer L, Strandberg E. 2021. Genetic consequences of terminal crossbreeding, genomic test, sexed semen, and beef semen in dairy herds. Journal of Dairy Science. Vol. 104, p. 8062-8075. <https://doi.org/10.3168/jds.2020-20028>
- Cole J.B, VanRaden P.M. 2018. Symposium review: Possibilities in an age of genomics: The future of selection indices. Journal of Dairy Science, Vol. 101, p. 3686-3701. <https://doi.org/10.3168/jds.2017-13335>
- Colombani C. 2012. Modèles de prédiction pour l'évaluation génomique des bovins laitiers français : applications aux races Holstein et Montbéliarde. Thèse de doctorat. Toulouse : Institut National Polytechnique de Toulouse. 218p. <http://ethesis.inp-toulouse.fr/archive/00001973/>
- Delaby L, Buckley F, Mchugh N, Blanc F. 2018. Robust animals for grass based production systems. Grassland science in Europe, Vol. 23, p. 389-400. hal-01906540
- De Vries A. 2017. Economic trade-offs between genetic improvement and longevity in dairy cattle. Journal of Dairy Science, Vol. 100, p. 4184-4192. <https://doi.org/10.3168/jds.2016-11847>
- Dominique S, Faradji D. 2021. Inséminations sexées, quelle activité en 2020 ? Le point sur l'utilisation de la semence sexée en 2020. In : Site de l'IDELE. Collection résultats. [Consulté le 01/09/21] Disponible à l'adresse : <http://idele.fr/domaines-techniques/ameliorer-le-troupeau/index-resultats/publication/idelesolr/recommends/insemination-en-semence-sexee-quelle-activite-en-2020.html>

- Dubois S. 2016. Le transfert embryonnaire chez les bovins. Thèse vétérinaire. Lyon : Université Claude-Bernard Lyon I. 113 p.
- Ducos A, Bed'home B, Acloque H, Pain B. 2017. Modifications ciblées des génomes : apports et impacts pour les espèces d'élevage. INRAE Productions Animales, Vol. 30, n°1, p. 3–18. <https://doi.org/10.20870/productions-animales.2017.30.1.2226>
- EuroGenomics. Sd. From the reference population to the cooperative. In : site EuroGenomics, for reliable cattle breeding. [Consulté le 28/07/21]. Disponible à l'adresse : <https://www.eurogenomics.com/about-eurogenomics/eg-history.html>
- Evolution. 2019. 5 innovations au service de l'efficacité génétique. #4 Efficacité alimentaire. [Consulté le 22/08/21]. Disponible à l'adresse : https://www.evolution-xy.fr/sites/default/files/upload/zoomsur/2019/4_efficacite_alimentaire.pdf
- Fourdin S, Chemin A, Juliac S, Dubos V, Castellan E. 2018. Nouvelles démarches « Lait à l'herbe », « Lait sans OGM » : j'y vais, j'y vais pas ?. In : site de l'IDELE. [Consulté le 26/07/21]. Disponible à l'adresse : <http://idele.fr/services/outils/imcr-jb/publication/idelesolr/recommends/nouvelles-demarches-lait-a-lherbe-lait-sans-ogm-jy-vais-jy-vais-pas.html>
- France génétique élevage. 2011. la France, sélection génétique et innovation technologique. In : site de l'IDELE. [Consulté le 15/07/2021]. Disponible à l'adresse : <http://fr.france-genetique-elevage.org/La-selection-genomique.html>
- Fritz S, Colleau J.J, Druet T, Boscher M.Y, Rossignol M.N, Malafosse A, Boichard D. 2003. Mise en place d'une sélection assistée par marqueurs dans les trois principales races bovines laitières françaises. In : site Rencontres Recherches Ruminants. 3R 2003-Séance : Génomique. Vol. 10, p. 53-56. [Consulté le 28/07/21] Disponible à l'adresse : <http://www.journees3r.fr/spip.php?article128>
- Gay KD, Widmar NJO, Nennich, TD, Schinkel AP, Cole JB et Schutz MM, 2014. Development of a Lifetime Merit-based selection index for US dairy grazing systems, Journal of Dairy Science, Vol. 97, p. 4568-4578.
- GenEval. Juin 2021. Méthode d'indexation par race bovine. Edition 21/20. [Consulté le 28/07/21]. Disponible à l'adresse : <https://www.geneval.fr/indexations-races-bovines>
- Guarini A.R, Lourenco D.A.L, Brito L.F, Sargolzaei M, Baes C.F, Miglior F, Tsuruta S, Misztal I, Schenkel F.S. 2019. Use of a single-step approach for integrating foreign information into national genomic evaluation in Holstein cattle. Journal of Dairy Science. Vol. 102, p. 8175-8183. <https://doi.org/10.3168/jds.2018-1581>
- Guesdon J.C. 2021. Evolution du rendement des vaches laitières en France. In : Site de l'Académie d'Agriculture de France. 03.11.R01. [Consulté le 20/08/21]. Disponible à l'adresse : <https://www.academie-agriculture.fr/mots-clefs-encyclopedie/guesdon-jean-claude>
- Harris B.L. Johnson D.L. Spelman R.J. 2008. Genomic selection in New Zealand and the implications for national genetic evaluation. In: Proc Interbull Meeting, Niagara Falls. [Consulté le 30/07/21]. Disponible à l'adresse : https://scholar.google.com/scholar?lookup=0&q=Harris+B.L.+Johnson+D.L.+Spelman+R.J.+Genomic+selection+in+New+Zealand+and+the+implications+for+national+genetic+evaluation.in:+Proc+Interbull+Meeting,+Niagara+Falls,+Canada2008&hl=en&as_sdt=0,5

- Hayes B.J, Bowman P.J, Chamberlain A.J, Goddard M.O.I. 2009. Revue invitée : Sélection génomique chez les bovins laitiers : progrès et défis. Journal of Dairy Science. Vol. 92, p. 433-443. <https://doi.org/10.3168/jds.2008-164>
- Hjorto L, Ettema J.F, Kargo M, Sorensen C. 2015. Genomic testing interacts with reproductive surplus in reducing genetic lag and increasing economic net return. Journal of Dairy Science, Vol. 98, p. 646-658. <https://doi.org/10.3168/jds.2014-8401>
- IDELE. 2012. Indexation Bovine laitière. ISU 2012 : Les objectifs de sélection évoluent. In : Site de l'IDELE. IBL 2012-2. n°001272012. [Consulté le 10/08/21]. Disponible à l'adresse : http://idele.fr/no_cache/recherche/publication/idelesolr/recommends/ibl-2012-2-isu-2012-les-objectifs-de-selection-evoluent.html
- IDELE. 2021. Indexation Bovine laitière. Nouvel ISU en race Holstein. In : Site de l'IDELE. IBL 2021-4. [Consulté le 10/08/21]. Disponible à l'adresse : http://idele.fr/no_cache/recherche/publication/idelesolr/recommends/ibl-2021-4-nouvel-isu-en-race-holstein-1.html
- Jensen H. 2016. Reducing Antibiotic Use in Animal Production Systems. Agricultural Policy Review, Vol. 2016, Iss. 2, Art. 3. <https://lib.dr.iastate.edu/agpolicyreview/vol2016/iss2/3>
- Kaniyamattam K, De Vries A, Tauer L.W, Gröhn Y.T. 2020. Economics of reducing antibiotic usage for clinical mastitis and metritis through genomic selection. Journal of Dairy Science, Vol. 103, p. 473-491. <https://doi.org/10.3168/jds.2018-15817>
- Kaouche-Adjlane S. 2019. Facteurs de variation qualitative et quantitative de la production laitière. Revue Bibliographique. Revue Agriculture. Vol. 10, n° 1. p. 43-54. [Consulté le 20/05/21]. Disponible à l'adresse : <https://revue-agro.univ-setif.dz/documents-agri/Volume10N1-2019/Soumeya-KAUCHE-ADJLANE.pdf>
- Labatut J, Astruc J.M, Barillet F, Boichard D, Ducrocq V, Griffon L, Lagriffoul G. 2014. Implications organisationnelles de la sélection génomique chez les bovins et ovins laitiers en France: analyses et accompagnement. INRA Productions Animales , Vol. 27, p. 303-316. hal01193850
- Laughton C. 2016. Northeast dairy farm summary 2015. Accessed Jun. 13, 2017. [Consulté le 06/08/21] Disponible à l'adresse : <http://www.dairychallenge.org/pdfs/2016Northeast/2015DFSFinal.pdf>.
- Leborgne M.C, Tanguy J.M, Foisseau J.M, Selin I, Vergonzanne G, Wimmer E et al. 2013. Reproduction des animaux d'élevage. Troisième édition. Dijon : Educagri. 466 p.
- Le Mézec P. 2019. Les chiffres du croisement en élevage laitier. In : Site de l'IDELE. [Consulté le 01/09/21] Disponible à l'adresse : <http://idele.fr/domaines-techniques/ameliorer-le-troupeau/choix-des-reproducteurs/publication/idelesolr/recommends/le-croisement-en-elevage-laitier-en-2017.html>
- Le Mézec P, Experton C, Roinsard A, Fléchet D. 2018. Choix génétiques et résultats techniques dans les élevages laitiers bio en France. In : Site de la Chambre d'Agriculture du Pays de la Loire. [Consulté le 15/08/21] Disponible à l'adresse : https://pays-de-la-loire.chambres-agriculture.fr/fileadmin/user_upload/Pays_de_la_Loire/022_Inst-Pays-de-la-loire/RUBR-RD-innovation/Agriculture-biologique/Evenements/2018_TECH_BIO_Temps_fort_Bovin_lait_Choix_genetiques_P_Le_Mezec.pdf

- Leroy P, Ducos A, Phocas F. 2019. Quelles performances pour les animaux de demain ? Objectifs et méthodes de sélection. *Inra Productions Animales*. Vol. 32, p. 233-246.
- Li B, VanRaden PM, Guduk E, O'Connell JR, Null DJ, Connor EE, VandeHaar MJ, Tempelman RJ, Weigel KA, Cole JB. 2020. Genomic prediction of residual feed intake in US Holstein dairy cattle. *Journal of Dairy Science*. Vol. 103, p. 2477-2486. <https://doi.org/10.3168/jds.2019-17332>
- Liang D, Arnold L.M, Stowe C.J, Harmon R.J, Bewley J.M. 2017. Estimating US dairy clinical disease costs with a stochastic simulation model. *Journal of Dairy Science*, Vol. 100, p. 1472-1486. <https://doi.org/10.3168/jds.2016-11565>
- Manzanilla-Pech C.I.V, Gordo D, Difford G.F, Lovendahl P, Lassen J. 2020. Multitrait genomic prediction of methane emissions in Danish Holstein cattle. *Journal of Dairy Science*. Vol. 103, p. 9195-9206. <https://doi.org/10.3168/jds.2019-17857>
- Meier S, McNaughton L.R, Handcock R, Amer P.R, Beatson P.R, Bryant J.R, Dodds K.G, Spelman R, Roche J.R, Burke C.R. 2021. Heifers with positive genetic merit for fertility traits reach puberty earlier and have a greater pregnancy rate than heifers with negative genetic merit for fertility traits. *Journal of Dairy Science*, Vol. 104, p. 3707-3721. <https://doi.org/10.3168/jds.2020-19155>
- Meuwissen L.E, Hayes B.J, Goddard M.O.I. 2001. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. Vol. 157, p. 1819–1829. <https://doi.org/10.1093/genetics/157.4.1819>
- Ministère de l'Agriculture et de l'Alimentation. 2018. Référentiel de contrôle des performances dans le cadre du service public d'enregistrement et de contrôle des performances des ruminants pour la filière « Production de lait de vache ». Bulletin officiel. In : site du Ministère de l'Agriculture et de l'Alimentation. [Consulté le 20/08/21] Disponible à l'adresse : https://webcache.googleusercontent.com/search?q=cache:9Kqtab3EnYJ:https://info.agriculture.gouv.fr/gedei/site/bo-agri/document_administratif-c6208398-56df-443e-ac61-971440c21cd1/telechargement+&cd=6&hl=fr&ct=clnk&gl=fr
- Newton J.E, Hayes B.J, Pryce J.E. 2018. The cost-benefit of genomic testing of heifers and using sexed semen in pasture-based dairy herds. *Journal of Dairy Science*, Vol. 101, p. 6159-6173. <https://doi.org/10.3168/jds.2017-13476>
- Nguyen T. T. T, Bowman P. J, Haile-Mariam M, Nieuwhof G. J, Hayes B. J, Pryce J. E. 2017. Short communication : Implementation of a breeding value for heat tolerance in Australian dairy cattle. *Journal of Dairy Science*. Vol.100 p.7362–7367. <https://doi.org/10.3168/jds.2017-12898>
- Oltenacu P.A, Algers B. 2005. Selection for Increased Production and the Welfare of Dairy Cows: Are New Breeding Goals Needed?. *Ambio*, Vol. 34, p. 311-315. <https://doi.org/10.1579/0044-7447-34.4.311>
- Parker Gaddis K.L, Cole J.B, Clay J.S, Maltecca C. 2014. Genomic selection for producer-recorded health event data in US dairy cattle. *Journal of Dairy Science*. Vol. 97, p. 3190-3199. <https://doi.org/10.3168/jds.2013-7543>
- Patry C, 2021. Bilan de l'activité de génotypage en 2020. In : Valogène Info. Rapport d'activité. Paris. Février 2021.

- Patry C, Le Mezec P, 2018. 160 000 génotypages en 2017, les trois-quarts à la demande des éleveurs. IDELE. [Consulté le 21/07/21] Disponible à l'adresse : <http://idele.fr/domaines-techniques/ameliorer-le-troupeau/index-resultats/publication/idelesolr/recommends/160-000-genotypages-en-2017-les-trois-quarts-a-la-demande-des-eleveurs.html>
- Pflimlin A, Faverdin P, Beranger C. 2009. Un demi-siècle d'évolution de l'élevage bovin. Bilan et perspectives. Fourrages, n° 200, p429-464. hal-02666644
- Pryce J.E, Daetwyler H.D. 2012. Designing dairy cattle breeding schemes under genomic selection: a review of international research. In Animal Production Science. Vol. 52, p. 107-114. <http://dx.doi.org/10.1071/AN11098>
- Pryce J.E, Parker Gaddis K.L, Koeck A, Bastin C, Abdelsayed M, Gengler N, Miglior F, Heringstad B, Egger-Danner C, Stock K.F, Bradley A.J, Cole J.B. 2016. Invited review: Opportunities for genetic improvement of metabolic diseases. Journal of Dairy Science, Vol. 99, p. 6855-6873. <https://doi.org/10.3168/jds.2016-10854>
- Silpa M.V, Konig S, Sejian V, Malik P.K, Nair M.R.R, Fonseca V.F.C, Maia A.S.C, Bhatta R. 2021. Climate-Resilient Dairy Cattle Production: Applications of Genomic Tools and Statistical Models. Frontiers in Veterinary Science. Vol. 8, n° 625189. <https://doi.org/10.3389/fvets.2021.625189>
- Tesniere G. 2017. Arrangements institutionnels à l'ère de la génomique : une approche comparative des régimes et des instruments de sélection animale dans trois pays européens.. Gestion et management. Université Paris sciences et lettres. Thèse de doctorat. 343 p. In : HAL tel-01824124.
- Umotest. 2019. Catalogue Taureaux Montbéliards. In : site Umotest. [Consulté le 19/08/21]. Disponible à l'adresse : https://webcache.googleusercontent.com/search?q=cache:iyiUYcwmi_oJ:https://www.umotest.com/ressources/document/cataloguefrancehiver2019bd_compressed.pdf+&cd=3&hl=fr&ct=clnk&gl=fr
- VanRaden P.M, Van Tassell C.P, Wiggans G.R, Sonstegard T.S, Schnabel RD, Taylor J.F, Schenke F.S. 2009. Invited Review: Reliability of genomic predictions for North American Holstein bulls. Journal of Dairy Science. Vol. 92, p. 16-24. <https://doi.org/10.3168/jds.2008-1514>
- Vukasinovic N, Bacciu N, Przybyla C.A, Boddhireddy P and DeNise S.K. 2017. Development of genetic and genomic evaluation for wellness traits in US Holstein cows. Journal of Dairy Science. Tome 100, n°1, p. 428-438. <https://doi.org/10.3168/jds.2016-11520>
- Wikipédia. Génotypage. 2020. [Consulté le 15/07/21] Disponible à l'adresse : <https://fr.wikipedia.org/wiki/G%C3%A9notypage>

Annexe 1 : Questionnaire d'enquête

Présentation brève de votre élevage

Nom :

Système d'élevage

- Type : Bio / Conventionnel / Signe de qualité
- Nombre de vaches laitières :
- Nombre d'UGB total :
- Race :
- SAU :

➤ Quels sont vos objectifs de sélection ?

.....

Quels sont vos critères de sélection ?

1.Principal :

.....

2.Secondaire :

.....

➤ Renseignez le taux de croisement terminal et de semence sexée utilisé par année

	Taux de croisement (%)	Utilisation de la semence sexée (%)
2020		
2019		
2018		
2017		
2016		
2015		
2014		
2013		

➤ Quel est votre stratégie de conduite depuis que vous utilisez le génotypage ? qualifiez vos pratiques.
(Semence sexée et/ou conventionnelle, évolution du taux croisement, choix très objectifs 100% basé sur les résultats de génotypage, etc)

Précisez les choix que vous avez effectués qui sont directement liés à l'utilisation du génotypage.

.....
.....
.....
.....
.....
.....
.....
.....
.....

Quels changements liés à la sélection avez-vous observé sur les femelles de votre troupeau ?

.....
.....
.....
.....
.....
.....
.....
.....
.....
.....
.....
.....
.....
.....
.....
.....
.....
.....
.....
.....
.....
.....

Êtes-vous satisfait du génotypage ?

- Oui beaucoup
- Plutôt oui
- Plutôt Non
- Pas du tout

Précisez :

.....
.....
.....
.....
.....
.....
.....



Merci de votre participation ! 😊

Erratum :

p.22 VIII, 2. b)

« À l'échelle de l'ensemble des femelles Montbéliardes, le nombre d'IA/IAF est passé de 1.7 ± 0.4 en 2015 à 1.4 ± 0.3 en 2020 tandis qu'il est passé de 1.9 ± 0.3 en 2015 à 1.3 ± 0.1 en 2020 pour les 3 élevages Montbéliards ciblés par leur progrès génétique significatif sur l'index REPRO (R1, R2 et R3). »

VIII, 3. a)

Tableau 19 :

Echantillon Holstein	2013	8130 ± 9065	69
----------------------	------	-----------------	----

p.26 VIII, 4. b)

Le gain économique permis par l'amélioration des taux a été calculé seulement pour le volume de lait supplémentaire produit au lieu d'être calculé en prenant en compte la lactation moyenne totale.

La femelle moyenne Montbéliarde née en 2018 rapporte $165\text{€} + 10.7\text{€/}1000\text{L}$ supplémentaires par rapport à celle née en 2013. Avec une lactation moyenne égale 7344 L, cela représente $165\text{€} + 79\text{€} = 244\text{€}$ supplémentaires.

La femelle moyenne Prim'Holstein née en 2018 rapporte $311\text{€} + 4.3\text{€/}1000\text{L}$ supplémentaires par rapport à celle née en 2013. Avec une lactation moyenne égale 9065L, cela représente $311\text{€} + 39\text{€} = 350\text{€}$ supplémentaires.



BRUN, Noémie, 2021, Le progrès génétique et l'amélioration des performances techniques et économiques des élevages bovins lait qui génotypent. Etude sur un échantillon d'élevages adhérents à la Coopérative XR Repro, 34 pages, mémoire de fin d'études, présenté à VetAgro-Sup, année 2021.

STRUCTURE D'ACCUEIL ET INSTITUTIONS ASSOCIEES:

- ♦ Coopérative d'insémination XR Repro

ENCADRANTS :

- ♦ Maître de stage : MARTIN, Jacky (XR Repro)
- ♦ Tuteur pédagogique : BLANC, Fabienne

OPTION : Adapter l'Elevage aux nouveaux Enjeux (A2E)

RESUMÉ

Tant à l'échelle mondiale, européenne ou française la sélection génomique en bovins lait est une méthode de sélection récente et en voie de développement. Elle est sujette à de nombreux travaux de recherche dans le but d'ouvrir son champ de prédiction pour indexer plus de caractères. Ce type de sélection possède de nombreux avantages. Il permet notamment d'augmenter la précision de sélection et d'accélérer le progrès génétique. C'est également un levier pour répondre aux enjeux sociaux, sociétaux et environnementaux auxquels font face les élevages. La sélection génomique est mise à profit des éleveurs par le biais du génotypage en ferme depuis une dizaine d'année. Bien que cet outil d'aide à la décision exige une certaine capacité d'investissement, il offre de nombreuses opportunités aux éleveurs qui l'utilisent. Il existe une diversité de conduites et de stratégies de sélection propres à chaque éleveur qui génotype. Certains troupeaux ont génétiquement progressé de manière significative suivant les index. Le délai d'attente estimé nécessaire à l'observation d'une différence significative est de 2-3 ans pour l'index de synthèse lié à la reproduction, de 3-4 ans pour l'index LAIT, et de 6-7 ans pour les index TP et TB en race Montbéliarde et Holstein. Globalement, les performances laitières des femelles génotypées se sont améliorées. Cependant, un progrès génétique marqué ne signifie pas forcément une amélioration significative des performances. Il est nécessaire de maîtriser les facteurs environnementaux auxquels sont soumis les phénotypes dans le but d'optimiser l'expression des potentiels génétiques des animaux.

Mots clés : Génotypage – Bovins laitiers – Progrès génétique – Performance technique – Performance économique