



HAL
open science

UMT Evaluation Génétique des Bovins : Bilan des travaux 2006-2011

Sophie Mattalia, Denis Laloë

► **To cite this version:**

Sophie Mattalia, Denis Laloë. UMT Evaluation Génétique des Bovins : Bilan des travaux 2006-2011. [Rapport Technique] auto-saisine. 2011, 20 p. hal-01193673

HAL Id: hal-01193673

<https://hal.science/hal-01193673>

Submitted on 6 Jun 2020

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

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



UMT Evaluation Génétique des Bovins :
Bilan des travaux menés en 2010
Projets pour le 1^{er} semestre 2011

S. Mattalia et D. Laloë, février 2011

Bilan 2010

1 Rappel des objectifs de l'UMT

Les activités de l'UMT « Evaluation Génétique des Bovins » concernent le développement et la mise en place opérationnelle des évaluations génétiques dans le secteur des Bovins Laitiers et Allaitants. L'objectif est de créer des synergies entre les équipes de l'Inra et de l'Institut de l'Elevage et entre les deux filières, mettre en commun des outils nouveaux, formaliser les relations entre les deux équipes et organiser ensemble le dialogue avec les partenaires professionnels quant à l'organisation des évolutions. Depuis fin 2008, l'équipe SAM de l'UNCEIA localisée à Jouy-en-Josas a été invitée aux réunions UMT pour traiter ensemble les sujets relatifs à la génomique.

Les priorités sont établies à partir des résultats de l'enquête annuelle de satisfaction réalisée auprès des Entreprises de Sélection (ES) et des Organismes de Sélection (OS) membres du Groupe d'Indexation Laitière (GIL) et du Groupe d'Etude des Méthodes d'Indexation en Bovins Allaitants (GEMIBA) et d'orientations stratégiques internes. Elles sont ensuite discutées en GIL et GEMIBA puis validées par les commissions de filière Bovins Lait et Viande de l'Interprofession France Génétique Elevage. Les résultats des enquêtes 2010 sont présentés dans l'annexe 3.

Dans les objectifs, on séparera les travaux spécifiques à chaque filière de ceux qui permettent le développement de collaborations transverses.

Pour 2010, les priorités étaient :

- Pour les Bovins Laitiers :
 - Index génomiques : ajout de nouveaux caractères, amélioration de la méthode d'évaluation officielle et poursuite des travaux d'AMASGEN, augmentation de la taille de la population de référence,
 - Travaux de mise en place d'une évaluation génétique officielle pour la production laitière basée sur les contrôles élémentaires et projet GENESYS (Adaptation Génétique ⇔ Systèmes d'élevage),
 - Extension des caractères fonctionnels évalués,
 - Evaluations internationales : participation aux évaluations tests (contrôles élémentaires), aux projets pilotes (« Sire-Dam pedigree MACE », validation de la méthode d'évaluation génomique et « GMACE),
 - Phénofinlait : suivi de la phase terrain pour la faire aboutir.
- Pour les Bovins Allaitants :
 - Morphologie post sevrage : Poursuite des travaux sur les races Limousine et Charolaise. Mise en place de l'évaluation de la croissance post sevrage,
 - Poursuite des travaux sur la fertilité et la vie productive des vaches,
 - Finalisation des travaux sur les indices de synthèse en station de contrôle individuel.
- Pour les travaux transversaux :
 - Travaux sur les objectifs de sélection
 - Recherche de nouveaux critères de sélection,
 - Réflexions sur l'élargissement de la Sélection Assistée par Marqueurs aux races allaitantes et laitières régionales.

2 Méthode de travail

La réorganisation de l'animation de l'équipe G²B, dans laquelle s'intègre l'UMT, a entraîné en 2010 une réforme de l'animation de l'UMT. Les activités de l'UMT sont abordées dans deux types de réunions :

- Réunions de travail régulières intra filière (Lait / Viande), pour assurer un suivi rapproché des dossiers en cours, analyser les résultats des évaluations (lorsqu'un traitement est en cours) et préparer ensemble les communications au sujet des évolutions méthodologiques (GIL et GEMIBA en particulier).
- Groupes de travail thématiques animés au sein de l'équipe G²B : deux de ces groupes (Evaluation Génétique animé par E. Venot et S. Mattalia, Gestion des Populations animé par F. Phocas et H. Leclerc) associent autant que de besoin l'ensemble des membres de l'UMT. L'objectif de ces groupes est de

partager, par grande thématique, les avancées des travaux en cours, les besoins en termes de méthodes et d'outils notamment informatiques, et d'anticiper ensemble l'élaboration de nouveaux projets.

Les orientations des travaux à mener au sein de l'UMT sont partagées avec les commissions de filière de FGE devant lesquelles les travaux sont régulièrement présentés et qui établit les priorités en termes de nouvelles évaluations. Un calendrier des évolutions prévues en matière d'indexation est présenté aux commissions, afin de faciliter la lisibilité des évolutions et d'aider nos partenaires à mieux anticiper les changements.

Enfin, le pilotage des travaux de l'UMT est assuré par le comité de pilotage, qui se réunit au moins une fois par an et analyse en détail le fonctionnement et les résultats de l'équipe.

3 Axes prioritaires pour les Bovins Laitiers

3.1 Sélection Assistée par Marqueurs et Sélection Génomique

3.1.1 Evaluation génomique officielle

Les travaux dans ce secteur ont été très nombreux. Pour limiter les perturbations et faciliter la communication auprès des utilisateurs, toutes les évolutions ont été regroupées en juin :

- Ajout de nouveaux caractères (et organisation des diffusions) : longévité, facilités de naissance et de vêlage, vitalité à la naissance et au vêlage, nombreux caractères morphologiques : en l'espace d'un an, le nombre de caractères évalués est passé de 15 à 30-35 selon les races.
- Augmentation de la population de référence, avec, pour la population Holstein, utilisation des taureaux génotypés dans les pays partenaires du consortium Eurogenomics qui associe les organismes chargés des évaluations génétiques et les entreprises de sélection Holstein allemands, néerlandais, français et des pays nordiques.
- Augmentation de la part de variance expliquée par les marqueurs, par l'ajout de plusieurs centaines de QTL à effets individuels relativement faibles. Cette approche très originale permet de prendre en compte une grande partie de l'effet polygénique, tout en ciblant les régions importantes du génome et en évitant de considérer tout le génome de façon homogène.
- Abandon de l'utilisation directe des performances des femelles, pour limiter l'impact des traitements préférentiels sur les mères à taureaux.

Les changements méthodologiques ont été travaillés au sein du programme ANR/ApisGene AMASGEN. Ils visent, tout comme l'augmentation de la taille de la population de référence, à accroître la fiabilité des index. Tous ces changements ont été présentés et validés lors des réunions du comité et de la commission de filière du printemps 2010, et ont fait l'objet d'une évaluation test diffusée auprès des membres du Groupe d'Indexation avant publication.

3.1.2 Autres travaux méthodologiques suivis par l'UMT (programme ANR AMASGEN)

Le travail mené dans le cadre de la thèse de C. Patry (thèse UNCEIA encadrée par V. Ducrocq) sur l'impact de la présélection des animaux sur les résultats des évaluations génétiques a permis de mettre au point une méthode de correction des biais induits. Depuis Octobre 2010, C. Patry travaille au sein de l'équipe Interbull sur l'intégration des recommandations françaises dans les évaluations internationales.

Par ailleurs, des travaux ont été conduits sur l'intérêt d'une puce basse densité, notamment dans le cadre de la massification des génotypages (travaux notamment suivis par R. Dassonneville dans le cadre de sa thèse). Ces travaux sont menés en collaboration avec les partenaires d'Eurogenomics.

Enfin, l'élargissement du nombre de caractères évalués et la préparation de l'ouverture de l'indexation génomique aux femelles nous conduisent à revoir les programmes utilisés pour les évaluations afin de les rendre plus rapides, de manière à pouvoir réaliser l'ensemble des évaluations dans les délais impartis et avec un nombre de données probablement rapidement nettement supérieur au volume actuel. Ce travail est pratiquement achevé.

3.1.3 Préparation de l'ouverture des évaluations génomiques aux éleveurs

L'ouverture des évaluations génomiques a de nombreuses conséquences en termes méthodologiques (cf paragraphe précédent) et organisationnels. La collecte des génotypes sera assurée par VALOGENE, société à laquelle APISGENE, par mandat de l'UNCEIA et de l'Inra, a cédé la licence exclusive d'exploitation de la valorisation de la technologie de la sélection génomique. Cette société sera chargée de la fourniture, auprès de l'UMT, des génotypes qui sont intégrés dans les évaluations génomiques officielles. Elle organisera, soit

directement, soit via des fournisseurs, la collecte des échantillons biologiques en ferme. Elle fera exécuter les génotypages dans des laboratoires répondant aux exigences propres de l'Inra en tant que responsable des évaluations génétiques officielles et aux exigences intégrées dans le Système de Management de la Qualité de FGE. Elle enverra à l'UMT les éléments nécessaires au calcul des évaluations génétiques et à leur publication.

Les principaux éléments relatifs à la description du circuit des informations, les engagements de Valogène pour la fourniture des informations à l'UMT et de l'UMT pour la prise en compte des génotypages et les retours d'information ont été décrits dans un document présenté en le 10 novembre en commission de filière Bovins Lait de FGE. Ces éléments seront ensuite intégrés dans le processus SMQ de FGE d'évaluation génétique.

Par ailleurs les évaluations génomiques ont été intégrées dans le périmètre de certification des évaluations de l'Inra, évolution effective depuis début 2011.

Enfin, les règles de publication des futurs index des femelles ont été validées par FGE en février 2010 et la chaîne de diffusion est en cours de préparation.

3.1.4 Conséquences de la diffusion de taureaux « génomiques » sur l'ensemble du dispositif génétique

L'Institut de l'Élevage a par ailleurs réalisé un nouveau bilan de la mise en place des IA des 1^{ers} taureaux évalués par la SAM, présenté lors de la CNAG du printemps 2010. Il a démarré une réflexion sur l'impact de la génomique sur l'organisation de la collecte des données de morphologie, mais les discussions engagées au sein du comité technique de FGE ont montré qu'il était encore trop tôt pour prendre des décisions et qu'il fallait disposer de plus d'éléments factuels. Les travaux en vue de l'élaboration d'un tableau de bord plus complet et permettant de valider les propositions se sont donc poursuivis, l'objectif étant de reprendre le sujet aux réunions de FGE du printemps 2011.

3.2 Contrôles élémentaires et programme CASDAR GENESYS

La chaîne de calcul des index basés sur les contrôles élémentaires a été automatisée et s'appuie désormais sur un fichier de données répondant aux normes de la BDIR (Base de Données pour l'Indexation et la Recherche) comme pour les évaluations des autres caractères. Les travaux de validation du progrès génétique ont constaté une sous estimation importante du progrès génétique, dont l'impact sur les évaluations internationales, après participation aux évaluations test d'Interbull, a été jugé trop important pour envisager une évaluation officielle en février 2011. De très nombreuses évaluations tests ont été réalisées pour tenter de corriger le biais, sans pour autant y parvenir.

Cela dit, les travaux relatifs au programme CASDAR GENESYS ne sont pas impactés par ce problème et se sont poursuivis en parallèle :

- Sur le plan de l'appui technique avec notamment la fourniture aux Organismes de Conseil en Élevage (OCEL) de données permettant de prédire la production de certains élevages choisis par les OCEL. Ces « travaux pratiques » visaient d'une part à valider les prévisions faites, d'autre part à aider les OCEL à comprendre les différents éléments à intégrer dans les outils d'appui technique.
- Sur le plan de l'étude des interactions génotype x milieu (thèse de Bérénice Huquet), les données recueillies par les OCEL ont été validées et associées à celles des réseaux d'élevages, afin de constituer une base de plus de 1000 troupeaux de référence pour l'établissement d'une typologie. Puis les effets troupeau x jour de contrôle ont été analysés pour essayer de regrouper les élevages en classes, que l'on cherche à interpréter. La typologie finale est prévue pour le printemps 2011.

3.3 Diversification des caractères (évaluations françaises)

3.3.1 Mise en place de nouvelles évaluations officielles

Lors du stage de G. Baloché, les corrélations entre d'une part les caractères de résistance aux mammites cliniques (MACL), de fertilité (Intervalle Vêlage – 1^{ère} IA : IVIA1 et taux à 56 jours : TNR56) et d'autre part l'ensemble des caractères évalués à ce jour ont été calculées pour les 3 races laitières nationales. Après cette étape indispensable, les nouveaux caractères ont ensuite pu être intégrés au calcul des index inclus dans les index synthétiques (ISU) de manière à gagner en précision. Par ailleurs, les index MACL et IVIA1 ont été publiés pour la 1^{ère} fois pour les taureaux en juin 2010.

3.3.2 Suivi du projet Phénofinlait

Cette année, le travail de l'équipe a été concentré sur le suivi du déroulement de la phase terrain (remontée des spectres, enquêtes en élevage, prises de sang, remontée des informations dans la base de données). Fin 2010, plus de 420 000 spectres, 9600 échantillons de lait, 2000 laits témoins avaient été collectés en bovins. En moyenne, 5 enquêtes par élevage ont été réalisées et l'objectif en termes de collecte de sang a été atteint. Une 1^{ère} étude des facteurs de variation de la composition en acides gras et une 1^{ère} estimation des paramètres

génétiques a été établie (travail de S. Esvan, apprentie ingénieur). Les génotypages ont débuté à Labogena en novembre 2010.

3.4 Autres travaux

3.4.1 Bases

La nouvelle définition des bases mobiles, communes aux mâles et aux femelles, est effective depuis février 2010. Cette nouvelle définition conduit à une meilleure transparence des index et une utilisation plus facile.

3.4.2 Fertilité : prise en compte de l'effet de la semence sexée dans les évaluations

Devant l'utilisation croissante de la semence sexée, l'UMT avait recommandé il y a un an que les événements relatifs au sexage des semences puissent être documentés sur ce plan dans le SIG. La remontée de cette information a permis de prendre en compte l'effet de la semence sexée à partir d'octobre 2010.

3.4.3 Processus SMQ de FGE (réalisation et diffusion des index des bovins laitiers)

La démarche a été réactivée en 2010, de manière à intégrer rapidement ces activités dans le système de management de la qualité de FGE. Deux processus sont définis : réalisation et diffusion des index. Un 1^{er} autodiagnostic a été réalisé sur la partie diffusion et une 1^{ère} revue de processus a été organisée le 25 novembre 2010. Pour le processus « réalisation des évaluations », le système de management de la qualité de FGE s'appuiera le plus possible sur les éléments intégrés dans la certification de l'Inra qui prend maintenant en compte explicitement les exigences de FGE.

3.5 Evaluations internationales

3.5.1 Impact des évaluations génomiques sur les évaluations internationales :

L'année 2010 a été marquée par les travaux suivants :

- Un séminaire a été organisé par Interbull et FGE à Paris dans le cadre du Salon International de l'Agriculture, avec deux thématiques : 1) Impact de la génomique sur les évaluations nationales et internationales et 2) attentes des utilisateurs (2nd « Industry meeting »). Ce séminaire a rencontré un important succès avec plus de 200 participants de 35 pays différents. L'UMT a été fortement mobilisée, d'une part pour assurer l'organisation du séminaire (logistique, élaboration du programme avec l'équipe d'Interbull) et pour l'organisation des présentations françaises (présentation de D Boichard sur une vision prospective de la sélection génomique, de V. Ducrocq sur la méthodologie, appui pour la préparation de la présentation faite par l'UNCEIA sur les attentes des entreprises de sélection françaises).
- Interbull a officialisé la première méthode de validation des évaluations génomiques en juin 2010 ; la France a participé avec succès aux premiers tests réalisés en août 2010, ce qui permet d'une part une reconnaissance internationale de notre méthode mais aussi de pouvoir exporter sans entrave les semences des taureaux ainsi évalués dans tout l'espace européen.
- En fin d'année 2010, Interbull a démarré une évaluation pilote incluant des index génomiques (GMACE). L'UMT organise l'envoi des index français et se chargera de l'analyse des résultats.
- Les programmes permettant de tester la méthode française dans le projet Intergenomics ont été fournis à Interbull.

3.5.2 Evaluations conventionnelles :

- Avec l'appui d'une stagiaire, le mode de calcul des index combinés pour la fertilité a été revisité de manière à maximiser la précision des index Interbull publiés. D'autres travaux relatifs aux évaluations des caractères fonctionnels ont été effectués pour comprendre le faible niveau génétique des reproducteurs français sur certains caractères fonctionnels (Longévité et Fertilité) en comparaison avec les taureaux des autres pays.
- Enfin Interbull a organisé une évaluation pilote s'appuyant non plus seulement sur les parentés mâles entre taureaux, mais aussi sur les mères à taureaux. Les résultats ont été analysés par l'UMT et un retour a été effectué en décembre, pour interpeller Interbull au sujet d'un certain nombre d'éléments constatés pour lesquels l'équipe française demande des explications.

4 Bilan d'activité dans le secteur « Bovins Allaitants ».

4.1 Mise en œuvre et validation de la nouvelle chaîne Iboval.

La nouvelle chaîne Iboval, automatisée sous le système d'exploitation Unix, utilisant la nouvelle modélisation des effets de milieu et les nouveaux paramètres génétiques, a été mise en œuvre en 2010. Toutes les étapes de cette chaîne (de la préparation des données à partir des données brutes de la BDIR Aller à la standardisation des index et à leur mise à disposition dans la BDIR Retour) sont automatisées, d'où une sécurisation maximale de la chaîne. Cette première mise en œuvre a occasionné des retards importants, mais conjoncturels quant à la diffusion des indices et des BGTA aux éleveurs. Le modèle a été modifié sur deux grands points :

- la constitution de l'effet « cellule », avec l'inclusion du sexe, et, le cas échéant, de la race du père et du mode de conduite ;
- la création d'un nouvel indice, la finesse d'os, fondée sur le poste de grosseur des canons, et la modification du calcul du développement squelettique, qui n'inclut plus ce poste.

A l'issue de cette première campagne, l'emploi de la nouvelle chaîne a été validé, sous réserve d'aménagements et de carrossage, mis en œuvre dans le second semestre 2010.

4.1.1 Logiciel de calcul des CD

La nouvelle version du logiciel crEDC (P Sullivan, Canada), a été validée. Le bug qui aboutissait à des valeurs négatives en présence de corrélations entre effets directs et maternels a été corrigé. Ce logiciel est utilisé dans toutes les évaluations en ferme des bovins allaitants.

4.1.2 Carrossage d'Iboval

Pour s'assurer de la qualité des résultats Iboval 2011, plusieurs programmes de validation ont été développés par Eric Venot pour fournir automatiquement de nombreux éléments de vérification des données ou des résultats. Ces documents sont produits à différentes étapes du traitement et permettent une comparaison des données ou résultats de l'évaluation de la campagne en cours par rapport à ceux de la campagne précédente :

- avant les extractions officielles: comparaison des paramètres,
- après les extractions officielles et la constitution de la BDIR Aller : comparaison des apports avec les données disponibles la campagne précédente sous forme de tableaux synthétiques ou de cartes de France (pour détecter simplement des problèmes de remontée d'information dans le SIG par l'un des CRI).
- après la préparation des données : comparaison des exclusions de données,
- après le calcul des CACO : examen des évolutions des CACO des troupeaux,
- après l'évaluation génétique : comparaison des index pour différentes sous populations (tous les animaux, tous les pères, les animaux de la base de référence, les taureaux avec un CD supérieur à 0.98, les mères de plus de 3 veaux)

Pour la campagne en cours, ces documents ont permis la détection précoce de problèmes par dans la constitution de la variable « Naissances Multiples » dans le rattrapage de données historiques.

Ces programmes et documents ont été présentés à tous les indexeurs de l'UMT Evaluation Génétique des Bovins et de la SAGA dans le cadre des réunions du réseau d'indexation.

4.1.3 Automatisation de l'évaluation génétique Iboval post-sevrage (Carcasses et Croissance):

Dans la même démarche de sécurisation des chaînes d'évaluation Iboval, Marie-Noelle Fouilloux a finalisé l'automatisation des évaluations génétiques Iboval post-sevrage Carcasses et adapté cette chaîne pour qu'elle puisse aussi intégrer l'évaluation génétique de la Croissance post-sevrage. La validation de cette dernière chaîne a été réalisée en comparant les résultats avec ceux obtenus par le prototype développé par Denis Laloë lors des études préliminaires et déjà utilisé dans les campagnes précédentes. Ces deux évaluations sont désormais entièrement automatisées. Reste à carrosser cette nouvelle chaîne pour permettre des vérifications simples des résultats en s'appuyant sur les outils développés pour Iboval sevrage.

4.2 Evaluation génétique de la croissance post-sevrage.

Cette nouvelle chaîne a été utilisée officiellement pour la croissance post-sevrage des trois races actuellement concernées (Charolaise, Rouge des Près, Blonde d'Aquitaine).

4.3 Evaluation sur la morphologie post-sevrage

L'estimation des paramètres génétiques des postes synthétiques de morphologie sevrage et post-sevrage a été réalisée dans la race Limousine. Malheureusement, les postes élémentaires collectés par les organismes de

sélection n'ayant pas été envoyés dans le SIG, l'évaluation sur la morphologie a été suspendue pour 2010. Néanmoins, une évaluation Charolaise a été faite afin de permettre aux entreprises de sélection de disposer des valeurs de leurs taureaux de testage.

4.4 Evaluation génétique Carcasse. Données Normabev

Au cours de l'année 2010, les données d'abattage collectées par l'organisme Normabev ont été mises à disposition des indexeurs Iboval dans la BDIR bovine. Après un contrôle de la qualité de ces informations et une étude d'impact sur l'indexation actuelle, la chaîne d'indexation a été revisitée en vue de l'intégration des informations d'abattage des jeunes bovins de race pure transmises par Normabev en plus des données d'abattage, des performances collectées au sevrage, de leurs variables environnantes et des généalogies provenant du SIG.

L'intégration de l'information transmise par Normabev dans l'indexation Iboval carcasses des 5 races actuellement concernées (Charolaise, Limousine, Blonde d'Aquitaine, Rouge des Prés et Parthenaise) a permis de multiplier par 1,70 le nombre de jeunes bovins abattus dont les informations sont exploitables (de 1,29 en race Rouges des Prés à 2,35 en race Limousine). Le nombre de taureaux dont les index d'aptitudes bouchères Iboval sont diffusables dans le SIG a augmenté de 30% en race Rouge des Prés à 134 % en race Parthenaise).

De nouvelles évaluations sur données d'abattage sont envisageables. Ainsi, la race Salers pourrait bénéficier, à court terme, d'une évaluation en routine sur données d'abattage de jeunes bovins en ferme, à l'image des 5 races déjà concernées. Enfin, il est prévu en 2011 d'étudier l'exploitation possible des données d'abattage collectées sur des veaux de boucherie (races pures et croisés) à des fins d'évaluation génétique.

La convention entre l'Inra et l'Institut de l'Élevage concernant la mise à disposition et l'utilisation des données en provenance de Normabev a été signée en janvier 2011.

4.5 Fertilité et vie productive

Un prototype d'évaluation a été réalisé sur l'ensemble des génisses charolaises inséminées. L'héritabilité de la réussite à l'IAP sur génisse a été réestimée.

En races Aubrac et Charolaise, plusieurs critères ont été étudiés pour traduire la longévité et l'efficacité de la reproduction en démarrage de carrière. Le choix des critères et l'estimation des paramètres génétiques ont été faits.

4.6 Contrôle individuel

Les équations prédisant l'efficacité alimentaire ont été mises à jour dans les 4 races.

4.7 Indices de synthèse et objectifs de sélection

- Contrôle individuel : Suite au changement du mode de calcul de l'Efficacité Alimentaire en Station de Contrôle Individuel, aux changements des paramètres génétiques de ces évaluations, et au souhait des OS et ES d'être en possession d'index de synthèse établis sur des bases économiques, les index de synthèse des stations de CI ont été actualisés dans les races Charolaise et Limousine et Rouge des Prés fin 2010. Pour la race Blonde d'Aquitaine, la validation est en cours pour être finalisée au premier trimestre 2011.
- Qualités maternelles : aucune étude n'a été entreprise.

4.8 Evaluation INTERBEEF

Tous les outils sont disponibles désormais au sein du Centre Interbull pour la mise en place des évaluations en routine Interbeef : Le logiciel Genial a fait l'objet d'un contrat entre Interbeef et l'Inra, et F. Forabosco (Interbull), s'est formé à son utilisation en février 2010 lors d'un séjour à Jouy-en-Josas. Interbull pourra donc utiliser ce logiciel s'il le souhaite. Deux réunions Interbeef ont eu lieu en 2010 à Riga et à Leipzig mais ont plutôt été le lieu de discussions sur les échanges d'informations « génomiques » entre pays.

5 Projets communs Lait-Viande.

5.1 Travaux relatifs à l'optimisation des schémas de sélection)

La mise en place de la sélection génomique en 2009 a d'ores et déjà commencé à bouleverser la structure des schémas d'amélioration génétique des bovins laitiers. Face à cette révolution amorcée, il est indispensable d'optimiser les schémas de sélection pour assurer une utilisation raisonnée des nouveaux outils de la génomique et des biotechnologies pour prendre en compte les attentes à court terme (compétitivité) et à plus long terme (gestion de la variabilité génétique) des sélectionneurs.

Suite au départ à la retraite de JJ Colleau fin 2008 et missionné jusqu'en juin 2011, se pose le problème de poursuivre ses travaux autour du maintien de la variabilité génétique dans les populations bovines. Depuis le printemps 2010, F. Phocas interagit ponctuellement avec JJ Colleau pour lui permettre de transférer ses méthodes et compétences à un membre actif de G²B et qu'un appui méthodologique sur ce sujet puisse être poursuivi au sein de G²B. Il reste à trouver une solution rapidement pour assurer la traduction et la transmission des programmes informatiques écrits par JJ Colleau au sein de l'UMT afin que l'appui opérationnel aux ES laitières puisse être maintenu en termes de plans d'accouplements limitant l'accumulation de consanguinité, tout en satisfaisant de multiples contraintes pratiques identifiées par les éleveurs.

Dans le secteur laitier, G. Baloche (stage de fin d'études d'ingénieur) a simulé le progrès génétique attendu à partir de la population actuelle et des niveaux génétiques des reproducteurs, en faisant varier les poids accordés aux différents index élémentaires dans l'index de synthèse, y compris les nouveaux caractères fonctionnels indexés tels que les mammites cliniques et l'intervalle vêlage – 1^{ère} IA. Ce travail constitue une première étape pour la réflexion sur la refonte de l'index de synthèse. Les premiers éléments ont été présentés à l'OS Holstein à l'automne 2010.

5.2 GeMBAL (Génomique multi-race des Bovins Allaitants et Laitiers)

La sélection génomique telle qu'elle est actuellement pratiquée n'est valide qu'intra race et efficace seulement pour les races à très gros effectifs d'animaux évalués avec précision, ce qui limite son application actuelle aux trois principales races laitières. Une extension multiraciale, grâce à la mutualisation des données des populations de référence intra-race, permet un gain de précision, l'accès à la sélection génomique pour les races à moyen ou faible effectif, le maintien d'une solidarité inter-raciale. Une sélection génomique sur des caractères très coûteux à mesurer ou à faible héritabilité est envisageable, la technologie peut être étendue aux bovins allaitants et aux races laitières régionales... L'extension de la sélection génomique à une situation multiraciale est le principal objectif du projet GeMBAL, déposé l'Appel à Projets ANR Génomique 2010 et financé par l'ANR, APISGENE et d'autres fonds professionnels.

En Bovins allaitants, ce projet devrait permettre de disposer d'équations de prédiction sur les effets génétiques directs Iboval (IFNAIS, CRsev ...), et de trouver des QTL sur les effets maternels (AVel, ...) et sur des caractères comme la fertilité. En Bovins Laitiers, ce projet contribuera à la valorisation dans le contexte des races régionales des acquis du programme SAM mis en place pour les 3 races nationales (Holstein, Normande, Montbéliarde).

Le principe repose sur l'utilisation d'une puce pan-génomique à haute densité (777K SNP) sur plusieurs centaines d'individus choisis dans chaque race (populations d'imputation) pour représenter la diversité des haplotypes ancestraux présents dans les populations actuelles. L'hypothèse de base est que les mêmes QTL ségrègent dans des populations différentes et qu'autour de ces QTLs partagés entre races, des segments chromosomiques de petite taille sont aussi conservés entre races, créant des « ponts génomiques » entre populations. Ceux-ci permettent de connecter les génomes des différentes races entre eux et de partager ainsi l'information entre races. Le procédé est complété par le développement de technologie d'imputation, qui permet de propager l'information intra-race par imputation sur des puces à moindre densité. Ainsi ce procédé permet de génotyper la majorité de la population avec une puce pan-génomique à moindre densité et donc moins coûteuse pour une sélection opérationnelle réalisable par chaque race. Les objectifs de ce projet sont de :

- 1- fournir les outils et moyens pour créer les populations d'imputation intra-race,
- 2- développer sur le plan méthodologique et applicatif la prédiction génomique multiraciale à partir de la détection de QTLs sur les caractères évalués en ferme tant chez les bovins laitiers qu'allaitants,
- 3- mieux connaître la structure et la diversité du génome bovin : caractérisation et signatures de sélection (cette partie n'est pas intégrée dans le programme de l'UMT).

L'UMT participe à ce projet. En 2010, la première action (choix des populations d'imputation et génotypage des animaux dont le matériel biologique était déjà disponible sur Jouy-en-Josas) a anticipé le démarrage officiel pour l'ANR du projet (1^{er} janvier 2011) en établissant les listes d'animaux à génotyper et en commençant les premiers génotypages avec la puce haute densité.

5.3 Recherche de nouveaux caractères

Les évaluations génomiques ouvrent de nouvelles perspectives dans le domaine des évaluations génétiques. L'enjeu, dans un premier temps, est de définir précisément les phénotypes nouveaux à recueillir.

Chez les Bovins Allaitants, la recherche de phénotypes relatifs à la docilité et à la santé des veaux a fait l'objet de projets redéposés en 2010 aux appels à projets CASDAR (PHENOVEAU) et ANR SYSTERRA (REGAIE). Hélas ces projets n'ont pas obtenu de financement. Toutefois, il est prévu que sur la docilité des veaux pour lesquels les critères de sélection ont été mis au point dans un projet ANR-CASDAR antérieur (COSADD : 2007-2009), le déploiement sur le terrain s'effectue progressivement à partir de 2011, en commençant par une phase de formation des agents du contrôle de performance.

Chez les Bovins Laitiers, une enquête a été organisée auprès de tous les partenaires de FGE et du CNIEL pour établir les priorités en matière de développement de nouvelles évaluations. L'Institut de l'Elevage a ensuite réfléchi, avec l'aide d'une stagiaire (Alice Joseph, stage de fin d'études Agro Paris Tech) à des propositions de recueil de phénotypes dans le secteur de la santé des bovins, en tenant compte des expériences locales et internationales dans le domaine. Ce stage a démontré l'intérêt de la collecte des observations relatives aux lésions des pieds par les pareurs. Dans cette optique l'UMT a participé à l'élaboration d'un projet déposé lors de l'appel à projets Actions Innovantes du Ministère de l'Agriculture (projet PARABOV). Ce projet a été classé en priorité 1, mais suite aux évolutions des financements du secteur génétique par le Ministère chargé de l'Agriculture (financement désormais repris sur les fonds CASDAR), les actions innovantes n'ont pas pu être financées par cette voie. Début 2011, FGE a décidé de reprendre le financement de cette action pour 2011.

Enfin, l'Inra et l'Institut de l'Elevage ont organisé, avec la fédération GDS France, un séminaire sur l'intérêt de la génomique pour la sélection de caractères liés à la santé de l'animal (7 mai 2010), avec une forte contribution de l'UMT (interventions de D. Boichard/V. Ducrocq/S. Mattalia).

6 Outils communs

6.1 BDIR

Principe : toutes les tables servant aux évaluations sont désormais créées avec un mode d'organisation commune à toutes les évaluations. Lorsque les évaluations font appel à des données communes entre filière les tables sont communes à l'ensemble du groupe (notamment les tables relatives à l'identité et à la généalogie des bovins).

Les avancées de l'année sont les suivantes :

Projets communs : La table « animal » issue de la table généalogie est chargée régulièrement. La table « animal par race » est validée avec la remontée des généalogies version CTIG utilisée depuis l'indexation d'octobre. Le calcul des années estimées a été validé.

Bovins allaitants : les BDIR Aller et Retour sont opérationnelles et ont été utilisées pour l'évaluation officielle 2010. Les tables PAT post-sevrage sont en cours de recette. La table carcasses Normabev a été créée et sera utilisée par l'indexation 2011.

Bovins laitiers : la table « contrôles élémentaires » est désormais utilisable ; celle des mammites fonctionne en routine. La table « production laitière/cellules/longévité » est en cours de développement et test.

Les différentes évaluations s'appuient désormais sur des données de la BDIR Aller et génèrent des fichiers de résultats dans la BDIR Retour dans un format csv bien défini. Des outils ont été créés par le CTIG pour lire et écrire facilement au bon format des fichiers dans les BDIR. De même, pour une utilisation plus simple de ces fichiers, deux scripts ont été écrits pour remonter facilement la généalogie d'une liste d'animaux ou de récupérer les lignes d'un fichier BDIR correspondant à une liste d'animaux.

Ces différents outils ainsi que la structure et la composition des BDIR ont été présentés aux différentes équipes concernées de GABI et de l'Institut de l'Elevage lors de deux sessions de formation UNIX-BDIR de 2 jours chacune animées par les personnes de l'UMT et du CTIG.

6.2 - Suivi des demandes et problèmes (Trac) :

Dans le cadre de la mise en place des nouvelles évaluations Iboval, un système de suivi des questions ou demandes relatives aux indexations a été mis en place par Marc Laval (CTIG). Ce système nommé TRAC permet de suivre l'avancement des demandes de chacun (déposées sous la forme de ticket sur un site internet).

6.3 - Recode

Avec la mise en place de nouveaux serveurs LINUX (sans NAG), il a fallu rendre le programme RECODE indépendant de la bibliothèque NAG. Cette modification a été réalisée avec l'aide d'O. Filangi (INRA-Rennes).

Projets pour l'UMT pour le 1^{er} semestre 2011

1 Secteur des Bovins Laitiers

1.1 *Index SAM*

1.1.1 Evaluation génomique officielle

Le 1^{er} semestre 2011 est tout d'abord marqué par l'ouverture des évaluations génomiques aux éleveurs. La mise en place de ce nouveau service se traduit par l'organisation d'un circuit d'informations entre la base Valogène et l'UMT permettant de garantir la qualité des informations prises en compte dans les évaluations (processus de collecte des échantillons biologiques et de génotypage des animaux) reconnues par FGE. La recherche de simplifications et d'automatisations dans les différentes phases des évaluations doit aussi se poursuivre pour faire face à la massification prévue des génotypages.

Par ailleurs les index génomiques calculés pour les caractères fonctionnels sont actuellement établis à partir des résultats des évaluations directes des reproducteurs et ne bénéficient pas des avantages des index polygéniques combinés (notamment pour la correction du progrès génétique lié à la sélection des animaux sur d'autres caractères). Les recherches en cours permettront de lever ce handicap. Dès lors, le panel des index génomiques étant complet et ces index étant optimaux en termes de fiabilité, une réforme des règles de publication des index sera engagée de manière à éviter que les index d'un taureau connu sur la base de ses informations génomiques soient remplacés par des index polygéniques purs à l'arrivée des performances des premières filles (date prévue : juin 2011).

1.1.2 Autres travaux méthodologiques

Les travaux méthodologiques seront poursuivis pour prendre en compte, dans les évaluations officielles, des génotypes réalisés avec des puces de densité différente (la date de mise en application dans les évaluations officielles sera définie en fonction des résultats des études).

Toutes les évolutions méthodologiques seront travaillées au sein du projet AMASGEN.

1.1.3 Conséquences sur le dispositif génétique français

Un bilan complet de la mise en place des premiers taureaux sera présenté aux ES, puis aux instances de FGE et CNAG au cours du 1^{er} trimestre 2011. A partir de ces résultats, les réflexions sur les conséquences de la diffusion d'IA de jeunes taureaux sur le dispositif seront reprises. Le 1^{er} objectif est l'analyse des conséquences sur la collecte des données de morphologie.

1.2 *Contrôles élémentaires et projet GENESYS*

En janvier 2011, suite aux travaux menés sur la validation du progrès génétique, il a été décidé de retarder la participation aux évaluations tests d'Interbull avec un nouveau modèle basé sur les contrôles élémentaires. Les travaux se poursuivront mais devront laisser la priorité aux développements liés à la valorisation des données de contrôle de performance pour le conseil en élevage. Les travaux de recherche des causes de cette sous-estimation seront poursuivis, mais la date de publication des index basés sur le nouveau modèle ne sera fixée que lorsque nous aurons acquis la certitude d'avoir résolu les problèmes.

Par ailleurs l'étude des effets troupeau x jour de contrôle va reprendre de manière à en enrichir l'interprétation, en s'appuyant à la fois sur les données récoltées sur les troupeaux suivis dans le cadre du projet, mais aussi sur les données des enquêtes réalisées dans le programme Phénofinlait. Enfin, la typologie des troupeaux sera fixée au cours du 1^{er} semestre 2011 afin de pouvoir ensuite engager l'étude des interactions Génotype x Milieu sur cette définition.

1.3 *Diversification des caractères*

1.3.1 Caractères fonctionnels

Les jeunes taureaux pourront être évalués sur la résistance aux mammites cliniques à partir de février 2011 et sur l'intervalle vêlage-1ère IA à partir de juin 2011 sur la base de leurs informations génomiques. En juin, les races régionales bénéficieront de ces deux index (évaluations polygéniques).

1.3.2 Suivi du projet Phénofinlait

Le travail d'analyse des facteurs de variation de la composition du lait en Acides Gras et de détection de QTL sur l'ensemble des données collectées fait l'objet du stage Master II d'A. Gion.

1.4 Evaluations internationales

L'utilisation des informations génomiques dans les évaluations internationales sera le principal point abordé à ce niveau, notamment avec la participation à la 1^{ère} évaluation pilote internationale utilisant des index génomiques, la poursuite des travaux sur les méthodes de validation des évaluations génomiques et la proposition de méthodes d'évaluations internationales alternatives au GMACE (projet Intergenomics notamment).

Par ailleurs l'UMT envisage d'envoyer pour la première fois aux évaluations test Interbull en août des données de mammites cliniques (Holstein), de fertilité en race Brune et si possible en Montbéliarde, de compléter le panel des index fertilité en Holstein (rajout de l'index IVIA1). La préparation démarrera au 1^{er} semestre 2011.

1.5 Autres travaux

Cela concernera essentiellement la fin de l'organisation du processus SMQ relatif à la réalisation des évaluations génétiques et à leur diffusion (description du processus 1 et des indicateurs). Par ailleurs les évaluations génomiques seront intégrées dans le périmètre de certification de l'Inra dès 2011.

2 Dossiers spécifiques aux Bovins Viande

2.1 Amélioration de la chaîne Iboval

Les rangs de vêlage seront recalculés pour éviter d'éliminer les données (en quantité importante) à rang de vêlage aberrant dans le SIG.

2.2 Morphologie post sevrage

La poursuite de ce dossier est subordonnée à la mise à disposition de la totalité des données dans le SIG pour décembre 2011. Dans ce cas, le prototype d'évaluation sera finalisé sur l'ensemble des postes élémentaires et des index composites ; la chaîne sera automatisée et des évaluations tests seront réalisées en Charolais et Limousins en 2012.

2.3 Evaluations sur données d'abattage

De nouvelles évaluations sur données d'abattage sont envisageables. Ainsi, la race Salers pourrait bénéficier, à cours terme, d'une évaluation en routine sur données d'abattage de jeunes bovins en ferme, à l'image des 5 races déjà concernées. Enfin, il a semblé intéressant de se pencher en 2011 sur l'exploitation des données d'abattage collectées sur des veaux de boucherie à des fins d'évaluations génétiques.

2.4 Fertilité et vie productive

La chaîne d'évaluation de la réussite à l'IAP sur génisses sera réalisée pour l'ensemble des races.

2.5 Indices de synthèse et objectifs de sélection

- Contrôle individuel : les propositions de changement des pondérations des index de synthèse IABV et IMOCR en station de Contrôle Individuel de la race Blonde d'Aquitaine seront validés au premier trimestre 2011. Une stagiaire, ingénieur de fin d'étude, passera en 2011 une partie de son temps à mettre à jour les pondérations des index de synthèse en Station d'Evaluation pour les races ne disposant pas d'Index de Synthèse encore établies sur des données économiques.
- Qualités maternelles : cette thématique est abandonnée, les stations de contrôle sur descendance pour les Qualités Maternelles étant amenées à disparaître en raison de l'arrivée de la génomique et d'évaluations génétiques en ferme sur la vie productive de la vache allaitante

2.6 Evaluations INTERBEEF

Un envoi de données brutes (identifiants, généalogies, performances) en vue d'une évaluation en routine est prévu pour 2011. Il est conditionné à un accord entre FGE et Interbull sur l'utilisation des informations et sur les règles de diffusion des résultats. Ces deux points doivent être débattus en 2011 entre l'Institut de l'Elevage et le groupe Interbeef.

Par ailleurs, Interbeef souhaite que l'Inra continue à participer activement dès 2011-2012 à des projets de recherche sur de nouveaux caractères à inclure dans les évaluations internationales. Ceci sera discuté en juin

2011 à l'assemblée générale d'ICAR (21-24 juin, Bourg-en-Bresse). Ce dossier assez lourd et engageant doit être mis en regards des autres priorités, après le gros investissement déjà réalisé par le passé.

3 Projets communs

3.1.1 Optimisation schémas de sélection

La volonté de mettre en commun les travaux relatifs à l'optimisation des schémas de sélection se traduira par la proposition d'un projet CASDAR RFI porté par les UMT EGB et G²PR sur le renouvellement des objectifs de sélection dans les différentes filières et races.

Avec l'arrivée de la sélection génomique, les possibilités d'intégrer efficacement de nouveaux caractères à sélectionner se sont largement accrues et de nouveaux index vont prochainement être mis à disposition des éleveurs. La hiérarchisation des caractères entre eux est un enjeu majeur pour permettre aux éleveurs et filières de disposer d'animaux adaptés aux contextes de production de demain et plus particulièrement pour concourir à répondre aux problématiques de réduction des intrants et rejets, bien-être animal, qualité des produits... Pour cela, il convient de proposer ou revoir selon les filières des index de synthèse intégrant de nouveaux caractères sur la base de considérations technico-économiques adaptées aux systèmes de production de demain.

L'objectif de ce projet est de construire, pour les 5 filières de ruminants, un outil capable de calculer l'impact économique des caractères en fonction des conditions économiques et techniques propre à chaque système. Cet outil permettra de répondre aux interrogations des races, quant aux impacts économiques des nouveaux caractères. Ces impacts économiques seront traduits en poids économiques reflétant l'intérêt d'améliorer un caractère, par la voie génétique ou par la voie technique. L'outil de calcul sera sous-tendu par un modèle prenant en compte l'ensemble des filières et espèces de ruminants. L'ensemble des caractères sera ainsi apprécié, ce qui permettra d'actualiser les poids économiques déjà inclus dans les objectifs de sélection. Une attention plus particulière sera portée sur de nouveaux caractères que sont la composition fine du lait, ainsi que la carrière et la santé des animaux.

3.1.2 Recherche de nouveaux caractères

Les évaluations génomiques ouvrent de nouvelles perspectives dans le domaine des évaluations génétiques.

L'enjeu, dans un premier temps, est de définir précisément les phénotypes nouveaux à recueillir. Le travail, pour l'instant, n'est pas réalisé directement par l'UMT car il s'agit essentiellement de mettre au point de nouveaux protocoles de collecte. Cela dit, l'UMT est appelée régulièrement à donner son avis sur les données à recueillir et est impliquée dans la construction de nombreux projets relatifs à l'enregistrement de ces nouveaux phénotypes et à l'analyse des facteurs de variation (projet CASDAR Noupheño par exemple).

3.1.3 GeMBAL (Génomique multi-race des Bovins Allaitants et Laitiers)

Le projet démarre juste et le premier semestre 2011 verra ses premières étapes : réception de la plus grande partie des génotypages de Labogena, création de la base de données correspondante, organisation d'un partage des outils d'analyse de ces données, contrôles qualité (en particulier contrôle de filiation et comparaison avec les données 54k). Les outils d'imputation de la 54k vers la 800k déjà testés en race Holstein seront mis en œuvre progressivement dans les différentes races en cours d'année et un premier diagnostic sera établi race par race sur l'efficacité de cette imputation, en lien avec le nombre d'animaux typés et l'effectif génétique des populations. En parallèle, l'accord de consortium du projet Gembal devra être élaboré et accepté d'ici fin 2011.

4 Outils communs

- Trac : Objectif : définir, avec le CTIG, un outil qui sera utilisé sur l'ensemble des projets.
- Recode : finalisation de la nouvelle version utilisable sous UNIX et LINUX

Annexe 1

Travaux engagés en 2010 : suites à donner en 2011

| Secteur | Travaux prévus | Etat d'avancement / planning établi en 2009 | Prochaines étapes (2011) |
|---------|---|--|--|
| BL | Evaluation génomique officielle : nouveaux caractères, amélioration fiabilité | Ok/planning (ajout caractères etc) Ouverture / femelles : règles de diffusion, circuit... très tendu (/circuit information notamment) ! | Ouverture femelles Nouveaux caractères et index combinés Réforme règles publication |
| | Evaluation génomique : autres travaux méthodologiques | Pour ce qui était prévu en 2009 (présélection) : ok Simplification : préparation nouveau programme | Simplification, automatisation : à finaliser (urgent) Puce LD |
| | SAM : conséquences schémas | Retard dans les réflexions (volontaire, attendons 1ers bilans complets) | Bilan complet |
| | Contrôles élémentaires, GENESYS | Automatisation ok Nouveau modèle : Retard / Publication Etude des effets TJC : retard Typologie : ok/planning | Travaux validation Progrès génétique; relance étude des effets TJC ; typologie définitive |
| | Nouveaux caractères : Mammites, IVIA1 : | Ok/planning (calcul rg, publications nationales) | Index SAM (Février, races HOL, MON, NOR) Index polygéniques (races régionales) |
| | Nouveaux caractères : Phénofinlait | Ok/planning | Analyse facteurs variation composition AG, paramètres génétiques |
| | International | Validation évaluations, GMACE : retard (au niveau d'Interbull mais ok pour la France) | Participation au GMACE et aux travaux d'Interbull sur prise en compte sélection, Intergenomics Polygéniques : préparer les envois de MACL (Holstein), Fertilité (Brune et Montbéliarde : IVIA1 er TC ; Holstein : IVIA1) en août 2011 |
| | Autres : SMQ, certification | Relance : ok | Fin de la description du PRS EG1, établissement des indicateurs ; fin intégration SAM dans le périmètre de certification de l'Inra |
| | Autres : Bases | OK/planning: | Terminé |

| Secteur | Travaux prévus | Etat d'avancement / planning établi en 2009 | Prochaines étapes (2011) |
|---------|----------------------------------|---|---|
| BA | Evolution de la chaîne Iboval | Passage sous UNIX : ok Nouveau modèle : ok | Consolidation de la nouvelle chaîne Recalcul des rangs de vêlage |
| | Croissance post-sevrage | Evaluation en routine | Evaluation en routine |
| | Morphologie Post Sevrage | Analyse et évaluation test en Limousin et charolais. Suspendu | Reprise fin 2011 sous réserve de mise à dispo des données complètes |
| | Carcasses | Evaluations en routine ; refonte de la chaîne (passage sous UNIX, interface BDIR) Intégration données Normabev | Convention Nouvelles races en JB (Salers) Etudes des données VB disponibles dans NORMABEV en 2011-2012C |
| | Etude fertilité | Prototype d'évaluation (charolais) et ré estimation de l'héritabilité | Automatisation de la chaîne d'évaluation de la réussite à l'IAP sur génisse pour l'ensemble des races |
| | Vie productive | Analyse en Aubrac et Charolaise.Choix des critères et estimation des paramètres génétiques associés | Finalisation de l'étude en race Aubrac et automatisation de la chaîne d'évaluation sur l'efficacité de reproduction réalisée à un âge donné |
| | Indices de synthèse station : CI | Equations efficacité alimentaire en CI Etudes de nouvelles pondérations pour les Indices de sélection en station de CI | Validation finale des indices synthétiques en CI : fin janvier 2011 en Charolais, Limousin et Rouge des Près ; d'ici mai 2011 en Blonde d'Aquitaine |
| | Indices de synthèse station QM | RAS | Abandon de cette thématique |
| | Interbeef | Service assuré par Interbeef, contractualisation pour l'utilisation de Genial | Pas de travail de recherche sans ressources humaines supplémentaires à l'Inra ; envoi de données à Interbeef après contractualisation. |
| | | | |

| Secteur | Travaux prévus | Etat d'avancement / planning établi en 2009 | Prochaines étapes (2011) |
|---------------------------------|------------------------|--|---|
| Projets Et outils communs | Objectifs de sélection | Premiers éléments pour ISU en races laitières | Construction projet CASDAR multi-filière autour de la définition d'objectifs et d'index de sélection innovants. |
| | Nouveaux caractères | Réponses AAP Docilité et santé des veaux (CASDAR PHENOVEAU et ANR SYSTERA REGAIE), retours négatifs Premiers travaux sur données santé (collecte en France et à l'étranger), parages. Projet Actions innovantes : PARABOV | Construction de projets (ex CASDAR Noupheño) |
| | GEMBAL | Construction du projet Lancement du projet opérationnellement dès juillet 2010 | Lancement officiel au 1 ^{er} janvier 2011 Accord de consortium (indispensable et urgent) Mise à disposition du matériel génétique à Labogena entre décembre 2010 et avril 2011 nécessaire à une réalisation effective du projet. |
| | BDIR / /logiciels | Bdir Aller et Retour opérationnelles. Création d'outils Evolutions Recode ok | Finalisation infocentre, fin bdir_aller sur production laitière/cellules/longévité Trac |
| | | | |

Annexe 2

Liste des publications et communications

A - PUBLICATIONS SCIENTIFIQUES

Barbat A., Le Mézec P, **Ducrocq V.**, **Mattalia S.**, **Fritz S.**, **Boichard D.**, Ponsart C., Humblot P. 2010: Female fertility in French dairy breeds: current situation and strategies for improvement. *International J Reprod Dev*, 56, S15-S21

Benhajali H, Boivin X, Pellegrini P, **Boulesteix P**, Lajudie P, **Phocas F**, 2010. Assessment of different on-farm measures of beef cattle temperament for use in genetic evaluation. *Journal of Animal Science*, 88; 3529-3537

Bouquet A, **Fouilloux MN**, Renand G, **Phocas F**, 2010. Genetic parameters for growth, muscularity, feed efficiency and carcass traits of young beef bulls. *Livestock Science*, 129: 38-48

Bouquet A., Renand G., **Phocas F.**, 2010. A definition of unknown parent groups based on bull usage patterns across herds. *Accepté dans Animal*, "firstview" : doi:10.1017/S1751731110002144

Lambert-Derkimba A., **Minéry S.**, **Barbat A.**, Casabianca F., Verrier E., 2010 : consequences of the inscription of local breeds in protected designation of origin cow cheese specifications for genetic management of the herds. *Animal* (2010),4: 1976-1986

Patry C., **Ducrocq V.**, 2010. Evidence of biases in genetic evaluations due to genomic pre-selection in dairy cattle. (Accepté à *Journal of Dairy Science*)

Pegolo N T, **Fouilloux M N**, Nunes de Oliveira H, Lôbo R B, **Laloë D**, 2010. Trends of the genetic connectedness measures among Nelore beef cattle herds. *Soumis à Journal of Animal Breeding and Genetics*.

Tyriseva A.M., Meyer K., Fikse F, **Ducrocq V.**, Jakobsen J., Lidauer M.H., Mantysaari E.A., 2010. Principal component approach in variance component estimation for international sire evaluation. *Soumis à Genetics Selection Evolution*

Tyriseva A.M., Meyer K., Fikse F, **Ducrocq V.**, Jakobsen J., Lidauer M.H., Mantysaari E.A., 2010. Principal component and factor analytic models in international sire evaluation. *Soumis à Genetics Selection Evolution*

B - COMMUNICATIONS A DES CONGRES, COLLOQUES, SEMINAIRES

Barbat A., Le Mézec P, **Ducrocq V.**, **Mattalia S.**, **Fritz S.**, **Boichard D.**, Ponsart C., Humblot P. 2010: Female fertility in French dairy breeds: current situation and strategies for improvement. *International Symposium on "Declining Fertility in Dairy Cows in the World; Its Causes and Possible Solutions"*, Miyazaki, Japan, January 30-31

Boichard D., **Guillaume F.**, **Baur A.**, Croiseau P., Rossignol M.N., Boscher M.Y., Druet T., Genestout L., Eggen A., Journaux L., **Ducrocq V.**, **Fritz S.**, 2010. Genomic Selection in French dairy Cattle. In: *Proceedings of the 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*. Leipzig, Germany, August 1-6, 2010, Communication 716

Boichard D., **Ducrocq V.**, **Fritz F.**, Colleau J.J., 2010. Where is dairy cattle breeding going? a vision to the future. *Proceedings of the Interbull Workshop*, Paris, France, March 4-5.

Croiseau P., Colombani C., Legarra A., **Guillaume F.**, **Fritz F.**, **Baur A.**, **Dassonneville R.**, **Patry C.**, Robert-Granie C., **Ducrocq V.**, 2010. Improving genomic evaluation strategies in dairy cattle through SNP pre-selection. In: *Proceedings of the 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*. Leipzig, Germany, August 1-6, 2010, Communication 360.

Ducrocq V., 2010. Sustainable dairy cattle breeding: illusion or reality? In: *Proceedings of the 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*. Leipzig, Germany, August 1-6, 2010, Communication 66

Ducrocq V., **Patry C.**, Combining Genomic and Classical Information in National BLUP Evaluation to Reduce Bias due to Genomic Pre-Selection. *Interbull Bulletin* 41

Ducrocq V., Sölkner J., Meszaros G., 2010. Survival Kit v6 – a software package for survival analysis. In: *Proceedings of the 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*. Leipzig, Germany, August 1-6, 2010, Communication 232

Esvan S., Dragan C., Varenne A., Astruc J-M., Barillet F., **Boichard D.**, Brunschwig P., Dubrulle A., **Faucon-Lahalle F.**, Ferlay A., Lagriffoul G., Larroque H., Legarto J., Palhiere I., Peyraud J-L., Rupp R., **Brochard M.**, 2010 PhénoFinlait, Iers résultats : influence de l'alimentation, de l'état physiologique et de la génétique sur la composition en acides gras des laits de vache, brebis et chèvre. 17^{èmes} Rencontres autour des Recherches sur les Ruminants. Paris, Décembre 8-9.

Fritz F., **Guillaume F.**, Croiseau P., **Baur A.**, **Hoze C.**, **Dassonneville R.**, Boscher M.Y., Journaux L., **Boichard D.**, **Ducrocq V.**, 2010 Mise en place de la Sélection Génomique dans les trois principales races françaises de bovins laitiers. 17^{èmes} Rencontres autour des Recherches sur les Ruminants. Paris, Décembre 8-9.

Laloë D., 2010. Evaluation génétique : les fondements. Séminaire du département de Génétique Animale (Inra) ; Menton, 18-21 octobre 2010.

Lund M.S., de Roos A.P.W., de Vries A.G., Druet T., **Ducrocq V., Fritz S., Guillaume F.,** Guldbbrandtsen B., Liu Z., Reents R., Schrooten C., Seefried M., SU G., 2010. Improving genomic prediction by EuroGenomics collaboration. In: Proceedings of the 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Leipzig, Germany, August 1-6, 2010, Communication 880

Legarra I., Robert-Granie C., Croiseau P., **Guillaume F., Fritz S., Ducrocq V.,** 2010. Aptitude of Bayesian Lasso for genomic selection. In: Proceedings of the 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Leipzig, Germany, August 1-6, 2010, Communication 118.

Le Mezec P., **Barbat – Leterrier A.** , Barbier S. , de Cremoux R., **Gion A.,** Ponsart C., 2010 : Evolution de la fertilité et impact de la FCO sur la reproduction du chrptel français. 17^{èmes} Rencontres autour des Recherches sur les Ruminants. Paris, Décembre 8-9.

Patry C., Ducrocq V., 2010 : An Approach to Account for Selection Bias in National Evaluations due to Genomic Selection. In: Proceedings of the 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Leipzig, Germany, August 1-6, 2010, Communication 559

Phocas F., 2010. Optimisation des schémas de sélection. Séminaire du département de Génétique Animale (Inra) ; Menton, 18-21 octobre 2010.

Täubert H., Liu Z., Tarrès J., **Ducrocq V.,** 2010. An approach to compute EDC and DYD for test-day models. In: Proceedings of the 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Leipzig, Germany, August 1-6, 2010, Communication 231

Terawaki Y., Gotoh Y., Yamagushi S., **Ducrocq V.,** 2010. Genetic relationships between length of productive life and type traits in a Holstein population in Japan. In: Proceedings of the 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Leipzig, Germany, August 1-6, 2010, Communication 226

Tyrevisa A.M., Meyer K., Fikse W.F., **Ducrocq V.,** Jakobsen J., Lidauer M.H., Mantysaari E.A., 2010. Principal Component and Factor Analytic Models In International Sire Evaluation. In: Proceedings of the 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Leipzig, Germany, August 1-6, 2010, Communication 718

Tyrevisa A.M., Meyer K., Fikse W.F., **Ducrocq V.,** Jakobsen J., Lidauer M.H., Mantysaari E.A., 2010. Recommendations for estimation of variance components for international sire evaluation. Interbull meeting. Riga, Latvia, June 1-3. Bulletin n°40. .

C– ARTICLES A DESTINATION DES PROFESSIONNELS

Boulesteix P, Fouilloux M N, Guerrier J , Venot E, Laloë D., 2010 Iboval fait peau neuve. Note Iboval n° 53, IE, Inra, CR 001071010, 10p.

Miller S., **Aignel M.,** Havy A., **Phocas F.,** Griffon L. Jullien E., 2010. Action relative au programme d'appui technique. Convention FranceAgriMer n°709125. Engagement 2009-78-010-104. Action 2 : La longévité et vie productive des bovins viande : détermination d'un critère pertinent pour l'évaluation génétique et intégration dans l'objectif de sélection des races allaitantes. Institut de l'Élevage, Inra, Collection Résultats, CR 001071036, 28 p.

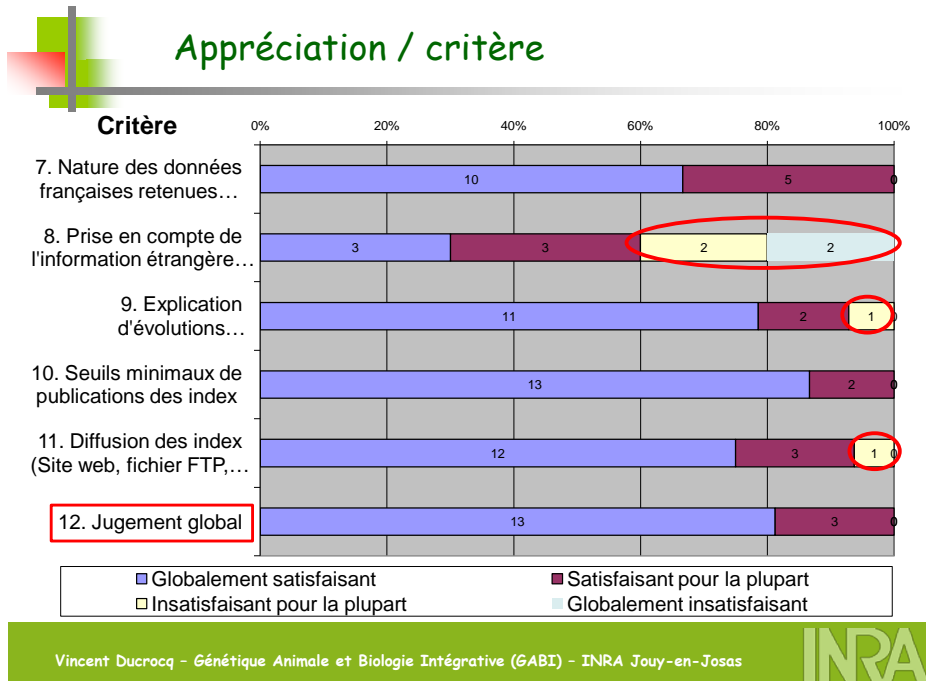
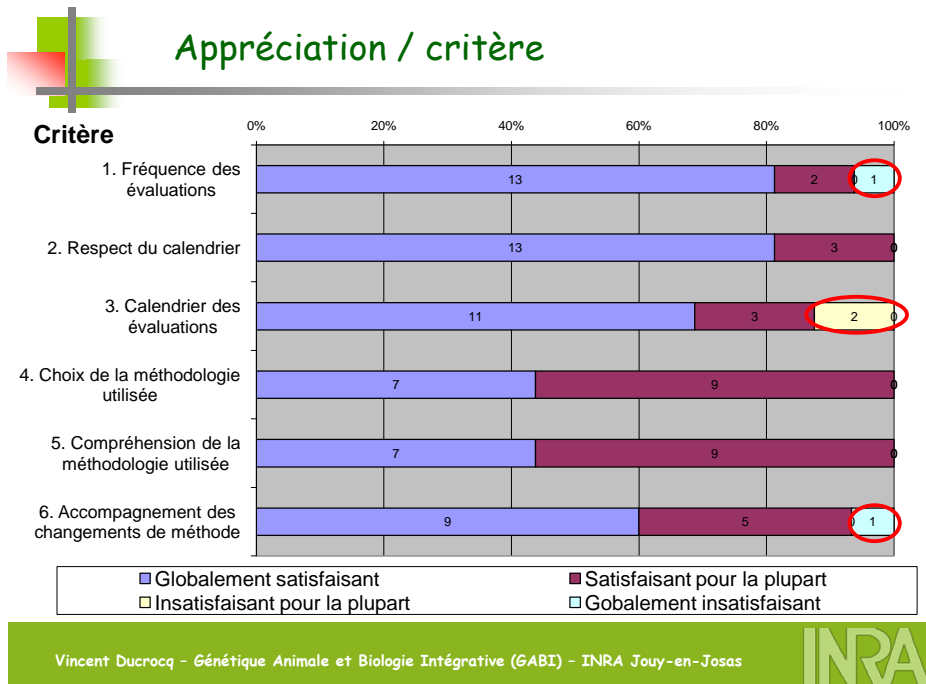
E – THESES, MEMOIRES

Baloche G., 2010. Estimation des corrélations génétiques entre caractères fonctionnels en bovins laitiers. Mémoire de fin d'études AgroParisTech, 83p.

Joseph A., 2010. L'enregistrement de nouveaux critères de santé chez les bovins laitiers : état des lieux des pratiques existantes et recommandations. Mémoire de fin d'études AgroParisTech, 72p.

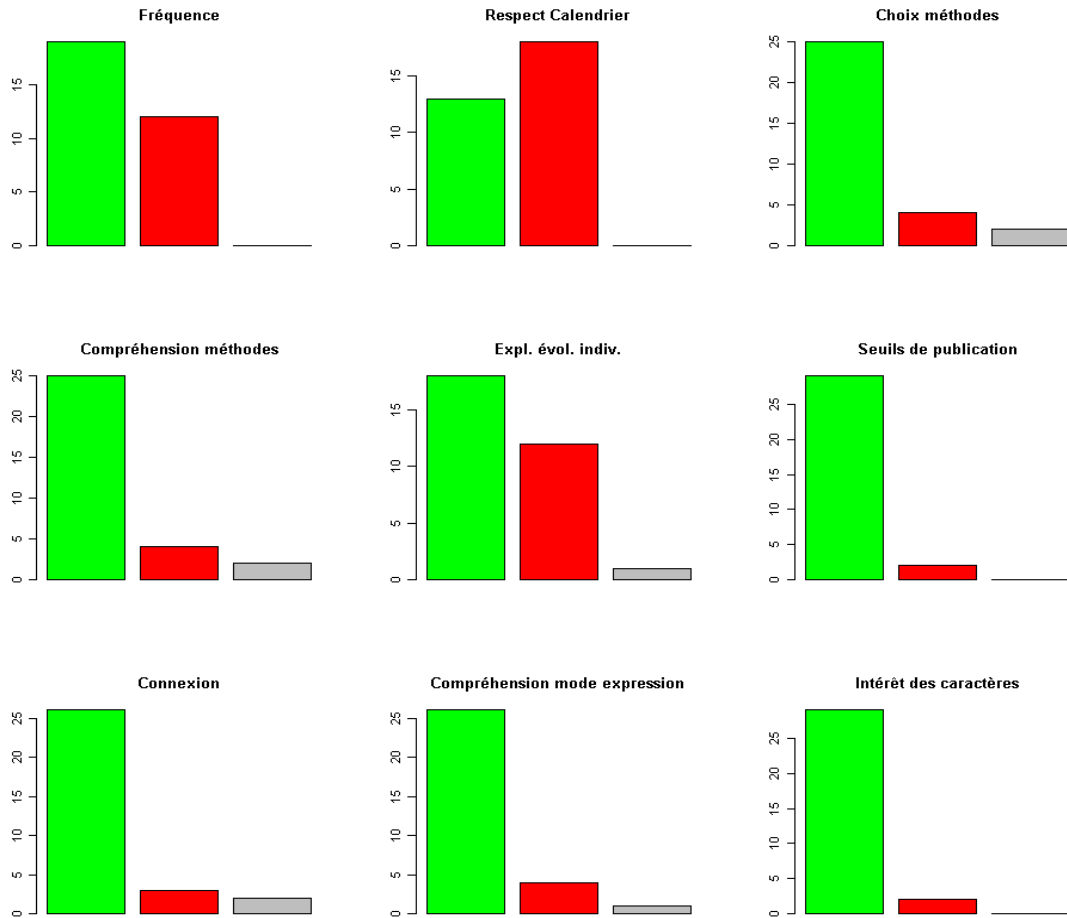
Annexe 3
Evaluations génétiques des bovins :
résultats des enquêtes satisfaction 2010

Evaluations génétiques des Bovins Laitiers

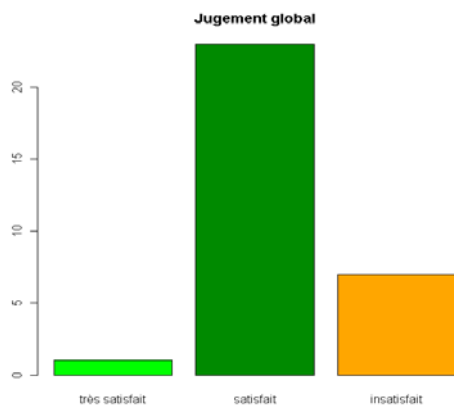


Commentaires (extraits CR GI du 11 mai 2011) : Le jugement d'ensemble est «globalement satisfaisant» ou «satisfaisant pour la plupart des indexations». Pour les rubriques élémentaires, le jugement « non satisfaisant pour la plupart des indexations» concerne 1 personne sur 16 en ce qui concerne la fréquence des évaluations, le calendrier, l'accompagnement des changements de méthode, les explications d'évolution et la diffusion des index et 2 personnes sur 14 pour la prise en compte des informations étrangères, un domaine où on ne peut pas grand-chose. Tout le reste est jugé correct avec même 2 « satisfécits ». Le calendrier des indexations est jugé correct par 14 personnes sur 16. (...) La réforme de l'ISU et les synthèses fertilité et santé de la mamelle sont considérées comme les évolutions prioritaires, ainsi que la mise en place de nouvelles évaluations Interbull (fertilité, longévité et facilité de naissance en Pie-Rouge, fertilité de la Brune). Une diffusion d'index de fertilité mâles est souhaitée par certains. Des études sur de nouveaux caractères sont suggérées (efficacité alimentaire, taux de réforme naissance – 1er vêlage, durée de gestation, caséines...). Enfin, le constat est fait que la sélection génomique change beaucoup la donne.

Evaluations génétiques des Bovins Allaitants (évaluations IBOVAL)



Satisfaction des clients (Echelle résumée : *Satisfait*, *Insatisfait*, *ne sait pas*)



Satisfaction globale des clients (Echelle : *Très satisfait*, *Satisfait*, *Insatisfait*, *Très insatisfait*, *ne sait pas*)

Commentaires : Enquête de satisfaction Iboval

Réalisée dans le cadre de la certification ISO-9001 des évaluations génétiques bovines, cette enquête, réalisée avec le concours d'E Blanc de l'Institut de l'Élevage, a montré que ces deux modifications ont été très appréciées par les utilisateurs. Plus généralement, cette enquête a révélé que, hormis le point noir conjoncturel des retards de cette année, la majorité des utilisateurs était globalement satisfait de l'évaluation génétique Iboval. (cf Figure ci-après). Les attentes sont fortes concernant l'évaluation de nouveaux caractères, principalement la docilité des veaux et la vie productive des vaches allaitantes.