



HAL
open science

Improvement of the efficiency of beef cattle breeding programmes: towards new genetic evaluation models

Alban Bouquet

► **To cite this version:**

Alban Bouquet. Improvement of the efficiency of beef cattle breeding programmes: towards new genetic evaluation models. Life Sciences [q-bio]. AgroParisTech, 2009. English. NNT : 2009AGPT0063 . pastel-00005713

HAL Id: pastel-00005713

<https://pastel.hal.science/pastel-00005713>

Submitted on 10 Mar 2010

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.

Intitulé de la thèse : Amélioration de l'efficacité des programmes de sélection des bovins allaitants : de nouveaux modèles d'évaluation génétique

Title : Improvement of the efficiency of beef cattle breeding programmes: towards new genetic evaluation models

Auteur : Alban BOUQUET

Encadrant de thèse : Florence PHOCAS, Chargée de Recherche, Equipe G2B, INRA GABI UMR1313, Jouy-en-Josas

Co-Encadrant de thèse : Gilles RENAND, Directeur de Recherche, Equipe G2B, INRA GABI UMR1313, Jouy-en-Josas

Mots-clés : bovins allaitants, évaluation génétique, variabilité génétique, populations hétérogènes, programme de sélection.

Keywords : beef cattle, genetic evaluation, genetic variability, heterogeneous populations, selection scheme.

A ma fille, Noémie,

A ma femme, Peggy,

Et à mon père.

AVANT-PROPOS

Immergé dans le monde de l'élevage et de la sélection depuis le plus jeune âge, l'écriture de cette thèse est la concrétisation d'un projet professionnel élaboré il y a quinze ans... A ce titre, je souhaite remercier tous ceux qui m'ont aidé à mener ce projet jusqu'au bout.

Tout d'abord, un grand merci à mes encadrants de thèse, Florence Phocas et Gilles Renand. Votre expertise, vos conseils et votre disponibilité m'ont été indispensables pour avancer dans ce travail, particulièrement en cette fin de thèse.

Mes remerciements s'adressent ensuite à Jean-Pierre Bidanel, Directeur de l'unité GABI, et Didier Boichard, Directeur du Département de Génétique Animale de l'INRA de m'avoir permis de réaliser cette thèse dans des conditions matérielles idéales.

Je tiens à remercier les organismes de sélection des races Aubrac, Blonde d'Aquitaine, Charolaise, Gasconne, Limousine et Salers pour leur participation au financement de cette thèse. J'espère que les résultats présentés dans ce manuscrit contribueront à l'amélioration de l'efficacité de tous les schémas de sélection bovins allaitants.

Je souhaite également remercier tous les membres du Jury : Messieurs Etienne Verrier, Sébastien Stamane et Kay-Uwe Goetz. Une mention particulière s'adresse à Messieurs Manuel Baselga et Charles Michaux pour m'avoir fait l'honneur d'être les rapporteurs attentifs de ce travail.

Un grand merci aux membres du comité de suivi de cette thèse qui, par leur expertise, leurs idées, remarques et réflexions ont apporté beaucoup à la réalisation de ce projet.

Je n'oublierai pas non plus la bonne humeur et l'aide de tous les membres de l'équipe Bovins Allaitants, notamment Marie-Noëlle et Denis pour la relecture attentive de certaines parties de ce manuscrit et Eric pour ses trucs et astuces sur Recode et ASReML.

Je souhaite remercier tous les membres de GABI, plus particulièrement ceux du bâtiment 211. Durant ces cinq années passées en votre compagnie, j'ai eu plaisir à retrouver chaque jour cette ambiance conviviale dont vous seuls avez le secret. Merci aussi pour tous les bons moments partagés ensemble au Café cochon et au foot du jeudi. Ils sont aussi précieux qu'indispensables ! Une pensée particulière s'adresse à Serge et à tout le personnel du secrétariat : Christelle, Manuëla, Sylvie, Pascale pour leur aide dans les diverses démarches administratives et de reprographie. Un grand merci aussi à Wendy pour les traductions et relectures d'articles et à Sylvie, Hervé et Fabien pour l'appui informatique.

Je tiens à saluer et encourager tous les amis et collègues doctorants de GABI, de Jouy et d'ailleurs qui m'ont accompagné dans cette course effrénée ou qui viennent de se lancer dans l'aventure.

Je tiens à remercier ma famille et belle-famille pour leur soutien et l'intérêt qu'ils ont manifesté pour comprendre les tenants et aboutissants de ce travail réalisé pendant ces trois dernières années. Je voudrais particulièrement te remercier, Papa, de m'avoir communiqué ton goût pour l'élevage et la sélection... tu as été mon premier professeur de génétique en m'expliquant avec tes mots ce que sont l'ADN, les index, le DM, le DS, etc. Je n'oublierai jamais toutes ces explications scandées au rythme de la machine à traire. Dorénavant, saches que les quelques week-ends partagés en ta compagnie, loin de la frénésie Parisienne, sont autant de moments précieux où je retrouve mes

racines. En ces temps difficiles, je veux te témoigner toute mon admiration pour ta persévérance au travail et ta motivation toujours intacte.

Je souhaite aussi te remercier, Peggy, pour tous ces moments de bonheur passés ensemble. Merci aussi de m'avoir soutenu dans les moments plus difficiles ou plus tristes. J'ai hâte de partir avec toi vers de nouveaux horizons.

Enfin, cette dernière pensée est destinée à ma jolie Noémie... et ses sourires charmeurs. Je te dédie cette thèse parce que ces quatre derniers mois m'ont fait comprendre que tu contribues, plus que toute autre chose, à mon épanouissement en cette nouvelle vie de père.

ABSTRACT

Released in the eighties and in the early nineties, the models used for genetic evaluations of beef cattle breeding stocks with on-farm performance recording (IBOVAL) and in central and progeny test stations rely on simple hypotheses which induce bias in the prediction of breeding values. These biases can imply a non optimal choice of breeding stock and thus reduce short-term selection efficiency. They can also reduce long-term selection efficiency by frequently designating breeding stocks stemming from well-known parental lineages. The work achieved in this thesis contributes to the improvement of beef cattle selection schemes by proposing new statistical models to assess and eliminate some biases in beef cattle genetic evaluations. At first, genetic diversity of the three main French beef cattle populations (Blonde d'Aquitaine, Charolais and Limousin) was described using pedigree analyses. This study showed that genetic diversity is still large in these populations and sufficient to guarantee genetic gain in the next generations. It also permitted us to describe the populations of animals born in breeding herds, which are specialized in selling natural service bulls or in providing bulls to AI breeding programs. This description was very useful for conceiving new genetic evaluation models for beef cattle.

The current IBOVAL model does not properly take into account the differences in pedigree knowledge existing in beef cattle populations. Indeed, it assumes that unknown parents stem from a unique and homogeneous founder population. This assumption puts at a disadvantage animals with short pedigree by setting the part of their breeding value estimated on parental information to the genetic level of the whole founder population. The introduction of unknown parent groups (UPG) in the genetic evaluation model is a mean to better integrate genetic heterogeneities existing in the founder population for the prediction of breeding values. A method was elaborated and validated in the Charolais population to define robust and homogeneous UPG according to gene flow observed within the calf population evaluated on pre-weaning traits. Including UPG in the IBOVAL model was justified to improve short-term selection efficiency in the Charolais population, especially for cows. This evolution of the model permitted to select more appropriately cows for female renewal in herds with a high proportion of breeding animals without pedigree. On the contrary, it did not impact on the choice of the bulls destined to a large AI use in the population because they were mostly born in herds specialized in selling breeding stocks, in which pedigree knowledge is almost exhaustive.

Beef cattle AI breeding programs are made up of three sequential evaluation and selection steps, which successively occur on-farm and in central and progeny test stations. At each step, a genetic evaluation is currently carried out with a univariate model, ignoring data which were used to select bulls in the preceding steps. A multitrait model, combining similar performance recorded in test stations and on farm in herds providing bulls to the AI program, was proposed to eliminate selection biases caused by the intense selection of males joining test stations. Using a multitrait model permitted us to improve selection efficiency by slightly increasing breeding value accuracy but especially by getting rid of selection bias in the prediction of breeding values in both central and progeny test stations and by improving connectedness between different control batches. If bull re-rankings were small within batches, they were nevertheless more acute between control batches both for the Blonde d'Aquitaine and Limousin breeds. Therefore, this evolution of the model should modulate the use and semen diffusion of breeding stocks evaluated in different control batches.

RESUME

Mis en place dans les années 1980 et au début des années 1990, les modèles d'évaluation génétique des reproducteurs bovins allaitants en ferme (IBOVAL) et en stations de contrôle individuel (CI) et sur descendance (CD) reposent sur des hypothèses simples dont le non respect est à l'origine de biais dans la prédiction des valeurs génétiques. Ces biais peuvent induire un choix non optimal des reproducteurs et réduire ainsi l'efficacité de la sélection à court terme, mais aussi à plus long terme en privilégiant les reproducteurs issus de lignées familiales bien connues. Le travail présenté dans cette thèse contribue à l'amélioration des programmes de sélection allaitants en proposant de nouveaux modèles statistiques pour quantifier et éliminer certaines sources de biais des évaluations génétiques des reproducteurs bovins allaitants. Tout d'abord, un bilan détaillé de la diversité génétique des trois principales populations bovines allaitantes françaises a été réalisé à l'aide d'analyses de pedigree des animaux des bases de sélection Blonde d'Aquitaine, Charolaise et Limousine. Cette étude a montré que la diversité génétique est encore importante dans ces populations et largement suffisante pour garantir des marges de progrès génétique dans les générations futures. Elle a également permis de caractériser les populations d'animaux nés dans les élevages sélectionneurs, vendeurs de taureaux de monte naturelle ou approvisionnant en mâles les programmes de sélection des taureaux d'insémination artificielle (IA). Cette caractérisation a jeté les bases pour proposer de nouveaux modèles d'évaluation génétique des reproducteurs de bovins allaitants.

Tout d'abord, le modèle IBOVAL actuel ne prend pas en compte correctement les différences de longueurs de pedigree existant dans les populations bovines allaitantes. En effet, il suppose que les parents inconnus proviennent d'une unique population de fondateurs génétiquement homogènes et défavorise ainsi les animaux aux généalogies les plus courtes en fixant leur valeur génétique prédite sur ascendance au niveau génétique de l'ensemble des fondateurs de la race. L'introduction de groupes de parents inconnus (GPI) dans le modèle d'évaluation permet de mieux intégrer les différences de niveau génétique existant dans la population des fondateurs. Une méthode a été élaborée et validée en race Charolaise pour définir des GPI robustes et homogènes d'après les flux de reproducteurs observés au sein de la population évaluée sur les performances au sevrage des veaux. L'inclusion de GPI dans le modèle IBOVAL s'avère utile pour améliorer l'efficacité à court terme de la sélection en race Charolaise, principalement sur la voie femelle. Elle contribue à améliorer sensiblement le choix des vaches pour le renouvellement des troupeaux ayant un taux élevé d'animaux nés de parents inconnus. En revanche, cela impacte peu le choix des reproducteurs mâles destinés à une large diffusion par IA parce que ces mâles sont essentiellement issus d'élevages spécialisés dans la vente de reproducteurs où les généalogies des animaux sont bien connues sur plusieurs générations.

Les programmes de sélection des taureaux d'IA s'appuient sur une succession de trois étapes séquentielles d'évaluation et sélection, d'abord en ferme puis en stations de CI et de CD. A chaque étape, une évaluation génétique est réalisée à l'aide d'un modèle unicaractère ignorant les données qui ont servi à la sélection aux étapes précédentes. Un modèle multicaractère, combinant performances enregistrées en stations et performances homologues contrôlées en ferme dans les élevages approvisionnant le schéma IA, a été proposé pour éliminer les biais dus à la sélection des mâles entrant en stations. L'utilisation de ce modèle permet d'augmenter l'efficacité de la sélection par une meilleure précision des index, mais surtout par l'élimination des biais dans la prédiction des valeurs génétiques en stations de CI et de CD et l'amélioration de la connexion entre séries évaluées au cours du temps. Si les reclassements des reproducteurs évalués en stations sont limités intra-série, ils peuvent être en revanche très sensibles entre séries évaluées en race Blonde d'Aquitaine ou Limousine, modulant l'utilisation des reproducteurs sélectionnés intra-série et donc la diffusion à large échelle de leur semence.

GLOSSAIRE

AB	Aptitudes Bouchères
ABARE	Australian Bureau of Agricultural and Resource Economics
ABCZ	Associao Brasileiro dos Criadores de Zebus
ACP	Analyse en Composantes Principales
AFD	Analyse Factorielle Discriminante
ARSOE	Association Régionale de Services aux Organismes d'Elevage
BLUE	Best Linear Unbiased Estimator
BLUP	Best Linear Unbiased Predictor
CI (Station de)	Station de Contrôle Individuel
CD (Station de)	Station de Contrôle sur Descendance
CD	Coefficient de détermination
CEIP	Certificat d'Identification et de Production
CHA	Classification Hiérarchique Ascendante
CPU	Computing Processor Utilization
CPS	Centre de Production de Semence
CTIG	Centre de Traitement de l'Information Génétique
DM	Développement Musculaire
DS	Développement Squelettique
ECB	Etat Civil Bovin
EDE	Etablissement Départemental de l'Elevage
ES	Entreprise de sélection
FAO	Food and Agriculture Organization
FGE	France Génétique Elevage
GABI	Unité de Génétique Animale et Biologie Intégrative
GC	Groupe de Contemporain
GPI	Groupe de Parents Inconnus
G2B	Génétique et Génomique Bovine
IA	Insémination Artificielle
IBOVAL	Indexation BOVins Allaitants
INRA	Institut National de la Recherche Agronomique
IPG	Identification Pérenne Généralisée
LOA	Loi d'Orientation Agricole
MN	Monte Naturelle
MP	Muscularité précoce (Programme de sélection)
NBCEC	National Beef Cattle Evaluation Consortium
OCP	Organisme de Contrôle des Performances
OS	Organisme de Sélection
P210	Poids à 210 jours
PAT	Poids-Age-Type
PEV	Variance d'Erreur de Prédiction
PN	Poids à la Naissance
QE	Qualités d'Elevage
QM	Qualités Maternelles
REML	REstricted Maximum Likelihood
RFI	Consommation alimentaire résiduelle (Residual Feed Intake)
SE	Station d'évaluation des taureaux de monte naturelle
SIG	Système d'Information Génétique
SNP	Single Nucleotide Polymorphism
UMT	Unité Mixte Technologique
UPRA	Union de Promotion de la Race
VA0	Protocole de contrôle des performances à la naissance en ferme
VA4	Protocole de contrôle des performances au sevrage en ferme (4 pesées)
VB	Veaux de Boucherie (Programme de sélection)

SOMMAIRE

INTRODUCTION GENERALE	13
CHAPITRE 1. ORGANISATION DES PROGRAMMES DE SELECTION EN FRANCE ET DANS LE MONDE.....	21
1. Introduction.....	23
2. Nature et organisation de l'élevage allaitant.....	24
2.1. Organisation de la production	24
2.2. Structuration des populations entre élevages de production et de sélection	26
2.3. Principales races bovines allaitantes sélectionnées.....	27
2.4. Objectifs de sélection	29
2.5. Importance du croisement dans les différents pays.....	30
3. Le Dispositif d'amélioration génétique français	34
3.1. De la loi sur l'Élevage à la loi d'Orientation Agricole	34
3.2. Un dispositif mutualisé ouvert à la libre concurrence.....	37
4. Organisation des programmes de sélection dans les trois autres pays.....	43
4.1. Les acteurs de la sélection.....	43
4.2. Les outils de création du progrès génétique.....	43
4.3. La diffusion du progrès génétique.....	47
5. Conclusion	48
CHAPITRE 2. CARACTERISATION DE LA STRUCTURE GENETIQUE DES POPULATIONS FRANÇAISES DE BOVINS ALLAITANTS SPECIALISES	49
1. Introduction.....	51
2. Elevage et sélection des trois principales races allaitantes spécialisées en France.....	53
2.1. Dynamique d'expansion des races allaitantes spécialisées entre 1979 et 2008	53
2.2. Structuration des populations entre élevages de sélection et de production	55
2.3. Origine des taureaux de MN et d'IA.....	57
2.4. Utilisation de la monte naturelle et de l'insémination animale.....	59
2.5. Intervalles de génération	61
2.6. Nombre de descendants.....	63
3. Diversité génétique et analyses de pedigrees	63
3.1. Caractérisation de la structure génétique d'une population	63
3.2. Différentes mesures de la diversité génétique.....	65
4. Applications aux populations allaitantes spécialisées françaises.....	74
4.1. Connaissance des généalogies.....	74
4.2. Niveau de consanguinité et son évolution récente	76
4.3. Analyse des contributions génétiques des fondateurs et des ancêtres.....	81
5. Discussion et conclusion	84

CHAPITRE 3. ETUDE DU MODELE D'EVALUATION GENETIQUE DES REPRODUCTEURS EN FERME.....89

1. Introduction.....	91
2. Description zootechnique de la population charolaise.....	93
2.1. Dynamique d'expansion de la race Charolaise	93
2.2. Identification des diverses régions d'élevage Charolais	95
2.3. Spécificités des élevages sélectionneurs et producteurs	109
2.4. Flux de gènes entre régions.....	115
3. Méthodes.....	119
3.1. Définition des groupes de parents inconnus.....	119
3.2. Modèles d'évaluation génétique étudiés	125
3.3. Estimation des composantes de la variance et réalisation des évaluations génétiques	128
3.4. Critères de choix du modèle d'évaluation génétique avec ou sans GPI.....	129
4. Application au cas de la population Charolaise	135
4.1. Définition des groupes de parents inconnus.....	135
4.2. Estimation des composantes de la variance	141
4.3. Validation de la définition des GPI.....	142
4.4. Validation du modèle animal avec GPI	149
4.5. Impact de l'introduction des GPI dans le modèle IBOVAL sur les index des reproducteurs.....	155
5. Conclusion : quelle évolution pour le modèle d'évaluation génétique en ferme ?	160
5.1. Réflexions sur la méthode de définition des GPI et son application à d'autres populations de bovins allaitants.....	160
5.2. Importance des groupes génétiques pour une évaluation non biaisée et une sélection efficace des reproducteurs.....	162

CHAPITRE 4. MODELES D'EVALUATION GENETIQUE DES REPRODUCTEURS EN STATIONS..... 165

1. Introduction.....	167
2. Matériels et méthodes.....	170
2.1. Protocole de conduite des animaux	170
2.2. Description des données.....	174
2.3. Variables analysées	175
2.4. Modèles d'évaluation génétique comparés	176
2.5. Estimation des composantes de la variance	180
2.6. Prédiction des index de valeur génétique.....	182
2.7. Critères de comparaison des modèles	183
3. Résultats.....	187
3.1. Composantes de la variance	187
3.2. Détermination du modèle de référence	188
3.3. Estimation des progrès génétiques	193
3.4. Comparaison des modèles d'évaluation en CI	198
3.5. Evaluations génétiques en station de CD	203
4. Discussion : Quelles évolutions pour le modèle d'évaluation génétique des reproducteurs en stations ?	206

DISCUSSION GENERALE ET CONCLUSION211

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES	217
------------------------------------------	------------

ANNEXES	227
----------------------	------------

ANNEXE I	229
ANNEXE II	241
ANNEXE III	242
ANNEXE IV	246
ANNEXE V	247
ANNEXE VI	248
ANNEXE VII	249
ANNEXE VIII	251
ANNEXE IX	252
ANNEXE X	254
ANNEXE XI	255
ANNEXE XII	281
ANNEXE XIII	282
ANNEXE XIV	286

Introduction générale

En 2007, le monde compte environ 990 millions de têtes de bovins (Office de l'Élevage, 2008, d'après USDA et Commission Européenne) dont près de 91 millions sont détenus par l'Union Européenne (UE), mettant l'UE à 27 pays au cinquième rang mondial des pays détenteurs de bovins. De 1992 à 2006, le cheptel bovin mondial s'est fortement développé en Amérique du Sud, Chine, Afrique et Océanie alors qu'il stagnait en Amérique du Nord et en Inde et diminuait en Europe et Russie. Depuis 2006, un léger repli a été observé (-1% des effectifs mondiaux) suite à l'augmentation du prix des produits laitiers et du prix des matières premières sur le marché mondial (Office de l'Élevage, 2008). En 2007, l'Inde compte le cheptel le plus nombreux au monde, avec plus de 280 millions de têtes dont la moitié sont des buffles (Coulomb, 2008). Le Brésil vient en deuxième position avec près de 175 millions de bovins devant la Chine (105 millions de bovins) et les États-Unis (97 millions de bovins). Au sein de l'UE, la France a le cheptel le plus conséquent avec 19 millions de têtes.

La hiérarchie des pays producteurs de viande bovine n'est pas identique à celle des cheptels : ce sont les États-Unis, le Brésil et l'UE qui produisent le plus de viande bovine, respectivement 12,1, 9,3 et 8,2 millions de tonnes équivalent carcasse (tec) en 2007. L'Inde et la Chine ne produisent respectivement que 2,5 et 6,1 millions des 66 millions de tec produites au niveau mondial. Avec 1,5 millions de tec produites en 2007, la France arrive au 6^{ème} rang mondial des pays producteurs de viande (FAO, 2008b).

En 2007, le cheptel allaitant français compte 4,2 millions de vaches, représentant ainsi plus de la moitié des 8,1 millions de vaches recensées en France (GEB, 2008, d'après SSP, Ministère de l'Agriculture) et près de 60% de la production de viande française (GEB, 2008). Ce cheptel allaitant est le plus important de l'UE dont le cheptel bovin compte un tiers de vaches allaitantes.

Avant l'instauration des quotas laitiers en 1983, le cheptel allaitant français ne s'élevait qu'à 3 millions de vaches nourrices dont les deux tiers étaient de races spécialisées pour la production de viande : Blonde d'Aquitaine, Charolaise et Limousine (Jarrige et Auriol, 1992). En 25 ans, le nombre de vaches allaitantes s'est fortement accru par la reconversion de troupeaux de races laitières et mixtes. Une spécialisation du troupeau allaitant s'est également opérée car 77% des vaches allaitantes était de races spécialisées en 2007.

En amont de la filière de production de viande bovine, les éleveurs naisseurs et engraisseurs doivent fournir aux abatteurs, et *in fine* aux consommateurs, des animaux adaptés à leurs besoins en termes de poids et qualités de la carcasse et de la viande. Il existe différentes voies techniques pour faire évoluer les caractéristiques des animaux produits : travailler sur le milieu pour maximiser la

productivité de la population animale disponible ou travailler sur la population animale en sélectionnant les reproducteurs avec le meilleur potentiel génétique pour générer des animaux ayant les caractéristiques recherchées. Pour améliorer génétiquement et de façon continue les populations animales, des initiatives de sélection se sont peu à peu coordonnées dans tous les grands pays d'élevage bovin. Dans la seconde moitié du vingtième siècle, ces initiatives ont abouti à la mise en place de programmes d'amélioration génétique des animaux pour la production de viande bovine, autour d'objectifs, moyens et outils de sélection partagés par des noyaux d'éleveurs vendeurs de reproducteurs. Ces programmes visent à exploiter la variabilité génétique des caractères pour cumuler les effets favorables au fil des générations.

L'efficacité d'un programme de sélection doit être évaluée sur les plans technique et économique. D'un point de vue technique, un schéma de sélection est efficace s'il permet de réaliser et de cumuler au cours des générations un certain progrès génétique, de limiter la prise de risque lors des choix de sélection et de maintenir un certain niveau de variabilité génétique dans la population. D'un point de vue économique, un schéma de sélection est efficace si le bénéfice collectif issu de l'amélioration génétique est supérieur au coût de mise en place du schéma (Poutous et Vissac, 1962).

Selon Harris et Newman (1994), la mise en place d'un programme de sélection efficace repose sur quatre étapes fondamentales :

- la détermination d'objectifs et de critères de sélection,
- la réalisation d'évaluations génétiques permettant un choix objectif des reproducteurs,
- l'organisation et l'optimisation des différentes actions de création du progrès génétique,
- la diffusion de ce progrès génétique dans la population via diverses stratégies d'utilisation des reproducteurs.

Les objectifs de sélection correspondent aux caractères hérissables que l'on souhaite améliorer dans la population. La définition des objectifs est une étape préalable à la mise en place de tout schéma de sélection. Dans le cas d'une sélection multicaractère, il s'agit de définir une fonction objectif qui permette de prédire la valeur génétique de synthèse d'un animal en combinant les valeurs génétiques des objectifs élémentaires (Smith, 1936 ; Hazel, 1943). La démarche prônée par les généticiens pour rationaliser la construction de l'objectif de sélection repose sur la modélisation de systèmes de production dont l'efficacité est souvent considérée en termes strictement économiques. Cette étape est importante pour l'amélioration de la population parce qu'elle procure un moyen rationnel de sélectionner les animaux économiquement les plus

intéressants, c'est-à-dire ceux qui offrent le meilleur compromis entre plusieurs caractères d'intérêt économique (Garrick et Golden, 2009).

Les critères de sélection correspondent aux caractères sur lesquels porte le choix des reproducteurs afin d'atteindre l'objectif. Ce sont les caractères mesurés pour lesquels sont calculés les index élémentaires de valeur génétique et dont une combinaison linéaire constitue le plus souvent l'index synthétique de sélection (Goddard, 1983).

L'évaluation génétique consiste à obtenir un index pour chaque candidat à la sélection, c'est-à-dire une prédiction de sa valeur génétique additive (part transmissible à la descendance). Les index sont calculés à partir des performances recueillies sur l'animal à évaluer et ses apparentés. La réalisation d'une évaluation génétique suppose donc l'enregistrement des généalogies et des performances des animaux. La méthode statistique de référence utilisée depuis la fin des années 1980 pour prédire les valeurs génétiques est le Best Linear Unbiased Prediction ou BLUP (Henderson, 1973) appliqué à un modèle animal. La prise en compte des relations de parenté entre tous les animaux permet de comparer les valeurs génétiques d'animaux dans l'espace et le temps dès lors qu'il existe des animaux apparentés qui ont été contrôlés dans différents environnements et à diverses périodes.

Afin de maximiser la réponse à un cycle de sélection, il faut sélectionner les reproducteurs dont l'index BLUP dépasse un seuil commun à tous les candidats à la sélection (Henderson, 1977 ; Goffinet et Elsen, 1984 ; Fernando et Gianola, 1986). En revanche, cette règle de sélection ne permet pas d'optimiser la réponse à plusieurs cycles de sélection. En effet, la sélection d'un caractère implique une diminution de la variance génétique de la population et de l'espérance du progrès génétique aux générations suivantes (Bulmer, 1971). Par rapport à d'autres méthodes moins précises comme la sélection sur le phénotype, la sélection sur indices BLUP entraîne une augmentation de la probabilité de co-sélection d'individus apparentés issus des meilleures familles parce qu'elle prend en compte toutes les relations de parenté qui existent entre les animaux (Belovsky et Kennedy, 1988 ; Quinton et al., 1992). La sélection de reproducteurs plus fortement apparentés augmente le niveau moyen de consanguinité dans la population et réduit la variance génétique de la population. A moyen et long terme, le maintien d'une variabilité génétique suffisante est un critère d'efficacité du schéma parce qu'elle permet de préserver de futures possibilités de sélection. Dans une grande population (~150 reproducteurs efficaces), il a été montré par simulation (Verrier et al., 1993) que la sélection sur indices BLUP est toujours plus performante qu'une sélection phénotypique à court comme à plus long terme (30 générations). Cependant, dans

des populations de petite taille en termes d'effectif génétique (~15 reproducteurs efficaces) dans lesquelles une intensité de sélection élevée est appliquée, la réduction de la variance génétique liée à la sélection sur indices BLUP peut être telle que la sélection phénotypique donne de meilleurs résultats en considérant un horizon d'une dizaine de générations (Verrier et al., 1993). Dans des noyaux de sélection fermés et de petite taille, des stratégies optimisées pour le choix et l'accouplement des reproducteurs doivent donc être mis en place pour maintenir progrès génétique et variabilité génétique (Toro et Perez-Enciso, 1990).

Ces considérations scientifiques sont vérifiées sur le terrain par les observations empiriques des professionnels de la sélection des bovins allaitants, qui relèvent que les index calculés par la méthodologie BLUP désignent souvent les reproducteurs à sélectionner parmi les mêmes lignées familiales très bien connues au détriment de lignées plus originales. Les sélectionneurs s'inquiètent des conséquences négatives de l'utilisation des index BLUP pour l'efficacité à long terme de la sélection en bovins allaitants.

Mis en place par étapes successives de la fin des années 1980 à celle des années 1990, les modèles utilisés actuellement pour les évaluations génétiques des reproducteurs allaitants en ferme comme en station sont restés simples en raison des capacités de calcul initialement limitées.

D'une part, le modèle actuel d'évaluation génétique en ferme ne permet pas de prendre en compte les différences de connaissance des généalogies qui existent entre animaux car il suppose une population homogène de fondateurs non sélectionnés et non apparentés. Du fait de l'élévation du niveau génétique induit par la sélection, cette hypothèse n'est évidemment pas vérifiée dans les populations bovines allaitantes dans lesquelles les généalogies sont connues sur un nombre variable de générations. Le modèle d'évaluation génétique en ferme est susceptible de pénaliser les animaux aux généalogies les plus courtes. En outre, il existe de grosses disparités dans les choix de reproducteurs entre élevages allaitants selon les systèmes de production, le niveau d'utilisation de l'insémination artificielle (IA) et les modalités d'approvisionnement en taureaux de monte naturelle (MN). Ces différentes pratiques de sélection et de reproduction sont également susceptibles d'induire des différences de niveau génétique entre fondateurs.

D'autre part, pour des raisons opérationnelles de mise en place par étapes successives depuis les années 1980 et antérieures à l'évaluation BLUP en ferme, les modèles d'évaluation génétique des reproducteurs en station n'intègrent pas l'ensemble des informations disponibles et ayant servi à la sélection des mâles entrant en station. Ces modèles pourraient limiter la sélection de reproducteurs issus de taureaux de MN parce que leurs index sont prédits avec une quantité d'information disponible en station moindre que celle des fils de taureaux d'IA et que les animaux

évalués en station sont un échantillon non aléatoire des descendants mâles de certaines lignées parentales : ils sont choisis comme étant *a priori* les meilleurs sur la croissance dans un nombre limité d'élevages constituant le noyau de sélection.

Afin de répondre à ces interrogations, la thèse est organisée en deux grandes parties qui concernent 1) la caractérisation de la diversité génétique disponible dans chacune des trois races bovines allaitantes spécialisées et 2) la comparaison de divers modèles d'évaluation génétique en ferme et en station pour mesurer l'impact d'un changement de modèle en terme d'efficacité de la sélection et de choix des reproducteurs entre lignées d'IA et de MN.

Afin de resituer le travail de thèse dans le contexte de la sélection des bovins allaitants, un premier chapitre décrit l'organisation de la sélection des bovins allaitants en France. Cette synthèse a également pour objet de dégager les spécificités du dispositif d'amélioration génétique français par rapport aux organisations rencontrées dans trois grands pays d'élevage allaitant que sont l'Australie, le Brésil et les Etats-Unis.

Le chapitre 2 est consacré à la caractérisation, à l'aide d'analyses de pedigree, de la diversité génétique des trois principales races bovines allaitantes françaises spécialisées pour la production de viande : la Blonde d'Aquitaine, la Charolaise et la Limousine.

Les chapitres 3 et 4 concernent les travaux effectués sur les modèles d'évaluation génétique des reproducteurs en ferme (chapitre 3) et en stations (chapitre 4). Différentes évolutions de ces modèles ont été étudiées et comparées aux modèles actuels en terme d'efficacité de la sélection.

Chapitre 1.

Organisation des programmes de sélection en France et dans le monde

1. INTRODUCTION

Longtemps réalisée sur le seul phénotype, la sélection des animaux d'élevage a profondément évolué depuis le milieu du 20^{ème} siècle grâce au développement de la génétique quantitative. Des schémas de sélection se sont organisés progressivement pour créer et diffuser le progrès génétique. Ils se sont dotés d'outils pour rationaliser et fiabiliser le choix des reproducteurs. Dans le cas des bovins, les programmes de sélection sont généralement mutualisés pour trois raisons principales. Tout d'abord, les coûts d'entretien élevé des animaux rendent impossible la détention par un seul sélectionneur d'un cheptel de taille suffisante pour améliorer génétiquement son troupeau. Ensuite, le long intervalle de génération de l'espèce bovine retarde le retour sur investissement des opérations de sélection. Enfin, le développement de l'insémination artificielle (IA) dans les années 1960 a nécessité la mise en place d'infrastructures relativement onéreuses pour la sélection et la diffusion des taureaux d'IA.

En raison de contextes économiques, de systèmes de production et d'objectifs de sélection différents, l'organisation des schémas de sélection a pris diverses formes dans les différents pays d'élevage allaitant. En France, l'organisation des différents acteurs des schémas de sélection mise en place par la Loi sur l'Élevage de 1966 a été récemment modifiée par la Loi d'Orientation Agricole (LOA) du 6 janvier 2006. L'objectif de cette synthèse est de présenter le dispositif d'amélioration génétique français et de le comparer aux organisations rencontrées dans les autres grands pays d'élevage allaitant. Ne pouvant être exhaustive de l'ensemble des pays et des races sélectionnées, la synthèse concerne les principales races sélectionnées de trois pays majeurs de l'élevage bovin allaitant : les Etats-Unis, l'Australie et le Brésil. Ces pays ont été choisis tant pour leur poids dans l'économie mondiale de la production de viande que le dynamisme de leurs schémas de sélection bovins allaitants (Tableau 1.1).

Tableau 1. 1. Taille du cheptel allaitant, production et exportation de viande bovine

Pays	Nombre de bovins allaitants (en millions)	Nombre vaches allaitantes (en millions)	Production de viande (en millions de tec)	Exportations (en millions de tec)
Australie	28	5,0	2,2	1,5
Brésil	167	50	8,7	2,5
Etats-Unis	105	33	12,0	0,6
France	19	4,2	1,3	0,3

(Source : GEB 2007 – GEB 2008, d'après Institut de l'Élevage, USDA, MLA, ABARE, FAO, Eurostat, SSP)

Avec 28 millions de têtes de bovins allaitants, l'Australie a été privilégiée par rapport à l'Inde (282 millions de têtes), la Chine (104 millions de têtes) ou même l'Argentine (55 millions de têtes) car elle est le deuxième exportateur mondial de viande bovine derrière le Brésil (Office de l'Elevage, 2008) et est dotée d'un système d'évaluation génétique performant qu'elle exporte de par le monde.

2. NATURE ET ORGANISATION DE L'ELEVAGE ALLAITANT

2.1. ORGANISATION DE LA PRODUCTION

Avec environ 4,2 millions de vaches allaitantes recensées en 2007 (GEB, 2008, source SSP – Ministère de l'Agriculture), dont près de 3,7 millions de race pure (GEB, 2008, source Institut de l'Elevage), la France est le premier pays d'élevage allaitant en Europe. L'organisation de la phase d'élevage de la filière de production de viande bovine (naissage – engraissement) est particulière en France. Selon le Réseau d'Information Comptable Agricole (RICA), en 2002, 69% des élevages bovins allaitants étaient des naisseurs stricts, 16% étaient naisseurs-engraisseurs, 2% des élevages étaient spécialisés dans l'engraissement et enfin 13% couplaient élevage bovin allaitant et élevage de petits ruminants (Chatellier et al., 2005). Les élevages dédiés strictement à l'engraissement sont donc très peu nombreux, une partie importante de la production des brouards français étant exportés dans les grands ateliers d'engraissement d'Italie et d'Espagne (Sarzeaud et al., 2007).

En France, la loi sur l'élevage de 1966 a fortement promu le suivi technique des élevages par un organisme de contrôle des performances (OCP) indépendant pour augmenter leur productivité. En comparaison d'autres pays, la proportion de vaches contrôlées est donc relativement importante. Le protocole de contrôle le plus complet de l'OCP, appelé VA4, prévoit la certification des généalogies des animaux et l'enregistrement en ferme des performances de croissance (4 pesées) et de morphologie entre la naissance et le sevrage par un technicien habilité. Dans la majorité des races bovines allaitantes françaises, la proportion d'élevages dont les animaux sont contrôlés selon ce protocole s'élève aux alentours de 10 à 15% (Guerrier, 2007).

Avec respectivement 50, 34 et 5,5 millions de vaches, le Brésil, les Etats-Unis et l'Australie possèdent trois des plus grands troupeaux de vaches allaitantes au monde (Ferraz et de Felicio, 2009 ; USDA Census, 2002 ; ABARE, 2006).

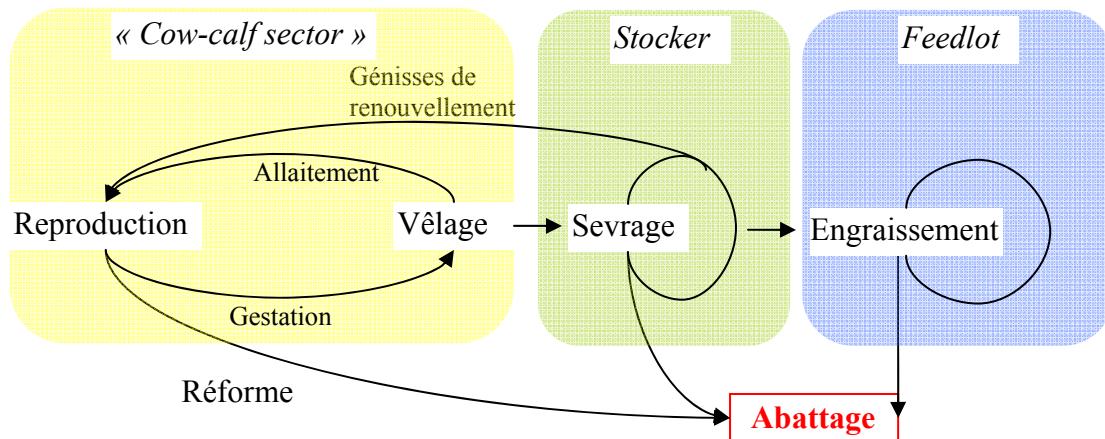


Figure 1. 1. Organisation de la phase d'élevage de la filière viande bovine en Australie, au Brésil et aux Etats-Unis (d'après Euclides-Filho, 1999)

Dans ces trois pays, la phase d'élevage en amont de la filière viande se décompose en trois étapes (Figure 1.1) : le naissage (« *cow-calf sector* »), le *stocking* qui vise à élever les broutards, généralement en systèmes extensifs (« *stockers* »), pour les amener en phase finale d'engraissement en système extensif ou intensif (« *feedlots* »).

Au Brésil, bien que certains élevages se soient spécialisés dans une étape de ce système, la majorité des éleveurs sont à la fois naisseurs et engraisseurs (Euclides-Filho, 1999). Le naissage comme l'engraissement des animaux sont principalement réalisés dans un système de production sur pâtures (Ferraz et de Felicio, 2009). Le nombre de *feedlots* est actuellement en augmentation dans ce pays (Faminow, 1997), notamment sous l'impulsion de grands groupes d'abattage Brésiliens tels JBS, Marfrig et Bertin (Chotteau, 2009). Toutefois, ces *feedlots* n'engraissent encore qu'une faible part (6,7%) des animaux abattus (Ferraz et de Felicio, 2009, d'après ASSOCON, 2009).

Aux Etats-Unis et en Australie, une spécialisation plus marquée des élevages de bovins allaitants existe, ces élevages se focalisant sur une étape du cycle de production. Ainsi, environ 65 à 70% des élevages allaitants se consacrent au naissage (Neureuther et Kenyon, 2008 ; ADAFF, 2006). Une proportion non négligeable des élevages de bovins allaitants se consacre uniquement au *stocking* (5% en Australie et 16% aux USA). Aux Etats-Unis et en Australie, une grande partie de l'engraissement est réalisé par un nombre très réduit de *feedlots* dont l'intégration verticale est

forte, beaucoup de feedlots étant détenus par de grands groupes d'abattage (Tyson, Cargill et JBS aux USA). Ces structures sont généralement de grande taille : par exemple, aux USA, les feedlots engraisant plus de 1000 têtes par an (2% des élevages engraisseurs) réalisent 85% de l'activité d'embouche, les 25 plus importants feedlots (>32 000 têtes par an) représentant à eux seuls 40% des abattages. Le reste de l'activité d'engraissement est réalisé par un nombre élevé d'élevages engraisseurs ou naisseurs-engraisseurs de taille plus modeste qui représentent environ 10% et 20% des exploitations respectivement aux USA et en Australie (Blach, 2005 ; ADAFF, 2004).

2.2. STRUCTURATION DES POPULATIONS ENTRE ELEVAGES DE PRODUCTION ET DE SELECTION

Dans les quatre pays étudiés, les élevages de bovins allaitants réalisant une activité de naissance sont structurées entre élevages de production et de sélection. Les élevages de production fournissent la majeure partie des animaux destinés à la boucherie. Les élevages de sélection fournissent avant tout les reproducteurs utilisés dans d'autres élevages soit par monte naturelle (MN), soit par IA. L'amélioration génétique des populations bovines allaitantes pour la production de viande passe donc par la diffusion de ces reproducteurs ou de leurs semences dans l'ensemble de la population en exploitant la variabilité génétique intra et entre races. L'enregistrement des performances et des généalogies des animaux est un prérequis indispensable pour effectuer le choix des reproducteurs. Les élevages réalisant ces enregistrements constituent la « base de sélection » de la population. L'amélioration génétique d'une population peut donc être réalisé en concentrant les efforts de sélection sur ces élevages formant le noyau de sélection. Les structures et infrastructures des schémas de sélection se sont généralement organisées autour de cette base de sélection pour fournir à leurs acteurs des outils de décision pertinents et fiables pour assurer les choix de reproducteurs.

En Australie, au Brésil et aux Etats-Unis, les noyaux de sélection des races de bovins allaitants représente entre 2% et 5% de l'ensemble des populations (Golden et Garrick, 2009 ; P.A. Vozzi, communication personnelle). Ces noyaux représentent donc une part plus faible des populations de bovins que les bases de sélection des races bovines en France (10 à 15%). Toutefois, selon Shepherd et Kinghorn (1992), la taille optimale des noyaux de sélection en espèce bovine serait comprise entre 2% et 11%, cette taille étant d'autant plus importante que l'intensité de sélection des mâles est forte.

2.3. PRINCIPALES RACES BOVINES ALLAITANTES SELECTIONNEES

En France, les neuf races bovines allaitantes sélectionnées pour la production de viande appartiennent au groupe des races « continentales ». Selon Méniessier et Bouix (1992), ces races sont classées en trois catégories:

- Les races « spécialisées » (Blonde d'Aquitaine, Charolaise et Limousine) sont sélectionnées depuis longtemps pour la production de bovins de boucherie. Ces races présentent d'excellentes aptitudes bouchères et sont fréquemment employées comme races paternelles pour le croisement terminal. Les vaches sont généralement exploitées en race pure. En 2008, elles représentaient 88% des vaches allaitantes de race pure recensées en France (FGE, 2009). Ces trois races ont été également fortement exportées de par le monde depuis 40 ans.
- Les races rustiques (Aubrac, Gasconne et Salers) sont plus adaptées aux milieux difficiles de moyenne montagne du Centre et du Sud de la France. A l'origine, ces races étaient également sélectionnées pour la production de lait. Aujourd'hui, seule subsiste une sélection de la Salers en race traite (5% des effectifs). Ces races maternelles sont exploitées en race pure ou en croisement. En 2008, ces trois races représentent 10% des vaches allaitantes de race pure recensées en France (FGE, 2009).
- Les races mixtes reconverties pour la production de viande : la Bazadaise, la Parthenaise et la Rouge des Prés. Ces races représentent environ 2% des effectifs de vaches allaitantes de race pure recensées en France en 2008.

En outre, il existe plus d'une vingtaine d'autres races allaitantes (Blanc Bleu Belge, Hereford, etc.) qui représentent moins de 1% des effectifs de vaches allaitantes sélectionnées en race pure en France.

En Australie et aux Etats-Unis, les races les plus souvent exploitées en race pure pour la production de viande sont de type « Britannique », les plus communément rencontrées étant l'Angus et la Hereford. Ces deux races, particulièrement adaptées aux systèmes extensifs de ranching, représentent environ 48% et 57% des enregistrements dans les livres généalogiques bovins respectivement en 2001 en Australie et en 2000 aux Etats-Unis (Tableau 1.2).

Tableau 1. 2. Nombre d'enregistrements annuels dans les livres généalogiques des principales races sélectionnées pour la production de viande bovine aux Etats-Unis et en Australie

		Etats-Unis (2000)		Australie (2001)	
Type racial	Races	Effectifs	Proportion (%)	Effectifs	Proportion (%)
Britannique	Angus	268 460	43,3	27 200	20,7
	Hereford	81 840	13,2	35 500	27,0
	Shorthorn	19 220	3,1	8 100	6,1
	Murray Grey	-	-	8 400	6,4
Continental	Limousin	39 680	6,4	5 400	4,1
	Charolais	37 820	6,1	5 000	3,8
	Salers	11 780	1,9	-	-
	Rouge des Prés	11 160	1,8	-	-
	Simmental	35 960	5,8	3 900	3,0
	Gelbvieh	45 880	7,4	800	0,6
Tropical	Brahman	6 820	1,1	11 700	8,9
Composites	Beefmaster	26 660	4,3	-	-
	Brangus	2 480	0,4	1 600	1,2
	Braford	2 480	0,4	1 600	1,2
	Santa Gertrudis	6 820	1,1	7 500	5,7
	Droughtmaster	-	-	6 000	4,6
Autres		23 000	3,7	8 800	6,7

Source : Blackburn et Gollin, 2009 ; Limousin Australia, d'après Australian Department of Primary Industries

D'autres races d'origine britannique sont également sélectionnées dans ces deux pays mais présentent de plus faibles effectifs, en particulier la Shorthorn. Le pourcentage d'animaux inscrits dans les livres généalogiques de chaque race ne reflète pas fidèlement la taille réelle de la population. En effet, en 2005, seulement 19% et 8% des vaches allaitantes recensées en Australie étaient de race Hereford et Angus (ABARE, 2006). En Australie, une partie importante du bassin de production étant située en zone tropicale, les zébus (*Bos Indicus*) sont fréquemment utilisés pour la production de viande, notamment la race Brahman qui représente environ 9% des enregistrements généalogiques mais 18% des effectifs de vaches allaitantes en 2005 (ABARE, 2006).

En 2007, environ 50 millions de vaches allaitantes ont été recensées au Brésil parmi lesquelles figuraient environ 70% de femelles zébus (*Bos Indicus*) (Ferraz et de Felicio, 2009). La

principale race de zébu sélectionnée est la Nelore qui rassemble environ 80% des effectifs de zébus. Les effectifs des races Nelore Mocha (7%), Gir (7%), Guzera (4%) et Tabapua (3%) sont beaucoup plus faibles (P.A. Vozzi, communication personnelle). Les races taurines sont principalement utilisées dans les zones les plus tempérées au sud du Brésil et en croisement sur des lignées maternelles zébus. Ces races ont été importées des Etats-Unis (Angus, Hereford) ou d'Europe (Charolaise, Limousine et Simmental). Certaines races taurines adaptées aux milieux tropicaux (Caracu, Senepol et Bonsmara) font l'objet d'un intérêt croissant notamment dans des programmes de croisement (Ferraz et de Felicio, 2009).

2.4. OBJECTIFS DE SELECTION

Quel que soit le pays d'élevage, les objectifs de sélection des races allaitants se répartissent entre aptitudes bouchères (AB) et qualités d'élevage (QE). L'orientation vers l'un ou l'autre de ces objectifs est fonction des choix d'élevage et de production : en race pure ou en croisement. L'amélioration des AB vise à augmenter la quantité et la qualité de viande commercialisable de la carcasse sans augmenter les coûts de production (Fouilloux, 2000). Les différents critères utilisés pour atteindre cet objectif sont nombreux et peuvent varier entre pays. Ils concernent généralement la vitesse de croissance, l'efficacité alimentaire des animaux, la qualité des carcasses (conformation, rendement, adiposité) et les qualités de la viande (couleur, tendreté, persillé). Une contrainte est généralement posée sur la facilité de naissance. L'amélioration des QE vise à augmenter la productivité pondérale par vache tout en limitant ses besoins nutritionnels et le nombre d'interventions humaines nécessaires. Les principaux critères de sélection utilisés pour améliorer les QE concernent la précocité sexuelle, la fertilité, l'aptitude au vêlage et à l'allaitement, la viabilité et la croissance des veaux avant sevrage et la longévité des vaches. Les aptitudes fonctionnelles font également partie des qualités d'élevage recherchées par les éleveurs de bovins allaitants. En France les aptitudes fonctionnelles recherchées sont liées principalement à la locomotion et l'ingestion d'aliments grossiers. Au Brésil, ces aptitudes fonctionnelles concernent la résistance aux parasites et à la chaleur (Cardoso et al., 2006 ; Bertipaglia et al., 2006). Dans tous les pays, l'amélioration de la docilité des animaux est un objectif recherché pour les races jugées trop vives en l'absence de contacts humains fréquents (Angus, Limousine, Nelore). Enfin, un autre objectif de sélection spécifique de l'élevage en race pure concerne la conformité à un standard de race (harmonie de l'animal, couleur de la robe, expression de la tête).

2.5. IMPORTANCE DU CROISEMENT DANS LES DIFFERENTS PAYS

2.5.1. DESCRIPTION DES DIVERS SYSTEMES DE CROISEMENT

La réalisation de croisements entre plusieurs races présente un double intérêt pour la production de viande. Elle permet d'une part de combiner les qualités de chacune des races parentales pour la production d'animaux adaptés aux besoins du marché et d'autre part de profiter de l'effet d'hétérosis. Le croisement permet donc en premier lieu d'utiliser la complémentarité des aptitudes entre races avec généralement une race maternelle présentant de bonnes aptitudes d'élevage et une race paternelle présentant de bonnes aptitudes bouchères. Il permet ensuite de bénéficier de l'hétérosis. L'hétérosis se définit comme la supériorité phénotypique d'un individu par rapport à la moyenne des performances de ses parents (Minvielle, 1990), cette différentielle étant généralement exprimée en pourcentage de la moyenne des performances parentales. L'hétérosis correspond donc à un effet génétique non additif qui est d'autant plus important que la distance génétique entre les races parentales est importante. Enfin, l'effet d'hétérosis peut être lié aux effets des gènes de l'individu sur lequel est mesurée la performance (on parle d'hétérosis direct) ou aux effets des gènes de la mère de cet individu (on parle alors d'hétérosis maternel).

Tableau 1. 3. Effets d'hétérosis direct et maternel (exprimés en %) estimés pour différents caractères de croissance, de santé, reproduction et productivité en race bovines allaitantes

Caractère	Unité	Effet d'hétérosis direct (%)	Effet d'hétérosis maternel (%)
Facilité de naissance	%	4,4	3,7
Survie au sevrage	%	1,9	1,5
Poids à la naissance	kg	2,4	1,8
Poids au sevrage	kg	3,9	3,9
Poids post-sevrage (365 j)	kg	3,8	-
Gain moyen quotidien	kg/jour	2,6	-
Longévité des vaches	année	16,2	-
Nombre de veaux/vache		17	-
Productivité pondérale cumulée au sevrage	kg	25,3	-

Source : Weaber, 2004

Les effets d'hétérosis sont faibles sur les caractères de croissance et de conformation mais sont bien plus importants sur les caractères de santé, de reproduction et de longévité, pour lesquels

les performances des individus croisés peuvent être de 10 à 30% supérieures à celles de leurs parents (Tableau 1.3). L'utilisation de lignées maternelles croisées est donc une alternative intéressante pour l'amélioration de la productivité pondérale cumulée au sevrage des vaches. Cette amélioration provient des meilleures performances de reproduction et de longévité des vaches mais également d'un environnement maternel plus favorable à la survie et à la croissance de leurs veaux (Weaber, 2004).

Pour améliorer la production de viande, les effets d'hétérosis peuvent être exploités soit en élevant des veaux issus du croisement de deux lignées parentales complémentaires, soit en utilisant des reproducteurs croisés. Trois stratégies de croisement sont couramment utilisées pour tirer partie des bénéfices de l'hétérosis : le croisement terminal, les systèmes de croisements rotatifs pour la création de lignées maternelles croisées, la création de lignées synthétiques.

Le croisement terminal consiste à croiser deux lignées parentales aux caractéristiques complémentaires pour produire des veaux qui seront tous commercialisés, mâles comme femelles. Quatre systèmes de croisement terminal sont illustrés en figure 1.2.

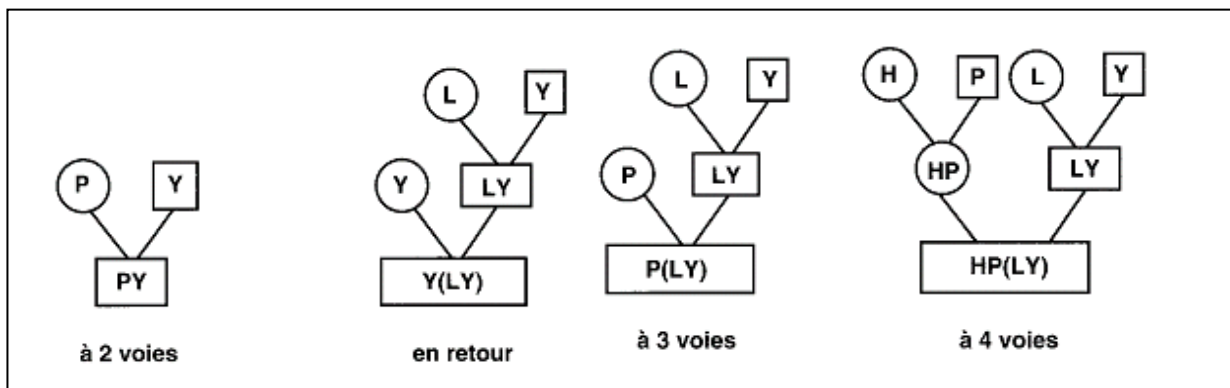


Figure 1. 2. Principaux systèmes de croisement terminal (adapté de Bidanel, 1992)

Le système de croisement terminal le plus simple consiste à croiser deux races : par exemple, une race paternelle A reconnue pour ses aptitudes bouchères et une race maternelle B reconnue pour ses qualités d'élevage. Le croisement terminal permet de profiter au mieux de la complémentarité entre races et des effets d'hétérosis direct. L'utilisation de femelles croisées permet de bénéficier en plus des effets d'hétérosis maternels mais met en œuvre des schémas de croisement plus complexes (croisement en retour, à 3 ou 4 voies). Toutes les femelles de la génération terminale étant commercialisées, le croisement terminal pose la question de l'approvisionnement en reproductrices. Ces systèmes de croisement terminal sont décrits en détail par Bidanel (1992) et Weaber (2004).

Les systèmes de croisements rotatifs consistent à croiser différentes lignées parentales pour la production de jeunes bovins de boucherie et de génisses de renouvellement. Le système de croisement rotatif le plus simple est celui à deux races paternelles, également appelé croisement alternatif. Ce système est illustré en figure 1.3 : en première génération, les vaches de race A sont croisées avec des taureaux de race B.

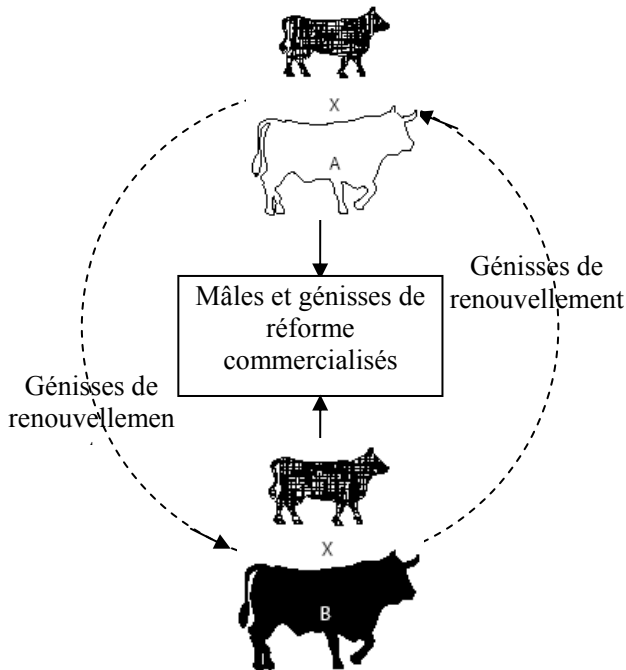


Figure 1. 3. Illustration d'un système de croisement rotatif à deux races paternelles (adapté d'après Weaber, 2004)

Les femelles croisées conservées sont accouplées à la génération suivante, et pendant toute leur carrière, avec un taureau de race pure opposée à celle de leur père. Ce système de croisement alternatif permet de maintenir dans le troupeau de vaches un effet d'hétérosis maternel égal à 66% de celui obtenu par des femelles F1, femelles pour lesquelles l'effet d'hétérosis maternel est maximal. L'augmentation du nombre de races paternelles dans la rotation permet d'améliorer l'effet d'hétérosis maternel dans la population de vaches. Le croisement rotatif s'avère intéressant car il permet d'exploiter effets d'hétérosis directs et maternels. Toutefois, sa mise en œuvre demande une bonne gestion de la reproduction du troupeau de vaches, du fait des

disparités de composition du patrimoine génétique de ces vaches.

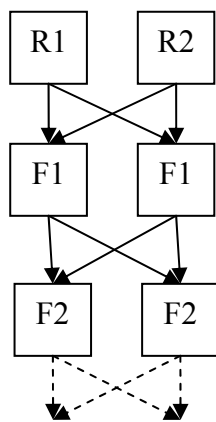


Figure 1. 4. Création d'une race composite à partir de deux races parentales R1 et R2

Enfin, la création de lignées composites, ou synthétiques, consiste à créer une nouvelle population à partir de plusieurs races parentales aux caractéristiques complémentaires. Tous les reproducteurs utilisés dans ce système, mâles comme femelles, possèdent des gènes issus des populations fondatrices en proportions plus ou moins importantes selon le système retenu.

Le système le plus simple pour la création d'une lignée composite se base sur deux races parentales R1 et R2 : en génération 1, les mâles F1 sont accouplés aux femelles F1, en génération 2, les mâles F2 sont accouplés aux femelles F2 et ainsi de suite (Figure 1.4). L'objectif est de stabiliser la contribution

génétique de chaque race parentale dans la population pour garantir une stabilité des performances des animaux à chaque génération.

Ce système cumule les avantages d'une conduite simple du troupeau de vaches et de l'utilisation des effets d'hétérosis directs et maternels, ces effets étant toutefois moins élevés que ceux obtenus dans les systèmes précédents. Dans les différents pays d'élevage allaitant, de nombreuses races synthétiques ont été créées pour une utilisation soit en race maternelle, soit en race paternelle pour le croisement terminal (telle l'INRA95 créée par l'INRA sur le domaine expérimental de Carmaux).

Dans les pays aux climats chauds ou tropicaux, de nombreuses populations synthétiques ont été créées à partir de croisements *Bos Taurus x Bos Indicus* afin de profiter des aptitudes d'adaptation des zébus : Brangus, Braford, Simbrah, Santa Gertrudis, Charbray / Canchin, Beefmaster, Droughtmaster, Blonel, etc. L'utilisation de races taurines dans ces croisements permet d'améliorer les aptitudes bouchères des produits mais également la tendreté de leur viande. Toutefois, plus la proportion de gènes taurins dans les croisements est importante et plus l'adaptation en milieu tropical des produits est difficile, notamment en ce qui concerne les performances de reproduction et la résistance aux parasites (mouches, tiques) et à la chaleur (Ferraz et Fries, 2006).

2.5.2. UTILISATION DU CROISEMENT DANS LES DIFFERENTS PAYS

En France, en dehors du croisement terminal, très peu d'éleveurs réalisent des croisements entre plusieurs races pour la constitution de leur troupeau de vaches. En effet, le taux de vaches croisées conservées pour la reproduction est faible (12%, d'après GEB, 2008), et ce en incluant les vaches issues de croisement sur races laitières. Pour des raisons historiques et d'association d'une race à une région particulière, les éleveurs allaitants choisissent en grande majorité d'élever des animaux de race pure. De plus, l'élevage des femelles en race pure facilite la gestion de la reproduction dans ces troupeaux de faible taille.

Au contraire, dans tous les autres grands pays d'élevage allaitant, l'utilisation du croisement est fréquente chez les éleveurs commerciaux, que ce croisement soit terminal ou pour la création de lignées maternelles (Golden et al., 2009 ; Ferraz et de Felicio, 2009). Les races taurines continentales (Blonde d'Aquitaine, Charolaise, Chianina, Limousine, Piemontese, Simmental) sont fréquemment utilisées en croisement terminal sur lignées maternelles de race pure (Angus, Hereford, zébus) ou croisées pour améliorer la croissance et la conformation des produits. Dans les

régions tempérées d’Australie et des Etats-Unis, des systèmes de croisement rotatifs, incluant le plus souvent des races britanniques, sont utilisés pour générer des troupeaux de femelles croisées. Dans les régions chaudes ou tropicales des Etats-Unis, d’Australie et du Brésil, l’utilisation du croisement rotatif ou de races synthétiques incluant des races de zébus est la norme. En 2005, 11% des vaches allaitantes australiennes étaient issues de croisements entre deux races britanniques, 5% entre races continentales et britanniques et 15% entre races taurines et de zébus (ABARE, 2006). Aux Etats-Unis, les races tropicales et synthétiques représentaient respectivement 1% et 6% des animaux enregistrés dans les livres généalogiques en 2000 (Tableau 1.2). Toutefois, Blackburn et Gollin (2009) estiment qu’entre 30% et 50% des bovins allaitants possèdent entre 12 et 75% de gènes zébus dans les Etats du Sud des Etats-Unis.

Au Brésil, le croisement est également très courant, notamment entre races taurines et de zébus. Les différents systèmes de croisement présentés ci-dessus sont exploités et l’utilisation de lignées synthétiques connaît actuellement un réel essor (Ferraz et de Felicio, 2009).

3. LE DISPOSITIF D’AMELIORATION GENETIQUE FRANÇAIS

3.1. DE LA LOI SUR L’ELEVAGE A LA LOI D’ORIENTATION AGRICOLE

En France, les différentes structures impliquées dans le dispositif d’amélioration génétique ont été mises en place à l’origine par la Loi sur l’Elevage de décembre 1966. Cette loi avait pour but de faire progresser la qualité sanitaire et le niveau génétique des élevages français afin d’améliorer leur compétitivité face aux autres grands pays d’élevage, en particulier le Royaume-Uni à cette époque. Pour améliorer le niveau sanitaire du cheptel français et faciliter la traçabilité des animaux et des semences, un système national d’identification unique des animaux a été mis en place dès 1970. Plusieurs services ont également été proposés aux éleveurs pour réaliser l’enregistrement, le traitement et la valorisation des performances de leurs animaux dans un but de conseil technique et de sélection.

Certains services ont été mutualisés pour toutes les races : la gestion des identifiants nationaux attribuée aux Etablissements Départementaux de l’Elevage (EDE), la collecte des performances dans les élevages confiée aux organismes de contrôle de performances (OCP), la gestion des systèmes d’information confiée aux Centres Régionaux Informatiques (CRI) et au

Centre de Traitement de l'Information Génétique (CTIG) et le traitement et la valorisation des performances, avec notamment le calcul des index de valeur génétique, confiés à l'INRA et à l'Institut de l'Élevage (IE) (Bougler, 1992). Les autres structures ont été organisées par race. Les Herd-books (HB) ont conservé leur rôle historique de tenue des livres généalogiques. Des schémas collectifs de sélection des taureaux d'insémination animale (IA) ont été mis en place dans les années 1960-1970 pour la sélection de taureaux utilisés pour le croisement terminal sur races laitières. Dans les années 1980, ces schémas ont été réorientés pour proposer aux éleveurs une offre de taureaux de haute valeur génétique pour une production en race pure. La procréation et la diffusion par IA de ces taureaux étaient assurées respectivement par les unités de sélection et les centres de production de semences (CPS). Afin d'assurer une pérennité à ces structures et de proposer un service universel à tous les éleveurs français, une zone d'exclusivité territoriale pour la mise en place des semences avait été définie pour chaque CPS dans la loi de 1966. Enfin, les Unions de Promotion de la Race (UPRa), qui fédéraient HB, unités de sélection et groupements d'éleveurs, ont eu pour but de promouvoir leur race, de définir les objectifs de sélection et d'apporter des conseils techniques aux éleveurs adhérents pour l'amélioration génétique de leur troupeau (Bougler, 1992).

L'ancien dispositif d'amélioration génétique a porté ses fruits en terme de progrès génétique réalisé dans les populations bovines allaitantes, notamment sur les caractères de croissance et de morphologie (Boulesteix et al., 2008). Ce dispositif a été réformé en 2006 par la LOA pour répondre deux objectifs essentiels (CSAGAD, 2006) :

- Assurer une plus grande autonomie financière et décisionnelle du dispositif vis-à-vis de l'Etat.
- Se conformer à la législation européenne notamment en libéralisant le marché de l'IA et en supprimant les zones d'exclusivité territoriale des CPS, au nom du principe de libre concurrence.

Dans un contexte politique plus libéral, les principaux enjeux de la réforme étaient donc de confier le dispositif génétique français à ses principaux acteurs, les éleveurs, tout en garantissant les intérêts à long terme de l'ensemble de la société (CSAGAD, 2006). Ces intérêts à long terme concernent le maintien de la diversité génétique, la définition d'objectifs de sélection acceptés par l'ensemble de la société et le maintien de l'élevage sur l'ensemble du territoire. En effet, l'élevage des espèces ruminantes joue un rôle essentiel dans l'aménagement et l'entretien du territoire, notamment dans les zones herbagères et de montagne.

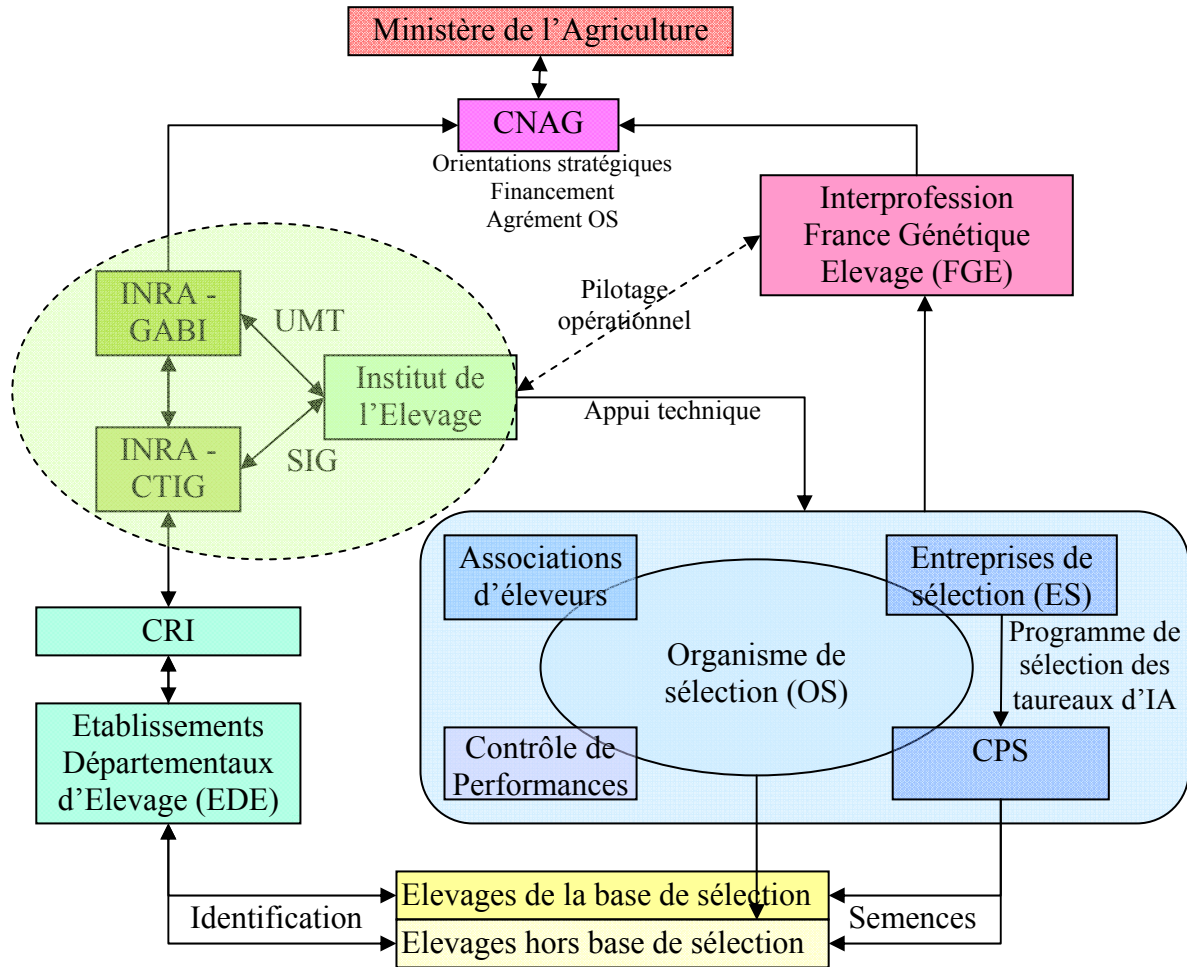


Figure 1. 5. Schéma du dispositif d'amélioration génétique mis en place par la loi d'Orientation Agricole du 5 janvier 2006. CNAG : Commission d'Amélioration Génétique ; INRA : Institut National de la Recherche Agronomique ; UMT : Unité Mixte Technologique ; GABI : Unité de Génétique Animale et Biologie Intégrative ; CTIG : Centre de Traitement de l'Information Génétique ; SIG : Système d'information génétique ; CPS : Centre de Production de Semences

3.2. UN DISPOSITIF MUTUALISE OUVERT A LA LIBRE CONCURRENCE

3.2.1. LES ACTEURS DE LA SELECTION

Le nouveau dispositif d'amélioration génétique a maintenu un service d'intérêt général pour l'enregistrement des performances et des identifiants et la diffusion du progrès génétique. Pour mutualiser une partie des coûts et assurer une qualité de service équivalente à tous les éleveurs, indépendamment de leur localisation géographique, une partie des services proposés aux éleveurs est toujours assurée par des organismes nationaux. Ces structures mutualisées concernent l'identification des animaux (EDE), le contrôle des performances réalisé par un organisme indépendant (OCP), la gestion des systèmes d'information (CRI, CTIG) et les évaluations génétiques (Institut de l'Élevage - INRA). Tous les acteurs des schémas de sélection, dont l'organisation est illustrée en figure 1.5, sont dorénavant représentés au sein d'une interprofession, au statut juridique d'association de type loi 1901, appelée « France Génétique Elevage » (FGE).

Dans la nouvelle LOA, les UPRA ont évolué en organismes de sélection (OS) qui fédèrent, selon l'ancien principe des UPRA, les groupements d'éleveurs, le Herd-Book, les entreprises de sélection et les organismes de contrôle des performances. La création de l'OS correspond à une volonté affichée de rassembler, en une structure unique, tous les acteurs de la sélection d'une race sur un plan national pour proposer une offre cohérente de services aux éleveurs. Ces structures sont généralement des associations de type Loi 1901 mais peuvent également prendre la forme de Groupement d'Intérêt Economique (GIE) en race Charolaise, d'Unions de Coopératives agricoles en races Brune et Simmental ou encore de Sociétés d'Intérêt Collectif Agricole (SICA) en race Rouge des Prés. Les OS sont agréés par le Ministère de l'Agriculture pour la gestion d'une ou plusieurs races, et ce pour une durée de six ans (Arrêté du 7 août 2008). Les OS des races Charolaise et Gasconne ont été agréés au 1^{er} janvier 2008 et ceux des autres races bovines allaitantes ont été agréées au 1^{er} juillet 2008. L'agrément de l'ensemble de ces structures est valable jusqu'au 1^{er} juin 2014.

Selon l'arrêté du 28 décembre 2006, les missions des OS concernent l'orientation du programme d'amélioration génétique (définition des objectifs de sélection, gestion de la variabilité génétique), l'ingénierie de la morphologie raciale (choix des postes de pointage morphologique et formation des pointeurs, collecte et enregistrement des données), la promotion de la race auprès des éleveurs et des consommateurs, la tenue des livres généalogiques (certification, émission de documents individuels ou certificats généalogiques), la coordination des différents acteurs pour la

création et la diffusion du progrès génétique et enfin le maintien de la variabilité génétique de la population sélectionnée. Afin de respecter les règles de la libre concurrence, tous les acteurs de l'OS doivent clairement distinguer le coût de base du service (récolte des données, fourniture de document, coût de mise en place de la semence) du coût de valorisation (conseil, génétique).

3.2.2. LES OUTILS DE LA SELECTION

3.2.2.1. Les évaluations génétiques en ferme (IBOVAL)

Les évaluations génétiques en ferme, dénommées évaluations IBOVAL (pour Indexation BOVins Allaitants), constituent un des outils primordiaux pour la sélection des reproducteurs en ferme. Ces évaluations concernent tous les reproducteurs mâles comme femelles ayant des descendants contrôlés en ferme à la naissance et au sevrage dans les élevages de la base de sélection. Les index produits permettent de classer tous ces reproducteurs sur des caractères de croissance et de conformation des veaux au sevrage mais également sur des caractères maternels : aptitudes au vêlage et à l'allaitement. Ils fournissent un critère objectif pour choisir intra-troupeau les reproducteurs nécessaires au renouvellement mais également choisir les reproducteurs nés dans d'autres troupeaux. La diversité des milieux rencontrés dans les divers élevages peut néanmoins poser des problèmes de précision des valeurs génétiques prédites et de comparaison du niveau génétique des différents élevages si les connexions génétiques sont faibles entre élevages.

Les évaluations génétiques IBOVAL sont réalisées en partenariat entre les membres de l'équipe G2B de l'unité GABI (INRA) et ceux du Département Génétique de l'Institut de l'Elevage regroupés au sein de l'Unité Mixte Technologique « Evaluation génétique des bovins ». Afin de garantir la qualité des évaluations génétiques bovines auprès des utilisateurs, ces acteurs se sont engagés dans une démarche qualité qui a abouti en janvier 2006 à la certification selon la norme ISO 9001 de l'évaluation génétique IBOVAL, depuis la gestion des bases de données par le CTIG jusqu'à la conception des logiciels et la réalisation des évaluations génétiques.

Les évaluations génétiques concernent les reproducteurs évalués en ferme à partir des données mesurées au sevrage (évaluation IBOVAL) ou à partir des données commerciales de carcasses. Le calcul des valeurs génétiques est réalisé à l'aide de la méthode BLUP (Henderson, 1973) en modèle Animal.

3.2.2.2. Les évaluations en stations de contrôle des taureaux

En France comme dans les autres pays étudiés, des stations ont été mises en place pour le contrôle des performances individuelles des taureaux sur leurs aptitudes bouchères, qu'ils soient destinés à l'IA (station de contrôle individuel ou CI) ou à la MN (station d'évaluation ou SE). Ces outils permettent de standardiser les modes de conduite des animaux et de mieux maîtriser les effets de milieu susceptibles d'induire de la variabilité dans les performances. Ces conditions de contrôle standards et homogènes facilitent alors la comparaison entre individus. L'enregistrement de données fiables permet de calculer des index de valeur génétique avec des précisions plus élevées. Ces stations permettent également de réaliser des mesures spécifiques qui requièrent un équipement onéreux ou qui ne pourraient pas être mises en œuvre facilement en routine dans les élevages (relevé des consommations alimentaires en station de CI, mesure d'adiposité par ultrasons, test de docilité, etc). Le fonctionnement de ces stations est décrit en détail par Fouilloux (2000).

Les mâles évalués en stations sont issus des élevages de la base de sélection. Ils sont évalués sur leurs performances de croissance, de morphologie, d'efficacité alimentaire, de composition corporelle (aire des sections de différents muscles, gras intramusculaire, gras sous-cutané). Les évaluations génétiques des reproducteurs en station CI ou SE sont également réalisées conjointement par l'INRA (GABI) et le Département Génétique de l'Institut de l'Elevage. Le calcul des valeurs génétiques est réalisé à l'aide de la méthode BLUP (Henderson, 1973) en modèle Animal.

La fonction sexuelle et les aptitudes fonctionnelles des mâles sont également testées. En races rustiques, l'ouverture pelvienne des taureaux est mesurée comme indicateur de l'aptitude au vêlage des filles (qualité d'élevage). En France, des tests génétiques sont réalisés sur les taureaux dans les stations de contrôle dans le but de détecter des anomalies génétiques. Dans la plupart des races allaitantes dans lesquelles le gène d'hypertrophie musculaire a été détecté, un test de détection de ce gène est réalisé avec pour objectif de contrôler sa propagation voire de l'éradiquer. En effet, ce gène est associé à une conformation musculaire supérieure des produits mais également à des difficultés de vêlage plus fréquentes. D'autres tests génétiques sont réalisés pour détecter des anomalies génétiques (β -manocidase en race Salers) ou chromosomiques telles la translocation robertsonienne 1/29. Cette translocation chromosomique est présente essentiellement dans les populations Blonde d'Aquitaine et INRA95 et est à l'origine d'infertilité des femelles (Ducos et al., 2000).

Les stations SE et CI des taureaux sont généralement raciales et gérées soit par l'OS, soit par des groupements de producteurs. Les taureaux améliorateurs, non retenus pour le schéma d'IA, sont utilisés par monte naturelle dans la population, les plus mauvais sont éliminés. Dans chaque population, ces stations ne fournissent qu'une faible proportion des besoins en taureaux de MN. En effet, si 55% des veaux nés dans la population allaitante française ont un père issu de la base de sélection, seulement 4% sont nés d'un père de MN évalué en stations CI ou SE (Aignel, 2009). La diffusion du progrès génétique au sein de la population allaitante est donc effectuée principalement par la vente directe de taureaux de MN des élevages de la base de sélection aux autres élevages commerciaux.

3.2.2.3. Programme de sélection des taureaux d'IA

Des programmes de sélection des taureaux d'IA allaitants ont été mis en place en France dès les années 1950-1960 pour créer et diffuser le progrès génétique. A l'origine, ces schémas ont été conçus pour proposer des taureaux utilisés en croisement terminal sur races mixtes ou rustiques pour produire des veaux ou jeunes bovins de boucherie avec une croissance et une conformation améliorées. Dès 1957, un contrôle sur descendance sur la croissance et la conformation des veaux en ferme et des jeunes bovins en stations a été mis en place afin de proposer des taureaux améliorateurs avec une valeur génétique prédite précisément. A partir de 1963, s'est développé le contrôle individuel des taureaux en station dans le but de réaliser une présélection des taureaux sur la croissance post-sevrage, la conformation, voire l'efficacité alimentaire avant la mise en testage sur descendance des meilleurs. Face à la diminution du nombre d'inséminations de croisement sur races laitières, rustiques et mixtes dans les années 1970 et 1980, les programmes ont été restructurés vers une utilisation des reproducteurs en race pure. Dans ce contexte, les objectifs de sélection ont dû intégrer à la fois les qualités maternelles des vaches allaitantes afin de réduire les coûts de production des veaux sevrés pour le naisseur et les aptitudes bouchères qui déterminent directement le revenu des engraisseurs. Une sélection sur les qualités maternelles des taureaux d'IA a été introduite tout d'abord au niveau du choix de leurs mères, puis par la mise en place d'un contrôle sur descendance de leurs filles en station en sus de la sélection en CI et du testage de leurs aptitudes bouchères sur jeunes bovins de race pure.

Actuellement, le principal programme de sélection du schéma d'IA concerne l'évaluation sur descendance des taureaux pour les Aptitudes Bouchères (AB) et les Qualités Maternelles (QM) de leurs descendants, et ce dans les trois populations allaitantes spécialisées. Ces programmes

collectifs sont sous la maîtrise d'ouvrage des ES qui s'approvisionnent dans la base de sélection. Ils se composent de trois étapes successives de sélection : 1) la sélection en ferme des veaux mâles répondant au mieux aux objectifs de sélection des schémas, 2) la sélection des meilleurs mâles évalués en station de contrôle individuel (CI) sur leurs performances individuelles de croissance, de morphologie et d'efficacité alimentaire puis 3) la sélection des meilleurs taureaux après un testage sur descendance pour évaluer les aptitudes bouchères et maternelles de leurs produits en stations de contrôle sur descendance (CD) ou en ferme. Le contrôle sur descendance est réalisé en station afin d'homogénéiser au maximum le milieu de contrôle et d'évaluer plus précisément la valeur génétique des taureaux à partir d'un échantillon de descendants sur des caractères qu'ils n'expriment pas (fertilité femelle, aptitudes maternelles) ou qu'on ne peut pas mesurer directement sur eux (rendement et qualité des carcasses). En race Charolaise, le testage sur descendance en station est progressivement remplacé depuis 2004 par un protocole de testage en ferme. A partir de 2011 (AB) et de 2012 (QM), il n'y aura donc plus d'évaluation sur descendance en stations en race Charolaise. A l'issue du testage sur descendance, la semence des meilleurs taureaux est diffusée à large échelle dans le reste de la population. L'ensemble des caractères évalués dans les stations de contrôle sur descendance est décrit en détail par Fouilloux (2000).

Dans les autres races bovines allaitantes, les programmes de sélection des taureaux d'IA n'ont pas d'étape de contrôle sur descendance des taureaux. Les taureaux diffusés par IA reçoivent une autorisation à l'IA suite à un contrôle individuel réalisé en station d'évaluation des taureaux de MN sur des caractères de croissance, de morphologie et d'efficacité alimentaire.

Le calcul des valeurs génétiques, assuré par l'INRA et l'Institut de l'Élevage, est réalisé à l'aide de la méthode BLUP (Henderson, 1973) en modèle Père car les mères supports de testage proviennent pour partie d'élevages non adhérents au contrôle de performance.

3.2.2.4. Les qualifications raciales

Tous les index calculés en ferme et en stations sont utilisés par l'OS pour attribuer des qualifications raciales aux reproducteurs nés dans les élevages adhérents de l'OS. Ces qualifications raciales sont attribuées à toutes les catégories de reproducteurs (jeunes mâles, génisses, taureaux adultes, taureaux autorisés à l'IA). Elles sont des outils qui facilitent la diffusion du progrès génétique parce qu'elles permettent aux éleveurs tant sélectionneurs que producteurs d'identifier les reproducteurs à utiliser pour l'amélioration génétique de leur troupeau.

Les critères d'attribution des qualifications raciales sont définis par race. Pour recevoir une qualification raciale, les jeunes reproducteurs doivent présenter des niveaux minimaux d'index de

croissance et de morphologie au sevrage en ferme et éventuellement d'index post-sevrage en station. Pour recevoir une qualification raciale, les vaches doivent présenter des niveaux minimaux d'index de valeur maternelle au sevrage (IVMAT), un nombre de veaux contrôlés et des performances minimales de morphologie adulte. Enfin, l'attribution des qualifications raciales aux taureaux adultes dépend de leur niveau d'index IBOVAL et de leur morphologie adulte. Des degrés de qualification spéciaux sont définis pour les taureaux ayant subi le protocole de testage sur descendance du schéma collectif de sélection des taureaux d'IA.

3.2.3. LA DIFFUSION DU PROGRES GENETIQUE PAR IA

La diffusion des taureaux par IA est assurée par les CPS. Jusqu'en 2006, elle nécessitait un agrément ou une autorisation délivrée par le Ministère de l'Agriculture.

- **Les taureaux agréés à l'IA** devaient avoir suivi intégralement le protocole de testage sur descendance des programmes de sélection des taureaux d'IA et avoir un certain niveau de précision d'index. Avant la LOA, deux agréments principaux distinguaient les taureaux selon les qualités de leur descendance pour assurer le renouvellement du troupeau (agrément QM) ou pour produire des veaux à engraisser (agrément AB). Un agrément existait également pour les taureaux à musculation précoce, utilisés essentiellement en croisement sur vaches laitières pour la production de veaux de boucherie (agrément VB).
- **Les taureaux autorisés à l'IA**, détenus par des propriétaires privés, étaient généralement issus de lignées prestigieuses reconnues sur les concours pour leurs performances de croissance et de morphologie. Ces taureaux n'étaient pas testés sur descendance dans le cadre du schéma collectif et recevaient une autorisation pour la diffusion d'un nombre limité de doses de leur semence.

La libéralisation du marché de la sélection animale réclamée par la législation européenne a nécessité l'abolition des normes de diffusion des semences de taureaux d'IA imposées par la loi de 1966. Le principe d'agrément et d'autorisation instauré par la Loi sur l'Élevage de 1966 a été supprimé par la LOA pour faciliter la diffusion par IA de taureaux étrangers ou issus d'organisations d'éleveurs. Aujourd'hui, selon la législation européenne, tout taureau de race allaitante possédant un index de valeur génétique prédit avec « *une méthode d'évaluation sans biais* » peut être utilisé par IA sous couvert de certaines garanties sanitaires de la semence.

4. ORGANISATION DES PROGRAMMES DE SELECTION DANS LES TROIS AUTRES PAYS

4.1. LES ACTEURS DE LA SELECTION

Aux Etats-Unis, en Australie et au Brésil, les associations de race sont les pierres d'angle des schémas de sélection. Ces associations sont constituées autour d'un noyau d'éleveurs sélectionneurs en race pure, sachant que plusieurs associations peuvent coexister à l'échelle nationale au sein d'une race. Cela est particulièrement vrai au Brésil où huit associations d'éleveurs ou structures privées mènent indépendamment un schéma de sélection en race Nelore, les principaux étant menés par l'ANCP (Associacio Nacional dos Criadores e Pescuarias) et l'ABCZ (Associacio Brasileiro dos Criadores de Zebu) (Ferraz et Fries, 2004). En revanche, dans ce pays, la tenue des livres généalogiques des zébus est centralisée par une seule association : l'ABCZ. En Australie et aux Etats-Unis, la plupart des associations de race ont une représentation nationale unique dont la mission est de gérer collectivement les actions de sélection.

Dans ces trois pays, les associations de race ont les mêmes missions qu'en France et ont en plus la charge de centraliser les données de contrôle de performances des animaux de leurs adhérents avant toute opération d'évaluation génétique. Deux types d'adhésion sont généralement proposés aux éleveurs : le premier prévoit la simple centralisation des données et leur traitement statistique élémentaire dans un but d'appui technique, le second s'adresse principalement aux éleveurs sélectionneurs et prévoit le calcul des valeurs génétiques intra-race. Les pesées et les données de reproduction des femelles sont enregistrées par les éleveurs. Toutes les performances des animaux de race pure, mais également celles des animaux croisés, sont enregistrées dans les bases de données de l'association. Pour les mesures nécessitant un équipement spécial et onéreux (mesures de composition corporelle par ultrasons), les associations de race habilitent des techniciens et des laboratoires pour réaliser des mesures précises et une analyse appropriée des images.

4.2. LES OUTILS DE CREATION DU PROGRES GENETIQUE

4.2.1. LES EVALUATIONS GENETIQUES

Comme en France, les index produits par les évaluations génétiques constituent un outil de premier ordre pour la création du progrès génétique en identifiant les meilleurs reproducteurs pour

la procréation de la génération suivante. Les index sont calculés pour les animaux enregistrés dans les troupeaux adhérents à une association de race. Ces évaluations génétiques en ferme concernent de nombreux caractères de croissance et de morphologie mesurés au sevrage mais également post-sevrage à un an. En sus sont évalués des caractères liés à la valeur maternelle des vaches (allaitement), aux performances de reproduction des vaches (facilités de vêlage), à la fertilité des taureaux appréciée par la circonférence scrotale, aux caractères de composition corporelle mesurée par ultrasons, de longévité et de docilité. Dans chaque pays, tous ces caractères ne font pas l'objet d'une évaluation génétique pour toutes les races. Une évaluation génétique est également réalisée sur des caractères de carcasses à partir de données d'abattage aux Etats-Unis et en Australie.

En Australie, l'évaluation génétique est réalisée par une structure commerciale d'envergure internationale, l'Agricultural Business Research Institute (ABRI), qui propose un service « clés en main » pour l'évaluation génétique (Breedplan) et la détermination des objectifs de sélection (BreedObject). Breedplan permet de réaliser des évaluations intra-troupeaux ou inter-troupeaux (Group Breedplan). La création des logiciels et le support méthodologique sont assurés par l'AGBU (Animal and Genetics Breeding Unit, University of New England, Armidale). Group Breedplan est utilisé pour la réalisation des évaluations génétiques de toutes les associations de race d'Australie et de Nouvelle-Zélande, de certaines associations aux Etats-Unis (Braford, Brahman, etc), au Royaume-Uni (Angus et Charolaise), en Afrique du Sud, au Canada, en Namibie et en Argentine (Angus et Hereford). Group Breedplan est également utilisé pour réaliser une évaluation génétique internationale en race Hereford entre l'Australie, la Nouvelle-Zélande et les Etats-Unis.

Au Brésil, sept structures sont chargées des évaluations génétiques, les principales étant l'Embrapa qui dépend du Ministère de l'Agriculture Brésilien, le Centro Tecnico de Avalacio Genetica (CTAG) qui dépend de l'Université de Sao Paolo et une structure privée : GenSys Inc. Ces différents organismes réalisent généralement les évaluations génétiques de plusieurs programmes d'amélioration génétique mais toujours intra schéma de sélection. Depuis 2004, une publication commune des résultats d'évaluation génétique des taureaux Nelore est réalisée sur 15 caractères de croissance, de conformation musculaire et de qualités d'élevage (circonférence scrotale, docilité, précocité) pour faciliter la comparaison des reproducteurs proposés par les différents schémas de sélection (Ferraz et Fries, 2004). Cette évaluation génétique inter-schéma est réalisée en utilisant la méthode Multiple Across Country Evaluation ou MACE (Schaeffer, 1994) développée pour les évaluations génétiques internationales des bovins laitiers (Makin et al., 2006).

Aux Etats-Unis, les évaluations génétiques ont été confiées historiquement à quatre universités d'Etat : l'Université du Colorado, de Cornell (Ithaca), d'Iowa et de Géorgie. Jusqu'en 2001, ces universités réalisaient chacune les évaluations d'un nombre limité de races ou d'associations de race. Depuis 2001, ces universités se sont regroupées au sein d'un consortium américain responsable de l'évaluation génétique des bovins allaitants : le NBCEC (National Beef Cattle Evaluation Consortium). A cette occasion, chaque université a redéfini son champ de compétences pour prendre en charge certaines thématiques transversales. C'est ainsi que l'Université du Colorado réalise désormais les travaux de recherche et d'évaluation sur l'efficacité alimentaire, la longévité et les aspects de reproduction. L'Université de Cornell a pris en charge le développement de modèles d'évaluation génétique multi-races. Malgré un intérêt manifeste de la filière pour réaliser une évaluation génétique multi-races, toutes les associations de races n'ont pas participé à ce projet en raison de divergences concernant notamment la conception d'une base de données commune (Garrick et Golden, 2009). En 2008, les évaluations génétiques ont été réalisées par plusieurs structures :

- le NBCEC représente toujours l'instance scientifique de référence en matière d'évaluation génétique. Il effectue principalement les évaluations génétiques des associations Charolaise et Simmental.
- Des structures privées telles Breedplan ou encore Angus Genetics Inc. qui émane de l'Association Angus Américaine (AAA) et réalise les évaluations génétiques de l'AAA et des associations Limousine et Gelbvieh.

Pour réaliser les évaluations génétiques, tous ces organismes doivent se conformer aux protocoles établis par la Beef Improvement Federation (BIF).

Malgré de nombreux investissements scientifiques et financiers par le NBCEC pour détecter des QTL (Quantitative Trait Loci) et mettre en place une sélection assistée par marqueurs (SAM), peu d'outils applicables aux populations bovines allaitantes ont vu le jour (Garrick et Golden, 2009). Aujourd'hui, la séquence du génome bovin étant disponible (Elsik et al., 2009) et le prix des puces ADN à haute densité ayant fortement diminué, la sélection génomique semble être une méthode prometteuse. Le NBCEC a établi des collaborations et s'est investi pour mettre en place ce type de sélection, notamment pour les caractères les plus difficiles à sélectionner à partir de données phénotypiques, en raison de leur faible héritabilité ou de la difficulté de mesures. Ces caractères concernent les aspects d'efficacité alimentaire, de reproduction, de santé et de longévité (Garrick et Golden, 2009). Cependant, le succès de cette méthode repose sur la détermination d'une population de référence de taille suffisante pour l'estimation des effets génomiques et sur la proportion de variance des caractères expliquée par les différents marqueurs (Garrick et Golden, 2009). Des

coopérations internationales entre les Etats-Unis, le Canada et l'Australie ont été mises en place pour l'échange des données de génotypage (Miller, 2009). Toutefois, la compétition internationale est importante, notamment avec les entreprises qui produisent les puces ADN. Au printemps 2009, Angus Genetics a produit une première évaluation génomique officielle en partenariat avec l'entreprise Igenity Inc.

4.2.2. LES STATIONS DE CONTROLE DES TAUREAUX

Dans les trois pays étudiés, des stations de contrôle individuel des taureaux ont également été mises en place. Les performances mesurées sur les taureaux concernent leurs performances de croissance, de morphologie, d'efficacité alimentaire et de composition corporelle. La circonférence scrotale est également un caractère évalué dans les stations de contrôle individuel des taureaux de monte naturelle des trois pays. D'après Romagnoli et al. (1999), la circonférence scrotale est génétiquement corrélée au nombre de spermatozoïdes, à leur concentration et dans une moindre mesure à leur motilité. Elle est également génétiquement corrélée à la précocité sexuelle des femelles (Golden et al., 2009).

Au Brésil, chaque schéma de sélection a mis en place ses propres stations de contrôle individuel des taureaux dont sont issus les mâles sélectionnés pour intégrer les programmes de sélection des taureaux d'IA (P.A. Vozzi, Communication personnelle). Ces programmes s'appuient sur des noyaux de sélection réduits utilisant fortement l'IA (65%), les fécondations *in vitro* et le transfert d'embryons (P.A. Vozzi, communication personnelle). A titre d'exemple, le plus grand schéma de sélection Nelore, animé par l'ABCZ, compte environ 65 000 vaches (FAO, 2008a). Après la phase de contrôle individuel, les taureaux sont testés en ferme dans les élevages adhérents du programme.

Aux Etats-Unis et en Australie, les stations de contrôle des taureaux sont des structures privées de grande taille qui évaluent simultanément des séries composées de taureaux de races différentes. Dans ces deux pays, les stations de contrôle de performance proposent également la réalisation de tests génétiques pour caractériser le génotype des animaux en certains marqueurs ou gènes. Les marqueurs détectés sont associés à divers types de caractères d'intérêt (consommation alimentaire résiduelle, adiposité, persillé, rendement de la carcasse, tendreté de la viande, présence de cornes) ou à certaines anomalies génétiques (épilepsie, hypoplasie pulmonaire, hémimélie tibiale, ostéopétrose, arthrogrypose multiple, hydrocéphalie).

Des programmes de sélection des taureaux d'IA sont également menés par des coopératives d'élevages ou des entreprises de sélection privées d'envergure nationale ou internationale (ABS Global, Cooperative Resources International, World Wide Sires, Semex, etc). Ces grandes structures possèdent des programmes dans plusieurs races (Angus, Hereford, Charolais, Limousine, Blonde d'Aquitaine, etc). Les taureaux, recrutés dans un noyau réduit d'élevages sélectionneurs, sont d'abord testés sur performances individuelles en stations puis sont testés en ferme dans les élevages adhérant aux coopératives affiliées au programme de sélection. Les taureaux sont principalement sélectionnés sur des objectifs de croissance de leurs veaux et de qualités d'élevage des filles.

En Australie, une initiative a été lancée par l'association de race Angus pour mettre en place un programme collectif de testage de taureaux en ferme pour accélérer le progrès génétique réalisé dans l'ensemble de la base de sélection (Angus Australia, 2009). Le recrutement des taureaux est réalisé dans les élevages du noyau de sélection et leur testage sur descendance est effectué dans un nombre réduit de troupeaux (actuellement une cinquantaine) à raison d'au moins 30 inséminations par troupeau. Les premières inséminations de testage ont été mises en place en 2006 en race Angus. Une initiative similaire a été lancée en race Limousine en 2008-2009 (F. Phocas, communication personnelle).

4.3. LA DIFFUSION DU PROGRES GENETIQUE

Dans les trois pays, en dehors de restrictions sanitaires, les taureaux diffusés par IA ne sont soumis à aucune exigence particulière de niveau d'index et de précision, contrairement au dispositif français jusqu'en 2006.

Selon Ferraz et de Felicio (2009), la diffusion du progrès génétique est un des principaux points faibles du dispositif brésilien. La vente de taureaux de MN des élevages sélectionneurs vers les élevages commerciaux représente moins de 5% des taureaux utilisés. Par ailleurs, le taux d'IA est relativement limité (5%) en dehors de la base de sélection (Ferraz et de Felicio, 2009). Pour encourager la diffusion du progrès génétique des noyaux de sélection dans le reste des élevages de la population, le Ministère de l'Agriculture brésilien a attribué à la plupart des schémas de sélection un certificat d'identification et de production (CEIP) depuis 2001 (Ferraz et Fries, 2006). Ce certificat autorise les programmes agréés à utiliser des taureaux non inscrits dans les livres généalogiques si ceux-ci appartiennent aux 20% meilleurs taureaux évalués dans la population. De plus, l'obtention du CEIP permet d'exonérer une partie des taxes sur les bénéfices réalisés par la

vente des 20% meilleurs animaux (taureaux, génisses et semences) du schéma, que ces animaux soient de race pure ou croisés.

5. CONCLUSION

L'organisation des schémas de sélection est différente entre pays et dépend d'une part de l'initiative laissée aux éleveurs pour s'organiser et collecter les données et d'autre part de l'encadrement de la sélection par l'Etat. En France, la mise en place d'un système mutualisé avec une forte intervention de l'Etat dans les années 1960 a permis de faire progresser efficacement le niveau sanitaire et génétique du troupeau allaitant. La France est devenue aujourd'hui un exportateur important de génétique bovine allaitante. En effet, chaque année sont exportés de par le monde plus de 2 millions de doses de semences de taureaux d'IA, entre 40 000 et 50 000 reproducteurs mâles comme femelles, et plusieurs milliers d'embryons (FGE, 2006).

Afin de garantir la préservation des ressources génétiques nationales, la LOA a réaffirmé en 2006 le rôle de l'INRA pour développer des méthodes de gestion des populations (définition des objectifs de sélection, élaboration de méthodes d'évaluation génétique, optimisation des programmes de sélection) et de caractérisation de la diversité génétique.

Dans ce contexte, les études réalisées au cours de cette thèse contribuent à l'évaluation de la diversité génétique des races bovines allaitantes spécialisées, les plus intensément sélectionnées en France, et à l'évolution des modèles d'évaluation génétique pour choisir les reproducteurs les plus pertinents sur un court mais également un plus long terme de sélection.

**Chapitre 2.
Caractérisation de la structure
génétique des populations
françaises de bovins allaitants
spécialisés**

1. INTRODUCTION

L'évaluation génétique des reproducteurs, en ferme et en station, est un outil important pour améliorer l'efficacité des schémas de sélection bovins allaitants parce qu'elle permet de rationaliser le choix des meilleurs reproducteurs pour la monte naturelle (MN) et l'insémination animale (IA). L'utilisation des valeurs génétiques BLUP maximise la réponse à un cycle de sélection mais, à terme, elle peut concentrer le choix des reproducteurs dans certaines lignées familiales ou certains élevages. Elle peut donc induire une réduction de la base de sélection et conduire à un appauvrissement de la variabilité génétique de l'ensemble de la population par augmentation de l'apparentement entre reproducteurs. Ce constat est d'autant plus vrai que le choix des reproducteurs est effectué en considérant un nombre réduit de critères depuis plusieurs décennies, ces critères étant souvent similaires entre pays. Cet appauvrissement réduit les marges de progrès génétique dans les générations futures et peut provoquer une diminution des performances zootechniques de production et de reproduction des animaux trop consanguins, phénomène appelé dépression de consanguinité. Conscients de ces enjeux, les autorités de la FAO ont lancé un programme de surveillance des différentes populations d'animaux d'élevage recensées dans le monde, dont les résultats sont disponibles en ligne sur Internet dans la base de données DAD-IS (Domestic Animal Diversity Information System, <http://dad.fao.org/>). La gestion et la préservation des ressources génétiques animales sont également des priorités de la Loi d'Orientation Agricole.

La diversité génétique des populations peut être estimée à partir des généalogies enregistrées en routine pour les évaluations génétiques. De nombreuses études ont été réalisées sur les populations bovines laitières (Boichard et al., 1996 ; Kearney et al., 1999 ; Roughsedge et al., 1999 ; Moureaux et al., 2000 ; Sorensen et al., 2005 ; McParland et al., 2007), équines (Moureaux et al., 1996 ; Hamann et Distl, 2008), ovines et caprines (Huby et al., 2003 ; Li et al., 2009). Peu d'études ont été publiées sur de grandes populations bovines allaitantes (Sölkner et al., 1998 ; Cleveland et al., 2005 ; McParland et al., 2007), aucune n'a concerné des populations françaises.

Cette étude présente un état des lieux de la diversité génétique des populations au contrôle de performances des trois principales races bovines allaitantes françaises. Ces trois populations ont servi de support à l'ensemble des travaux de thèse. L'objectif de cette partie est d'évaluer par analyse de pedigrees la variabilité génétique encore disponible dans ces populations après 40 années de sélection organisée collectivement et nationalement grâce à l'ancienne loi sur l'Élevage de 1966. Par la même occasion, nous avons identifié les flux de reproducteurs entre élevages de la base de

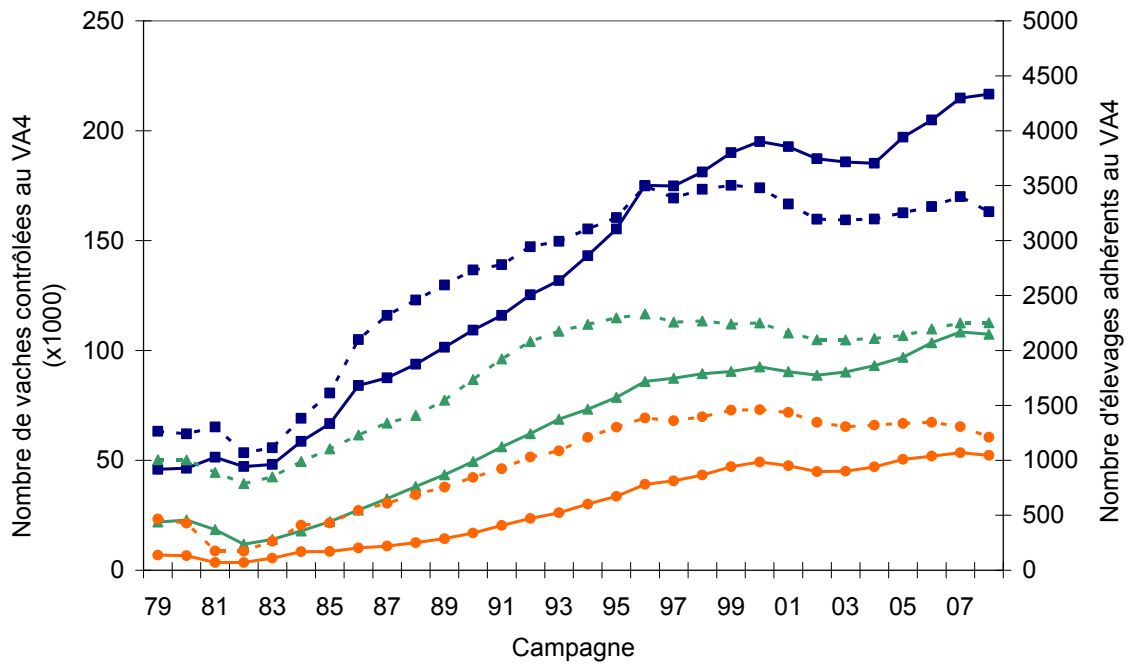


Figure 2.1. Evolution du nombre de vaches contrôlées (trait continu) et du nombre de troupeaux (pointillés) inscrits au protocole VA4 du contrôle de performances entre 1979 et 2008 pour les races Blonde d'Aquitaine (●), Charolaise (■) et Limousine (▲).

sélection et caractériser la population des élevages sélectionneurs pour l'approvisionnement des programmes de sélection des taureaux d'IA. Ces éléments nous ont servi pour l'étude des modèles d'évaluation génétique en chapitres 3 et 4.

2. ELEVAGE ET SELECTION DES TROIS PRINCIPALES RACES ALLAITANTES SPECIALISEES EN FRANCE

L'étude repose sur l'analyse des généalogies des animaux des élevages inscrits au protocole VA4 du contrôle de performances. Les données sont extraites de la base de données servant aux évaluations génétiques nationales. Elles concernent les veaux de race pure nés entre les campagnes 1979 (du 1^{er} août 1978 au 31 juillet 1979) et 2008 dans un cheptel comportant au moins 5 veaux contrôlés au sevrage par campagne.

2.1. DYNAMIQUE D'EXPANSION DES RACES ALLAITANTES SPECIALISEES ENTRE 1979 ET 2008

Avec respectivement 499 000, 1 673 000 et 983 000 vaches recensées en 2007, la Blonde d'Aquitaine, la Charolaise et la Limousine sont les trois principales races bovines allaitantes françaises. Toutefois, seulement 12%, 13% et 14% des vaches Blondes d'Aquitaine, Charolaises et Limousines ont été contrôlées selon le protocole VA4 du contrôle de performances (Guerrier, 2009). Le nombre de vaches contrôlées et le nombre d'élevages inscrits au VA4 ont évolué de façon identique dans les trois races étudiées (Figure 2. 1).

Avant 1983, l'extension géographique de ces trois populations allaitantes était limitée à leur berceau d'origine. L'instauration des quotas laitiers en 1983 a permis leur développement et leur expansion hors de leur berceau de race. Cette croissance soutenue a été principalement due à la reconversion de systèmes de production laitiers en systèmes allaitants dans les régions du Centre (Auvergne, Berry), du Nord-Est (Lorraine, Ardennes, Picardie) et de l'Ouest de la France (Bretagne, Normandie, Perche et Poitou). Depuis 1996, le nombre de troupeaux allaitants adhérents au protocole VA4 est stable ou a légèrement décliné mais le nombre de vaches contrôlées s'est maintenu en raison de l'accroissement de la taille des élevages (Figure 2. 1).

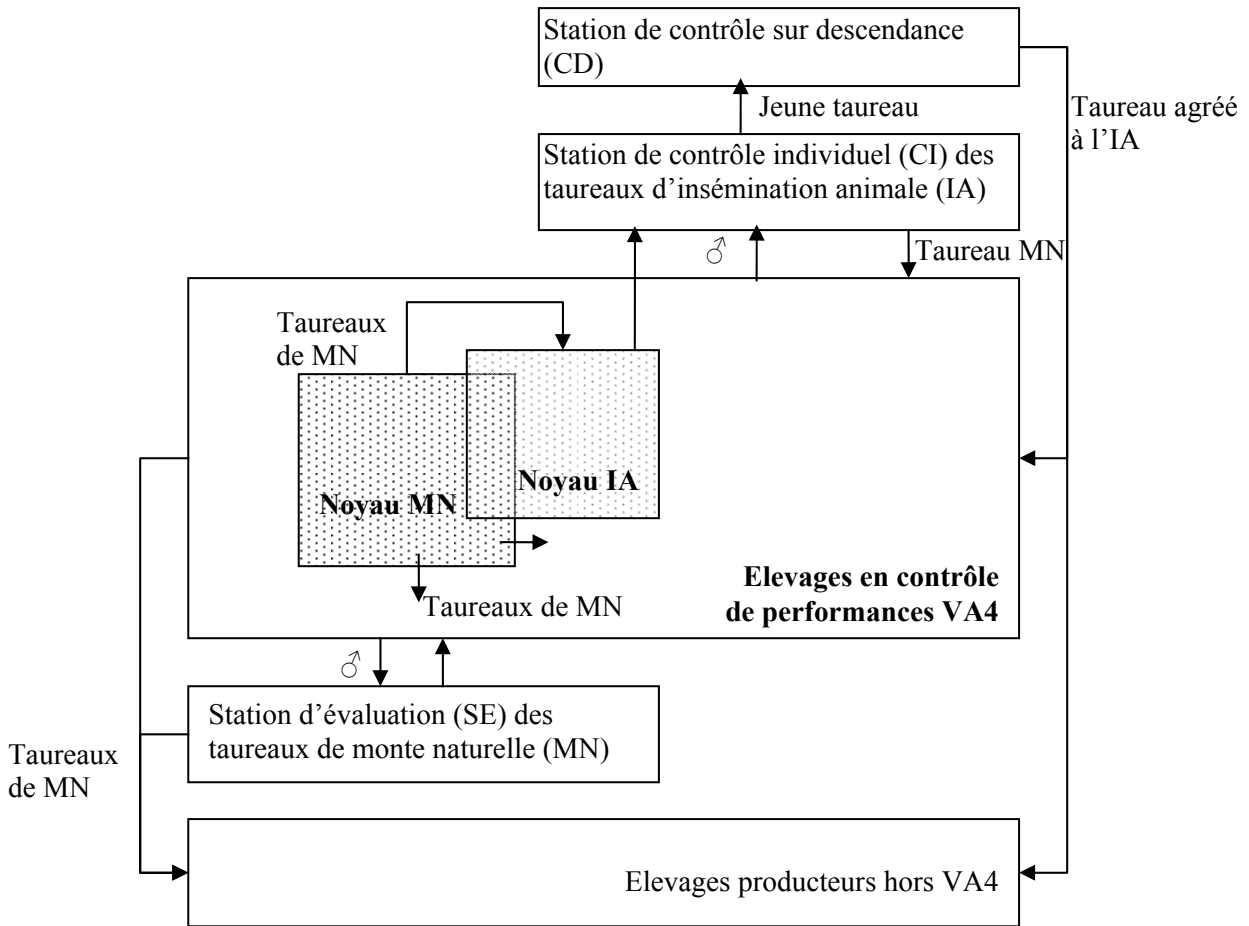


Figure 2.2. Organisation de la sélection en France et flux de reproducteurs au sein d'une population bovine allaitante spécialisée

2.2. STRUCTURATION DES POPULATIONS ENTRE ELEVAGES DE SELECTION ET DE PRODUCTION

L'organisation générale de la sélection est similaire dans les trois populations allaitantes spécialisées et est illustrée par le diagramme de la Figure 2.2. Les élevages adhérents au VA4 constituent la base de sélection pour fournir en reproducteurs l'ensemble des élevages de la population mais également les schémas collectifs d'amélioration génétique. Ces élevages de la base de sélection sont eux-mêmes structurés entre élevages de sélection et élevages de production. Les élevages de sélection ont pour but premier de fournir les reproducteurs de MN et d'IA pour assurer le renouvellement de la population de vaches au VA4. Les objectifs de sélection de ces élevages sont donc orientés vers la croissance, la morphologie et les qualités d'élevage des animaux.

Contrairement aux populations laitières inséminées à plus de 85%, la monte naturelle reste le mode de reproduction prépondérant dans les populations allaitantes (Malafosse, 2006). Certains éleveurs sélectionneurs se sont donc spécialisés dans la vente de taureaux de MN. Leurs élevages constituent un noyau de sélection pour l'approvisionnement de la population au VA4 en taureaux de monte naturelle (dit « Noyau MN »). Un élevage a été décrit comme appartenant au noyau MN s'il a vendu aux autres élevages adhérents au VA4 sur la période 1972-2006 un nombre minimal de mâles fixé à 18 en race Blonde d'Aquitaine, 25 en race Charolaise et 20 en race Limousine. Les mâles reproducteurs issus de ces élevages sont vendus soit directement après le sevrage, soit après une étape de contrôle de leurs performances individuelles de croissance, de morphologie et d'efficacité alimentaire en station de contrôle individuel (stations CI ou SE).

Dans chaque population, un noyau d'élevages approvisionne régulièrement en mâles les stations CI des programmes de sélection des taureaux d'IA. Un élevage appartient à ce noyau, appelé par la suite « Noyau IA », s'il a fourni au moins 5 mâles en station CI depuis 1980. Un tel élevage fournit également des taureaux de MN à la population au VA4 et peut appartenir au noyau de sélection MN. Dans les races Blonde d'Aquitaine et Charolaise, respectivement 53% et 65% des élevages du noyau IA appartiennent également au noyau MN. Les deux noyaux sont donc relativement dissociés. En race Limousine, 94% des élevages du noyau IA appartiennent au noyau MN. Tous les mâles Limousins recrutés pour le schéma d'IA sont issus d'une station raciale mise en place pour l'évaluation des taureaux de MN. Dans cette race, les élevages qui contribuent à alimenter le schéma d'IA fournissent donc régulièrement des mâles à la station raciale, dont la plupart sont ensuite utilisés pour la monte naturelle dans les élevages au VA4.

Tableau 2.1. Effectifs d'animaux et d'élevages contrôlés entre 1979 et 2008 dans les bases de sélection Blonde d'Aquitaine, Charolaise et Limousine au VA4 et chacune de leurs sous-populations de producteurs et de sélectionneurs de taureaux de monte naturelle (noyau MN) et d'insémination animale (noyau IA)

	Blonde d'Aquitaine	Charolaise	Limousine
Ensemble des pedigrees	7 527 379	20 677 977	12 480 165
Nombre d'élevages adhérents au VA4	3 487	8 498	5 602
Nombre d'animaux contrôlés au VA4	627 067	3 133 158	1 851 023
Nombre d'élevages producteurs au VA4	3 307	7 643	5 235
Nombre d'animaux dans les élevages producteurs	531 035	2 241 248	1 449 364
Nombre d'élevages sélectionneurs du noyau MN	142	762	362
Nombre d'animaux dans le noyau MN	81 603	822 230	397 333
Nombre d'élevages sélectionneurs du noyau IA	62	248	66
Nombre d'animaux dans le noyau IA	38 164	279 627	95 433

Les élevages producteurs de la base de sélection adhèrent au VA4 avant tout pour bénéficier d'un appui technique auprès du contrôle de performances. Leurs objectifs de sélection sont tournés vers la croissance et la conformation bouchère des animaux pour produire des brouards ou des animaux à engraisser. Ces élevages peuvent occasionnellement vendre des taureaux de MN à d'autres élevages producteurs de la base de sélection pour produire des bovins de boucherie. D'ailleurs, ils fournissent en grande partie les mâles de MN entrant en stations d'évaluation (SE) des taureaux destinés à la production de bovins de boucherie pour les élevages producteurs adhérents ou non au VA4. Ils sont donc peu impliqués dans la sélection de reproducteurs destinés au renouvellement de la base de sélection. En revanche, ces élevages producteurs de la base de sélection participent à l'approvisionnement des élevages producteurs de viande non adhérents au contrôle de performances. Un projet a été mis en place par l'Institut de l'Élevage en 2009 pour déterminer l'implication de ces élevages dans la diffusion du progrès génétique hors de la base de sélection par le biais de vente de taureaux de MN. Le tableau 2.1 présente les effectifs d'élevages de production et de sélection recensés pour chaque race entre 1979 et 2008 ainsi que les nombre d'animaux contrôlés correspondants sur cette même période. Les élevages dédiés à la production sont largement majoritaires, alors que les élevages sélectionneurs des noyaux MN et IA représentent respectivement selon les races de 4 à 9% et de 1 à 3% de l'ensemble des élevages de la base de sélection.

2.3. ORIGINE DES TAUREAUX DE MN ET D'IA

L'achat des taureaux de MN génère des flux importants entre élevages et entre régions. Chaque année, environ un tiers de la population de taureaux de MN est renouvelé, ce qui représente la sélection d'environ 750, 3 000 et 1600 mâles Blonds d'Aquitaine, Charolais et Limousins, respectivement. Les élevages sélectionneurs des noyaux MN assurent la production d'environ 70% des taureaux utilisés pour la monte naturelle dans les populations Charolaise et Limousine au VA4. La diffusion des élevages sélectionneurs du noyau MN est plus faible dans la base de sélection Blonde d'Aquitaine (51%). L'autre moitié des taureaux de MN utilisés provient d'un nombre important d'élevages producteurs de la base de sélection.

Dans les élevages sélectionneurs des noyaux MN et IA, l'approvisionnement en taureaux de MN est réalisé préférentiellement auprès d'autres sélectionneurs du noyau MN, à hauteur de 75% en race Blonde d'Aquitaine et de 85% en races Charolaise et Limousine. La gestion des ressources génétiques des élevages du noyau MN est donc importante pour le maintien de la diversité génétique de l'ensemble de la base de sélection.

Le tableau 2.2 présente le nombre de mâles entrés en station de CI en 1987, 1997 et 2007 et décrit leur origine paternelle. Le nombre de mâles recrutés pour les stations de CI dans le cadre des programmes de sélection d'IA est resté stable au cours des 10 dernières années pour les races Blonde d'Aquitaine et Limousine et a sensiblement diminué en race Charolaise. Les noyaux de sélection dans ces trois races sont relativement ouverts sur l'ensemble de la population au VA4. Sur les 5 séries entrées en station CI entre 2003 et 2007, 35% à 38% des mâles provenaient d'élevages producteurs adhérents au VA4 alors que seulement 44%, 55% et 55% des mâles Blonds d'Aquitaine, Charolais et Limousins provenaient d'élevages sélectionneurs du noyau IA.

Tableau 2.2. Nombre de mâles recrutés en CI pour les séries nées en 1987, 1997 et 2007 et caractéristiques concernant leurs origines paternelles.

Race	Année	Nombre de mâles entrés en CI	Nombre de pères ayant produit x% des taureaux entrés en station de CI			Proportion des différentes origines paternelles		
			x=50%	x=75%	x=100%	MN	IA Autorisée	IA Agréée
Blonde d'Aquitaine	1987	39	3	6	19	10%	0%	90%
	1997	38	2	9	19	39%	0%	61%
	2007	36	7	16	24	42%	39%	19%
Charolaise	1987	137	22	56	90	51%	2%	47%
	1997	168	3	31	73	21%	17%	62%
	2007	126	10	22	48	7%	26%	67%
Limousine	1987	41	17	28	37	73%	7%	20%
	1997	42	10	21	31	48%	17%	35%
	2007	42	6	17	27	26%	12%	62%

Les origines des mâles recrutés pour les programmes de sélection d'IA sont différentes entre races. Elles ont fortement évolué au cours des trois dernières décennies (Tableau 2.2). Le recrutement des mâles Charolais et Limousins, principalement réalisé parmi des lignées de MN dans les années 1980, s'est élargi dans les années 1990 et 2000 aux lignées paternelles agréées ou autorisées à l'IA. Au contraire, le schéma de sélection Blond d'Aquitaine, qui s'était fortement appuyé sur des souches agréées à l'IA pour le recrutement des mâles dans les années 1980 et 1990, a élargi le recrutement aux lignées de MN ou autorisées à l'IA depuis la fin des années 1990. En comparaison des races bovines laitières, un nombre important de pères différents est utilisé pour procréer la nouvelle génération de mâles entrés en station de CI (Moureaux et al., 2000). Toutefois, chaque année, quelques pères agréés à l'IA sont utilisés de façon plus intensive pour procréer plus de la moitié des mâles recrutés dans une série. Cette stratégie a été utilisée dès les années 1980 en race Blonde d'Aquitaine et est apparue plus tardivement en races Charolaise et Limousine. Elle

correspond à une volonté de cumuler le progrès génétique réalisé dans les schémas de sélection par la procréation de mâles issus d'accouplements raisonnés. A l'issue du CI, 10 taureaux Blonds d'Aquitaine, 19 taureaux Charolais et 12 taureaux Limousins sont testés sur descendance dans les stations de contrôle sur descendance.

2.4. UTILISATION DE LA MONTE NATURELLE ET DE L'INSEMINATION ANIMALE

L'utilisation relative de la MN et de l'IA influence fortement la structure génétique des populations car elle influence le ratio entre reproducteurs mâles et femelles. Le tableau 2.3 présente le taux de veaux nés d'IA en 1979, 1993 et 2008 dans l'ensemble des élevages au VA4 et dans les élevages producteurs et sélectionneurs des noyaux de MN et IA des trois races étudiées. Ce taux englobe les inséminations réalisées avec les taureaux agréés et les taureaux autorisés à l'IA.

Tableau 2.3. Evolution du taux (%) de veaux nés d'IA dans l'ensemble des élevages au VA4, dans les élevages producteurs et les élevages sélectionneurs des noyaux MN et IA.

Population	Blonde d'Aquitaine			Charolaise			Limousine		
	1979	1993	2008	1979	1993	2008	1979	1993	2008
Base de sélection	63	39	37	7	18	34	7	15	22
Producteurs	66	42	39	7	20	38	8	14	25
Noyau MN	43	24	26	7	12	14	2	18	15
Noyau IA	87	64	48	15	32	38	6	29	20

Dans les populations Charolaise et Limousine au VA4, le taux de veaux nés d'IA, historiquement très faible (<10% en 1979), a augmenté progressivement pour atteindre respectivement 34% et 22% en 2008. Jusque dans les années 1990, le taux de veaux nés d'IA dans les élevages des noyaux IA Charolais et Limousins était plus élevé que celui de l'ensemble de la population au VA4. Ce taux a ensuite évolué pour atteindre un niveau proche de celui de l'ensemble de la population en 2008. En race Blonde d'Aquitaine, le taux de veaux nés d'IA a fortement diminué entre 1979 et 2008 dans l'ensemble des élevages au VA4 comme dans les élevages des noyaux de sélection MN et IA. Toutefois, en 2008, ce taux est hétérogène entre producteurs (39%) et sélectionneurs des noyaux MN (26%) et IA (48%).

Le niveau d'utilisation de l'IA est également très contrasté entre élevages d'une même race. En effet, respectivement 18%, 20% et 23% des élevages Blonds d'Aquitaine, Charolais et Limousins n'ont pas utilisé l'IA en 2008.

Tableau 2.4. Evolution de l'intervalle de génération sur chaque voie de transmission des gènes dans l'ensemble des élevages au VA4 des trois races étudiées

Race	Année de naissance	Père - Fils	Mère - Fils	Père - Fille	Mère - Fille	Intervalle moyen
Blonde d'Aquitaine	2000	6,1	6,3	6,5	5,9	6,2
	1990	6,1	6,6	6,1	6,3	6,3
	1980	6,4	6,1	6,9	6,0	6,4
Limousine	2000	6,2	6,3	6,2	6,0	6,2
	1990	5,0	6,8	4,9	6,4	5,8
	1980	4,3	6,6	4,3	6,7	5,5
Charolaise	2000	5,5	5,9	5,9	5,6	5,7
	1990	5,2	6,1	5,2	5,7	5,6
	1980	4,7	5,9	4,5	5,7	5,2

De même, la proportion d'élevages avec plus de 70% de veaux nés d'IA est non négligeable en race Charolaise (25%) et Blonde d'Aquitaine (30%) mais reste faible en race Limousine (10%). L'utilisation de taureaux autorisés à l'IA s'est développée principalement à la fin des années 1990. Elle est faible dans les élevages producteurs et est plus courante dans les élevages sélectionneurs des noyaux MN et IA. En 2008, le taux de veaux Blonds d'Aquitaine, Charolais et Limousins nés de taureaux autorisés à l'IA était respectivement de 5%, 2% et 4% dans les élevages producteurs et de 10%, 6% et 6% dans les élevages sélectionneurs.

2.5. INTERVALLES DE GENERATION

L'intervalle de génération se définit comme l'âge moyen des parents à la naissance de leurs descendants. Il dépend de l'âge de mise à la reproduction et de la durée moyenne d'utilisation des reproducteurs. L'intervalle de génération moyen d'une population correspond à la moyenne des intervalles obtenus sur chaque voie de transmission des gènes : père-fils, mère-fils, père-fille et mère-fille. Le tableau 2.4 présente ces intervalles de générations calculés sur chaque voie de transmission pour les veaux nés en 1980, 1990 et 2000 et utilisés par la suite comme reproducteurs dans les élevages de la base de sélection.

Entre 1980 et 2000, l'intervalle de génération moyen a augmenté dans les populations Charolaises et Limousines. Cette tendance est liée principalement à l'augmentation des intervalles de génération sur la voie paternelle due à l'allongement de la carrière des taureaux de MN entre les années 1980 et 1990 et surtout au développement de l'utilisation de l'IA depuis les années 1980. En effet, l'âge moyen des taureaux d'IA à la naissance de leurs descendants est plus élevé que celui des taureaux de MN en raison de leur durée de testage comprise entre 4 et 5 ans. Au contraire, l'intervalle de génération moyen a légèrement diminué en race Blonde d'Aquitaine en raison de la diminution du taux d'IA dans la population.

Contrairement aux populations laitières dans lesquelles l'intervalle de génération mère-fils s'est considérablement réduit (Moureaux et al., 2000), l'âge moyen des mères des taureaux est élevé dans ces trois populations. En effet, les vaches les plus souvent plébiscitées pour la production de taureaux sont celles ayant reçu une qualification raciale. Les qualifications les plus élevées sont décernées aux vaches mûres ayant un certain niveau d'index et au moins 3 veaux contrôlés au sevrage. L'intervalle de génération mère-fille a diminué dans les trois races entre 1990 et 2000. Cette tendance résulte à la fois d'un léger avancement de l'âge au premier vêlage depuis les années 1990 et du raccourcissement de la carrière des vaches en partie lié à l'apparition de débouchés commerciaux de type « label » pour la production de viande de jeunes vaches.

- Chapitre 2 -

Tableau 2.5. Evolution du nombre de descendants et de campagnes d'utilisation des taureaux de monte naturelle (MN) et des différents taureaux d'insémination animale (IA) selon leur agrément et nés sur les périodes 1981-1985 et 1991-1995 dans les trois races allaitantes spécialisées

		Période de naissance des taureaux									
		1981-1985					1991-1995				
		Nombre de taureaux	Nombre de descendants			Nombre de campagnes d'utilisation	Nombre de taureaux	Nombre de descendants			Nombre de campagnes
Moyenne	Médiane		Maximum	Moyenne	Médiane			Maximum			
Blonde d'Aquitaine	MN	1 395	26	16	249	2,6	3 315	42	25	385	3,0
	AB ¹	16	371	102	1 431	12,1	22	282	68	1 693	7,3
	QM ²	12	3 236	2 265	8 313	17,9	15	4 186	2 365	14 355	11,7
	VB ³	7	452	365	1 114	9,6	8	131	50	394	9,6
	IA autorisée	-	-	-	-	-	4	209	188	336	10,0
Charolais	MN	10 171	38	22	376	2,8	13 932	41	25	493	2,9
	AB ¹	54	148	31	1 734	7,1	31	219	50	1 625	5,7
	QM ²	18	5 143	3 514	17 044	17,9	31	5 124	3 343	20 275	10,5
	VB ³	45	15	5	137	4,6	36	44	29	244	6,3
	IA autorisée	7	773	754	2 018	17,7	36	447	258	1 734	10,3
Limousin	MN	4 323	47	30	483	3,8	7 752	53	34	496	3,9
	AB ¹	23	305	63	2 176	9,7	22	109	24	674	6,1
	QM ²	10	3907	761	12 820	6,7	14	5 178	917	32 556	10,9
	VB ³	33	40	1	762	16,0	26	132	3	1 522	6,9
	IA autorisée	11	516	293	1 294	14,7	24	803	491	2 071	11,4

¹AB : Aptitudes Bouchères

²QM : Qualités Maternelles

³VB : Veaux de Boucherie

2.6. NOMBRE DE DESCENDANTS

Le tableau 2.5 présente le nombre de descendants contrôlés au sevrage pour les divers types de taureaux de MN et d'IA nés sur les périodes 1981-1985 et 1991-1995. Le nombre moyen de descendants a fortement augmenté entre les cohortes de taureaux d'IA nés entre 1981 et 1985 et entre 1991 et 1995. En effet, le nombre de reproducteurs agréés est resté globalement constant alors que le nombre d'inséminations a fortement augmenté. La diffusion des taureaux agréés à l'IA dans la population au VA4 dépend fortement de l'agrément reçu après testage sur descendance. Les taureaux issus du programme Qualités Maternelles (QM) ont les descendance les plus nombreuses et sont utilisés sur un nombre moyen de campagnes généralement plus élevé. Le renouvellement des gammes de taureaux d'IA issus des programmes aptitudes bouchères (AB) et veaux de boucherie (VB) est plus rapide que celui des taureaux agréés QM. Enfin, le nombre moyen de descendants et la durée d'utilisation des taureaux autorisés à l'IA sont comparables à ceux des taureaux agréés à l'IA.

3. DIVERSITE GENETIQUE ET ANALYSES DE PEDIGREES

3.1. CARACTERISATION DE LA STRUCTURE GENETIQUE D'UNE POPULATION

La structure génétique d'une population est caractérisée par les fréquences des variants alléliques d'un gène et des génotypes en un locus considéré (Henry et Gouyon, 1999). Ces fréquences dépendent du système d'accouplement qui détermine la manière dont s'unissent les gamètes dans la population. Au fil des générations, cette structure est affectée par différents processus évolutifs qui peuvent être regroupés en deux catégories :

- Les processus « systématiques » provoquent des changements de fréquence allélique dont l'ampleur et la direction peuvent être prédites. Les mutations, les migrations de gènes et la sélection sont des processus systématiques.
- Les processus « dispersifs » provoquent des changements de fréquence allélique dont l'ampleur peut être prédite mais pas la direction. La dérive génétique est un processus dispersif (Falconer et Mackay, 1996).

3.1.1. DESCRIPTION DES PROCESSUS SYSTEMATIQUES

Les migrations correspondent à l'échange de gènes entre plusieurs populations. L'impact de la migration sur la variabilité génétique d'une population originelle dépend du taux de migration et des différences de fréquences alléliques et génotypiques entre les individus migrants et la population d'accueil.

Les mutations sont sources de variabilité génétique dans une population car elles permettent la création de nouveaux allèles. La plupart de ces mutations sont neutres, c'est-à-dire sans impact sur le niveau d'expression ou la fonctionnalité du produit du gène (ARN, protéine). Dans une minorité de cas, la mutation d'un allèle peut avoir un effet délétère ou au contraire conférer un avantage sélectif à l'individu qui le porte.

La sélection favorise la diffusion de certains individus dans la population en raison d'un avantage sélectif lié soit à la meilleure viabilité de sa descendance, une meilleure fertilité ou des pressions exercées par l'homme. Implicitement, dans une population soumise à sélection, tous les individus n'ont plus la même probabilité de se reproduire. L'impact de la sélection sur les fréquences géniques dépend du coefficient de sélection et des fréquences alléliques avant la sélection.

3.1.2. DESCRIPTION DES PROCESSUS DISPERSIFS

La dérive génétique correspond à un processus d'échantillonnage des allèles dans une population d'effectif fini. Cet échantillonnage se produit lors de la ségrégation des gènes à la méiose et induit des fluctuations des fréquences alléliques dans la population à chaque génération. Ces fluctuations sont erratiques dans une population de petite taille et peuvent impliquer la perte définitive d'allèles. La dérive génétique affecte peu les fréquences géniques dans les grandes populations. Toutefois, dans le cas de populations éloignées géographiquement ou dans des systèmes d'accouplement particuliers, certaines grandes populations peuvent être assimilées à plusieurs sous-populations de petite taille. Dans ce cas, le phénomène d'échantillonnage affecte chacune des sous-populations qui peuvent se différencier génétiquement les unes des autres.

3.2. DIFFERENTES MESURES DE LA DIVERSITE GENETIQUE

3.2.1. MESURE DE LA CONSANGUINITE

Un individu est dit homozygote pour un gène s'il reçoit de ses deux parents deux copies identiques d'un gène. Ces allèles peuvent soit coexister indépendamment dans la population, soit provenir d'un même ancêtre. Deux individus sont apparentés s'ils ont au moins un ascendant en commun. Un individu est consanguin si ses deux parents sont apparentés. Le coefficient de consanguinité F_i d'un individu i est donc égal au coefficient de parenté ϕ_{pm} de ses parents p et m . F_i correspond à la probabilité que cet individu reçoive de ses parents deux copies d'un même gène ancestral (Falconer et Mackay, 1996).

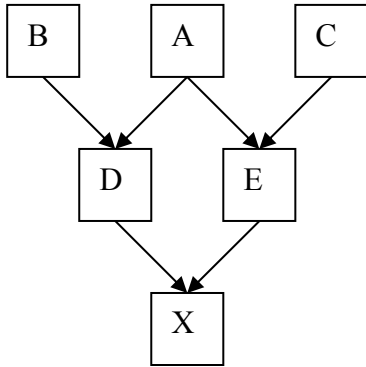
Le coefficient de consanguinité (F) et surtout le taux d'accroissement de consanguinité (ΔF) sont classiquement analysés pour caractériser la diversité génétique des populations. En effet, l'augmentation du niveau de consanguinité dans une population se traduit par une diminution du taux moyen d'hétérozygotes en un locus donné. Le taux d'accroissement de la consanguinité permet donc de quantifier l'importance des pertes d'allèles qui surviennent au fil des générations par le biais de la sélection et de la dérive génétique.

Les premières études de génétique des populations ont été réalisées dans le cadre théorique d'une population idéale en équilibre de Hardy-Weinberg. Le cadre idéal suppose que la population étudiée soit de grande taille, panmictique (accouplements aléatoires), à générations séparées, non sélectionnée, fermée (i.e. sans migration) et non affectée par les mutations. Dans une telle population, les effets des processus évolutifs et dispersifs peuvent être ignorés et les fréquences géniques et génotypiques restent constantes d'une génération à l'autre. Bien que très simple, ce cadre d'étude a permis d'étudier certaines populations naturelles dont les paramètres démographiques et de reproduction ne s'écartaient pas trop des hypothèses de la population idéale (Falconer et Mackay, 1996).

Dans une population réelle sélectionnée, l'évolution des fréquences alléliques au cours du temps n'est pas aussi simple à mesurer que dans une population idéale en équilibre de Hardy-Weinberg car tous les individus n'ont pas la même probabilité de se reproduire (Henry et Gouyon, 1999). Toutefois, dans de nombreuses populations d'animaux de rente, les généalogies enregistrées en routine constituent une véritable source d'informations pour

calculer les coefficients de consanguinité pour chacun des animaux. Cette information généalogique est d'autant plus précieuse que les écarts aux conditions de la population idéale sont grands dans les populations d'animaux domestiques : générations chevauchantes, taille de famille déséquilibrée, accouplement non aléatoires, etc.

A partir des pedigrees, le calcul du coefficient de consanguinité F_X d'un individu X est réalisé selon la formule :



$$F_X = \sum_t \left(\frac{1}{2}\right)^n (1 + F_A) \quad (2.1)$$

où n est le nombre de membres de la chaîne de parenté qui relie les deux parents, t est le nombre de chaîne de parenté et F_A est le coefficient de consanguinité de l'ancêtre A (Minvielle, 1990). Dans l'exemple ci-contre, la chaîne de parenté qui relie D à E contient 3 individus (D-A-E), n est donc égal à 3.

Le taux d'accroissement de la consanguinité par génération se calcule comme :

$$\Delta F = \frac{F_{t+1} - F_t}{1 - F_t} \quad (2.2)$$

où F_t représente le coefficient de consanguinité à la génération t.

Le niveau de consanguinité d'une population doit être interprété avec précaution car il dépend étroitement du nombre de générations de généalogies prises en compte pour le calcul. En effet, plus le nombre de générations prises en compte est important et plus la probabilité de trouver un ancêtre commun dans le pedigree des parents est élevée.

Dans une population de taille constante, à générations séparées et caractérisée par un régime de reproduction stable, le coefficient de consanguinité moyen de la population F_t à la génération t s'exprime selon l'équation (Falconer et Mackay, 1996) :

$$F_t = 1 - (1 - \Delta F)^t \quad (2.3)$$

Dans une telle population, ΔF atteint une valeur d'équilibre asymptotique au bout de quelques générations alors que F augmente inéluctablement et de manière non linéaire au

cours temps. Dans une population à l'équilibre, ΔF est donc théoriquement un meilleur indicateur de la structure génétique d'une population que F parce qu'il est peu affecté par le degré de connaissance des généalogies (Falconer et Mackay 1996). Dans la pratique, le calcul de ΔF dépend tout de même affecté du degré de connaissance des généalogies. Boichard et al. (1997) ont montré par simulation qu'un taux de pères et de mères inconnus de 10% par génération, maintenu sur 6 générations, peut conduire à une sous-estimation de ΔF et donc à une surestimation de N_e d'environ 100%. La caractérisation du degré de connaissance des généalogies est donc une étape préalable à toute analyse de pedigrees.

Toutes les analyses de pedigree ont été réalisées à l'aide du logiciel Pedig (Boichard, 2002). Dans cette étude, les coefficients de consanguinité ont été calculés à l'aide de l'algorithme développé par Meuwissen et Luo (1992) qui est lui-même dérivé de l'algorithme d'Henderson (1976) pour la construction de la matrice de parenté dans les évaluations génétiques. Cet algorithme a été utilisé car c'est le plus efficace implémenté dans le programme Pedig (Boichard, 2002) pour analyser de grandes populations aux généalogies très longues. Toutefois, cet algorithme de calcul suppose que les animaux fondateurs de la population ne sont pas apparentés ce qui conduit à sous estimer le niveau de consanguinité.

La méthode de Van Raden (1992) permet de prendre en compte un apparentement non nul entre les individus au sein d'une cohorte de fondateurs et de s'affranchir en quelque sorte de l'hétérogénéité des pedigrees. Selon Lutaaya et al. (1999), l'utilisation de la méthode de Van Raden (1992) est tout à fait justifiée pour mieux estimer le niveau moyen de consanguinité dans la population. En revanche, ces auteurs ont montré sur la population Hereford polled Américaine que les taux d'accroissement estimés étaient peu modifiés en utilisant l'algorithme de Meuwissen et Luo (1992) ou la méthode de Van Raden (1992). Cette méthode est également implémentée dans le package Pedig (Boichard, 2002) mais n'a pas été utilisée en raison de temps de calcul et de besoins en mémoire informatique trop importants.

3.2.2. APPRECIATION DE LA CONNAISSANCE DES GENEALOGIES

Les différences de connaissance des généalogies entre races ont été quantifiées par un nombre d'équivalents générations complètes (EG) connues dans le pedigree des veaux. Ce critère est une mesure synthétique de la quantité d'information connue dans un pedigree

(Boichard *et al* 1996). Pour chaque individu, EG est calculé comme la somme, cumulée sur l'ensemble des générations remontées dans le pedigree, des contributions de chacun de ses ancêtres connus, soit $(1/2)^g$ pour un ancêtre de la génération g . La somme des coefficients sur une génération est égale à 1 si tous les ancêtres de cette génération sont connus.

La représentation du pourcentage d'ancêtres connus à chaque génération est également utile pour comparer le degré de connaissance des généalogies de différentes populations.

3.2.3. NOTION D'EFFECTIF GENETIQUE

L'effectif génétique N_e est un indicateur fréquemment utilisé pour caractériser la structure génétique d'une population car il permet d'apprécier de manière plus concrète les effets de la dérive génétique. Il correspond au nombre efficace de reproducteurs d'une population idéale qui présenterait le même taux d'accroissement de consanguinité (ΔF) par génération que celui observé dans la population réelle. L'effectif génétique N_e d'une population se calcule directement à partir du taux asymptotique d'accroissement de consanguinité par génération (Falconer et Mackay, 1996) selon la formule :

$$N_e = \frac{1}{2\Delta F} \quad (2.4)$$

A l'équilibre, N_e est constant au cours du temps et une caractéristique du régime de reproduction.

Le taux d'accroissement de consanguinité est classiquement calculé par régression. En notant F_i le coefficient de consanguinité d'un individu i , la régression de $\ln(1-F_i)$ sur l'année de naissance des veaux permet de calculer un taux annuel d'accroissement de consanguinité ΔF_a . La pente de cette droite de régression est égale à $\ln(1-\Delta F_a) \approx -\Delta F_a$ (Perez-Enciso, 1995). Le taux d'accroissement de la consanguinité par génération ΔF est ensuite obtenu par multiplication de ΔF_a par l'intervalle de génération. L'utilisation de cette méthode de régression logarithmique suppose que la population ait atteint un équilibre asymptotique. Dans cette étude, le calcul de ΔF par régression a été effectué pour chaque race en considérant tous les veaux de la population nés entre 1999 et 2008. En effet, sur la dernière décennie, le taux d'accroissement est relativement constant suggérant que la population a atteint un état d'équilibre.

Le calcul de N_e en utilisant un ΔF calculé par régression peut donner des résultats erratiques dans le cas de populations réelles parce que le calcul de ΔF est très sensible à la politique d'accouplement adoptée dans la population (Boichard et al., 1997). Gutiérrez et al. (2008) ont également montré que le calcul de ΔF par régression est instable dans une population dans laquelle les conditions de la population idéale ne sont pas respectées, notamment dans le cas de populations à générations chevauchantes et dont la variance de la taille de famille s'éloigne d'une loi de Poisson. Ces auteurs ont proposé une autre méthode de calcul de N_e à partir des généalogies qui permet d'obtenir des estimations plus stables dans le temps. Le principe de ce calcul repose sur la définition d'un taux individuel d'accroissement de consanguinité ΔF_i pour chaque individu i par simple extension de la formule (2.3).

$$\Delta F_i = 1 - \sqrt[EG]{1 - F_i} \quad (2.5)$$

Ce taux correspond au taux moyen d'accroissement de consanguinité par génération nécessaire pour expliquer le coefficient de consanguinité d'un individu i . Ce taux est corrigé pour le nombre de générations EG connues dans la généalogie, EG étant le nombre d'équivalent génération complètes. L'utilisation de cette méthode suppose que la population soit à l'équilibre et, en plus, que ΔF soit constant au cours du temps. L'évolution du niveau de consanguinité dans les populations Charolaise et Limousine au VA4 n'étant clairement pas constante au cours du temps au cours des trois dernières décennies, cette méthode n'a pas pu être appliquée. En effet, dans ces deux races allaitantes, l'évolution du ΔF a été marquée par une période de déclin dans les années 1990 qui correspond à une forte ouverture des populations lors de leur période d'expansion.

De nombreuses recherches ont été effectuées pour développer d'autres méthodes de calcul de N_e (pour revue, Caballero, 1994 ; Cervantes et al., 2008). La plupart des méthodes ont été développées dans le cas de populations naturelles sans pedigree et ont été ensuite transposées aux populations d'animaux domestiques. Elles consistent à modéliser les lois de transmission des gènes entre générations en prenant en compte les principaux écarts aux conditions de la population idéale (déséquilibre du sex-ratio, variance des tailles de familles, accouplement non aléatoires). Ces méthodes n'ont pas été retenues parce qu'elles requièrent un lourd travail de modélisation. Elles ne sont réellement intéressantes que lorsque la connaissance des généalogies est limitée. Par exemple, Ron Garrido et al. (2008) ont utilisé ce type de méthode pour estimer l'effectif génétique de la population Brangus Argentine dont la connaissance des généalogies est d'environ 1 équivalent générations complètes.

3.2.4. PROBABILITES D'ORIGINE DES GENES

Une autre approche, moins sensible au degré de connaissance des généalogies, a permis de caractériser la structure génétique des populations à partir d'analyses de pedigrees. Cette approche utilise le concept de probabilité d'origine des gènes défini par James (1972).

3.2.4.1. Contribution génétique d'un individu dans la population

La remontée des généalogies permet de recenser tous les ancêtres des veaux d'une population de la première génération jusqu'aux fondateurs, les fondateurs étant les ancêtres dont les parents sont eux-mêmes inconnus. Les fondateurs constituent un pool originel de gènes qui se transmet de générations en générations. Sous l'effet de la dérive génétique et de la sélection, une proportion des différents variants alléliques est perdue à chaque génération. Le but de cette approche est d'évaluer comment le pool de gènes originels est maintenu au cours des générations jusqu'à la population analysée.

Pour tout gène autosomal neutre, la probabilité de transmission d'un allèle entre parent et descendant est égale à $\frac{1}{2}$. En appliquant cette règle à l'ensemble des généalogies, on peut calculer les contributions génétiques (également appelées probabilités d'origine des gènes) de chaque ancêtre ou fondateur au génome des individus de la population étudiée. Trois statistiques dérivées des probabilités d'origine des gènes permettent de quantifier l'ampleur de ces pertes d'allèles : le nombre de fondateurs efficaces (F_e), le nombre d'ancêtres efficaces (F_a) et le nombre de génomes efficaces (N_g).

Le **nombre de fondateurs efficaces** F_e correspond au nombre de fondateurs nécessaires pour expliquer l'origine des gènes présents dans la population si tous avaient des contributions génétiques égales (Boichard et al., 1997). Originellement décrit par Lacy (1989) et de Rochambeau et al. (1989), ce critère est calculé à partir des contributions génétiques des fondateurs (p_k) dans la population d'étude selon la formule :

$$F_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^K p_k^2} \quad (2.6)$$

La contribution génétique d'un fondateur k (p_k) dans la population étudiée est obtenue en sommant la contribution espérée de chaque fondateur (w_{kl}) au génome de chacun de ses L

descendants :

$$p_k = \sum_{l=1}^L w_{kl} \quad (2.7)$$

Plus les contributions des fondateurs sont déséquilibrées et plus le nombre de fondateurs efficaces est faible par rapport au nombre réel de fondateurs. Le nombre F_e montre comment l'équilibre des contributions génétiques des différents fondateurs est maintenu au cours des générations en tenant compte du taux de sélection et de la variance des tailles de familles de la population. En revanche, le calcul de ce critère néglige les effets des goulets d'étranglement et de la dérive génétique. Il tend donc à surestimer la diversité génétique des populations. En effet, les contributions génétiques des fondateurs se stabilisent rapidement même lors de l'apparition de goulets d'étranglement récents. Bijma et Woolliams (1999) ont montré que cette stabilisation des contributions génétiques se produit généralement au bout de 5 à 7 générations.

Le **nombre d'ancêtres efficaces** F_a permet de prendre en compte les effets des goulets d'étranglement (Boichard et al., 1997). Il correspond au nombre d'ancêtres nécessaires pour expliquer la variabilité génétique de la population étudiée si tous les ancêtres avaient des contributions génétiques égales. A la différence de F_e , F_a est calculé à partir des contributions génétiques marginales c_k des A ancêtres de la population et non seulement celles des fondateurs.

$$F_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^f c_k^2} \quad (2.8)$$

La contribution génétique marginale c_k d'un ancêtre correspond à sa contribution génétique corrigée pour éliminer les redondances qui existent entre la contribution d'un ancêtre et celle de ses ascendants. Son calcul se fait de manière ascendante et itérative, à partir de l'ancêtre ayant la contribution génétique la plus importante. A chaque itération, la détermination de l'ancêtre le plus important est réalisée en annulant toutes les généalogies des ancêtres déjà analysées aux itérations précédentes (Boichard et al., 1997). Dans une situation sans goulet d'étranglement, F_e et F_a sont égaux.

Puisque le calcul itératif de F_a pour chaque ancêtre est fastidieux, celui-ci peut être borné par un encadrement (Boichard et al., 1997). A chaque itération, la borne supérieure de l'encadrement est fixée en considérant la situation la plus favorable à la diversité génétique,

c'est-à-dire celle où la part des gènes non encore expliquée par les $n-1$ ancêtres analysés provient de manière uniforme de tous les autres ancêtres non analysés. Au contraire, la borne minimale est déterminée par la situation la moins favorable à la diversité génétique qui suppose que l'origine non encore expliquée des gènes se répartit entre N ancêtres dont la contribution est égale à celle du dernier ancêtre détecté (Boichard et al., 1997). Cet encadrement converge vers la valeur exacte si le nombre d'ancêtres considéré est suffisamment élevé. Pour obtenir un encadrement fin de F_a , nous avons considéré les 10 000 ancêtres principaux dans chaque race.

Le nombre d'ancêtres efficaces F_a ne prend pas en compte les effets de la dérive génétique pure, non liée aux effets de la sélection. En effet, son calcul repose sur l'espérance des contributions génétiques marginales et ne rend pas compte des pertes aléatoires de gènes au cours des générations. Les effets de la dérive génétique sont importants dans des populations de petite taille et sont difficiles à modéliser à l'aide d'expressions analytiques pour des populations animales à structure complexe. Comme suggéré par McCluer et al. (1986) et Boichard et al. (1996), la probabilité qu'un allèle présent chez les F fondateurs originaux soit toujours présent dans la population actuelle peut être estimée par simulation stochastique en utilisant la structure des généalogies. Le principe consiste à créer $2F$ gènes à un locus quelconque et à simuler leur transmission le long du pedigree jusqu'à la population actuelle. La simulation permet de mimer les effets de perte aléatoire de gènes au cours des générations. Les fréquences géniques résultantes dans la population étudiée sont estimées par simple comptage dans chacune des simulations et sont utilisées pour calculer **le nombre de génomes efficaces** N_g . N_g représente le nombre de génomes fondateurs nécessaires pour expliquer la variabilité génétique observée dans la population en supposant que tous les fondateurs ont des contributions égales et en intégrant les pertes d'allèles liées aux effets des goulets d'étranglement et de la dérive génétique. Dans le cas où les effets des goulets d'étranglement sont négligeables, le nombre N_g est égal à F_a . Dans les autres cas, N_g est toujours inférieur à F_a .

L'étude des ratios entre ces trois statistiques et leur évolution relative permet d'apprécier les effets des goulets d'étranglement et de la dérive génétique au sein de la population étudiée. Le calcul de ces statistiques est plus robuste à l'absence de pedigrees que celui des coefficients de consanguinité (Boichard et al., 1997). Contrairement à N_e qui est censé être stable au cours du temps, les statistiques dérivées des probabilités d'origine des

gènes décroissent au cours des générations parce que les effets des goulets d'étranglement et de la dérive génétique agissent à chaque génération. Ces statistiques ne permettent donc pas de comparer des populations dont le niveau de connaissance des généalogies est différent.

3.2.4.2. Expression de l'effectif génétique à partir du taux de diminution d'hétérozygotie

Tout comme N_e , l'évolution de N_g décrit la diminution de l'hétérozygotie de la population au cours des générations, diminution liée aux effets de la dérive génétique et des goulets d'étranglement (Caballero et Toro, 2000). Boichard et al. (1997) ont relié ces deux paramètres au taux de diminution asymptotique d'hétérozygotie ΔH (6) dans la population, sachant que le taux d'hétérozygotes à la génération t (H_t) d'une population dans laquelle les accouplements sont aléatoires peut s'écrire :

$$H_t = 1 - \frac{1}{2N_g^t} \quad (2.9)$$

où N_g^t est le nombre de génomes efficaces à la génération t . Or, dans une population dans laquelle les accouplements sont aléatoires.

$$\Delta H = -\frac{1}{2N_e} \quad (2.10)$$

Ainsi, en utilisant (2.9) et (2.10), N_e peut être dérivé de N_g^t selon la formule :

$$\Delta H = \frac{H_{t+1} - H_t}{H_t} = \frac{N_g^{t+1} - N_g^t}{N_g^{t+1}(2N_g^t - 1)} = -\frac{1}{2N_e} \quad (2.11)$$

Certes, le calcul de N_g est moins affecté par l'absence de généalogies que ΔF mais Boichard et al. (1997) n'ont pas constaté que le calcul de N_e par l'intermédiaire de N_g soit plus robuste qu'avec la méthode de régression. Les effectifs génétiques ont été calculés pour les trois populations au VA4 en considérant les deux dernières cohortes de veaux nés entre 1999 et 2003 et entre 2004 et 2008. L'intervalle séparant ces deux cohortes étant de 5 ans, les effectifs génétiques obtenus ont été ajustés pour les intervalles de génération obtenus dans l'étude démographique.

4. APPLICATIONS AUX POPULATIONS ALLAITANTES SPECIALISEES FRANÇAISES

4.1. CONNAISSANCE DES GENEALOGIES

Les taux de pères et mères inconnus des veaux de la population avec performances, présenté en figure 2.3, permettent d’apprécier la quantité d’animaux écartés des analyses. En effet, les analyses de pedigree ne concernent que les animaux dont les deux parents sont connus.

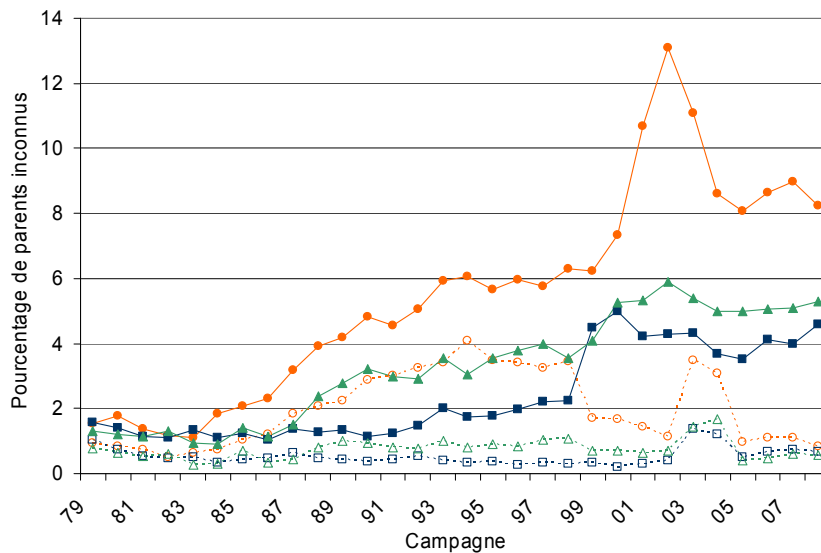


Figure 2.3. Taux de pères (trait continu) et de mères (pointillés) inconnus dans les populations au contrôle de performance VA4 Blonde d’Aquitaine (●), Charolaise (■) et Limousine (▲).

Les pères et mères inconnus correspondent aux animaux dont la généalogie n’a pas été déclarée ou a été invalidée en raison d’incohérences dans la déclaration de naissance. Le taux de mères non déclarées ou invalidées est faible et homogène entre éleveurs producteurs et sélectionneurs dans les races Charolaise et Limousine (Figure 2.3). Il est légèrement plus élevé en race Blonde d’Aquitaine. L’absence de déclaration ou l’invalidation est plus fréquente pour les pères que pour les mères. Le taux de pères invalidés était très faible jusqu’en 1983 et a cru lentement pendant la période d’expansion de la race pour atteindre environ 6%, 2% et 4% en 1997 respectivement dans les populations au VA4 Blonde d’Aquitaine, Charolaise et Limousine.

A la fin des années 1990, la mise en place du système d'identification pérenne généralisée (IPG) et de nouvelles procédures de validation des généalogies a provoqué une hausse du taux de pères invalidés, principalement dans les élevages producteurs (Journaux et al., 2006). En effet, ces nouvelles règles utilisent les informations concernant les événements de reproduction (date de saillie ou d'insémination des vaches) pour valider le père déclaré à la naissance d'un veau. L'absence d'enregistrements concernant ces événements est à l'origine d'environ 70% des cas d'invalidation des pères (Journaux *et al* 2006). La hausse du taux de pères inconnus est plus importante en race Blonde d'Aquitaine dans laquelle ce taux a dépassé 10% entre 2001 et 2003. Entre 2004 et 2008, le taux de pères invalidés semble s'être stabilisé aux alentours de 5% dans les races Charolaise et Limousine et de 8-9% en race Blonde d'Aquitaine. Le taux de pères inconnus est hétérogène entre élevages sélectionneurs et producteurs parce que les sélectionneurs veillent à ce que les généalogies de leurs animaux soient certifiées pour pouvoir les inscrire au Herd-book et vendre des reproducteurs. En 2008, ce taux s'élevait à environ 4%, 2% et 2% dans les élevages sélectionneurs respectivement de race Blonde, Charolaise et Limousine.

Dans les trois races, la connaissance des généalogies des animaux est bonne pour les animaux dont les deux parents sont connus. L'équivalent de 8,7 générations complètes est connu dans la population des veaux de la base de sélection Charolaise nés entre 2004 et 2008, soit 1,3 et 2,7 générations complètes de plus que dans le pedigree de leurs contemporains Blonds d'Aquitaine et Limousins. Au sein de chaque population, la connaissance des généalogies est hétérogène entre élevages producteurs et sélectionneurs. Par exemple, sur la période 2004-2008, indépendamment de la race, les généalogies des veaux des élevages des noyaux MN et IA sont connues au moins sur une génération de plus que celles des veaux des élevages producteurs.

Les différences de connaissance des généalogies entre et intra races dépendent de trois causes majeures. La première concerne l'absence de déclaration des parents ou l'invalidation des filiations décrite auparavant (Figure 2.3). La deuxième cause d'absence de généalogies touche essentiellement les élevages producteurs nouvellement entrés au contrôle de performances, dans lesquels la généalogie des animaux nés avant l'adhésion est inconnue. La connaissance des généalogies des vaches nées et utilisées dans ces élevages est donc généralement très partielle. Par exemple, en 2008, le taux de grands-pères maternels inconnus dans l'ensemble des élevages producteurs Blonds d'Aquitaine, Charolais et Limousins au VA4 était respectivement de 20%, 18% et 17% alors qu'il était inférieur à 2% chez les sélectionneurs Blonds d'Aquitaine, Charolais et Limousins (résultats non présentés).

La figure 2.4 présente le pourcentage d'ancêtres connus selon le rang d'ascendance des veaux blonds d'Aquitaine, charolais et limousins nés entre 2004 et 2008. Le pourcentage d'ancêtres connus est identique sur les six premières générations de généalogies des veaux de race Limousine et Charolaise. En race Blonde d'Aquitaine, le pourcentage d'ancêtres connus est plus faible sur ces six premières générations en raison du taux de parents inconnus plus élevé observé dans cette race.

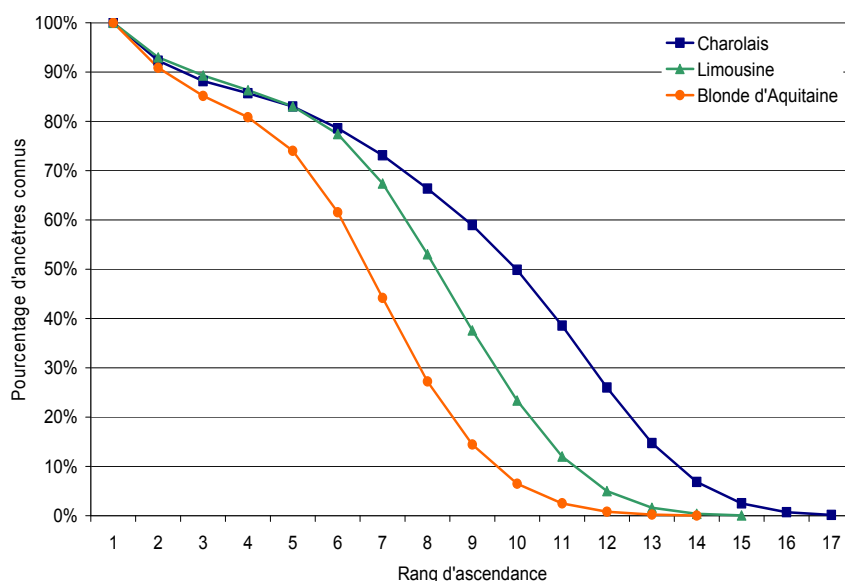


Figure 2.4. Pourcentage d'ancêtres connus par génération pour les veaux Blondes d'Aquitaine, Charolais et Limousins nés sur la période 2004-2008 ayant pères et mères connus en première génération.

Au-delà de la sixième génération, le pourcentage d'ancêtres connus diminue brutalement en race Limousine et Blonde d'Aquitaine. La troisième cause d'hétérogénéité de connaissance des généalogies, cette fois-ci entre races, concerne la reprise très partielle dans la base de données nationale des archives de généalogies des races Blonde d'Aquitaine et Limousine antérieures à la Loi sur l'Élevage. Ainsi, la généalogie des veaux Charolais nés en 1972 était connue sur l'équivalent de 4,7 générations contre 1,8 pour les veaux Blondes d'Aquitaine et Limousins.

4.2. NIVEAU DE CONSANGUINITE ET SON EVOLUTION RECENTE

En raison des différences de connaissance des généalogies observées, les résultats de consanguinité ne sont pas comparables entre races et entre élevages d'une même race.

Tableau 2.6. Nombre d'équivalent génération (EG) et consanguinité (F) des veaux nés entre 2004 et 2008 dans l'ensemble des élevages au VA4, dans les élevages des noyaux de sélection MN et IA

Race	Population	EG	% d'animaux consanguins	Niveau moyen de F (%)	Consanguinité moyenne des animaux consanguins (%)	% d'animaux avec F > 6,25%	F maximale (%)
Blonde d'Aquitaine	Base Sélection	6,0	83	1,34	1,62	3,0	38,0
	Producteurs	5,9	81	1,31	1,57	3,0	38,0
	Noyau MN	6,9	98	1,64	1,67	3,2	27,2
	Noyau IA	6,6	98	1,74	1,78	2,6	19,0
Charolais	Base Sélection	8,7	85	0,56	0,66	1,3	37,7
	Producteurs	8,4	82	0,55	0,65	1,3	37,7
	Noyau MN	10,2	99	0,65	0,65	0,9	28,7
	Noyau IA	9,8	99	0,73	0,74	0,1	28,2
Limousin	Base Sélection	7,2	83	0,72	0,83	2,4	38,1
	Producteurs	7,0	83	0,67	0,81	2,5	38,1
	Noyau MN	8,3	98	0,89	0,89	2,1	31,5
	Noyau IA	8,3	98	0,87	0,87	2,0	28,0

Le tableau 2.6 présente les statistiques concernant le niveau de consanguinité dans les populations de veaux nés entre 2004 et 2008 dans l'ensemble des élevages de la base de sélection et les élevages sélectionneurs des noyaux MN et IA de chaque race. En 2008, le niveau de consanguinité des populations Charolaise (0,56%) et Limousine (0,72%) au VA4 est faible et celui de la population Blonde d'Aquitaine est plus élevé (1,34%). Dans les trois populations, la proportion d'animaux avec un coefficient de consanguinité non nul est élevée en raison du bon niveau de connaissance des généalogies. Cependant, ces niveaux de consanguinité sont sans doute sous-estimés en raison de la connaissance hétérogène des généalogies au sein des populations. En effet, les animaux des élevages sélectionneurs, dont les généalogies sont connues sur de nombreuses générations, côtoient des animaux dont les grands-parents maternels sont inconnus (environ 20% de la population des producteurs). La très bonne connaissance des généalogies des veaux des élevages sélectionneurs permet d'expliquer la forte proportion d'animaux consanguins et le niveau moyen de consanguinité plus élevé que dans l'ensemble de la population (Tableau 2.6). Dans les élevages de sélection des noyaux IA des races Blonde d'Aquitaine et Charolaise, le coefficient moyen de consanguinité des veaux consanguins nés entre 2004 et 2008 est plus élevé que celui des

élevages des noyaux MN pour un niveau comparable de connaissance des généalogies. Dans ces élevages qui utilisent plus l'IA, l'accumulation de la consanguinité est donc plus importante.

Les animaux aux coefficients de consanguinité supérieurs à 6,25%, valeur qui correspond à un accouplement entre cousins germains, sont rares dans la population Charolaise au VA4 alors qu'ils représentent de 2,4 à 3,0% des animaux consanguins dans les populations Blonde d'Aquitaine et Limousine (Tableau 2.6). Même si elle ne correspond pas à une politique délibérée d'accouplements consanguins, la proportion d'individus fortement consanguins dans les élevages Blonds et Limousins souligne une pratique d'accouplement entre individus proches. En effet, les éleveurs Blonds d'Aquitaine et Limousins des noyaux MN utilisent régulièrement des taureaux nés dans leurs élevages pour assurer une partie de la reproduction de leur troupeau. Entre 1999 et 2008, 14% des veaux Limousins et 15% des veaux Blonds d'Aquitaine de ces élevages sont issus de taureaux eux-mêmes nés sur l'élevage. Les produits de ces accouplements ont en moyenne un niveau de consanguinité supérieur à 2,5%. Cette pratique est beaucoup moins répandue en race Charolaise où seulement 8% des veaux nés depuis 1999 sont issus de taureaux nés et utilisés dans le même élevage.

Tableau 2.7. Nombre d'équivalents génération (EG) et consanguinité (F) de l'ensemble des veaux mâles, des taureaux de monte naturelle (MN) utilisés dans les élevages au VA4, des taureaux contrôlés en station sur performances individuelles (CI) et sur descendance (CD) nés entre 1999 et 2003 pour chaque race

Race	Population	EG	% d'animaux consanguins	Niveau moyen de F (%)	Consanguinité		
					moyenne des animaux consanguins (%)	% d'animaux avec F > 6,25%	F maximale (%)
Blonde d'Aquitaine	Veaux VA4	5,1	76	1,15	1,52	2,8	38,8
	Taureaux MN	5,7	95	1,32	1,43	2,4	25,8
	Taureaux CI	5,7	99	1,55	1,56	1,5	6,6
	Taureaux CD	6,1	100	1,59	1,59	0	6,6
Charolaise	Veaux VA4	7,9	82	0,48	0,59	1,2	37,6
	Taureaux MN	8,8	97	0,49	0,50	0,6	31,3
	Taureaux CI	8,4	99	0,44	0,44	0,8	7,9
	Taureaux CD	8,6	100	0,69	0,69	3,3	8,2
Limousine	Veaux VA4	6,5	82	0,70	0,85	2,4	38,4
	Taureaux MN	7,1	95	0,69	0,72	1,6	25,9
	Taureaux CI	7,2	97	0,50	0,52	1,4	12,7
	Taureaux CD	7,4	99	0,81	0,81	3,3	12,7

Le tableau 2.7 présente les statistiques concernant le niveau de consanguinité des différents types de taureaux nés entre 1999 et 2003 et utilisés pour la reproduction dans les élevages au VA4. Dans les populations Charolaise et Limousine au VA4, les taureaux de MN et les mâles entrés dans les stations de CI ont un coefficient moyen de consanguinité inférieur ou égal à celui des autres animaux consanguins de la population au VA4 alors que la connaissance de leur généalogie est meilleure. Dans ces deux races, les taureaux conservés pour la reproduction sont donc choisis parmi les meilleurs mâles de la population en évitant ceux trop consanguins. Par contre, les taureaux retenus pour l'étape de testage sur descendance sont généralement plus consanguins que les mâles entrant en CI dont ils sont issus (Tableau 2.7). Cela s'explique notamment par la mise en testage d'une proportion plus importante de mâles issus de lignées d'IA que celle observée dans les séries de mâles évalués en CI. En effet, entre 1999 et 2003, 15% et 36% des mâles recrutés pour les stations de CI respectivement Charolaise et Limousine étaient issus de lignées de MN, alors que la proportion de mâles issus d'un père de MN retenus pour le testage sur descendance n'était que de 7% et 20% respectivement en race Charolaise et Limousine. Malgré une diversification des origines paternelles observée pour l'approvisionnement du schéma IA Blond d'Aquitaine, les mâles entrant en station de CI ont un coefficient de consanguinité proche de celui des autres animaux consanguins de la base de sélection (Tableau 2.7) et des noyaux MN et IA (résultats non présentés).

Le tableau 2.8 présente les taux d'accroissement de consanguinité par génération et les effectifs génétiques correspondants calculés pour les veaux nés entre 1999 et 2008. Les ΔF estimés sont généralement plus élevés dans les populations de sélectionneurs que dans le reste de la population, particulièrement pour les élevages sélectionneurs du noyau IA Charolais. Les ΔF estimés pour les bases de sélection Charolaise (0,083%) et Blonde d'Aquitaine (0,203%) sont faibles. Les ΔF estimés dans la base de sélection Limousine et chacune de ses sous populations sont quasi nuls. Ces résultats pour la race Limousine sont cohérents avec les estimations de Boichard et al. (1997) et de McParland et al. (2007) pour la race Limousine en France et en Irlande. Dans la pratique, le calcul du ΔF dépend fortement du degré de connaissance des généalogies (Boichard et al., 1997 ; Cervantes et al., 2008) et peut conduire à l'estimation de taux d'accroissement très faibles voire nuls dans des populations très ouvertes. Or, le taux de parents inconnus dans la base de sélection Limousine est compris entre 5 et 10% depuis plusieurs générations et est équivalent à celui de la population Charolaise et inférieur à celui de la population Blonde d'Aquitaine. Le risque de surestimation

de N_e n'est donc pas plus important en race Limousine que dans les deux autres populations étudiées. Par ailleurs, les ΔF estimés dans les noyaux MN et IA sont également très faibles alors que la connaissance des généalogies est homogène et presque exhaustive sur plusieurs générations. En race Limousine, le taux d'IA a été plus faible depuis les années 1970 que dans les deux autres populations de bovins allaitants spécialisés. Jusqu'au début des années 2000, le faible recyclage du progrès génétique pour la procréation de la nouvelle génération de taureaux d'IA, à partir des meilleurs taureaux d'IA agréés, peut expliquer la faible augmentation du taux de consanguinité dans la population. Toutefois, depuis les années 2000, la sélection des candidats au schéma d'IA s'oriente de plus en plus vers des accouplements raisonnés entre pères et mères issus de lignées d'IA (Tableau 2.2, § 2.3). Cette nouvelle pratique de sélection est susceptible d'amorcer l'augmentation du niveau de consanguinité dans la population dans les années à venir.

Tableau 2.8. Taux d'accroissement de la consanguinité par génération (ΔF) estimé pour les veaux nés entre 1999 et 2008 et effectif génétique (N_e) des bases de sélection de chaque race et de leurs sous populations d'élevages sélectionneurs des noyaux MN et IA

Population	Blonde d'Aquitaine		Charolaise		Limousine	
	ΔF (%/génération)	N_e	ΔF (%/génération)	N_e	ΔF (%/génération)	N_e
Base Sélection	0,203	247	0,083	601	0,001	8718
Producteurs	0,192	260	0,08	625	0,018	2778
Noyau MN	0,248	203	0,092	541	0,016	3193
Noyau IA	0,232	216	0,135	370	0,043	1166

Les effectifs génétiques estimés pour ces populations sont donc élevés par rapport à ceux des races bovines laitières pour lesquelles N_e est généralement inférieur à 100 (Moureaux et al., 2000). A connaissance des généalogies comparable (environ 7 équivalents générations), Sorensen et al. (2005) ont estimé des ΔF d'environ 1% par génération pour les populations Danoises Holstein et Jersey, ce qui correspond à des effectifs génétiques d'environ 50 reproducteurs.

Les effectifs génétiques calculés à partir du paramètre N_g en formule 2.11 pour les bases de sélection Blonde d'Aquitaine, Charolaise et Limousine s'élèvent respectivement à 358, 502 et 501 reproducteurs. Ces effectifs génétiques ont été calculés en considérant la diminution du taux d'hétérozygotie entre les périodes 1999-2003 et 2004-2008 et ont été corrigés pour l'intervalle de génération. Dans les trois races, les effectifs génétiques estimés sont élevés ce qui confirme que la diversité génétique des populations allaitantes spécialisées

a été relativement bien préservée. Cependant, ces estimations sont relativement différentes de celles obtenues par la méthode de régression de ΔF sur le temps, notamment pour la base de sélection Limousine. Boichard et al. (1997) ont indiqué que cette méthode ne permettait pas d'obtenir des estimations de N_e plus robustes que par régression. En effet, la relation entre H et N_g est valable uniquement dans une population panmictique dans laquelle tous les animaux ont la même probabilité de se reproduire (Boichard et al., 1997), hypothèse évidemment enfreinte une population sélectionnée depuis plusieurs décennies.

4.3. ANALYSE DES CONTRIBUTIONS GENETIQUES DES FONDATEURS ET DES ANCETRES

Le tableau 2.9 présente les nombres efficaces de fondateurs (F_e), d'ancêtres (F_a), et de génomes fondateurs (N_g) et leurs évolutions ainsi que les contributions des ancêtres principaux dans chaque population de veaux contrôlés au sevrage et nés entre les périodes 1994-1998, 1999-2003 et 2004-2008.

Le nombre total de fondateurs est toujours très élevé du fait de la connaissance incomplète des généalogies. Cependant, cet effectif ne représente pas la variabilité génétique totale des populations parce que tous les fondateurs ne sont pas indépendants et parce que leurs contributions génétiques sont déséquilibrées. Le nombre de fondateurs efficaces F_e est ainsi plus de 100 fois plus faible que le nombre total de fondateurs dans les trois populations étudiées. Toutefois, dans les trois populations, le nombre F_e est élevé et indique que la diversité génétique originelle a été relativement bien préservée.

A partir des effectifs F_a et N_g rapportés dans le tableau 2.9, les effets de la dérive génétique peuvent être appréciés par l'évolution du rapport N_g / F_a au cours du temps. Pour chacune des trois races allaitantes spécialisées, ce rapport est resté relativement constant depuis les années 1980, ce qui signifie que les effets de la dérive génétique sont bien négligeables dans ces populations de grande taille.

A partir des effectifs F_a et F_e (Tableau 2.9), les rapports F_a/F_e peuvent être calculés pour mesurer l'existence de goulets d'étranglement dans chacune des races. Le faible rapport F_a/F_e , compris entre 28% pour les veaux Limousins nés entre 2004 et 2008 et 48% pour leurs contemporains Charolais, montre que des goulets d'étranglement existent dans les trois races. Toutefois, la structure génétique des populations Charolaise et Limousine, d'une part, et Blonde d'Aquitaine, d'autre part, a évolué différemment. En races Charolaise et Limousine,

F_a a diminué successivement d'environ 20 à 25% entre les périodes 1994-1998, 1999-2003 et 2004-2008 alors que F_e a diminué d'environ 8 à 14%. Les goulets d'étranglements semblent donc s'accroître depuis le début des années 1990 et impliquent une réduction importante de la variabilité génétique. Cette diminution de variabilité génétique est associée à l'augmentation du taux d'IA dans la population.

Tableau 2.9. Nombre de fondateurs, de fondateurs efficaces (F_e), d'ancêtres efficaces (F_a), de génomes efficaces (N_g) et contributions génétiques marginales des principaux ancêtres des populations de veaux mâles nés en base de sélection sur les périodes 1994-1998, 1999-2003 et 2004-2008

Race	Période	Population	Population de référence	Nombre de fondateurs	F_e	F_a	N_g ¹	C_{max} ²	C_{10} ³	$N_{50\%}$ ⁴
Blonde d'Aquitaine	1994-1998	Base sélection	66 002	22870	203	80	53	6,7	27,4	50
	1999-2003	Base sélection	82 092	27118	187	72	45	7,0	29,0	43
	2004-2008	Base sélection	88 964	28118	171	64	39	7,5	30,6	36
	2004-2008	Producteurs	79 205	27 730	174	65	39	7,5	30,7	37
	2004-2008	Noyau MN	13 603	3068	144	57	35	7,9	32,6	29
	2004-2008	Noyau IA	5 262	2381	121	44	26	8,8	37,7	20
Charolaise	1994-1998	Base sélection	297 501	67006	619	387	196	1,7	9,8	214
	1999-2003	Base sélection	484 192	106821	536	286	143	2,4	13,4	151
	2004-2008	Base sélection	518 476	109229	460	220	108	2,7	14,4	109
	2004-2008	Producteurs	329 198	95 326	491	198	100	3,2	17,6	106
	2004-2008	Noyau MN	88 453	13678	325	205	96	3,1	16,2	95
	2004-2008	Noyau IA	30 459	10958	320	157	75	3,1	18,4	66
Limousine	1994-1998	Base sélection	201 547	45968	696	269	157	2,7	12,3	195
	1999-2003	Base sélection	224 350	46695	604	195	114	3,1	17,7	117
	2004-2008	Base sélection	252 466	51478	558	157	89	3,4	19,8	82
	2004-2008	Producteurs	209 367	50 993	591	152	89	3,4	20,2	86
	2004-2008	Noyau MN	45 049	7035	415	149	74	3,8	18,9	65
	2004-2008	Noyau IA	10 682	4055	406	131	63	4,0	20,5	55

¹ N_g a été calculé à partir de 5000 répliques. L'écart type d'erreur pour les N_g est respectivement de 6, 12 et 11 pour les populations au VA4 Blonde d'Aquitaine, Charolaise et Limousine sur les trois périodes étudiées, et de 4, 8 et 7 pour les élevages sélectionneurs des noyaux MN et IA en race Blonde d'Aquitaine Charolaise et Limousine sur la période 2004-2008.

² Contribution génétique marginale de l'ancêtre principal

³ Contributions génétiques marginales cumulées des 10 principaux ancêtres

⁴ Nombre d'ancêtres expliquant 50% de l'origine des gènes

Sur la période 1994-1998, le ratio F_a/F_e est bien plus important (63%) en race Charolaise qu'en races Blonde et Limousine (39%), montrant que les goulets d'étranglement sont beaucoup plus récents en race Charolaise. Dans la population Blonde d'Aquitaine, le rapport F_a/F_e est faible dès la période 1979-1983 (résultat non présenté) et le taux de diminution de F_a entre chaque période étudiée (de 10 à 12%) est proche de celui observé pour F_e (de 8 à 9%). Des goulets d'étranglement sont donc apparus dès les années 1970 en raison de la forte utilisation de l'IA mais leurs effets ne se sont pas accentués au cours du temps. La réduction de diversité génétique causée par les goulets d'étranglement créés dans les années 1970-1980 est irréversible malgré une ouverture de la population pendant la période d'expansion nationale et la diminution du taux d'utilisation de l'IA dans cette population.

Les conséquences des goulets d'étranglement qui affectent les trois populations sont également illustrées dans le tableau 2.9. Elles se traduisent par une augmentation des contributions génétiques marginales des principaux ancêtres ayant diffusés dans la population. Dans les populations Charolaise et Limousine, la contribution génétique marginale cumulée des 10 premiers ancêtres augmente progressivement au cours du temps en passant respectivement de 9,8% et 12,3% à 14,4% et 19,8%. Inversement, le nombre d'ancêtres expliquant 50% des gènes de la population a constamment diminué. Les ancêtres principaux sont principalement des taureaux d'IA fortement utilisés (Blason, Till, Concile et Jumper en race Charolaise ou Highlander, Dauphin et Ulysse en race Limousine) ou de vieux taureaux nés dans les années 1960. En race Blonde d'Aquitaine, quatre taureaux d'IA (Furet, Baricaud, Nestor et Hutin) expliquent plus de 20% des gènes de la population dès le début des années 1980.

Le tableau 2.9 présente également les statistiques dérivées des probabilités d'origine des gènes calculées pour les populations de veaux nés entre 2004 et 2008 dans les élevages des noyaux MN et IA Blonds d'Aquitaine, Charolais et Limousins. Dans les noyaux de sélection, les évolutions relatives de F_e , F_a et N_g sont similaires à celles observées dans l'ensemble des bases de sélection. Toutefois, le rapport F_a/F_e plus élevé suggère que les goulets d'étranglement sont moins marqués dans ces populations de sélectionneurs. Les ancêtres principaux des populations de producteurs et de sélectionneurs ne sont donc pas strictement identiques. Les ancêtres principaux des veaux des noyaux MN Charolais et Limousins sont principalement de très vieux taureaux de MN ou des taureaux autorisés à l'IA alors que ceux des veaux nés dans les élevages de production sont des taureaux agréés à l'IA

diffusés parfois très récemment. Ainsi, seulement 4 ancêtres figurent à la fois parmi les 10 ancêtres ayant les contributions génétiques les plus élevées dans les populations de veaux Charolais nés dans les élevages de production et les élevages du noyau MN entre 2004 et 2008. En augmentant le nombre d'ancêtres considérés à ceux expliquant 50% des origines des gènes, il apparaît que seulement 65% des ancêtres sont communs aux deux pools d'ancêtres des veaux des élevages producteurs et du noyau MN. Par conséquent, malgré les flux importants de taureaux de MN qui existent entre les élevages du noyau MN et les autres élevages de la base de sélection, ce résultat montre que les élevages du noyau MN constituent encore un réservoir génétique intéressant pour alimenter en reproducteurs les élevages de production de la base de sélection. Cela provient probablement du pouvoir de diffusion faible des taureaux de MN par rapport à ceux d'IA et de la relative dissociation des noyaux MN et IA. Ce phénomène est moins marqué dans les populations Limousine et Blonde d'Aquitaine dans lesquelles 6 ancêtres sont communs parmi les 10 ancêtres principaux des populations de veaux des élevages de production et du noyau de sélection MN. Par ailleurs, plus de 80% des ancêtres expliquant 50% des origines des gènes sont en commun entre les populations de veaux des élevages de production et du noyau MN.

5. DISCUSSION ET CONCLUSION

L'ensemble de ces résultats permet de caractériser la structure et la variabilité génétique des trois principales races allaitantes françaises en lien avec l'organisation relativement complexe de leur schéma de sélection. Au sein de la population évaluée IBOVAL, les diverses pratiques observées entre élevages, qui concernent le mode de reproduction (taux de pénétration de l'IA) et la conduite du troupeau, ainsi que la grande hétérogénéité de connaissance des généalogies entre animaux sont à bien prendre en compte pour le choix des modèles d'évaluation.

L'approche fondée sur l'analyse des pedigrees pour étudier la variabilité génétique d'une population est à la fois simple et peu coûteuse car elle valorise des généalogies enregistrées en routine. Elle permet de caractériser le niveau de variabilité génétique des races sur l'ensemble de leur génome à condition d'avoir des informations complètes et fiables. Cette étude pourrait être complétée par une analyse des variations de fréquences alléliques pour différents marqueurs moléculaires. Les marqueurs nucléotidiques (ou SNP pour Single

Nucleotide Polymorphism), présents en quantité importante sur tout le génome, sont des sources d'information précieuses pour caractériser la structure génétique des populations. Avec la publication de la séquence complète du génome bovin en avril 2009 (Gibbs et al., 2009) et la disponibilité de puces à ADN haute densité (54 000 SNP répartis sur tout le génome), de premières analyses de diversité basées sur l'information moléculaire des génomes ont permis de caractériser finement la structure génétique des populations et leur évolution des populations ancestrales jusqu'aux actuelles populations très sélectionnées (Zenger et al., 2006 ; Gibbs et al., 2009 ; Elsik et al., 2009).

Le dispositif d'enregistrement des généalogies et des performances, développé grâce à la loi sur l'Élevage, a permis de collecter une quantité importante d'informations. L'ensemble des outils utilisés pour la sélection des reproducteurs a permis de réaliser un progrès génétique certain dans les trois populations sur les caractères de croissance, de morphologie et de qualités d'élevage (Boulesteix et al., 2008) sans détériorer fortement leur niveau de variabilité génétique. Selon les recommandations de la FAO (1998), le taux d'accroissement de la consanguinité doit être inférieur à 1% par génération pour éviter le phénomène de dépression de consanguinité ce qui correspond à un effectif génétique de 50 reproducteurs. Goddard et Smith (1990) ont estimé qu'un effectif génétique de 40 reproducteurs efficaces était nécessaire pour préserver l'efficacité de la sélection dans des populations de bovins laitiers. Ainsi, l'effectif génétique nécessaire pour éviter la dépression de consanguinité est plus important que celui requis pour ne pas détériorer l'efficacité de la sélection (Meuwissen et Woolliams 1994). Dans les trois populations étudiées, les effectifs génétiques estimés sont élevés et supérieurs à ces recommandations, dans l'ensemble de la population comme dans les élevages des noyaux de sélection. Cela suggère que le niveau de variabilité génétique disponible dans les populations Blondes d'Aquitaine, Charolaise et Limousine est encore largement suffisant pour éviter le phénomène de dépression de consanguinité et préserver des marges de progrès génétique dans les générations futures.

Les nombres de fondateurs et d'ancêtres efficaces élevés confirment que la diversité génétique est toujours importante dans les trois populations de bovins allaitants spécialisés. Toutefois, ces résultats mettent aussi en évidence des changements rapides dans la structure génétique des populations Charolaise et Limousine. Les effets des goulets d'étranglement se sont accentués depuis le début des années 1990 et sont liés à l'augmentation de l'utilisation de l'IA ciblée sur un nombre réduit de reproducteurs. Bien que les taux d'accroissement de

consanguinité estimés soient faibles dans ces deux populations, cette réduction de diversité génétique est à surveiller. En effet, les statistiques dérivées des probabilités d'origine des gènes sont des outils descriptifs utiles pour mettre en évidence rapidement des pratiques de reproduction néfastes pour la diversité génétique d'une population avant qu'une augmentation du niveau de consanguinité soit observable. En race Blonde d'Aquitaine, les goulets d'étranglement existent depuis une quarantaine d'années ; leurs effets ne s'amplifient pas mais ils ont tout de même entraîné une réduction notable et irréversible de la variabilité génétique de toute la base de sélection. Dans les trois races, la forte diffusion des élevages de sélection dans le reste de la population en contrôle de performance peut sembler néfaste pour la préservation de la variabilité. Par contre elle constitue un avantage certain du point de vue des évaluations génétique pour améliorer la connexion entre élevages (Kennedy et Trus, 1993).

Les programmes allaitants de sélection des taureaux d'IA sont de taille modérée en comparaison des schémas laitiers. Dans les trois races, le recrutement des taureaux s'est concentré sur des mâles issus de pères agréés à l'IA. Cette pratique est particulièrement néfaste en terme de maintien de la variabilité génétique car elle réduit le nombre d'origines familiales des mâles qui seront fortement diffusés par la suite vers des lignées déjà fortement utilisées. Elle favorise également la propagation d'anomalies génétiques dans la population. Ainsi, dans la population Holstein, la prévalence de certaines maladies ou anomalies génétiques récessives, telles le BLAD, le syndrome Bull-dog ou encore le CVM, a fortement augmenté suite à l'utilisation importante de taureaux porteurs de la maladie (Moureaux et al., 2000). Une recommandation pour éviter un renforcement des goulets d'étranglement serait de maintenir un nombre minimal de pères à taureaux pour procréer la nouvelle génération des taureaux d'IA en veillant à ce que chaque père à taureaux ait un nombre équilibré de mâles en stations de CI. Des méthodes d'optimisation des taux d'utilisation des reproducteurs et des accouplements entre pères et mères à taureaux pourraient également être mises en œuvre pour concilier réalisation de progrès génétique et préservation de la variabilité génétique sur un plus long terme (Sonesson et Meuwissen 2000). De telles méthodes ont été appliquées avec succès pour la gestion des accouplements des programmes de sélection des bovins laitiers et des porcs (Colleau *et al* 2006, Colleau et Tribout 2006).

Les nouvelles évolutions du dispositif d'amélioration génétique vont certainement influencer la structure génétique des populations allaitantes. L'ouverture du marché des semences animales à de nouveaux opérateurs français ou étrangers, autorisée depuis 2006 par la loi d'orientation agricole, va probablement élargir le nombre de taureaux diffusant dans les populations allaitantes françaises ce qui serait favorable au maintien de la diversité génétique de ces populations.

Pour évaluer l'intérêt d'ouvrir le marché des semences animales à la concurrence étrangère en terme d'élargissement des origines génétiques des reproducteurs, une étude a été réalisée pour mesurer la proximité génétique de quatre populations européennes de bovins limousins avec la base de sélection limousine française. Cette étude est présentée en Annexe I. Les données concernent les veaux nés dans les élevages réalisant un contrôle au sevrage au Danemark, en France, en Irlande, en Suède et au Royaume-Uni. Bien que l'origine de toutes ces populations soit française, la subdivision de la population Limousine Européenne et les flux modérés de gènes entre populations sur les deux dernières décennies ont permis de maintenir un certain niveau de diversité génétique entre sous-populations. A l'exception de la population Irlandaise qui importe continuellement des reproducteurs et semences françaises, les populations britanniques, danoises et suédoises possèdent des ancêtres majeurs différents de ceux de la base de sélection française. L'existence de ces sous-populations limousines étrangères peut constituer une opportunité pour réintégrer de la diversité génétique dans la base de sélection française. Ce résultat souligne l'intérêt de la mise en place d'une évaluation génétique internationale qui permettrait d'élargir le choix des reproducteurs à des populations aux origines génétiques diversifiées.

Chapitre 3.

Etude du modèle d'évaluation génétique des reproducteurs en ferme

1. INTRODUCTION

Dans les populations bovines allaitantes sélectionnées en France, la connaissance des généalogies est hétérogène. Dans chaque race, des animaux dont les ancêtres sont connus sur une dizaine de générations côtoient des animaux dont les parents ou les grands-parents sont inconnus (cf. Chapitre 2, § 4.1). Le modèle actuel d'indexation des bovins allaitants en ferme (modèle IBOVAL) sur les performances pré-sevrage ne prend pas en compte cette hétérogénéité de longueur des généalogies connues car il considère que tous les animaux sans parents connus, appelés fondateurs, proviennent d'une unique population de fondateurs originels de la race, supposés non sélectionnés et non apparentés (Henderson, 1973). L'hypothèse faite est alors que le niveau génétique des parents inconnus reste constant au cours des générations de sélection. Or, du fait du progrès génétique réalisé au cours des générations de sélection, les parents inconnus sont susceptibles de présenter des niveaux génétiques différents en fonction de leur année de naissance. Ces différences potentielles nécessitent d'être modélisées pour éviter des biais dans la prédiction des valeurs génétiques. En effet, les animaux nés récemment de parents inconnus sont pénalisés par rapport à leurs contemporains aux parents connus, parce que leur index sur ascendance est estimé au niveau de l'ensemble des fondateurs de la race (Van Vleck, 1990).

L'introduction de groupes de parents inconnus (GPI), encore appelés groupes génétiques, dans le modèle d'évaluation génétique permet de modéliser les hétérogénéités de niveau génétique qui existent *a priori* dans la population des fondateurs. Dans les populations de bovins laitiers, la définition des GPI est généralement basée sur trois critères : le pays d'origine et l'année de naissance de l'animal sans généalogie et la voie de transmission des gènes du parent inconnu vers son descendant (père-fils, mère-fils, père-fille ou mère-fille). En effet, ces quatre voies sont généralement caractérisées par des intensités de sélection différentes qui peuvent nécessiter la création de groupes génétiques différents (Westell *et al.*, 1988 ; Quaas, 1988 ; Banos *et al.*, 1991). Dans les populations de bovins allaitants, ces trois critères ne sont pas suffisants pour décrire *a priori* les différences de niveau génétique qui existent au sein de la population de fondateurs. En effet, il existe en France une grande diversité de systèmes de production entre races mais également au sein des races. Les comptes-rendus des réseaux d'élevage font état de cette grande diversité, les systèmes de

production étant souvent caractéristiques d'une région (Charroin *et al.*, 2005 ; Devun *et al.*, 2007). A cette diversité de systèmes de production correspondent des objectifs de sélection différents entre régions et élevages qui amènent à des choix différents de reproducteurs. En outre, l'utilisation relative des modes de reproduction par IA et MN varie fortement entre élevages. Dans une région et une époque données, cela peut induire des différences importantes de niveau génétique parce que l'intensité de sélection des taureaux d'IA est plus élevée que celle des taureaux de MN. A notre connaissance, aucune méthodologie n'a été décrite pour définir des GPI pour une population nationale hétérogène à l'échelle des systèmes de production. Cette question est pourtant importante car une bonne définition des GPI est nécessaire pour éviter des biais de sélection et prédire correctement l'évolution génétique de la population sélectionnée. En outre, une définition robuste de ces GPI est nécessaire à la stabilité des résultats d'indexation entre deux évaluations successives (de Jong, 2003 ; Fikse, 2003).

La diversité des systèmes de production allaitants implique également de grandes différences de variabilité des performances entre élevages. La non prise en compte des variances hétérogènes dans les évaluations génétiques engendre des biais dans la prédiction des valeurs génétiques des animaux, particulièrement lorsque la pression de sélection est forte (Garrick et Van Vleck, 1987). En effet, Haldane (1930) a montré que la proportion d'individus sélectionnés dans différents groupes dépendait de la variabilité intra-groupe. Les animaux conduits dans un milieu peu ou moyennement variable ont une probabilité plus faible de présenter une valeur génétique élevée et donc d'être sélectionnés. A hérabilité et niveau génétique moyen fixés, Hill (1984) a démontré par simulation que la proportion d'individus sélectionnés est toujours plus importante dans les milieux les plus variables et que cette proportion est d'autant plus forte que la différence de variance entre les sous-populations est importante. Enfin, Garrick et Van Vleck (1987) ont montré que la réduction du progrès génétique calculé sur un cycle de sélection est faible en ignorant l'hétérogénéité des variances des performances entre élevages mais que le biais induit dans la prédiction des valeurs génétiques des femelles élites peut être important. Si la variabilité des performances observées dans les élevages allaitants français dépend avant tout de la région d'élevage, la modélisation d'une variance résiduelle propre à chaque région permettrait de corriger de tels biais dans l'évaluation IBOVAL et de sélectionner des reproducteurs élites dans des élevages aux performances moins variables.

Dans cette partie de la thèse, deux évolutions du modèle d'évaluation IBOVAL sont donc étudiées pour améliorer l'efficacité de la sélection des reproducteurs en ferme :

- l'ajout de groupes de parents inconnus (GPI)
- la prise en compte d'une hétérogénéité régionale de variance résiduelle.

La population Charolaise au contrôle de performance VA4 a servi de cas d'étude pour juger de l'intérêt de ces deux évolutions dans l'indexation IBOVAL. La dynamique d'expansion forte et les divergences régionales connues en terme d'objectifs de sélection de cette race peuvent avoir conduit à la création de sous-populations de reproducteurs présentant des niveaux génétiques très différents sur les performances pré-sevrage. L'étude s'est effectuée en trois étapes clés. La première étape a consisté à identifier et décrire les grandes régions d'élevage Charolais en France. Ce travail a servi de base pour la définition de groupes régionaux de parents inconnus et des hétérogénéités régionales de variance résiduelle. La seconde étape a consisté en l'élaboration d'une procédure de définition des GPI fondée sur l'étude des flux de reproducteurs observés en base de sélection. Elle propose des règles pour valider les groupes génétiques *a posteriori* en terme de qualité d'ajustement du modèle aux données et de stabilité des effets estimés. La troisième et dernière étape concerne l'étude de l'impact des évolutions du modèle IBOVAL proposées tant sur la prédiction des valeurs génétiques que sur les choix de reproducteurs qui en découlent. Les modèles proposés ont été comparés au modèle IBOVAL actuel sur des critères de qualité d'ajustement du modèle aux données, de significativité et de robustesse des effets GPI estimés mais également en termes de biais, précision et évolution des valeurs génétiques prédites. Ces critères nous ont permis de déterminer le modèle d'évaluation génétique le plus pertinent pour améliorer l'efficacité de la sélection en ferme des reproducteurs de race Charolaise.

2. DESCRIPTION ZOOTECHNIQUE DE LA POPULATION CHAROLAISE

2.1. DYNAMIQUE D'EXPANSION DE LA RACE CHAROLAISE

La race Charolaise est la principale race spécialisée pour la production de viande en France et est présente dans toutes les régions d'élevage de bovins. Jusqu'au 18^{ème} siècle, cette race s'est développée localement dans son berceau natal, sur les coteaux environnant la ville

de Charolles (Saône-et-Loire). Les animaux, destinés à la boucherie de l'agglomération lyonnaise, étaient sélectionnés pour leur conformation bouchère. Au début du 19^{ème} siècle, la race s'est établie dans la région Nivernaise puis dans le centre de la France (Allier, Cher, Côte d'Or). A cette époque, elle était utilisée pour sa double aptitude, la viande et le trait. Le recours au croisement avec la race Durham s'est alors répandu dans la Nièvre et le Centre de la France pour essayer d'améliorer la précocité des animaux, mais il n'a pas perduré au-delà de 1850 parce qu'il a provoqué une diminution de la rusticité, de l'aptitude au trait et du rendement des carcasses. En 1864, des éleveurs ont fondé le Herd-book de la race Nivernaise Charolaise à partir des métissages Durham-Charolais. Les éleveurs de Saône-et-Loire, plus réticents au croisement, et dont les animaux étaient d'un type plus maigre et rustique, ont créé le Herd-book de la race Charolaise en 1882. Ces deux livres généalogiques ont fusionné en 1919. Dès la fin du 19^{ème} siècle, les qualités bouchères et maternelles de la charolaise ont séduit les éleveurs vendéens.

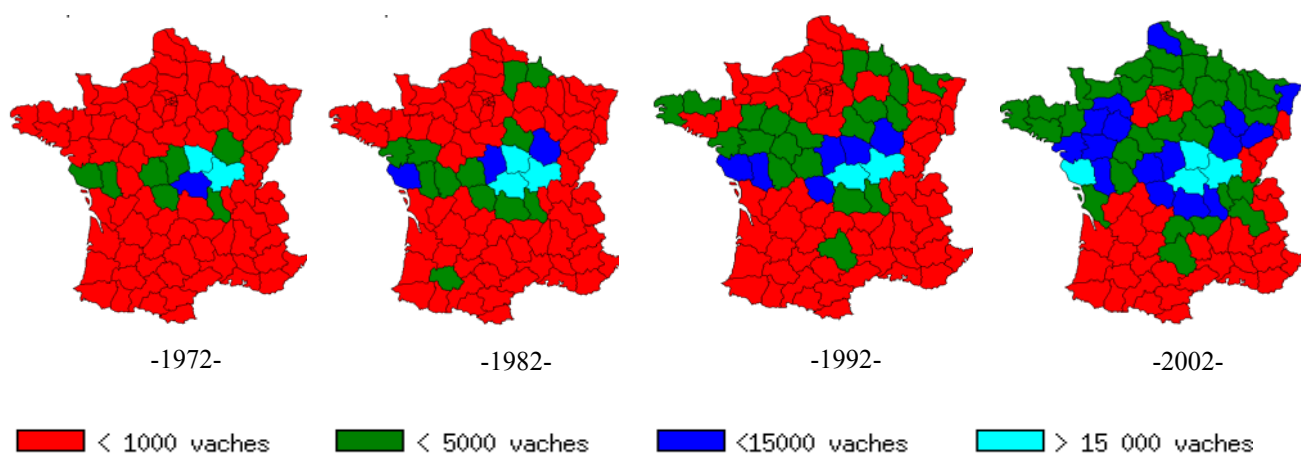


Figure 3. 1. Nombre de vaches charolaises recensées par département en 1972, 1982, 1992 et 2002

Pendant la seconde moitié du 20^{ème} siècle, la race s'est également développée fortement dans le Nord et l'Est de la France, puis dans l'Ouest (Deux-Sèvres, Maine-et-Loire, Bretagne et Normandie), et enfin, plus tardivement, dans les zones de moyenne montagne pour la production de veaux croisés sur vaches de races rustiques Aubrac et Salers. Avec l'instauration des quotas laitiers en 1983, l'expansion de la race Charolaise s'est faite à partir de deux foyers principaux : le berceau de race (Saône-et-Loire, Nièvre et Allier) et la Vendée. Comme l'illustre la figure 3.1, l'expansion a d'abord concerné les départements périphériques du berceau de race puis s'est généralisée à l'ensemble des départements de la moitié Nord de la France. Le berceau de race et la Vendée sont des régions comportant une plus forte

proportion d'élevages sélectionneurs, élevages généralement inscrits au Herd-Book. Dans ces régions, les troupeaux sont en moyenne plus grands que dans les autres régions d'élevage Charolais.

2.2. IDENTIFICATION DES DIVERSES REGIONS D'ELEVAGE CHAROLAIS

La diversité des systèmes de production qui existe dans les différentes régions françaises sous-tend l'existence d'hétérogénéités génétiques dans les populations bovines allaitantes. Afin d'appréhender les facteurs à l'origine d'éventuelles disparités génétiques entre populations régionales, il était indispensable de déterminer des régions d'élevage présentant des systèmes de production spécifiques. Toutefois, aucune information sur les systèmes de production n'est enregistrée dans la base nationale de données utilisée pour les évaluations génétiques.

2.2.1. ANALYSE EXPLORATOIRE DES SYSTEMES DE PRODUCTION DEPARTEMENTAUX

Une analyse exploratoire des données a été réalisée à l'échelle départementale pour identifier des régions aux systèmes de production spécifiques. Toutes les analyses statistiques ont été réalisées avec la version 9.1 du logiciel SAS (2002).

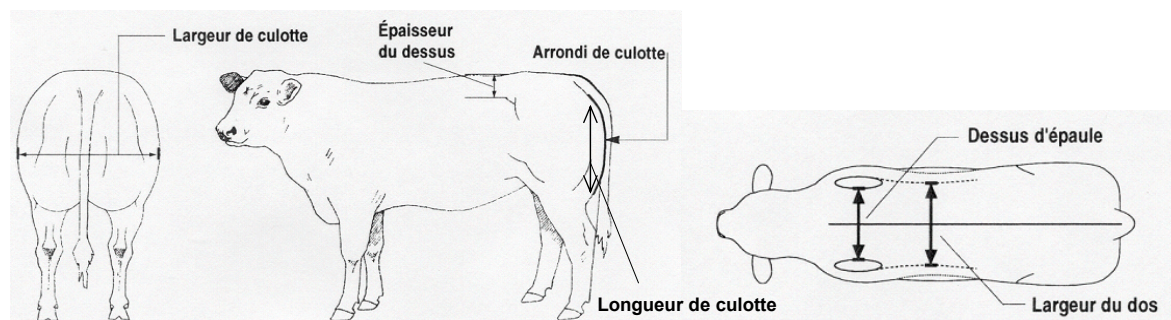
Les données analysées sont extraites de la base de données nationale qui est utilisée pour réaliser les évaluations génétiques en ferme des reproducteurs sur les performances mesurées à la naissance et au sevrage. Entre les campagnes 1972 (1^{er} août 1971 – 31 juillet 1972) et 2006, la base de sélection Charolaise inclut 2 936 732 veaux nés dans 8 157 troupeaux ayant au moins cinq veaux contrôlés au sevrage et par campagne. Ces 8157 élevages sont localisés dans 86 des 95 départements français de métropole. Cependant, 69 départements représentent chacun moins d'un pourcent des animaux contrôlés alors que cinq départements (Allier, Cher, Nièvre, Saône-et-Loire, Vendée) apportent environ 50% des données.

Encadré 1 : Description des notes globales de morphologie mesurées en ferme (Adapté de Oden, 2004)

Les deux notes de pointage morphologique sont attribuées par un technicien du contrôle de performance et correspondent à la somme d'appréciations réalisées en divers postes élémentaires de l'animal. Chacune de ces appréciations est mesurée sur une échelle de 10 points.

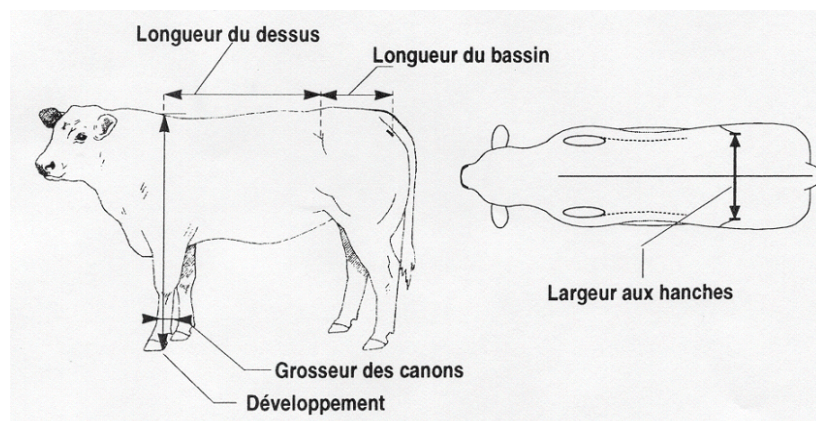
Le développement musculaire (DM) rend compte de l'épaisseur et du rebondi des masses musculaires des veaux, principalement au niveau des épaules, du dos et de la cuisse. Ce score se calcule comme la somme des pointages relevés sur la largeur de culotte, le dessus du dos, l'arrondi de culotte, la largeur du dos et l'épaisseur du dessus dont la note compte double (Figure a). Ce score sur 60 points est ensuite ramené sur une échelle de 100 points.

Figure a. Postes de pointage considérés pour l'appréciation du développement musculaire



Le développement squelettique (DS) permet d'apprécier le gabarit des animaux et le développement de son squelette. Ce score se calcule comme la somme des pointages relevés sur la longueur du dessus, la longueur du bassin, la largeur aux hanches, la grosseur des canons et le développement dont la note compte double (Figure b). Ce score sur 60 points est également ramené sur une échelle de 100 points.

Figure b. Postes de pointage considérés pour l'appréciation du développement squelettique



Quatre caractères sont enregistrés au sevrage : le poids à la naissance (**PN**, $\mu_{PN}=45,3$ kg, $\sigma_{PN}=6,6$ kg), le poids au sevrage ajusté à 210 jours (**P210**, $\mu_{P210}=273,4$ kg, $\sigma_{P210}=49,0$ kg) et enfin les pointages de développement squelettique (**DS**, $\mu_{DS}=64,3$ points, $\sigma_{DS}=9,7$ points) et musculaire (**DM**, $\mu_{DM}=63,0$ points, $\sigma_{DM}=11,9$ points) au sevrage. Les deux notes de pointage morphologique sont attribuées par un technicien du contrôle de performance sur une échelle de 100 points. Ces scores morphologiques correspondent à la somme d'appréciations réalisées en divers postes élémentaires de l'animal (cf. Encadré 1).

En raison du nombre élevé de départements et de paramètres à prendre en considération pour représenter les systèmes de production, des méthodes factorielles de synthèse de l'information et de classification ont été utilisées pour identifier des régions constituées de départements homogènes et présentant entre elles des différences de systèmes de production. De telles méthodes ont déjà été utilisées avec succès en Espagne pour constituer des échantillons de la population Castellane pour la réalisation d'enquêtes et de projections démographiques (Rueda Sabater et al., 2004). Une approche combinant analyse en composantes principales (ACP) et classification a été adoptée pour automatiser l'agrégation des différents départements en régions.

L'ACP est une méthode factorielle qui permet de mettre en évidence des structures dans des populations constituées d'individus homogènes et caractérisés par un grand nombre de variables quantitatives. Une ACP a été utilisée pour synthétiser l'information de 22 paramètres décrivant, à l'échelle départementale, les performances des veaux à la naissance et au sevrage, la démographie des populations, les pratiques de reproduction et la saisonnalité des vêlages (Tableau 3.1). Les variables analysées correspondent aux moyennes de chaque paramètre calculées sur l'ensemble des troupeaux d'un département. Ces variables ont été centrées et réduites pour éviter des effets d'échelle liés aux différences de moyenne et de variance. La représentation graphique est réalisée dans un nouveau repère, de dimension réduite, dont les axes permettent de résumer le maximum de variance qui existe dans la population étudiée. Les axes d'inertie principaux sont déterminés comme des combinaisons linéaires des variables les plus informatives d'après l'étude de leurs moyennes, variances et des corrélations linéaires existant entre elles.

Tableau 3. 1. Moyennes, écarts types et extrema des 22 paramètres caractéristiques des élevages Charolais utilisés dans l'analyse en composantes principales des systèmes de production Charolais de 59 départements pendant la période 1999-2006.

Aspect	Abréviation	Caractère, unité	μ	σ	Minimum	Maximum
Performance	PN_Moy	Poids naissance moyen, kg	46,4	0,92	44,2	48,0
	P210_Moy	Poids sevrage moyen, kg	277,9	8,80	253,2	300,5
	DM_Moy	Développement musculaire moyen, points	60,3	2,14	55,6	66,0
Démographie	DS_Moy	Développement squelettique moyen, points	62,0	1,77	57,0	67,2
	Taille_élev	Taille moyenne des troupeaux	36,5	10,8	18,41	78,3
	Taux_HBC	Taux d'élevages inscrits au Herdbook	0,24	0,19	0,03	0,76
	Taux_PI	Taux de pères inconnus	0,05	0,03	0,00	0,15
Reproduction	Taux_IA	Taux de veaux issus de taureaux d'IA	0,38	0,14	0,12	0,71
	Elev_IA0	Proportion de troupeaux avec un taux d'IA nul	0,12	0,09	0,00	0,38
	Elev_IA70	Proportion d'élevages avec un taux d'IA supérieur à 70%	0,22	0,17	0,00	0,65
	Taux_IA_AB	Proportion d'IA réalisées avec des taureaux agréés Aptitudes Bouchères	0,48	0,07	0,24	0,64
	Taux_IA_QM	Proportion d'IA réalisées avec des taureaux agréés Qualités Maternelles	0,38	0,06	0,21	0,66
	Taux_IA_MP	Proportion d'IA réalisées avec des taureaux agréés Muscularité Précoce	0,01	0,02	0,00	0,11
	Taux_MIA	Proportion d'IA réalisées avec des taureaux autorisés à l'IA	0,08	0,08	0,00	0,49
Vêlage	Parité_Moy	Parité moyenne des vaches	3,43	0,21	3,04	4,07
	Vel_précoce	Proportion de génisses vêlant avant 30 mois	0,06	0,05	0,01	0,23
	Vel_Standard	Proportion de génisses vêlant entre 34 et 39 mois	0,72	0,09	0,47	0,86
	Vel_tardif	Proportion de génisses vêlant après 40 mois	0,05	0,03	0,02	0,15
	Vel_Automne	Proportion de vêlages en automne (Octobre - Décembre)	0,33	0,15	0,06	0,69
	Vel_Hiver	Proportion de vêlages en hiver (Janvier - Mars)	0,44	0,11	0,24	0,69
	Vel_Printps	Proportion de vêlages au printemps (Avril - Juin)	0,18	0,07	0,05	0,35
Vel_Eté	Proportion de vêlages en été (Juillet - Septembre)	0,05	0,05	0,00	0,22	

Sur la base des résultats de l'ACP, les départements ont été agrégés en régions présentant des systèmes de production aux caractéristiques similaires. L'agrégation a été réalisée par un algorithme de classification hiérarchique ascendante (CHA) utilisant le critère d'agrégation de Ward. Cet algorithme consiste à trouver à chaque itération la partition de l'ensemble des individus qui maximise la variance entre groupes et minimise la variance intra-groupe (Lebart et al., 2002). Seuls les 10 premiers axes de l'ACP, qui expliquaient 90% de la variance entre départements, ont été pris en compte pour réaliser la classification. Cela a permis d'éliminer des fluctuations non systématiques dans les données et ainsi d'améliorer le découpage en régions en constituant des groupes de départements plus homogènes (Lebart et al., 2002).

Cette approche combinant ACP et CHA a été appliquée à quatre périodes de temps successives afin de détecter les évolutions temporelles dans les pratiques de production et de reproduction des différentes régions d'élevage allaitant. Les limites des périodes étudiées coïncident avec d'importants événements politiques ou techniques qui ont amené des évolutions des schémas de sélection. Une première période a été considérée entre 1972 et l'instauration des quotas en 1983. Ce dernier événement a accéléré l'expansion nationale de la race Charolaise sur une deuxième période comprise entre 1983 et 1991. La troisième période comprise entre 1992 et 1998 est marquée par la mise en place des évaluations génétiques en ferme avec la méthode Best Linear Unbiased Prediction ou BLUP (Henderson, 1973) appliquée à un modèle animal (Ménissier et al., 1996). La dernière période considérée (1999-2006) se caractérise par l'augmentation du taux de parents inconnus dans la population en lien avec la mise en place de l'Identification Pérenne Généralisée (IPG) et de nouvelles règles de validation des généalogies (Journaux et al., 2006).

Pour gagner en robustesse et limiter les incohérences de classification, ces analyses ont été réalisées sur les départements qui comportaient au moins cinq troupeaux et 1000 veaux contrôlés pour chaque période considérée. En effet, l'ACP peut manquer de robustesse quand certains départements présentent un profil atypique en raison du faible nombre de données prises en compte. Une valeur extrême pour un paramètre avec un poids important dans la première composante peut fortement influencer la détermination des composantes suivantes en raison de la contrainte imposée sur l'orthogonalité des axes (Lebart et al., 2002). Ainsi, pour la période 1999-2006, 59 départements ont été pris en compte pour la détermination de régions d'élevage Charolais, soit 1 274 304 données issues de 4 514 élevages.

- Chapitre 3 -

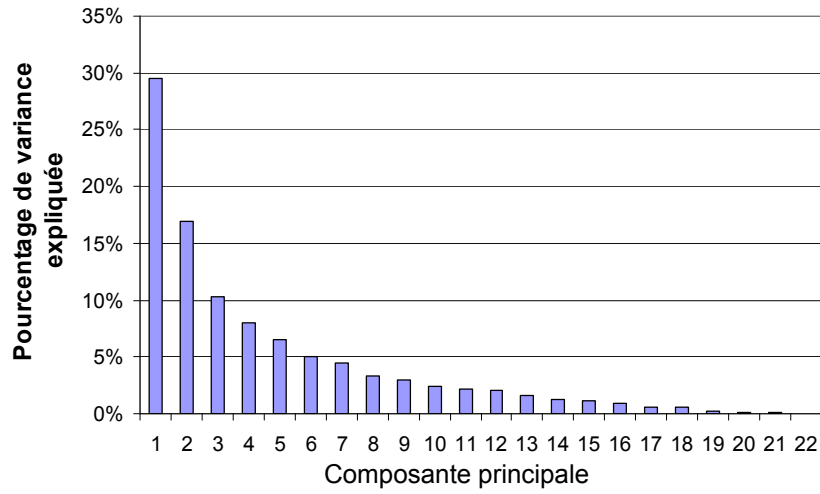


Figure 3. 2. Pourcentage de variance expliqué par chaque axe de l'analyse en composantes principales sur les données des élevages Charolais de 59 départements Français étudiés sur la période 1999-2006.

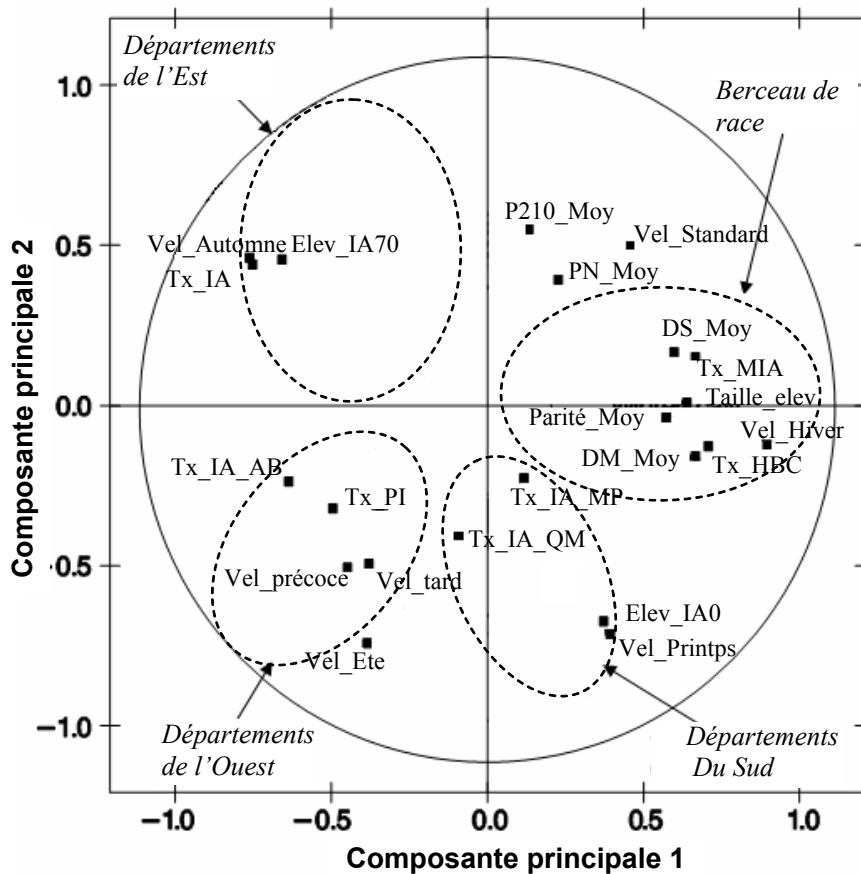


Figure 3. 3. Cercle des corrélations entre les 22 paramètres départementaux décrivant les élevages Charolais et les deux premières composantes de l'ACP déterminées pour la période 1999-2006. (Les cercles en pointillés et les noms en italiques indiquent la localisation des divers départements dans le plan factoriel principal)

- Chapitre 3 -

Les résultats des analyses factorielles utilisées pour délimiter les régions d'élevage Charolais sont présentés uniquement pour la dernière période étudiée (1999-2006). Ces résultats sont cohérents avec ceux des périodes précédentes. Les deux premières composantes principales de l'ACP expliquent respectivement 30% et 18% de la variance totale qui existe entre les 59 départements Français étudiés (Figure 3.2). Le cercle des corrélations entre les variables et les deux premiers axes de l'ACP est présenté dans la figure 3.3. La localisation des départements dans le plan factoriel principal est représentée de façon schématique sur cette figure par des cercles en pointillés.

La première composante discrimine nettement les départements du berceau de la race (Saône-et-Loire, Nièvre) et de sa périphérie (Allier, Cher, Creuse, Indre, Puy-de-Dôme, Côte d'Or) des autres départements Français (Figure 3.3). La discrimination de ces huit départements repose principalement sur une taille importante des troupeaux, un taux élevé d'élevages inscrits au Herdbook, une forte proportion de vêlages hivernaux, des performances élevées de morphologie au sevrage et enfin une faible utilisation de l'IA avec toutefois une utilisation plus fréquente de taureaux d'IA non issus du protocole de testage du schéma collectif national (anciens taureaux autorisés à l'IA).

Parmi les 51 départements restants, le second axe permet de discriminer nettement les départements de l'Est de la France des départements de l'Ouest et du Sud de la France. Cette discrimination porte sur des critères de performances de croissance, d'utilisation de l'IA, de saisonnalité des vêlages et d'âge de mise à la reproduction. Les paramètres qui discriminent le mieux les élevages de l'Est de ceux de l'Ouest et du Sud sont les performances de croissance élevées des veaux et l'utilisation plus forte de l'IA. Les départements de l'Ouest de la France se caractérisent par une utilisation plus fréquente de taureaux agréés Aptitudes Bouchères et une plus forte proportion de génisses vèlant jeune (avant 30 mois) ou tardivement (après 39 mois). La saisonnalité des vêlages permet également de bien discriminer les trois ensembles de départements : les vêlages sont relativement fréquents à l'automne dans l'Est, en été dans l'Ouest et au printemps dans le Sud.

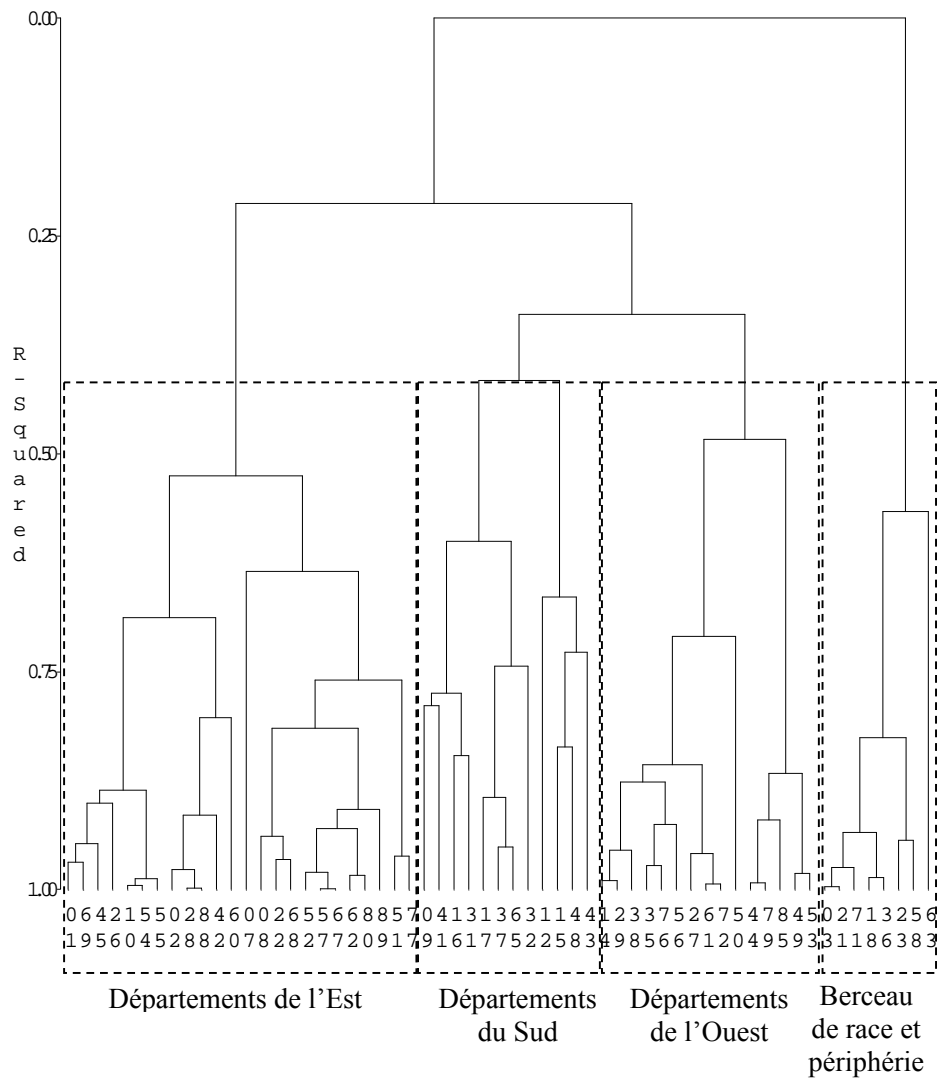


Figure 3. 4. Arbre de classification des 59 départements Français analysés sur la période 1999-2006 à partir des résultats d'une ACP réalisée sur 22 paramètres décrivant les caractéristiques départementales des élevages Charolais.

L'algorithme de classification avec critère de Ward a permis d'automatiser l'agrégation des 59 départements étudiés en régions. D'après l'arbre de classification, présenté en figure 3.4, quatre groupes de départements peuvent être clairement identifiés et correspondent à quatre ensembles géographiques cohérents mis en évidence dans le plan factoriel principal (Figure 3.3) : le berceau de race et ses départements périphériques, les départements de l'Ouest de la France, la région du Sud de la France et enfin un grand ensemble regroupant les départements de l'Est de la France (Nord, Est et région Rhône-Alpes). Ces quatre clusters expliquent 42% de la variance totale observée entre départements, ce qui est relativement limité.

Cette première analyse a permis de fournir les éléments nécessaires à une description plus fine validée par les experts de la sélection Charolaise. Une classification automatique plus fine aurait abouti à la constitution de régions de tailles très déséquilibrées ou composées de départements géographiquement éloignés. Pour caractériser plus finement les hétérogénéités régionales qui existent au sein de la population Charolaise, ces quatre groupes de départements ont été à nouveau découpés en s'appuyant sur trois exigences de respect d'une cohérence statistique, historique et géographique.

La première exigence était de constituer des régions comportant un minimum de 100 000 veaux contrôlés pour que les analyses statistiques réalisées par la suite reposent sur une quantité suffisante d'informations. La seconde exigence concernait la prise en compte d'informations supplémentaires concernant l'histoire de la sélection de la race Charolaise dans des régions spécifiques. Ces informations ont été recueillies auprès des experts de l'OS Charolaise et dans des ouvrages historiques (Bougler et al., 1973). Par exemple, dans le berceau de race Charolais, il est traditionnellement reconnu que les animaux de la Nièvre ont été traditionnellement sélectionnés pour une croissance et un DS élevés alors que ceux de Saône-et-Loire ont été plus sélectionnés sur le DM. La dernière exigence de division des groupes concernait la constitution de régions composées de départements voisins.

2.2.2. DESCRIPTION DE 14 REGIONS D'ELEVAGE CHAROLAIS

L'analyse fine de l'histoire et des performances zootechniques de la race entre départements a permis de définir quatorze régions à partir des quatre groupes de départements décrits précédemment. Le passage de 4 à 14 régions s'est en particulier fondé sur l'expertise de l'OS qui craignait que certaines hétérogénéités génétiques soient ignorées par un découpage trop grossier de la France. Ces régions sont représentées sur la figure 3.5 avec les numéros administratifs des départements qui les composent.

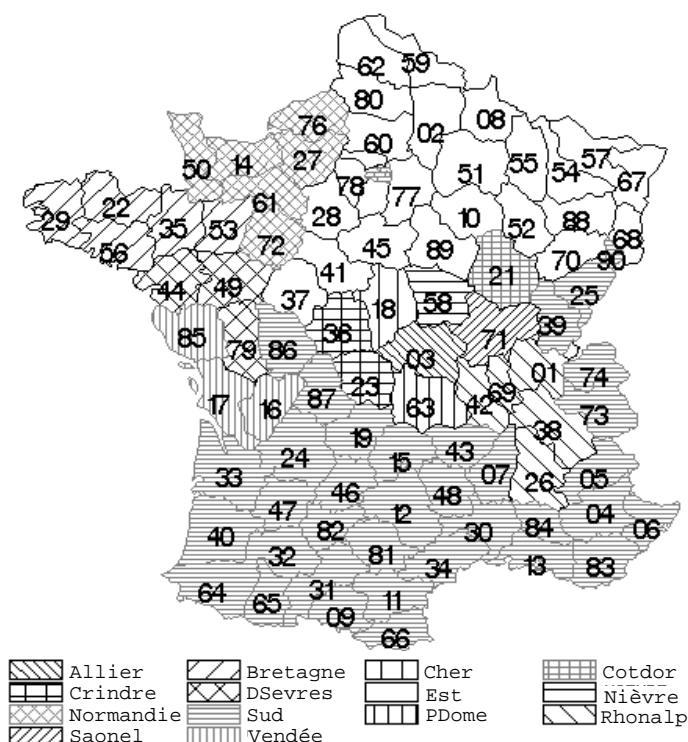


Figure 3. 5. Représentation des 14 régions d'élevage Charolais. (Les numéros correspondent aux numéros administratifs des départements)

Les départements du berceau de race et de sa périphérie ont des pratiques d'élevage et des systèmes de production très homogènes. Toutefois, l'existence de spécificités régionales de sélection reportées par Bougler et al. (1973) ont permis de diviser ce groupe en sept régions différentes : l'Allier (n°03), la Nièvre (n°58), la Saône-et-Loire (n°71, abrégée en Saonel), le Cher (n°18), la Côte d'Or (n°21, abrégée en Cotdor), le Puy-de-Dôme (n°63, abrégé en PDome) et une dernière région constituée de la Creuse (n°23) et de l'Indre (n°36) nommée Crindre.

De même, le groupe des départements de l'Ouest de la France a été divisé en 4 régions plus fines : la Vendée (n°16, 17, 85), les Deux-Sèvres (n°44, 49 et 79, abrégé en DSèvres), la Normandie (n°14, 27, 61, 50, 72, 76) et la Bretagne (n° 22, 29, 35, 53, 56). Le groupe des départements de l'Est de la France est constitué de départements aux systèmes de production relativement homogènes mais géographiquement éloignés. Ce groupe a donc été découpé en deux régions géographiquement distinctes situées de part et d'autres du berceau de la race : la région Est constituée des départements du Nord et du Nord-Est de la France et la région Rhône-Alpes (n° 01, 26, 38, 42, 69, abrégée en Rhonalp). La dernière région regroupe tous les départements du Sud de la France (Massif Central, Aquitaine, Midi-Pyrénées) et inclut également tous les

départements avec moins de cinq élevages et moins de 1000 animaux contrôlés au sevrage qui sont tous situés dans la partie Sud de la France. Les grandes différences observées entre régions sont décrites succinctement dans les paragraphes suivants.

2.2.2.1. Des différences régionales de performances au sevrage

L'analyse des performances des veaux au sevrage est importante pour identifier des sous-populations régionales car elles indiquent le type d'animal recherché pour répondre aux besoins spécifiques des éleveurs de ces régions. Les performances au sevrage les plus caractéristiques des veaux des différentes régions ont été déterminées à l'aide d'une analyse factorielle discriminante (AFD) dont la représentation graphique est présentée en figure 3.6.

Dans une population hétérogène, dans laquelle une structure est connue (ici les régions), l'AFD a pour but de déterminer les variables les plus caractéristiques des sous-groupes qui constituent la population. Géométriquement, une région sera bien discriminée si la dispersion du nuage de points de tous ses individus (variance au sein de la région) est faible par rapport à la dispersion des nuages de points des autres régions (variance entre régions). Cela revient à trouver un nouveau repère, constitué d'axes définis par des combinaisons linéaires des performances les plus informatives, pour représenter les performances des individus de telle sorte que le chevauchement des nuages de points de chaque région soit minimal.

L'AFD a été réalisée sur toutes les femelles nées entre 2001 et 2005 en considérant leurs quatre performances pré-sevrage. Ces performances ont été standardisées pour s'affranchir des unités et éviter les effets d'échelle entre caractères. Ces AFD ont été également réalisées sur quatre périodes successives de cinq années entre 1981 et 2000. Les analyses concernant les performances antérieures à 1995 ne sont toutefois pas exploitables parce que les notes de morphologie n'étaient pas comparables entre régions. En effet, avant cette date, les grilles de pointage morphologique (DM et DS) n'étaient pas harmonisées à l'échelle nationale. L'harmonisation a provoqué des variations importantes des niveaux de performances, variations spécifiques à chaque région. L'AFD accordant un poids important aux deux notes de morphologie pour discriminer les régions entre elles, les représentations graphiques ne sont pas aisément interprétables pour les périodes situées avant 1995. Par contre, la discrimination des régions sur les performances en ferme est cohérente entre les périodes 1996-2000 et 2001-2005.

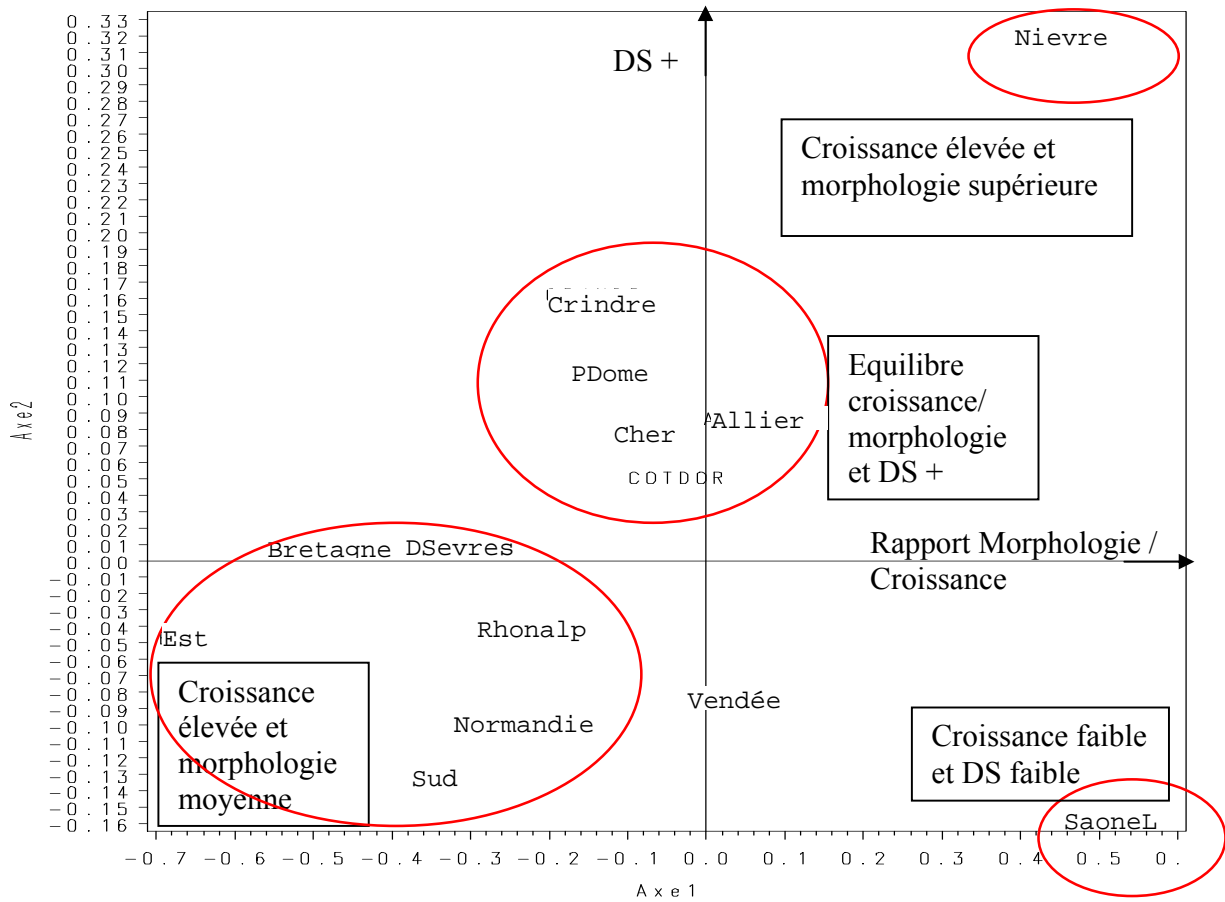


Figure 3. 6. Représentation graphique des différentes populations régionales de veaux nés entre 2001 et 2005 selon leurs caractéristiques de performances au sevrage.

Deux axes discriminants permettent d'expliquer 94% de la variance des performances entre régions (respectivement 84% et 10% pour le premier et le deuxième axe). Le premier axe discrimine les régions sur le rapport entre croissance et notes de morphologie, en considérant un poids équivalent pour le DM et le DS. Le deuxième axe discrimine les régions selon leur niveau moyen de DS. Graphiquement, plusieurs groupes de régions sont bien discriminés dans le plan factoriel principal et sont représentés en figure 3.6 :

- Les départements du Centre de la France (Allier, Cher, Creuse-Indre, Puy-de-Dôme et Côte d'Or) présentent des veaux aux performances de croissance et de morphologie équilibrées.
- Les veaux des régions d'expansion (Est, Rhonalp, Bretagne, Normandie, DSèvres et Sud) ont une croissance élevée et un DS inférieur à la moyenne.
- La Saône-et-Loire et, dans une moindre mesure la Vendée, produisent des veaux dont la croissance et le DS sont inférieurs à la moyenne.
- La Nièvre est une région tout à fait atypique par les niveaux très élevés de croissance et de morphologie (DM et surtout DS) des veaux au sevrage.

2.2.2.2. Une utilisation de l'IA différente entre régions

L'utilisation de l'IA est en constante progression dans la base de sélection charolaise et présente des disparités régionales marquées (Figure 3.7). Ces disparités régionales sont liées à des contraintes économiques (coût élevé du taureau à l'achat, retour économique des produits d'IA), organisationnelles (surveillance des chaleurs et manipulation des animaux) et à des convictions personnelles des éleveurs.

L'utilisation de l'IA a été relativement précoce et forte en Vendée par rapport aux départements du berceau de race et de sa périphérie (courbes Saône-et-Loire, Nièvre et Allier) dans lesquels l'utilisation de l'IA n'a augmenté que très lentement (15 à 20% en 2006). Dans les régions d'expansion de la race, illustrées sur la figure 3.7 par les régions Est et Normandie, l'insémination a connu une croissance soutenue de 1985 jusqu'à nos jours liée à la reconversion d'élevages laitiers en élevages allaitants sans changement des pratiques en matière de reproduction.

- Chapitre 3 -

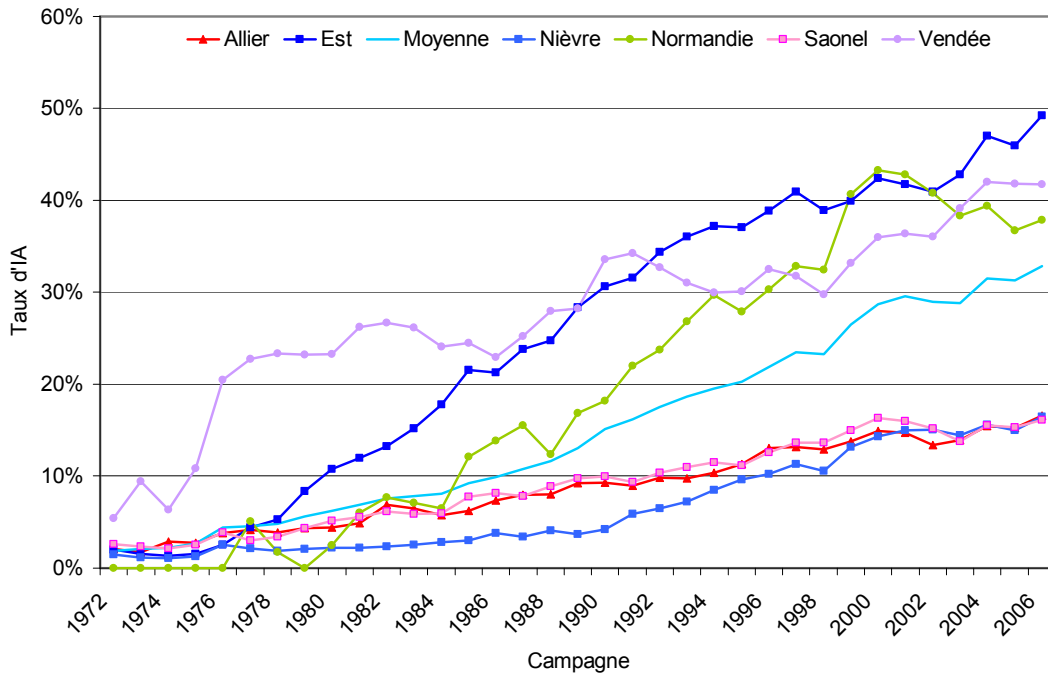


Figure 3. 7. Evolution du taux de veaux nés d'IA entre 1972 et 2006 dans les élevages de la base de sélection et dans six régions représentatives de la diversité des systèmes de production Charolais

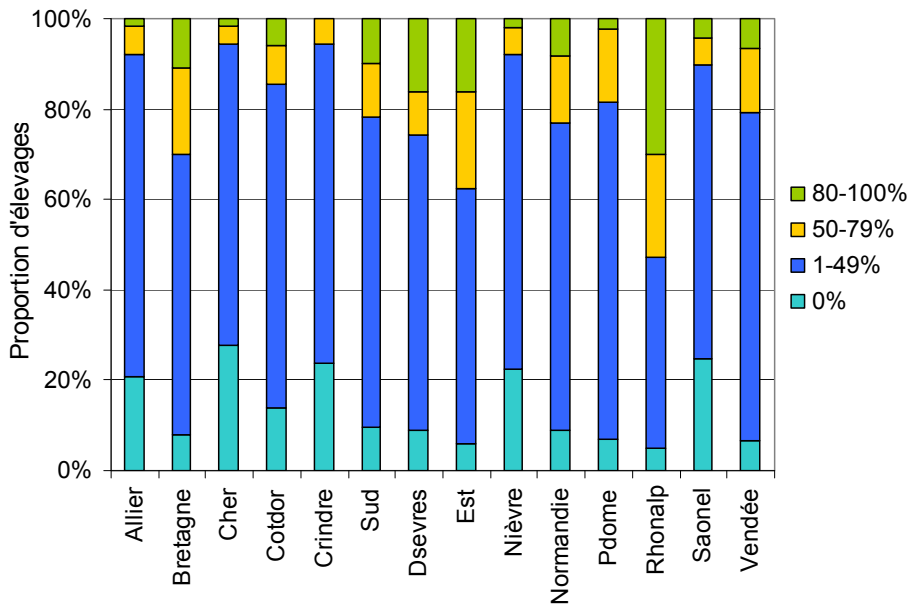


Figure 3. 8. Répartition des élevages par région et proportion de veaux nés d'IA en 2006

Ainsi, en 2006, dans les régions Rhonalp, Est et DSèvres, la proportion de veaux nés d'IA est supérieure ou égale à 50% dans les élevages de la base de sélection. L'utilisation de l'IA n'est également pas homogène entre élevages d'une même région. Bien qu'en constante diminution dans toutes les régions, la proportion d'élevages n'utilisant pas l'IA est encore supérieure à 20% en 2006 dans les régions du berceau de race et du centre de la France (Figure 3.8).

Enfin, bien que faible à l'échelle nationale, l'utilisation des taureaux autorisés à l'IA est non négligeable dans certaines régions, notamment dans les régions du berceau de race (Nièvre, Allier, Saône-et-Loire) et surtout dans le Puy-de-Dôme. Dans cette région, les descendants des taureaux autorisés à l'IA représentent 46% des naissances issues d'IA. Cela s'explique par la présence d'un groupement d'éleveurs qui mutualisent leurs moyens pour acheter en commun des taureaux ensuite diffusés par IA au sein de chaque élevage membre.

2.3. SPECIFICITES DES ELEVAGES SELECTIONNEURS ET PRODUCTEURS

Au sein des régions, des disparités de niveaux génétiques sont susceptibles d'exister entre élevages de sélection et de production. Une analyse spécifique a donc été réalisée pour apprécier les différences de performances et de conduite entre ces deux types d'élevage. Les élevages de sélection considérés pour cette étude sont ceux du noyau MN défini au chapitre 2. Les autres élevages sont considérés comme élevages de production, même s'ils sont vendeurs occasionnels de reproducteurs.

Les élevages spécialisés pour la vente de reproducteurs de MN sont tous inscrits au Herd-book et au contrôle de performances depuis au moins une vingtaine d'années (les quatre exceptions sont des éleveurs ayant aussi un troupeau laitier et non déclaré comme éleveur allaitant). Avant 1990, une dizaine de ces éleveurs (environ 1,5% des élevages) n'étaient pas inscrits au Herd-book, une proportion plus importante (4%) n'étaient pas adhérents au contrôle de performances. La plupart de ces élevages sont localisés dans le berceau de race et sa périphérie ou en Vendée.

- Chapitre 3 -

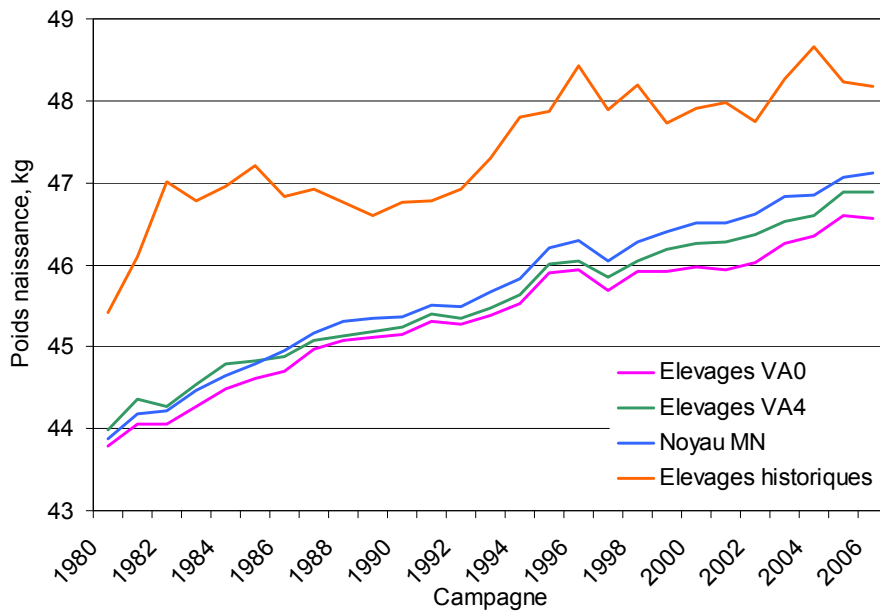


Figure 3. 9. Evolution des poids à la naissance des veaux des élevages charolais au VA0 et au VA4 et des élevages sélectionneurs du noyau MN et historiques

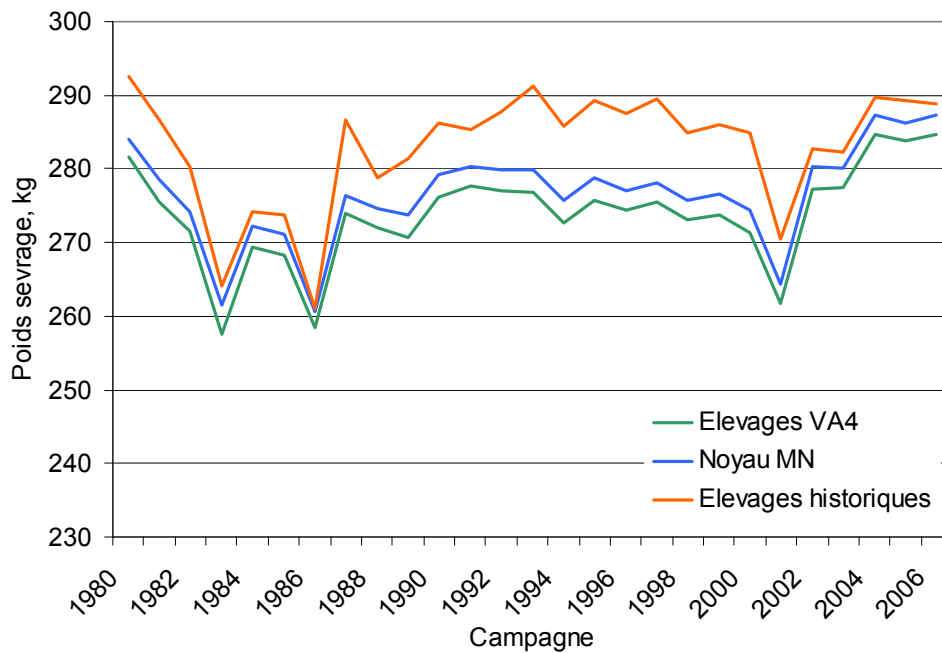


Figure 3. 10. Evolution des poids au sevrage des veaux des élevages charolais au VA4 et des élevages sélectionneurs du noyau MN et historiques

Parmi ces éleveurs du noyau MN, une catégorie d'éleveurs sélectionneurs a été plus particulièrement étudiée : les 88 éleveurs dits « historiques » dont la liste a été transmise par l'OS Charolaise. Ces éleveurs sélectionneurs de longue tradition, principalement localisés dans le berceau de race, illustrent des choix de reproduction éventuellement différents de ceux du schéma collectif d'amélioration de la race. Une cinquantaine de ces éleveurs sont toujours en activité en 2006 et 45% d'entre eux ont déjà fourni des mâles au schéma d'IA. Depuis 2000, ces éleveurs ont vendu environ 250 taureaux de MN par an dans la base de sélection et ont fourni cinq mâles par an au schéma d'IA.

Les différences concernant la conduite de la reproduction sont avant tout régionales et non pas liées au statut de vendeur de reproducteur (cf. Annexe II). Cependant, l'utilisation de l'IA est en moyenne plus importante dans les élevages de production (36%) que chez les sélectionneurs (14%). Quelle que soit la région, la proportion d'éleveurs n'utilisant pas l'IA est pourtant nettement plus faible chez les sélectionneurs (de 0 à 17%) que chez les producteurs (5 à 32%). La réalisation systématique de quelques inséminations par les sélectionneurs traduit leur volonté de connexion au reste de la population pour une bonne qualité de l'évaluation génétique en ferme.

En revanche, des différences fortes de performances pré-sevrage sont observées entre sélectionneurs et producteurs. La figure 3.9 montre l'augmentation continue du poids naissance au cours du temps, similaire dans tous les types d'élevages, depuis le début des années 1980. Le poids naissance est plus élevé chez les sélectionneurs, en particulier chez les sélectionneurs historiques, que dans l'ensemble des élevages de la base de sélection et des élevages au VA0. Le protocole VA0 du contrôle de performances ne prévoit que la certification des filiations et l'enregistrement des performances à la naissance.

Bien que les poids naissance et sevrage soient génétiquement corrélés, l'augmentation des poids au sevrage au cours du temps, quel que soit le type d'élevage considéré, n'est pas évidente (Figure 3.10). Les conditions environnementales influencent fortement cette performance. Ces deux graphiques mettent en lumière la supériorité phénotypique des élevages sélectionneurs, en particulier historiques, sur les performances de croissance par rapport à l'ensemble de la base de sélection. Depuis le début des années 2000, cette supériorité persiste mais dans une moindre amplitude.

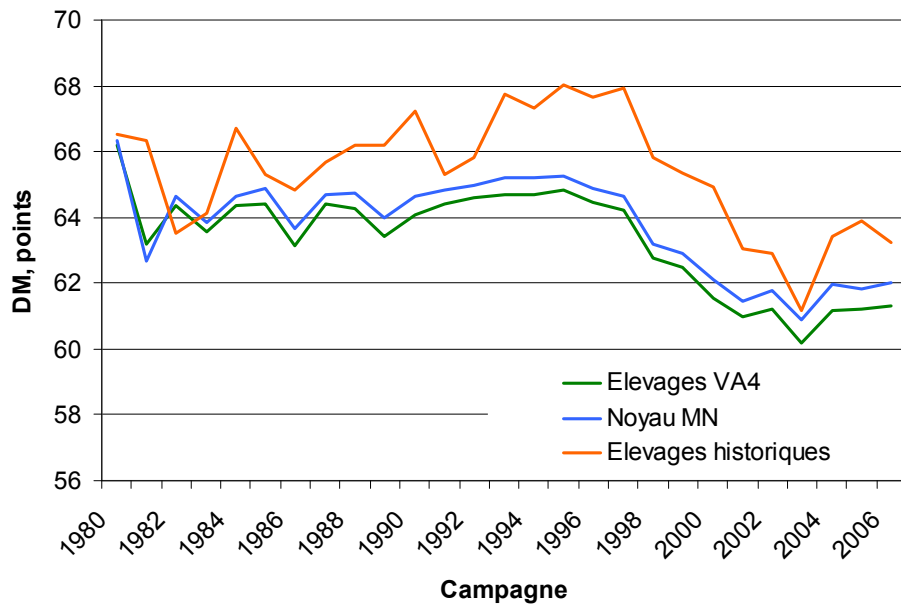


Figure 3. 11. Evolution du développement musculaire (DM) des veaux des élevages charolais au VA4 et des élevages sélectionneurs du noyau MN et historiques

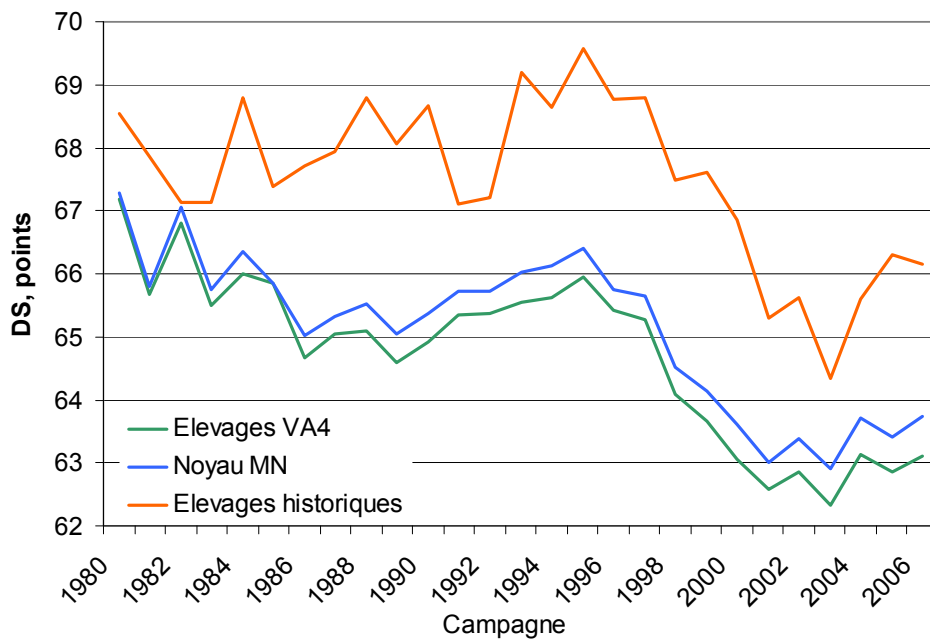


Figure 3. 12. Evolution du développement squelettique (DS) des veaux des élevages charolais au VA4 et des élevages sélectionneurs du noyau MN et historiques

Les figures 3.11 et 3.12 montrent l'évolution temporelle des notes de DM et DS au sevrage ainsi que l'effet de l'harmonisation nationale des grilles de pointage après 1995. Comme pour le P210, les éleveurs historiques ont des animaux mieux pointés que les éleveurs sélectionneurs du Herd-book, qui ont eux-mêmes un avantage sur les éleveurs de la base de sélection.

Une AFD a été effectuée pour déterminer les performances au sevrage qui discriminent le mieux les veaux des élevages de production et de sélection du noyau MN des quatorze régions sur la période 2001-2005. La représentation graphique de cette AFD dans le plan factoriel principal est présentée en figure 3.13 ; les suffixes 'S' et 'P' ont été accolés à la région de l'élevage pour désigner respectivement les élevages sélectionneurs et producteurs.

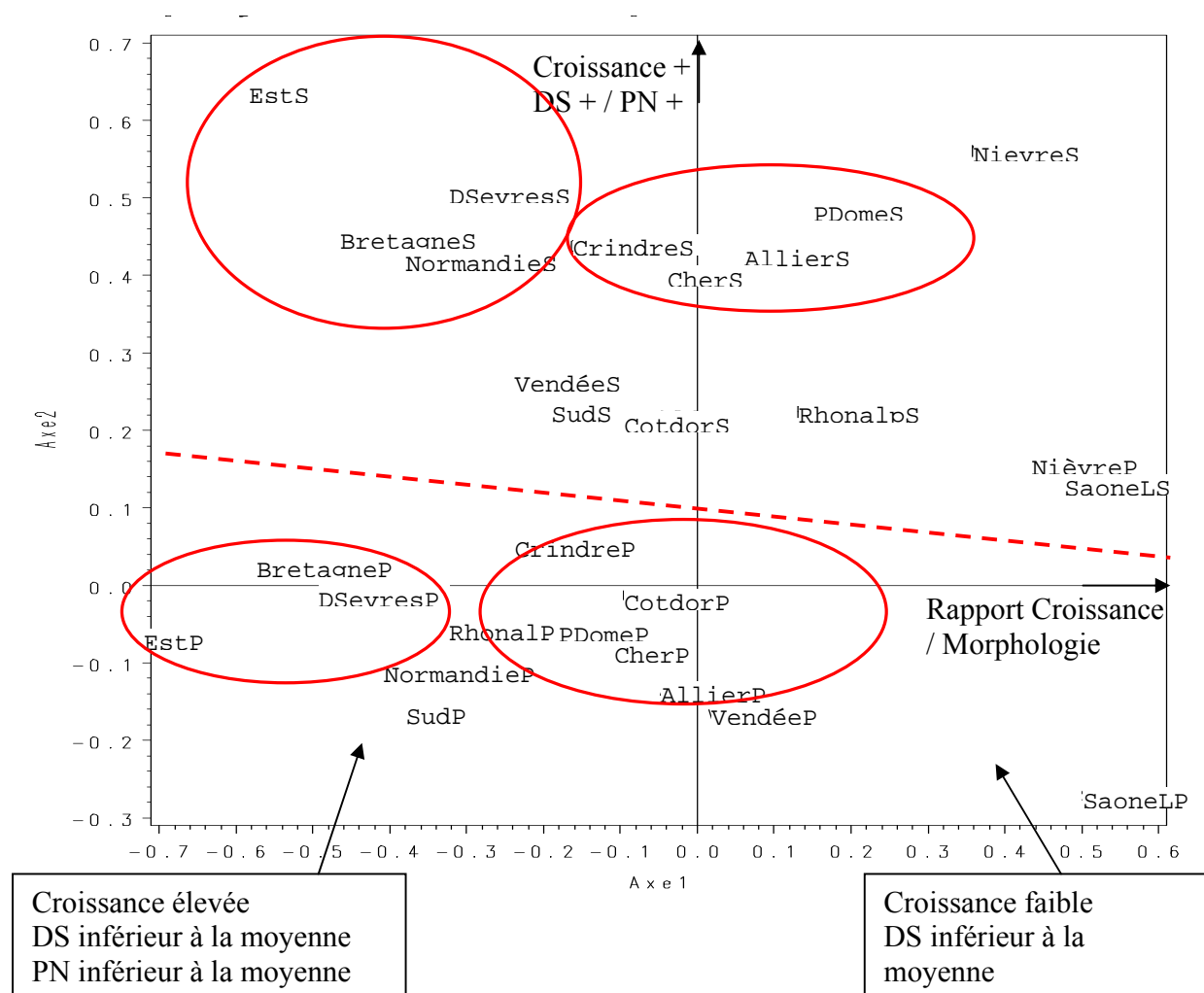


Figure 3. 13. Représentation des différentes populations régionales de veaux nés en base de sélection entre 2001 et 2005, dans des élevages producteurs (P) et sélectionneurs (S) selon leurs caractéristiques de performances au sevrage

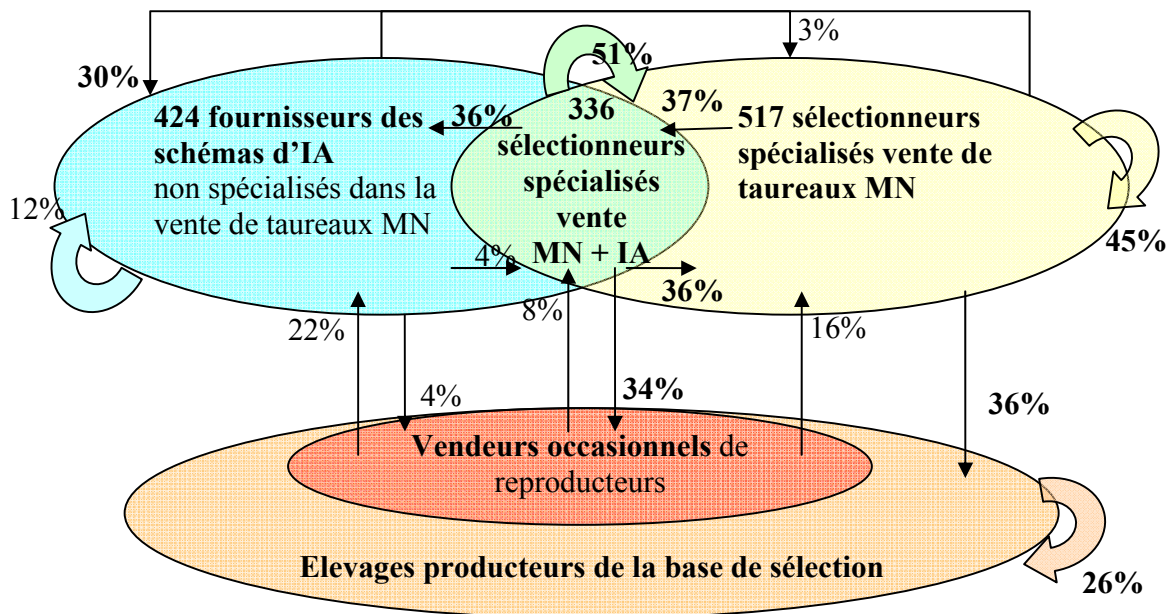


Figure 3. 14. Principaux flux de taureaux de monte naturelle observés au sein de la base de sélection Charolaise sur la période 1999-2006 (Les pourcentages correspondent à la proportion des origines génétiques des reproducteurs utilisés dans une catégorie d'élevages)

La discrimination des différents types d'élevages est nette : les deux premiers axes expliquent respectivement 69% et 23% de la variance qui existe dans la population, soit 92% de la variance totale. La définition du premier axe discriminant repose sur le rapport entre poids au sevrage et pointages morphologiques. Elle est donc identique à celle obtenue dans l'AFD précédente qui ne prenait en compte qu'une hétérogénéité régionale des performances des individus. Sur ce premier axe, les positions proches des élevages de sélection et de production d'une même région indiquent que la différence majeure entre élevages est avant tout régionale. Le deuxième axe de l'AFD discrimine nettement les élevages sélectionneurs et producteurs sur le poids des veaux à la naissance qui est plus important chez les sélectionneurs.

2.4. FLUX DE GENES ENTRE REGIONS

La diffusion des gènes dans la population est réalisée essentiellement par la voie mâle. Les choix de taureaux sont donc importants pour la création, ou le maintien, de disparités génétiques au sein des populations bovines allaitantes. Ces disparités sont d'autant plus importantes que les reproducteurs sont issus de programmes de sélection plus ou moins intensifs. L'étude des flux de reproducteurs apporte un éclairage sur l'existence d'éventuelles disparités génétiques liées aux diverses modalités régionales de sélection et de reproduction.

2.4.1. DES FLUX DE TAUREAUX DE MN REGIONALISES

Les achats de taureaux de MN engendrent des flux importants entre élevages et entre régions. Ces flux entre élevages ont été discutés dans le paragraphe 2.3 du chapitre 2 et sont décrits exhaustivement en figure 3.14. Dans la population Charolaise, le marché des reproducteurs de MN est très concentré dans la mesure où environ 70% des taureaux utilisés proviennent d'élevages sélectionneurs du noyau MN qui ne représentent que 10% des élevages de la base de sélection. Les élevages vendeurs de reproducteurs déjà sollicités par le schéma d'IA (4% des élevages) ont un rayonnement particulièrement important sur la population car, depuis 1972, ils ont fourni le tiers des taureaux de MN utilisés par les producteurs et environ les deux tiers des taureaux d'IA agréés AB et QM. Les vendeurs occasionnels de taureaux déjà sollicités par le schéma d'IA diffusent comparativement peu dans la base de sélection.

Les élevages producteurs complètent leur approvisionnement en taureaux de MN, soit auprès d'autres producteurs, soit en recyclant un mâle né sur l'élevage. Cette dernière pratique est relativement spécifique des élevages producteurs avec plus de 50% de naissances issues d'IA. En effet, les descendants des taureaux nés sur l'élevage représentent environ le quart des naissances dans ces élevages, contre 10% chez les producteurs à faible taux d'IA et moins de 5% chez les sélectionneurs. Dans les élevages à fort taux d'IA, 75% des taureaux nés et utilisés sur l'élevage sont fils de taureaux d'IA (contre 33% dans les élevages à faible taux d'IA).

Les flux de taureaux de MN sont généralement réalisés sur de courtes distances. Depuis 1980, quelque soit la région considérée, environ 40 à 50% des taureaux de MN sont utilisés dans leur région de naissance.

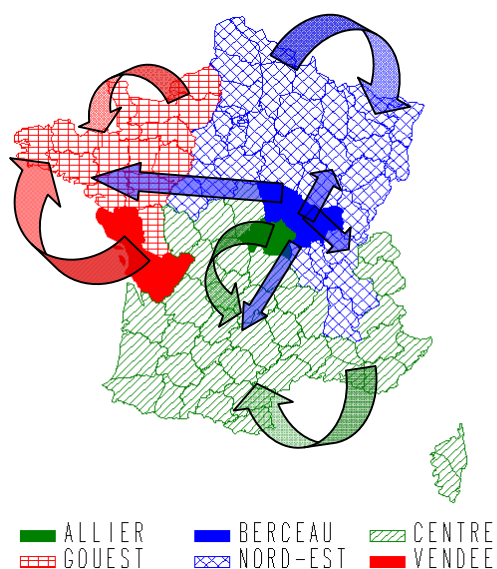


Figure 3.15. Flux de taureaux de MN entre régions dans l'ensemble des élevages inscrits au VA4 (depuis 1980)

Les flux de taureaux de MN sont très régionalisés et structurés en trois bassins d'élevages organisés autour d'une région de sélectionneurs : la zone d'élevage Centre-Sud s'articule autour de l'Allier, la zone Grand-Ouest autour de la Vendée et la zone Nord-Est autour de la Saône-et-Loire et de la Nièvre (Figure 3.15). En dehors des flux en provenance de la Nièvre et de la Saône-et-Loire, les échanges de taureaux de MN entre les trois bassins sont très limités. Seuls les départements de la Saône-et-Loire et la Nièvre regroupent un grand nombre d'éleveurs sélectionneurs qui exportent de nombreux taureaux dans toutes les autres régions. Ces exportations représentent environ 25% des taureaux achetés par les régions hors berceau et atteignent même 35 à 40% dans trois régions contiguës : l'Est, la Côte d'Or et la région Rhône-

Alpes. La Saône-et-Loire et la Nièvre importent, quant à elles, peu de taureaux d'autres régions. Leur approvisionnement en taureaux de MN est réalisé majoritairement intra-département (>65%) ; le principal flux entrant correspond à un échange réciproque de taureaux qui représente environ 15% des taureaux de MN utilisés dans chacun des deux départements.

2.4.2. LE BRASSAGE DES GENES ENTRE BASSINS D'ELEVAGE DU A L'IA

L'utilisation de l'IA assure un brassage des gènes beaucoup plus important dans la population que la monte naturelle. Bien que chaque entreprise de sélection dispose d'une base de sélection géographiquement spécifique, la diffusion des semences des meilleurs taureaux par IA est réalisée à l'échelle nationale.

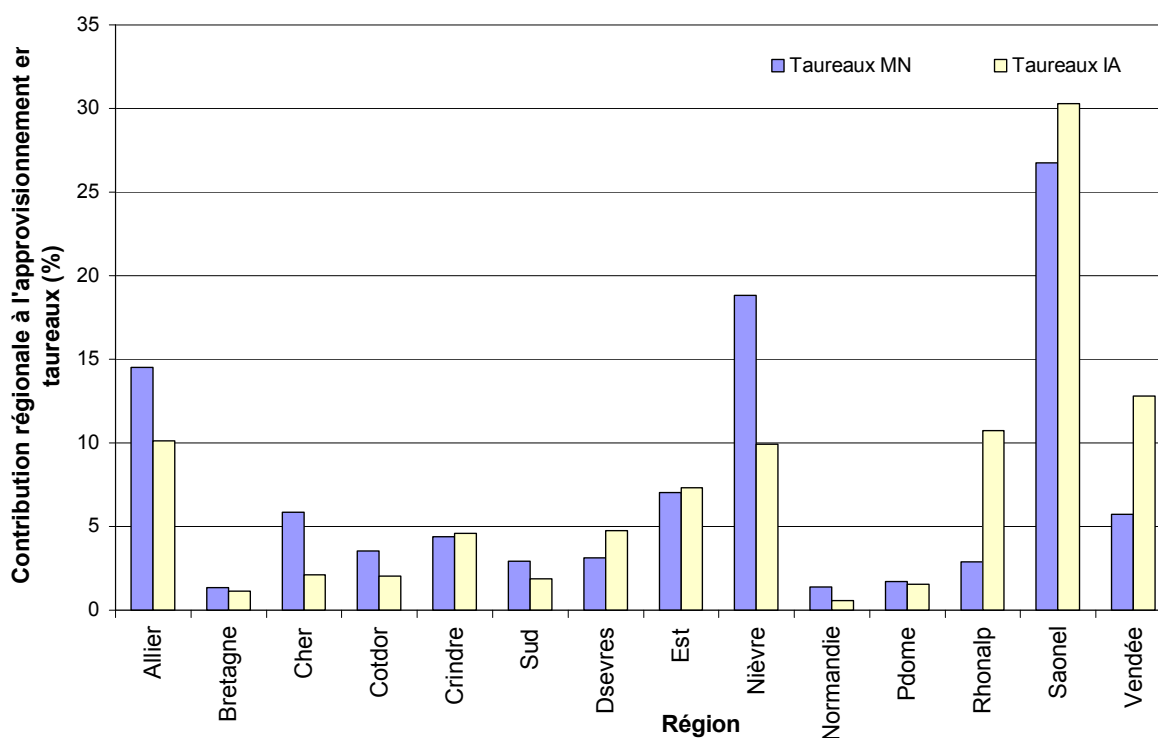


Figure 3. 16. Proportion des différentes origines géographiques des taureaux de MN et d'IA

Il est intéressant de remarquer que les origines géographiques des taureaux mis en testage ne sont pas représentatives du marché des taureaux de MN utilisés dans la base de sélection (Figure 3.16). En effet, les élevages de la Nièvre, parmi les principaux fournisseurs de taureaux de MN, approvisionnent proportionnellement peu le schéma d'IA. La situation inverse est rencontrée pour les régions Rhonalp et Vendée.

Encadré n°2 : Facteurs de variation du niveau génétique de la base de sélection

En conclusion, dans les populations allaitantes, trois facteurs sont susceptibles d'avoir induit des hétérogénéités génétiques dans la population des fondateurs. Ces facteurs sont liés principalement au progrès génétique réalisé sur les caractères sélectionnés, à la dualité des modes de reproduction (IA/MN) associée à une sélection plus ou moins intense des taureaux, ainsi qu'à des besoins en reproducteurs spécifiques d'une région et associés à la diversité des systèmes de production :

1. Le temps : Depuis le début de la période d'enregistrement des performances en 1972, d'importants événements politiques ou techniques ont impliqué des évolutions dans les schémas de sélection français. Pour analyser les données et bien appréhender les évolutions de niveau génétique dans la population Charolaise, le découpage en quatre périodes successives présenté dans le paragraphe 2.2.1 de ce chapitre a été considéré.

2. L'utilisation relative de l'IA et de la MN : L'utilisation de l'IA est en constante augmentation dans la base de sélection Charolaise mais reste très hétérogène entre régions et élevages (cf. § 2.2.2.2, chapitre 3). L'intensité de sélection est plus forte pour les taureaux d'IA que les taureaux de MN et pourrait être à l'origine de disparités génétiques entre élevages à faible et fort taux d'utilisation de l'IA. Pour prendre en compte les hétérogénéités de niveau génétique liées au taux d'utilisation de l'IA, deux catégories d'élevages ont été distinguées. Ces deux catégories regroupent les élevages avec un taux de veaux nés d'IA inférieur à 50% (élevages MN) et les élevages avec un taux de veaux nés d'IA supérieur ou égal à 50% (élevages IA).

3. La région de l'élevage : Quatorze régions d'élevage charolais ont été identifiées sur la base de différences entre leurs pratiques de production et de reproduction (cf. § 2.2.2, chapitre 3). Ce découpage relativement fin a été envisagé pour tenter de détecter le maximum d'hétérogénéités régionales en terme de niveau génétique et de variance des performances.

3. METHODES

L'inclusion de groupes génétiques dans le modèle d'évaluation doit permettre une meilleure prédiction des valeurs génétiques en intégrant les effets de la sélection réalisée dans la population des reproducteurs sans généalogie connue. La définition des groupes de parents inconnus (GPI) doit donc délimiter des groupes de reproducteurs de valeurs génétiques espérées proches (Robinson, 1986 ; Westell et al., 1988) et présentant entre eux des différences importantes de niveau génétique entre groupes (Kennedy, 1981 ; Westell *et al.*, 1988).

3.1. DEFINITION DES GROUPES DE PARENTS INCONNUS

Au paragraphe précédent, à partir de l'analyse des phénotypes des animaux et des diverses pratiques de conduite d'élevage, trois critères ont été définis comme des indicateurs potentiels d'hétérogénéités génétiques dans la population. Il s'agit de valider maintenant que ces critères sont bien à l'origine de disparités génétiques dans la population des animaux sans généalogie en race Charolaise.

3.1.1. STRATEGIE DE DEFINITION DES GROUPES DE PARENTS INCONNUS

Une définition des GPI prenant en compte tous les niveaux des trois facteurs d'hétérogénéité génétique cités précédemment conduirait à la création de 112 groupes génétiques, certains comportant peu d'animaux sans généalogie. Une définition trop fine des GPI n'est pas souhaitable parce qu'un nombre minimal d'animaux doit être affecté à chaque groupe pour estimer précisément son effet. De plus, la multiplication du nombre de groupes génétiques augmente le risque de confusion entre les effets GPI et les autres effets fixes du modèle, pouvant aboutir à une prédiction de valeurs génétiques biaisées (Quaas, 1988). Dans la pratique, Interbull recommande un minimum de 10 à 20 taureaux par groupe pour les évaluations génétiques internationales des bovins laitiers (Jorjani et al., 2001). Enfin, bien que l'introduction des GPI dans le modèle d'évaluation génétique permette de réduire le biais, elle augmente également la variance d'erreur de prédiction des valeurs génétiques en raison du nombre plus élevé de paramètres à estimer. Dans le cas où les différences de niveau génétique ne sont pas suffisantes entre groupes, Kennedy (1981) a montré qu'un modèle sans GPI pouvait être préféré à un modèle

avec GPI pour minimiser l'erreur quadratique moyenne du modèle, critère qui permet d'évaluer la qualité d'un estimateur en terme de précision et de biais.

Pour réduire le nombre de GPI en veillant à constituer des groupes de reproducteurs sans pedigree de niveaux génétiques homogènes, un postulat a été émis. Il suppose que les élevages qui ont une même stratégie d'approvisionnement en taureaux connus (origine et niveau génétique), sur une période donnée et indépendamment de leur localisation géographique, ont utilisé en espérance des reproducteurs non identifiés aux niveaux génétiques homogènes. Les descendants de ces reproducteurs inconnus sont donc des fondateurs qui peuvent être affectés à un même groupe de parents inconnus.

Pour illustrer ce postulat, considérons un exemple comportant quatre catégories d'élevages S1, S2, P1 et P2 caractérisées par des taux d'IA et des régions différentes (cf. Figure 3.17) ; S1 et S2 sont des élevages de sélection qui s'échangent mutuellement des reproducteurs alors que P1 et P2 sont des élevages producteurs.

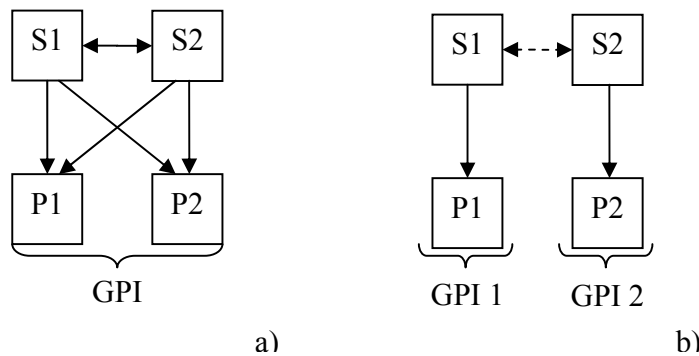


Figure 3. 17. Illustration schématique de la démarche de réduction du nombre de groupes de parents inconnus (GPI) dans une situation a) avec beaucoup de brassage entre élevages sélectionneurs et producteurs et b) avec peu de brassage génétique entre élevages

Deux cas de figure peuvent être envisagés.

1. Dans le premier cas (Figure 3.17a), S1 et S2 échangent de nombreux taureaux et P1 et P2 achètent chacun 50% de leurs reproducteurs dans des élevages S1 et le reste dans des élevages S2. Dans cet exemple, P1 et P2 utilisent en espérance des reproducteurs avec la même origine. Puisque le brassage génétique est effectif entre S1 et S2 et des régions de sélectionneurs vers les régions de producteurs, il n'y a pas de raison de penser que P1 et P2 utilisent des taureaux avec des niveaux génétiques différents et que le niveau génétique

de ces deux populations soit différente. Les animaux sans généalogie nés dans les élevages de P1 et P2 peuvent donc regroupés dans un même groupe de parents inconnus.

2. Dans le deuxième cas (Figure 3.17b), considérons peu de brassage génétique au sein de la population : les élevages S1 et S2 échangent très peu de taureaux, les élevages P1 achètent exclusivement des taureaux auprès des élevages S1 alors que les élevages P2 s'approvisionnent exclusivement auprès d'élevages S2. Si les élevages S1 et S2 ont des animaux avec des niveaux génétiques différents, alors il est très probable que P1 et P2 utilisent des reproducteurs avec des niveaux génétiques également différents. Les niveaux génétiques sont probablement différents entre les élevages des régions P1 et P2 et légitiment la définition de deux GPI distincts pour les animaux sans généalogie.

Etant donné l'analyse réalisée au § 2.4.1 de ce chapitre, il paraît naturel de chercher à limiter le nombre de régions à considérer dans la définition des GPI puisqu'il a été montré que les flux de taureaux de MN s'organisent essentiellement autour de trois zones d'échanges. En outre, aucune hypothèse n'est réalisée sur le niveau génétique des reproducteurs sans généalogie, celui-ci sera estimé par la suite, lors de l'évaluation génétique, à partir des performances de leurs descendants.

3.1.2. MISE EN EVIDENCE D'UN EFFET DE L'ORIGINE REGIONALE DES TAUREAUX SUR LES PERFORMANCES DES VEAUX

Les échanges de taureaux qui existent entre régions et entre élevages ont permis d'estimer un effet moyen de l'origine des pères sur les performances de leurs veaux à la naissance (PN) et au sevrage (P210, DM et DS). Le modèle utilisé pour analyser ces performances est un modèle d'analyse de variance comportant un effet campagne de naissance et sexe du veau, un effet cheptel de naissance du veau niché dans la région d'élevage de celui-ci, et enfin l'effet de l'origine du père. La variable d'origine du père est définie comme la combinaison du type d'élevage dont il est issu et de sa région de naissance, parmi les 14 régions préalablement identifiées. Le type de l'élevage de naissance du père se rapporte soit aux vendeurs de reproducteurs spécialisés, décrits au §2.2 du chapitre 2, soit aux producteurs qui vendent occasionnellement des reproducteurs à d'autres éleveurs de la base de sélection. Les taureaux agréés à l'IA sont définis comme une origine particulière, également croisée avec leur région de naissance, car ils ont subi une sélection plus intense que les taureaux de MN. L'effet de l'origine

du père donne une estimation du niveau génétique moyen des taureaux de MN et d'IA utilisés en fonction de leur région et type d'élevage de naissance, quel que soit le degré de connaissance de leur généalogie. Pour apprécier les éventuels changements d'origine génétique au cours du temps, le modèle d'analyse de variance a été appliqué aux quatre périodes de temps identifiées au préalable.

L'homogénéité des niveaux génétiques des taureaux en provenance d'une même région est une condition *sine qua non* pour prétendre définir des groupes génétiques sur la base des flux de reproducteurs entre régions. La comparaison du modèle d'analyse de la variance appliqué à l'échelle nationale puis régionale a permis de vérifier la cohérence des effets estimés pour une même origine paternelle entre différentes régions d'élevage des veaux. Si l'effet d'une origine paternelle S est estimée à un niveau similaire en considérant l'ensemble des veaux des élevages des régions A et B ou en ne considérant que les veaux nés soit en région A soit en région B, cela signifie que les flux de taureaux issus des élevages S sont composés d'animaux aux caractéristiques génétiques homogènes, quelle que soit leur région d'utilisation A ou B.

3.1.3. REDUCTION DU NOMBRE DE GPI DEFINIS

Pour limiter le nombre de GPI à définir au sein d'une période de temps, les fondateurs nés dans des élevages des différentes combinaisons « Région x Taux d'IA » ont été regroupés au sein d'un même GPI si ces élevages :

- présentaient un approvisionnement similaire en taureaux connus en considérant les origines paternelles qui constituent 70% du total de l'approvisionnement
- utilisaient des taureaux avec un niveau génétique moyen similaire.

Pour chaque caractère, le niveau génétique moyen des reproducteurs utilisés dans chaque catégorie d'élevages « Région x Taux d'IA » a été calculé en pondérant l'effet de chaque origine paternelle par sa contribution au nombre total de descendants dans la catégorie d'élevages considérée. La différence de niveau génétique moyen des taureaux utilisés dans deux classes d'élevages différentes devait être inférieure à 20% d'écart-type génétique (σ_g) pour chacun des caractères étudiés pour regrouper les fondateurs dans un même GPI. Cette valeur a été déterminée d'après les travaux de Phocas et Laloë (2004a) comme la différence minimale de niveau génétique nécessaire entre les groupes pour que l'inclusion de GPI puisse être bénéfique en

termes de réponse à la sélection et de minimisation de l'erreur quadratique moyenne des valeurs génétiques dans le cas de l'évaluation génétique sur descendance des taureaux du schéma d'IA.

Ces regroupements ont été réalisés en considérant les quatre caractères mesurés au sevrage pour obtenir une définition de GPI commune à tous. En effet, la réalisation d'évaluations multicaractères avec un modèle animal nécessite une définition identique des GPI pour l'ensemble des caractères étudiés (Van Vleck, 1990 ; Da et Grossman, 1991). La définition de GPI identiques était donc indispensable pour le DM et le DS qui sont analysés en routine avec un modèle animal bicaractère.

3.1.4. ATTRIBUTION D'UN GPI AUX ANIMAUX FONDATEURS

Dans la construction du fichier de généalogies, lorsque le parent d'un animal est inconnu, ce parent fantôme est substitué par un, et un seul, GPI (Robinson, 1986). Trois catégories d'animaux sans pedigree doivent être clairement distinguées pour la définition des groupes de parents inconnus : les taureaux, les vaches et les veaux non utilisés pour la reproduction.

Tous les veaux appartenant à la population évaluée et non encore utilisés pour la reproduction ont obligatoirement leur mère, leur date et cheptel de naissance connus parce que ces trois informations sont indispensables pour modéliser leur performance au sevrage dans l'évaluation génétique. On attribue donc directement à ces veaux un groupe qui correspond à leur année de naissance, au taux d'IA et à la région de leur élevage de naissance.

Pour les fondateurs, c'est-à-dire les taureaux et les vaches sans pedigree, l'attribution d'un GPI est également réalisée selon leur année de naissance, la région et le taux d'IA de leur cheptel de naissance.

- Si l'année de naissance, la région et le taux d'IA du cheptel de naissance du fondateur sont connus alors l'attribution d'un GPI au fondateur est immédiate.
- Si l'année, la région ou le taux d'IA du cheptel de naissance du fondateur sont inconnus alors ceux-ci ont été déduits à partir des règles suivantes. Tout d'abord, le statut du fondateur (taureau d'IA ou de MN) est déterminé à l'aide de la table informatique du système

d'information génétique (SIG) répertoriant tous les taureaux utilisés par IA dans la population depuis les années 1960. Les seuls taureaux d'IA sans pedigree correspondent à des fondateurs originels nés dans les années 1960. Ensuite, l'année de naissance du fondateur est prédite à partir de la date de naissance moyenne de ses descendants et un intervalle de génération dépendant de son statut : huit ans pour un taureau d'IA, quatre ans pour un taureau de MN et cinq ans pour une vache. Parce que les dates de naissance des descendants d'un fondateur peuvent être elles-mêmes inconnues (cas où les descendants sont eux-mêmes seulement ancêtres des veaux contrôlés), une procédure itérative a été mise en place pour prédire la date de naissance des ancêtres de génération en génération à partir de l'année de naissance des veaux contrôlés. En cas d'absence, la région de naissance du fondateur a été déterminée par les deux premiers chiffres de son identifiant national qui correspond au numéro administratif de son département de naissance. Enfin, quand le taux d'IA de l'élevage de naissance du fondateur est inconnu, il a été supposé inférieur à 50% parce que la monte naturelle est le mode de reproduction prédominant dans la base de sélection Charolaise.

Lorsque les deux parents d'un reproducteur sont inconnus, ces deux parents sont supposés appartenir au même GPI. On ne considère donc pas les différences d'intensité de sélection existant entre les pères et mères à taureaux ou entre les pères et mères à vaches pour une catégorie donnée de reproducteurs sans pedigree. En revanche, les parents inconnus de reproducteurs mâles et femelles contemporains d'élevage sont supposés appartenir à deux GPI différents. Cette discrimination selon le sexe du reproducteur rend compte des différences d'intensité de sélection entre reproducteurs mâle et femelle. Pour un élevage et une année donnés, on attribuera donc des GPI différents aux veaux non reproducteurs, aux vaches et aux taureaux. Dans le cas où les deux parents sont systématiquement inconnus, ignorer les différences d'intensité de sélection d'une part sur les voies « pères et mères à taureau » et d'autre part sur les voies « pères et mères à vaches » ne biaise pas la prédiction de l'index sur ascendance du reproducteur mâle ou femelle considéré. En revanche, si une partie des reproducteurs ont un seul parent inconnu d'un sexe donné, ignorer ces différences d'intensité de sélection peut biaiser la prédiction de l'index sur ascendance des reproducteurs. Par exemple, si ce sont avant tout les pères qui sont inconnus dans la population, l'estimation du GPI correspond au niveau génétique des pères fantômes et l'index sur ascendance d'un animal dont la mère est inconnue risque fort d'être surestimé. Dans la base de sélection Charolaise, 92% des reproducteurs à généalogie

incomplète ont leurs deux parents inconnus. Par conséquent, les deux parents d'un reproducteur d'un sexe donné peuvent être regroupés dans un même GPI sans crainte d'introduire un biais important dans l'évaluation génétique. En outre, dans la plupart des cas d'absence de pedigree, les deux parents inconnus appartiennent à des groupes correspondant aux mêmes critères (période, région et taux d'IA de l'élevage de naissance). Un découpage selon le sexe du parent inconnu introduirait alors une confusion des effets estimés pour les GPI de taureaux et de vaches.

3.2. MODELES D'EVALUATION GENETIQUE ETUDIES

Des évaluations génétiques avec et sans GPI ont été réalisées, d'une part, en modèle père pour valider la cohérence et l'homogénéité des groupes définis et, d'autre part, en modèle animal pour mesurer l'impact sur les index de leur introduction dans l'évaluation IBOVAL. Les quatre caractères mesurés au sevrage ont été analysés à l'aide du modèle père mais seuls les caractères de morphologie (DM et DS) ont été étudiés en modèle animal. En effet, les tendances observées sur ces deux caractères en modèle père sont illustratives de celles observées sur le P210 et le PN. De plus, contrairement au PN et au P210, la composante génétique maternelle est ignorée dans l'évaluation IBOVAL du DM et du DS parce qu'elle est faible (Phocas et Laloë, 2004b). Ne disposant pas d'un logiciel qui permette d'analyser des caractères avec un modèle comportant un effet génétique maternel et des GPI, l'étude s'est focalisée sur les deux caractères de morphologie. L'impact potentiel de l'introduction des GPI dans le modèle d'évaluation génétique du PN et du P210 sera néanmoins discuté à partir des résultats obtenus en modèle père.

3.2.1. *MODELE D'EVALUATION SANS GROUPE DE PARENTS INCONNUS*

Dans la situation sans GPI, le modèle linéaire mixte suivant a été considéré pour chaque caractère :

$$\mathbf{y} = \alpha \mathbf{a} + \mathbf{Xb} + \mathbf{Zu} + \mathbf{Wc} + \mathbf{e} \quad (3.1)$$

où \mathbf{y} est le vecteur d'observations, \mathbf{a} est l'âge au moment du pointage pris en compte comme covariable dans le modèle pour l'analyse des deux caractères de morphologie et α est le coefficient de régression correspondant, \mathbf{b} est le vecteur des effets fixes, \mathbf{u} , \mathbf{c} et \mathbf{e} sont les vecteurs aléatoires comportant respectivement les valeurs génétiques, les effets d'environnement permanent de la mère et les résiduelles distribuées selon des lois normales d'espérance nulle et de variance respectives σ^2_u , σ^2_c , et σ^2_e . \mathbf{X} , \mathbf{Z} et \mathbf{W} sont les matrices d'incidence correspondantes.

Les modèles d'évaluation génétique étudiés reprennent les principaux effets fixes des modèles utilisés en routine pour les indexations (Guerrier et al., 2007). Le vecteur **b** comporte les effets fixes de situation au pointage, de traitements particuliers avant le sevrage, de mois de naissance, d'âge de la mère et de groupe de contemporains.

La variable « situation particulière au pointage » indique si le veau a déjà été sevré au moment du pointage. Elle comporte quatre niveaux : sevré, juste sevré, non sevré et inconnu.

L'effet de « situation individuelle particulière » comporte trois niveaux : 1) aucun traitement particulier, 2) traitements favorables (concours, alimentation complémentée) et 3) existence d'une situation défavorable (maladies).

Le facteur « mois de naissance » du veau comporte dix niveaux qui correspondent à chaque mois entre octobre et mai, les mois de juin et juillet puis d'août et septembre étant regroupés par manque d'effectifs nés sur la période estivale.

L'effet de l'âge de la mère comporte dix classes définies selon le rang de vêlage et l'âge de la mère : les cinq premières classes concernent les primipares de moins de 27 mois, de 27 à 30 mois, de 31 à 33 mois, de 34 à 39 mois et de plus de 39 mois. Les cinq classes suivantes correspondent aux vaches multipares dont l'âge est respectivement compris entre 34 et 39 mois, 40 et 52 mois, 53 et 65 mois, 66 et 126 mois et est de plus de 127 mois. Les veaux dont la mère était âgée de moins de 20 mois ou de plus de 240 mois ont été éliminés. De même, les veaux pour lesquels l'âge de la mère n'était pas cohérent avec son rang de vêlage ont été éliminés.

Dans le modèle d'analyse du PN, un effet sexe du veau est pris en compte ainsi qu'un effet du groupe de contemporain (GC) défini comme la combinaison troupeau*campagne de naissance. Pour les caractères mesurés au sevrage, GC est une combinaison entre le troupeau, la campagne de naissance, le groupe de conduite et le sexe du veau. Pour ces caractères, la définition du GC diffère de celle de l'actuel modèle IBOVAL dans lequel le sexe n'est pas croisé avec l'effet troupeau*campagne de naissance*groupe de conduite. En effet, la modélisation actuelle du GC dans le modèle IBOVAL ne permet pas d'intégrer correctement les écarts de performances qui existent entre veaux mâles et femelles dans les élevages où la conduite alimentaire des veaux diffère selon le sexe (apports d'aliments concentrés aux mâles). Dans ces élevages, la prise en compte d'une interaction entre le sexe et le groupe de conduite des veaux pour la définition du GC implique une revalorisation des index des femelles qui peut atteindre 10% d'écart-type génétique sur le DM (Bouquet et Phocas, 2008). Il est prévu de faire évoluer le

modèle IBOVAL en 2010 pour prendre en compte cette interaction entre le GC et le sexe des veaux.

Le vecteur aléatoire des valeurs génétiques inclut un effet génétique père ou un effet génétique individuel respectivement dans les modèles père et animal. Ces valeurs génétiques sont distribuées selon une loi normale de moyenne nulle et de variance σ_u^2 . En modèle père, $\sigma_u^2 = 1/4 \sigma_g^2$ où σ_g^2 est la variance génétique additive. En modèle animal, σ_u^2 est égal à σ_g^2 . La matrice de parenté a été construite en remontant les généalogies sur trois générations (jusqu'aux grands-pères). Elle comporte 195 238 et 3 310 940 individus respectivement dans les modèles père et animal. Dans chacun des deux modèles, un effet aléatoire d'environnement permanent de la mère permet de considérer les différents produits d'une mère.

3.2.2. *MODELE D'EVALUATION AVEC GROUPES DE PARENTS INCONNUS*

Dans le modèle avec GPI, le vecteur de valeurs génétiques $\hat{\mathbf{u}}$ est prédit selon l'équation $\hat{\mathbf{u}} = \mathbf{Q}\hat{\mathbf{g}} + \hat{\mathbf{u}}^*$ où $\hat{\mathbf{g}}$ est le vecteur des effets GPI, \mathbf{Q} est une matrice d'incidence dont les lignes représentent, pour chaque animal avec performance, la proportion de gènes qui provient de chaque groupe et $\hat{\mathbf{u}}^*$ est le vecteur de valeur génétique intra-groupe dont l'espérance est nulle. Reliant tous les animaux avec performances aux différents groupes génétiques, l'utilisation de la matrice \mathbf{Q} permet d'estimer les effets GPI à partir des performances des animaux directement affiliés à un GPI mais également des performances de descendants plus lointains.

En conservant les mêmes notations que précédemment, le modèle linéaire mixte utilisé pour l'évaluation génétique avec GPI s'écrit :

$$\mathbf{y} = \alpha \mathbf{a} + \mathbf{Xb} + \mathbf{ZQg} + \mathbf{Zu}^* + \mathbf{Wc} + \mathbf{e} \quad (3.2)$$

Les groupes de parents inconnus ont été estimés en tant qu'effets fixes selon la méthodologie de Westell et al. (1988). Cette méthodologie est dérivée d'une modification des équations du modèle mixte proposée par Quaas et Pollak (1981). Elle est très couramment utilisée parce qu'elle permet d'obtenir les estimations des effets GPI dans le vecteur d'effets fixes et une prédiction des valeurs génétiques $\hat{\mathbf{u}}$ dans le vecteur d'effets aléatoires $\hat{\mathbf{u}}^*$. Sur le même principe qu'Henderson (1976), Quaas (1988) a défini des règles de construction directes de l'inverse de la matrice de parenté élargies au cas d'un modèle avec groupes génétiques.

Enfin, rappelons qu'en modèle père, l'index d'un taureau est égal à la moitié de sa valeur génétique additive qui serait prédite en modèle animal ($\hat{u} = 1/2\hat{a}$). Les estimées d'effets GPI en modèle père sont donc égales à la moitié des effets estimés en modèle animal.

3.3. ESTIMATION DES COMPOSANTES DE LA VARIANCE ET REALISATION DES EVALUATIONS GENETIQUES

Le temps de calcul et la capacité de stockage requis pour l'estimation des composantes de la variance ont imposé la réalisation d'échantillons de la population. Un échantillonnage représentatif de la population a été effectué. Il a consisté à tirer 300 élevages parmi les 8157 élevages répertoriés depuis 1972, en respectant une représentativité régionale, en terme de taux d'IA et de types d'élevage (producteurs ou sélectionneurs). Toutes les performances d'un élevage enregistrées depuis 1972 ont été retenues du moment que l'élevage avait été échantillonné.

Les composantes de variance ont été estimées pour les modèles père sans (3.1) et avec groupes (3.2) à l'aide de la méthode du maximum de vraisemblance restreinte ou ReML (Patterson et Thompson, 1971), à partir de dix échantillons représentatifs de 300 élevages comportant chacun environ 100 000 à 130 000 données. Tous les calculs d'estimation des composantes de variance ont été effectués à l'aide du logiciel ASREML (Gilmour, 2002). Dans une première modélisation, la variance résiduelle a été considérée constante entre élevages et régions.

Une autre modélisation des variances a été envisagée pour prendre en compte les différences régionales de variances des performances relevées lors de la modélisation des régions d'élevage. Ce second modèle, dit « hétéroscédastique », considère une hétérogénéité de la variance résiduelle définie selon la région de naissance des veaux. Cette modélisation doit permettre de mieux prédire les valeurs génétiques en intégrant les différences de variabilité phénotypique existant entre les élevages de certaines régions.

Quel que soit le caractère étudié, les variances résiduelles estimées sont très différentes entre régions. Toutefois, il a été montré qu'il existe également de grandes différences de variance des performances entre élevages d'une même région, notamment entre élevages de production et de sélection (cf. Annexe III). Cette variabilité des performances entre élevages d'une même région nécessite la définition d'une hétéroscédasticité des variances résiduelles à l'échelle du

troupeau. L'étude des hétérogénéités de variance étant un thème de recherche en soi et une définition sur la seule échelle régionale n'ayant guère d'impact sur les valeurs génétiques prédites en modèle père (corrélations entre index > 0,995), nous avons conduit l'étude de l'introduction des GPI dans le modèle IBOVAL sous l'hypothèse classique d'une variance résiduelle constante.

La prédiction des valeurs génétiques et l'estimation des effets fixes ont été réalisées par BLUP et Best Linear Unbiased Estimator (BLUE) appliqués aux modèles d'évaluation génétique décrits précédemment. Les variances des effets aléatoires des modèles ont été fixées à la valeur moyenne des composantes estimées sur dix échantillons représentatifs de 300 élevages. Les évaluations génétiques ont été réalisées à l'aide du logiciel GENEKIT (V. Ducrocq, communication personnelle) pour l'intégralité de la population charolaise en VA4 qui inclut quelques 2 847 000 performances de morphologie au sevrage.

3.4. CRITERES DE CHOIX DU MODELE D'EVALUATION GENETIQUE AVEC OU SANS GPI

Comme pour tout problème de classification, la détermination du nombre optimal de groupes à définir reste empirique. L'originalité de notre méthode de définition des GPI est de proposer une procédure qui permette de valider que :

- les GPI définis permettent d'estimer de réelles différences de niveau génétique au sein de la population de fondateurs
- les GPI sont composés de reproducteurs ayant un niveau génétique homogène.

3.4.1. QUALITE D'AJUSTEMENT DU MODELE AUX DONNEES

Les modèles avec et sans GPI ont d'abord été comparés sur la qualité de leur ajustement aux données. L'ajustement du modèle aux données a été évalué à l'aide du critère d'Akaike ou AIC (Akaike, 1973). Dans le cas général, ce critère se calcule selon la formule :

$$AIC = 2k - 2\ln L \quad (3.3),$$

où k est le nombre de paramètres à estimer dans le modèle et L est la vraisemblance du modèle. L'AIC permet de comparer la qualité d'ajustement aux données de deux modèles en tenant compte du nombre de paramètres à estimer, c'est-à-dire de sa complexité. Ainsi, ce critère aide à sélectionner parmi plusieurs choix, le modèle qui décrit au mieux les données en utilisant le

minimum de paramètres. Le meilleur modèle, au sens de meilleur compromis entre précision et biais, est celui qui présente l'AIC le plus faible. Parmi les différentes méthodes qui permettent d'évaluer la qualité d'ajustement d'un modèle aux données (pour revue, Spiegelhalter et al., 2002 ; Ward, 2008), l'AIC est généralement recommandé pour choisir le meilleur modèle prédictif (Ward, 2008).

Le critère AIC a été calculé en modèle père pour chacun des 10 échantillons représentatifs de 300 élevages, échantillons analysés à l'aide du logiciel ASREML. Ce calcul n'a pu être réalisé sur l'ensemble de la population ni avec le logiciel ASREML, en raison du nombre trop important de données à analyser, ni avec le logiciel GENEKIT qui ne fournit pas la log-vraisemblance du modèle dans ses sorties.

Plusieurs modèles emboîtés, avec des définitions de GPI de complexité croissante, ont été étudiés pour mesurer l'intérêt de prendre en compte chacun des trois critères d'hétérogénéité génétique (temps, taux d'IA et région de l'élevage de naissance) dans la définition des GPI. Le modèle le plus simple est celui sans GPI et le plus complexe est celui avec les GPI définis selon les trois critères d'hétérogénéité génétique présentés auparavant. Ces deux modèles ont été comparés à :

- 1- un modèle avec une définition basique des GPI qui ne prend en compte que l'évolution temporelle du niveau génétique de la population
- 2- un modèle intermédiaire dans lequel les GPI sont définis selon la période et le taux d'IA de l'élevage de naissance de l'animal sans pedigree.

3.4.2. SIGNIFICATIVITE DES EFFETS GPI ESTIMES

Les effets GPI ont été estimés en modèle père sur la population entière et ont été comparés deux à deux, entre régions et entre décennies. Un écart significatif entre deux effets GPI signifie qu'il existe bien une différence de niveau génétique entre deux groupes de fondateurs. Au contraire, si la différence de niveau génétique entre deux GPI n'est pas significative, et ce sur aucun des quatre caractères étudiés, alors il n'y a aucune raison d'individualiser ces deux groupes.

La variance d'erreur d'estimation des effets fixes est égale aux éléments diagonaux de l'inverse de la matrice des coefficients du second membre des équations du modèle mixte

(Henderson, 1975). L'inversion de cette matrice n'a pu être effectuée sur l'ensemble de la population pour des raisons de mémoire informatique insuffisante.

Une approximation de la variance d'erreur d'estimation a donc été utilisée pour comparer les effets GPI deux à deux. Cette variance d'erreur a été calculée dans un modèle père simplifié sur l'ensemble de la population par inversion directe de la matrice des coefficients du second membre des équations du modèle mixte. Cette inversion a été réalisée à l'aide du logiciel GENEKIT. Ce modèle simplifié comporte uniquement l'effet génétique du père et l'effet du groupe de contemporains. Nous avons vérifié à l'aide d'un échantillon de 2000 élevages que les écarts types d'erreur d'estimation dans ce modèle simplifié n'étaient sous-estimés que de 2 à 6% par rapport à ceux obtenus avec le modèle complet. Les variances d'erreur d'estimation des effets GPI étant légèrement sous-estimées, un risque de première espèce plus sévère (1%) que le seuil de risque classique (5%) a été considéré pour réaliser les tests de comparaison entre effets GPI.

3.4.3. HOMOGENEITE ET ROBUSTESSE DES GPI DEFINIS

L'existence d'hétérogénéités de niveau génétique entre reproducteurs d'un même GPI est souvent désignée par les opérateurs réalisant les évaluations internationales comme un facteur d'instabilité des index prédits entre deux évaluations successives (de Jong, 2003 ; Miglior et al, 2003). Si les GPI définis sont robustes, l'information nouvellement prise en compte à chaque indexation ne doit pas modifier fortement les effets GPI estimés. La définition des GPI doit donc reposer sur des règles qui permettent de constituer des GPI robustes dont les estimées restent stables entre deux évaluations.

Pour étudier la stabilité numérique des effets groupes, les N GPI ont été scindés aléatoirement en 2N sous-groupes de taille égale. Une évaluation génétique a été ensuite réalisée avec le modèle comportant ces 2N sous-groupes pour estimer chacun des effets. Cette opération a été répliquée dix fois. La moyenne et l'écart-type d'échantillonnage des effets de chaque sous-groupe ont été calculés à partir de ces dix réplifications.

Si les GPI sont homogènes et de taille suffisante, les effets moyens estimés pour chaque paire de sous-groupes doivent être proches et stables sur l'ensemble des dix réplifications

effectuées. Au contraire, des écarts importants et récurrents entre deux sous-groupes homologues indiquent que le GPI correspondant est hétérogène et qu'il n'a pas pu être scindé en deux groupes d'animaux de niveaux génétiques proches.

3.4.4. CRITERE DE VALIDATION DU PROGRES GENETIQUE

Un critère de validation du progrès génétique a été étudié pour vérifier que l'inclusion des GPI dans le modèle d'évaluation génétique n'induisait pas de biais, voire réduisait un éventuel biais initial. Une telle validation est exigée par Interbull pour qu'un pays puisse participer aux évaluations génétiques internationales des bovins laitiers (Interbull, 2008). Elle consiste à analyser l'évolution des performances moyennes des veaux d'un taureau i (y^*_{ij}), corrigées des effets fixes et ajustées pour la valeur génétique de la mère, en fonction de la campagne de naissance j des veaux.

Une analyse de variance est réalisée pour l'ensemble des y^* à l'aide du modèle suivant :

$$y^*_{ij} = \text{père}_i + \alpha \cdot \text{campagne}_j + e_{ij} \quad (3.5)$$

Où campagne_j est une covariable désignant la campagne de naissance des veaux et α est son coefficient associé, père_i et e_j sont les effets aléatoires du père i et du terme résiduel. La covariable campagne est égale à 0 la première année où le taureau a des veaux avec performances dans au moins dix élevages différents (Interbull, 2008). Selon les directives d'Interbull, les y^* analysés concernent tous les taureaux pris en compte dans l'évaluation génétique qui ont au moins un descendant dans dix élevages différents à chaque campagne. Ce critère a exclu de fait les taureaux de MN.

Lorsque l'estimation du progrès génétique n'est pas biaisée, les y^* sont théoriquement indépendants des effets de la campagne de naissance des veaux. Dans ce cas, le coefficient α ne doit pas être significativement différent de 0 et l'élévation du niveau génétique dans la population est correctement estimée (Boichard et al., 1995). Par contre, en présence d'un biais, l'effet campagne augmente ou diminue de façon non aléatoire ce qui empêche d'estimer correctement le progrès génétique (Boichard et al., 1995). Par convention, le coefficient α doit être inférieur en valeur absolue à 1% de σ_a pour qu'un éventuel biais puisse être ignoré.

3.4.5. *EVOLUTION DES VALEURS GENETIQUES ET DU CLASSEMENT DES ANIMAUX*

Les corrélations et les écarts entre index calculés avec et sans GPI ont permis de quantifier l'ampleur des variations d'index entre les deux modèles et de caractériser des sous-populations d'animaux dont les valeurs génétiques sont fortement modifiées. Les classements des 100, 1000 et 3000 meilleurs mâles sur index DS et DM, sans ou avec GPI, ont été analysés. Ces classements sont réalisés sur la cohorte des mâles nés en 2005, mâles candidats à la sélection sans descendants dans l'évaluation. Ils sont nommés respectivement Top 100, Top 1000 et Top 3000. Le Top 100 correspond à l'élite des veaux de la race. Ces veaux sont généralement destinés à approvisionner les schémas de sélection d'IA. Le Top 3000 correspond au nombre de veaux mâles nécessaires pour renouveler la population des taureaux de MN en base de sélection s'ils étaient tous choisis rationnellement sur leur index DM ou DS. Pour chacun des trois classements, la corrélation de rang entre les index sans et avec GPI a été calculée ainsi que l'amplitude des reclassements et la proportion d'animaux en commun entre les deux modèles. Ces trois critères ont permis d'évaluer l'impact des GPI sur les choix de reproducteurs, choix susceptibles de modifier à court terme l'efficacité de la sélection.

3.4.6. *PERTE DE PRECISION DES INDEX DE VALEUR GENETIQUE*

La précision d'un index peut être appréciée par son coefficient de détermination (ou CD) qui correspond au carré de la corrélation entre la valeur génétique vraie et sa prédiction. Le calcul du CD d'un animal i est réalisé à partir de la variance d'erreur de prédiction (PEV) de sa valeur génétique en utilisant la formule,

$$CD_i = [\text{corr}(A_i, \hat{A}_i)]^2 = 1 - \frac{\text{PEV}(\hat{A}_i)}{\sigma_g^2} \quad (3.4)$$

où A_i est la valeur génétique additive d'un animal i pour un caractère donné, \hat{A}_i est sa prédiction et σ_g^2 est la variance génétique additive du caractère considéré.

L'introduction des GPI dans le modèle d'évaluation génétique s'accompagne d'une augmentation de la variance d'erreur de prédiction (PEV) et donc d'une diminution de la précision des valeurs génétiques. Dans le BLUP, les PEV des valeurs génétiques sont égales aux

éléments diagonaux du bloc correspondant aux valeurs génétiques de l'inverse de la matrice des coefficients du modèle mixte (Henderson, 1975). Dans le cas de la prédiction de valeurs génétiques dans un modèle avec GPI selon la méthode de Westell et al. (1988), Da et al. (1989) ont montré que cette propriété du BLUP est toujours vérifiée malgré la transformation des équations du modèle mixte.

La perte de précision des index liée à l'ajout des GPI a été quantifiée en modèle père sur un échantillon représentatif de 2000 élevages. Celle-ci n'a pu être quantifiée dans un modèle animal pour des raisons de mémoire informatique disponible insuffisante. Les PEV ont été calculées de manière exacte par inversion de la matrice des coefficients du modèle mixte à l'aide du logiciel GENEKIT (V. Ducrocq, communication personnelle). Dans un échantillon de cette taille, la PEV des valeurs génétiques des taureaux de MN doit être correctement estimée car la très grande majorité de ces taureaux n'ont des descendants que dans un seul élevage.

Enfin, les variations de PEV des valeurs génétiques ont été étudiées dans l'échantillon de 2000 élevages pour mettre en évidence d'éventuelles déconnexions dans les données liées à l'inclusion de GPI dans le modèle (Laloë, 1993).

3.4.7. IMPACT DE L'AJOUT DES GPI SUR L'ORIGINE GENETIQUE DES REPRODUCTEURS SELECTIONNES

Le nombre de pères et de grands-pères maternels (GPM) différents ayant engendré les Tops 100, 1000 et 3000 des mâles Charolais nés en 2005 a été analysé pour évaluer l'intérêt du modèle avec GPI sur un plus long terme de sélection. La proportion de taureaux d'IA a également été calculée parmi les différents pères et GPM recensés dans ces trois classements. En effet, si le modèle d'évaluation avec GPI permet d'élargir les origines génétiques des reproducteurs sélectionnés, notamment en dehors des lignées d'IA, alors ce nouveau modèle est favorable au maintien de la variabilité génétique et l'efficacité à long terme de la sélection.

4. APPLICATION AU CAS DE LA POPULATION CHAROLAISE

L'étape de définition et de validation des groupes génétiques a été réalisée en considérant les quatre caractères enregistrés à la naissance et au sevrage. Toutefois, dans un souci de clarté et de concision, les illustrations présentées ne concernent que le DM et le DS dans la suite de l'exposé. En effet, seuls ces deux caractères ont été étudiés en modèle animal. Les résultats concernant le P210 et le PN sont indiqués dans le texte mais les illustrations sont reportées dans les Annexes IV à X.

4.1. DEFINITION DES GROUPES DE PARENTS INCONNUS

4.1.1. *DES DIFFERENCES DE NIVEAU GENETIQUE SELON LES ORIGINES DES TAUREAUX*

L'effet de l'origine du père sur les performances des veaux a été estimé pour chacune des quatre périodes de temps définies au paragraphe 2.2.1 de ce chapitre. Les effets présentés en figure 3.18a et 3.18b correspondent aux estimations obtenues dans le modèle national respectivement sur le DM et le DS pour les veaux nés entre 1999 et 2006. Ces effets sont exprimés en contraste à l'effet d'origine des taureaux de MN nés chez les sélectionneurs de la Nièvre, élevages dont le rayonnement est national. Les effets d'origine paternelle estimés pour le PN et le P210 sont reportés dans l'Annexe IV.

Globalement, les effets de l'origine du père sont stables qu'ils soient estimés sur l'ensemble des veaux de la base de sélection nationale ou en ne considérant que les veaux nés dans une région particulière. Cela montre que les flux de taureaux en provenance d'une même région d'origine sont composés de reproducteurs aux caractéristiques génétiques homogènes, quelle que soit leur région d'utilisation. Cela est particulièrement vrai pour les régions d'origine des reproducteurs du berceau de race, l'Allier et la Vendée. En revanche, les effets d'origine des pères nés dans des régions peu exportatrices de reproducteurs et faiblement connectées aux autres régions sont moins cohérents entre modèles national et régional. Toutefois, cela ne concerne que des origines marginales (Bretagne, Normandie, Puy-de-Dôme) qui diffusent peu dans la population et qui seront par la suite regroupées avec d'autres régions appartenant à la même zone de sélection des reproducteurs de MN pour constituer les groupes de parents inconnus.

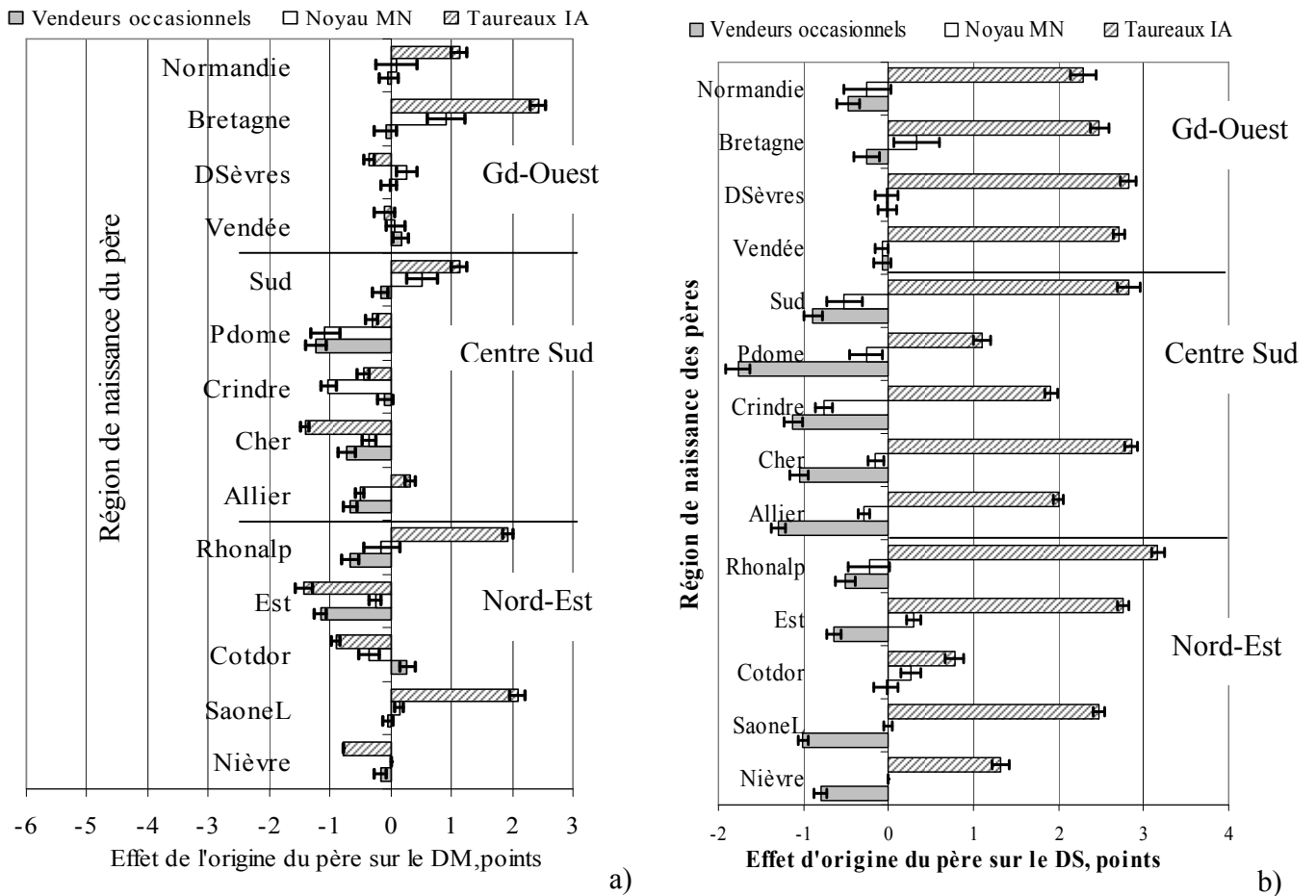


Figure 3. 18. Effets de l'origine du père sur le DM (Figure a) et le DS (Figure b) des veaux nés entre 1999 et 2006 estimés dans un modèle d'évaluation nationale et exprimés en écart à l'effet des taureaux de MN nés dans les élevages du noyau MN de la Nièvre.

Des écarts importants ont été estimés entre les effets des taureaux de MN et d'IA, en particulier sur le DS (3.18b) et le PN (Annexe IV) ce qui justifie une séparation des élevages selon leur taux d'utilisation de l'IA. Pour le DS, les différences de niveau génétique entre taureaux de MN et d'IA atteignent environ un écart-type génétique en faveur des taureaux d'IA. Cela souligne la forte sélection des taureaux d'IA sur le DS pour produire des vaches de grand gabarit avec des bassins larges. Les effets de l'origine régionale des taureaux d'IA sont beaucoup plus disparates sur le DM (Figure 3.18a) et le P210 (Annexe IV). Cependant, l'estimation des effets de l'origine régionale des taureaux d'IA repose sur un nombre parfois faible de taureaux. Par exemple, seuls cinq taureaux d'IA nés en Bretagne ont été agréés et fortement utilisés sur la période 1999-2006.

Les effets d'origine paternelle des taureaux de MN sont relativement homogènes entre régions appartenant à une même zone de sélection. Les différences d'effet sont généralement plus importantes entre deux régions appartenant à des bassins de sélection différents (cf. Chapitre 3, §2.4.1) qu'entre deux régions appartenant à un même bassin. Ce résultat a confirmé que les taureaux de MN nés dans les trois bassins de sélection présentaient des génotypes différents. Le faible brassage génétique entre ces zones de sélection a vraisemblablement contribué au maintien de trois sous-populations régionales distinctes au sein de la population Charolaise Française.

Pour un caractère donné, les effets d'origine des pères nés dans des élevages d'une même région suivent globalement une même tendance, qu'ils appartiennent ou non au noyau MN. Au sein d'une région, les contrastes observés entre les effets estimés pour les taureaux de MN nés chez les sélectionneurs spécialisés et chez les vendeurs occasionnels sont conservés d'une décennie sur l'autre (résultats non présentés) et sont généralement en faveur des sélectionneurs du noyau MN pour les P210, DM et DS et en leur défaveur pour le PN.

4.1.2. REDUCTION DU NOMBRE DE GROUPES GENETIQUES

Les niveaux génétiques moyens de DM et de DS des reproducteurs ont été calculés dans chaque région d'élevage Charolais en distinguant les élevages à faible et à fort taux d'IA (nommés ci-après élevages MN et élevages IA). Ces niveaux sont présentés respectivement en figure 3.19 et 3.20. Les résultats concernant le PN et le P210 sont présentés en Annexe V. Pour chaque caractère, les résultats sont exprimés par rapport au niveau génétique des taureaux de MN issus d'élevages de sélection de la Nièvre.

Le niveau génétique moyen des taureaux utilisés dans les élevages IA n'est que faiblement modifié par l'effet des taureaux de MN issus de l'approvisionnement local. Au sein de chaque région, le niveau génétique sur le DM et le DS des taureaux utilisés dans les élevages IA est en moyenne plus élevé que celui des élevages MN. Au contraire, le niveau génétique sur le PN des taureaux utilisés dans les élevages IA est en moyenne plus faible que celui des élevages MN (cf. Annexe V). Sur ces trois caractères, les élevages IA utilisent des taureaux dont le niveau génétique moyen peut varier d'une région à l'autre. A l'exception des élevages du Puy-de-Dôme sur le DS, ces variations restent toujours inférieures à 20% d'écart-type génétique du caractère considéré. Enfin, les niveaux génétiques moyens de P210 des taureaux utilisés dans les élevages MN et IA sont relativement proches, quelle que soit la région considérée (Annexe V).

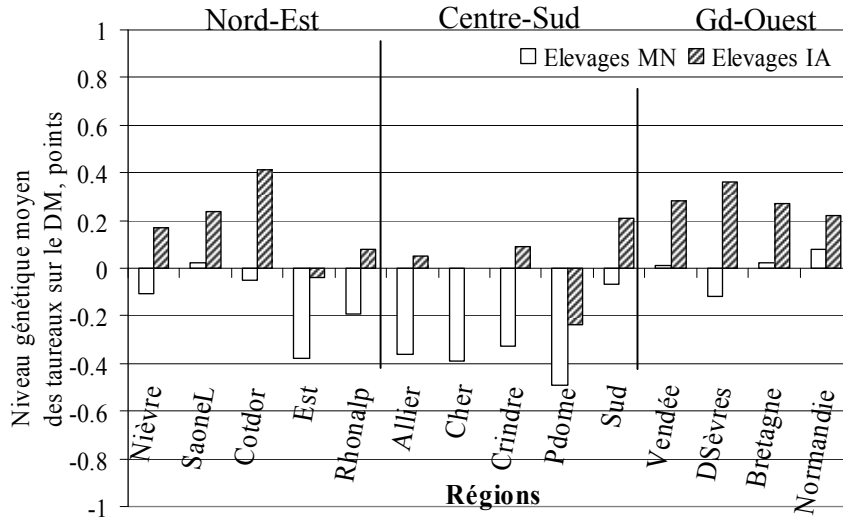


Figure 3. 19. Niveau génétique moyen sur le DM des taureaux utilisés dans les élevages à faible taux d'IA (Elevages MN) et à fort taux d'IA (Elevages IA) de chaque région et exprimé en écart à l'effet des taureaux de MN nés dans les élevages du noyau MN de la Nièvre (1 écart-type génétique = 5,0 points)

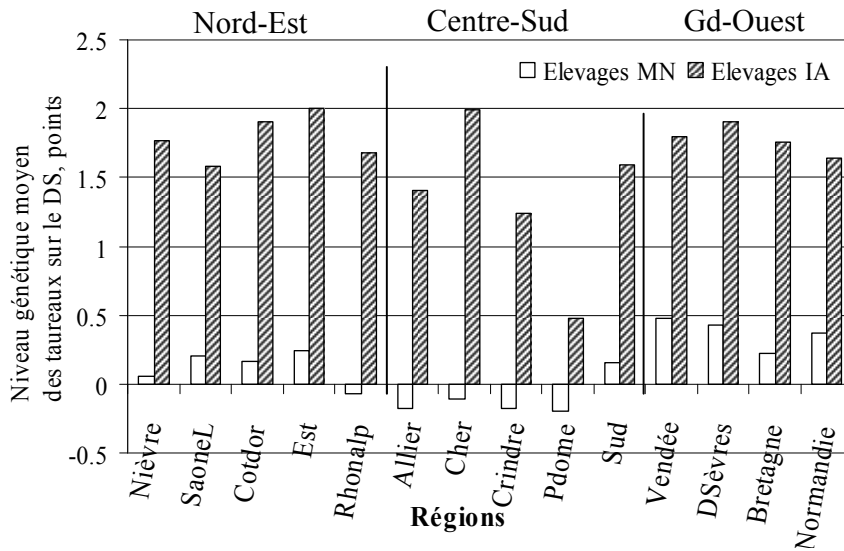


Figure 3. 20. Niveau génétique moyen sur le DS des taureaux utilisés dans les élevages à faible taux d'IA (Elevages MN) et à fort taux d'IA (Elevages IA) de chaque région et exprimé en écart à l'effet des taureaux de MN nés dans les élevages du noyau MN de la Nièvre (1 écart-type génétique = 3,46 points)

Puisque l'IA assure un brassage des gènes dans l'ensemble de la base de sélection et que les taureaux sont choisis nationalement et non régionalement, les parents sans généalogie des élevages à fort taux d'IA de toutes les régions d'élevages peuvent être regroupés dans un même GPI national. Bien que les choix de reproducteurs réalisés semblent différents sur le DM et le DS dans le cas des élevages IA de la région Puy-de-Dôme (Figures 3.19 et 3.20), les parents sans pedigree de cette région ont été assimilés au GPI national des élevages à fort taux d'IA pour chaque période de temps. En effet, le nombre de taureaux sans généalogie utilisés dans cette région (moins d'un par an) ne permettait pas de définir un GPI de taille raisonnable pour l'estimation de son effet.

Tableau 3. 2. Récapitulatif des 16 groupes de parents inconnus définis et nombre de taureaux sans généalogie affilié à chaque groupe.

Taux d'IA de l'élevage de l'animal	Région de l'élevage de l'animal	Abréviation	Période de naissance de l'animal	Nombre de taureaux sans pedigree
Faible IA (< 50%)	France	Fondateurs	avant 1972	6156
		Centre-Sud	Centre	1972 - 1982
			1983 - 1991	1326
			1992 - 1998	715
			1999 - 2006	221
	Grand Ouest	Gd-Ouest	1972 - 1982	292
			1983 - 1991	679
			1992 - 1998	461
			1999 - 2006	114
	Nord-Est	Nord-Est	1972 - 1982	1324
			1983 - 1991	2221
			1992 - 1998	1580
1999 - 2006			398	
Fort IA (≥ 50%)	France	ElevIA	1983 - 1991	209
			1992 - 1998	298
			1999 - 2006	127

Au contraire, le niveau génétique moyen des reproducteurs utilisés dans les élevages MN est régionalisé et en cohérence avec les trois bassins de sélection des taureaux de MN (cf. Chapitre 3, § 2.4.1). Entre ces trois ensembles régionaux, des différences de niveau génétique supérieures à 20% d'écart-type génétique ont été constatées sur la base des reproducteurs connus utilisés. Ainsi, pour les élevages MN, trois GPI régionaux ont été constitués pour chaque période de temps :

Tableau 3. 3. Composantes de variance et paramètres génétiques associés estimés d'après 10 échantillons pour les quatre caractères étudiés (écarts-types d'échantillonnage entre parenthèses)

		P210		PN		DS		DM	
		Sans GPI	Avec GPI	Sans GPI	Avec GPI	Sans GPI	Avec GPI	Sans GPI	Avec GPI
Variance	Effet père	63,6 (5,5)	63,8 (5,6)	2,23 (0,1)	2,23 (0,1)	3,0 (0,23)	3,0 (0,24)	6,3 (0,43)	6,3 (0,40)
	Environnement permanent	224 (8,4)	224 (8,3)	5,07 (0,1)	5,07 (0,1)	8,8 (0,5)	8,8 (0,5)	11,0 (0,5)	11,0 (0,5)
	Résiduelle	901 (20,2)	900 (20,2)	23,1 (0,6)	23,1 (0,6)	51,0 (1,7)	51,0 (1,7)	80,1 (2,8)	80,0 (2,9)
	Phénotypique	1189	1188	30,4	30,4	62,8	62,8	97,4	97,3
Paramètres	h^2_d	0,21	0,21	0,29	0,29	0,19	0,19	0,26	0,26
	c^2	0,19	0,19	0,17	0,17	0,05	0,05	0,11	0,11

h^2_d : hérabilité des effets génétiques additifs directs

c^2 : rapport entre la variance d'environnement permanent et la variance phénotypique

- le quart Nord-Est comprenant Saône-et-Loire, Nièvre et les régions Est et Rhonalp (GPI Nord-Est).
- le Centre (Allier, Creuse-Indre, Cher, Puy-de-Dôme et Sud) dont les niveaux génétiques des taureaux sur la croissance et la morphologie (DM et DS) sont inférieurs à ceux du quart Nord-Est (GPI Centre).
- le Grand-Ouest (Vendée, Deux-Sèvres, Bretagne et Normandie) dont les niveaux génétiques des taureaux de MN sont inférieurs à ceux du quart Nord-Est et équivalents à ceux du Centre pour la croissance. En ce qui concerne le DM, les niveaux génétiques des taureaux sont proches de ceux du quart Nord-Est et supérieurs à ceux des régions du Centre.

Avant 1972 (début du contrôle de performances), un seul GPI a été défini parce que la plupart des animaux étaient situés dans des élevages du berceau de race (Bouglher et al., 1973). Ce groupe correspond globalement à l'ensemble des fondateurs historiques de la race. Entre 1972 et 1982, le nombre d'élevages à fort taux d'IA étant négligeable (3% du nombre d'élevages sur cette période), seulement 3 GPI régionaux ont été définis, indépendamment du taux d'IA de l'élevage. Ainsi, au total, seize GPI ont été définis et sont présentés dans le tableau 3.2.

4.2. ESTIMATION DES COMPOSANTES DE LA VARIANCE

L'introduction des GPI dans le modèle n'a pas changé les estimations des composantes de variance, quel que soit le caractère étudié. Selon Pieramati et Van Vleck (1993), la stabilité des variances génétiques additives estimées dans un modèle sans et avec GPI indique que la population des fondateurs a été relativement peu sélectionnée. En effet, dans la base de sélection Charolaise, la proportion de fondateurs historiques dans la population des reproducteurs sans généalogie est importante ce qui permet d'obtenir des estimations relativement proches entre modèles sans et avec GPI.

Les variances estimées par ReML en modèle père à variance résiduelle constante figurent dans le tableau 3.3 ainsi que les paramètres génétiques associés. Les héritabilités estimées pour le PN, le P210, le DS et le DM s'élèvent respectivement à 0,29, 0,22, 0,19 et 0,26. Les héritabilités des effets génétiques directs utilisées pour les évaluations IBOVAL de ces mêmes caractères sont plus élevées et respectivement égales à 0,35, 0,26, 0,32 et 0,32 (Guerrier et al., 2007). Le paramètre C^2 est plus élevé pour les PN et P210 que pour le DM et le DS, indiquant une moindre importance de l'environnement et de la génétique maternelle sur la morphologie du veau que sur sa croissance.

4.3. VALIDATION DE LA DEFINITION DES GPI

4.3.1. AJUSTEMENT DU MODELE AUX DONNEES

Les critères d’Akaike (AIC) calculés pour chacun des quatre modèles et chacun des dix échantillons sont présentés pour le DS et le DM dans le tableau 3.4. Les AIC obtenus pour le DM et le DS sont représentatifs des quatre caractères étudiés. La comparaison des trois modèles avec GPI permet de juger si la prise en compte de chacun des trois critères de définition des GPI – période de naissance, taux d’IA et région de l’élevage de naissance du fondateur - est justifiée.

Tableau 3. 4. Critère d’Akaike calculé sur le DM et le DS dans les modèles sans GPI et avec GPI définis selon les 3 critères : temps (1), taux d’IA (2) et région (3)

Caractère	DS				DM			
	Modèle				Modèle			
Echantillon	Sans GPI	GPI1 ¹	GPI2 ²	GPI3 ³	Sans GPI	GPI1 ¹	GPI2 ²	GPI3 ³
1	635 082	635 078	635 062	635 036	673 448	673 292	673 246	673 224
2	661 580	661 576	661 568	661 552	704 990	704 986	704 978	704 960
3	718 490	718 486	718 478	718 466	767 206	767 190	767 180	767 160
4	675 768	675 764	675 754	675 740	717 612	717 606	717 598	717 584
5	626 852	626 850	626 852	626 824	664 458	664 456	664 458	664 414
6	695 134	695 128	695 110	695 090	745 286	745 276	745 250	745 224
7	643 466	643 460	643 450	643 434	687 972	687 958	687 952	687 934
8	646 628	646 620	646 608	646 592	690 432	690 428	690 420	690 398
9	653 478	653 476	653 466	653 438	697 444	697 430	697 422	697 384
10	667 022	667 016	666 972	666 990	712 176	712 170	712 124	712 134

¹ Modèle avec cinq GPI définis selon la période de naissance des fondateurs.

² Modèle avec huit GPI définis selon la période de naissance et le taux d’IA du cheptel de naissance des fondateurs.

³ Modèle avec 16 GPI définis selon la période de naissance, la région et le taux d’IA de l’élevage de naissance des fondateurs.

Quels que soient l’échantillon et le caractère considérés, l’AIC est toujours plus faible dans le modèle GPI1 (5 groupes définis selon la période de naissance du reproducteur) que sans groupe. Cela indique qu’un modèle avec groupes définis selon l’année de naissance du fondateur est préférable à un modèle sans groupe en terme de qualité d’ajustement du modèle aux données et de pouvoir prédictif du modèle. Ensuite, les AIC du modèle GPI2, dans lequel les GPI sont définis

selon la période et le taux d'IA de l'élevage de naissance des fondateurs, ont été comparés au modèle classiquement utilisé pour réaliser les évaluations génétiques (GPI1).

Pour tous les caractères étudiés, dans neuf échantillons sur dix, l'AIC indique que le taux d'IA doit être pris en compte dans la définition des GPI pour améliorer l'ajustement du modèle aux données. Enfin, le modèle GPI3 avec la définition la plus fine des GPI selon la période de naissance, la région et le taux d'IA du cheptel de naissance du fondateur (16 GPI) a été comparé au modèle GPI2. Dans neuf échantillons sur dix, l'AIC était plus faible dans le modèle GPI3 que dans le modèle GPI2, et ce pour tous les caractères étudiés.

Par conséquent, la prise en compte des trois critères d'hétérogénéité génétique dans la population, à savoir la période de naissance, le taux d'IA et la région de naissance des reproducteurs sans pedigree, améliore la qualité d'ajustement du modèle d'évaluation aux données Charolaises.

4.3.2. COMPARAISON DES ESTIMATIONS DES DIFFERENTS EFFETS GPI

Les effets GPI estimés en modèle père (\hat{s}) pour le DM et le DS sont présentés dans les figures 3.21 et 3.22 ainsi que leur intervalle de confiance au seuil de 95%. Ils sont traduits en équivalent modèle animal ($\hat{a} = 2\hat{s}$) et exprimés en unité d'écart-type génétique. Les écarts-types génétiques (σ_g) sont égaux à 5,00 et 3,46 points respectivement pour le DM et le DS.

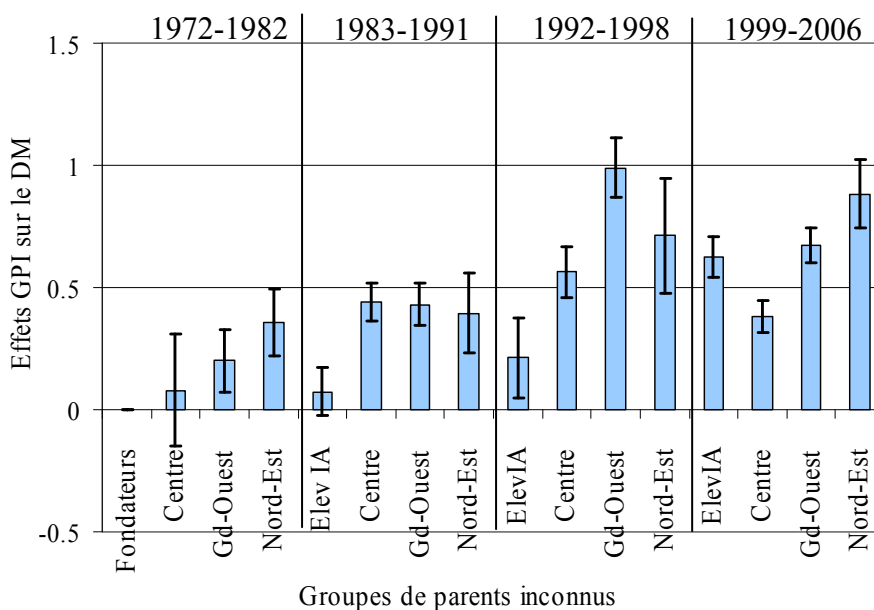


Figure 3. 21. Effets GPI estimés pour le développement musculaire (DM) exprimés par rapport à l'effet GPI des fondateurs nés avant 1972 et leur intervalle de confiance à 95% (exprimés en unité d'écart-type génétique)

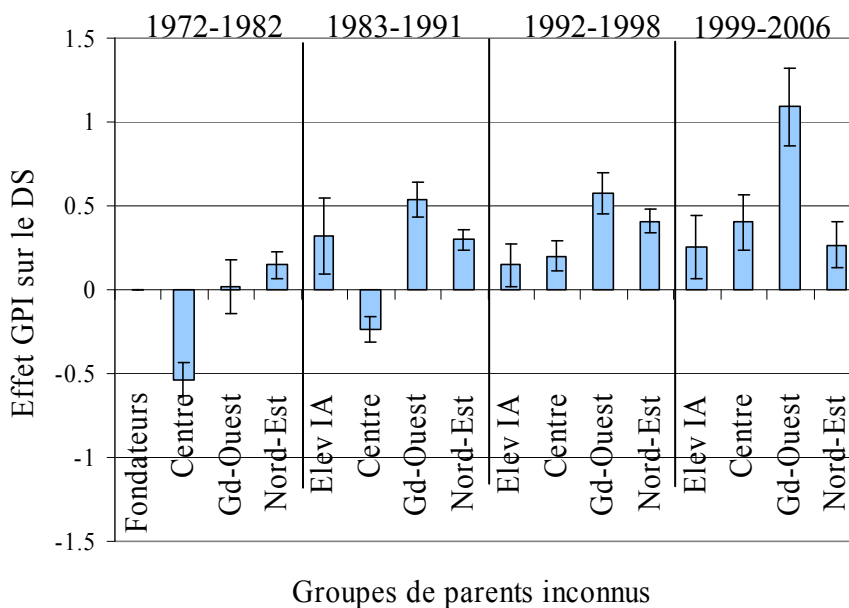


Figure 3. 22. Effets GPI estimés pour le développement squelettique (DS) exprimés par rapport à l'effet GPI des fondateurs nés avant 1972 et leur intervalle de confiance à 95% (exprimés en unité d'écart-type génétique)

Une gradation des effets GPI estimés sur le DM (Figure 3.21) est observée entre décennies successives jusqu'à la fin des années 1990. Entre les périodes 1992-1998 et 1999-2006, l'évolution du niveau génétique des parents inconnus est différente entre GPI : il augmente pour les GPI ElevIA et Nord-Est, mais diminue pour les GPI Gd-Ouest et Centre. Des différences régionales de niveau génétique, significatives à un seuil de 1%, existent également entre GPI d'une même décennie, en particulier sur les deux dernières décennies. Les écarts régionaux les plus importants sont observés pour les périodes 1992-1998 et 1999-2006 et sont d'environ 50% σ_g . Les effets GPI estimés sur le P210 (cf. Annexe VI) présentent les mêmes tendances que pour le DM, les principales différences entre GPI étant davantage temporelles que régionales.

Les effets GPI estimés sur le DS (Figure 3.22) augmentent moins fortement entre deux décennies successives que pour le DM et le P210. Par contre, les écarts entre effets GPI d'une même décennie sont importants et peuvent dépasser 30 à 50% σ_g , quelle que soit la décennie considérée. De nombreux écarts entre GPI d'une même décennie sont souvent significatifs au seuil de 1%, notamment sur la dernière décennie entre les GPI Centre et Nord-Est d'une part et le GPI Gd-Ouest d'autre part. Les effets GPI estimés pour le PN (cf. Annexe VI) présentent les mêmes tendances que pour le DS, à savoir des différences de niveau génétique plus régionales que temporelles.

Quel que soit le caractère étudié, les effets GPI des élevages IA sont généralement plus faibles que ceux des élevages MN. Ceci amène à penser que les parents inconnus utilisés dans ces élevages pratiquant fortement l'IA ne sont pas des taureaux agréés à l'IA puisque le niveau génétique des taureaux d'IA est très supérieur à celui des taureaux de MN, en particulier sur le DS (cf. Chapitre 3, § 4.1.1).

En conclusion, des différences importantes de niveaux génétiques, tant régionales que temporelles, ont été estimées au sein de la population des fondateurs et doivent être prises en compte pour la définition des GPI. En considérant l'ensemble des quatre caractères, des différences significatives de niveau génétique au seuil de 1% ont été estimées entre les seize GPI. Ces différences justifient le découpage régional effectué pour les élevages dans lesquels la MN est le mode de reproduction prépondérant. Toutefois, il faut s'assurer que les effets GPI estimés reflètent bien le niveau génétique d'un groupe homogène d'animaux afin que ces estimées soient robustes et stables dans le temps.

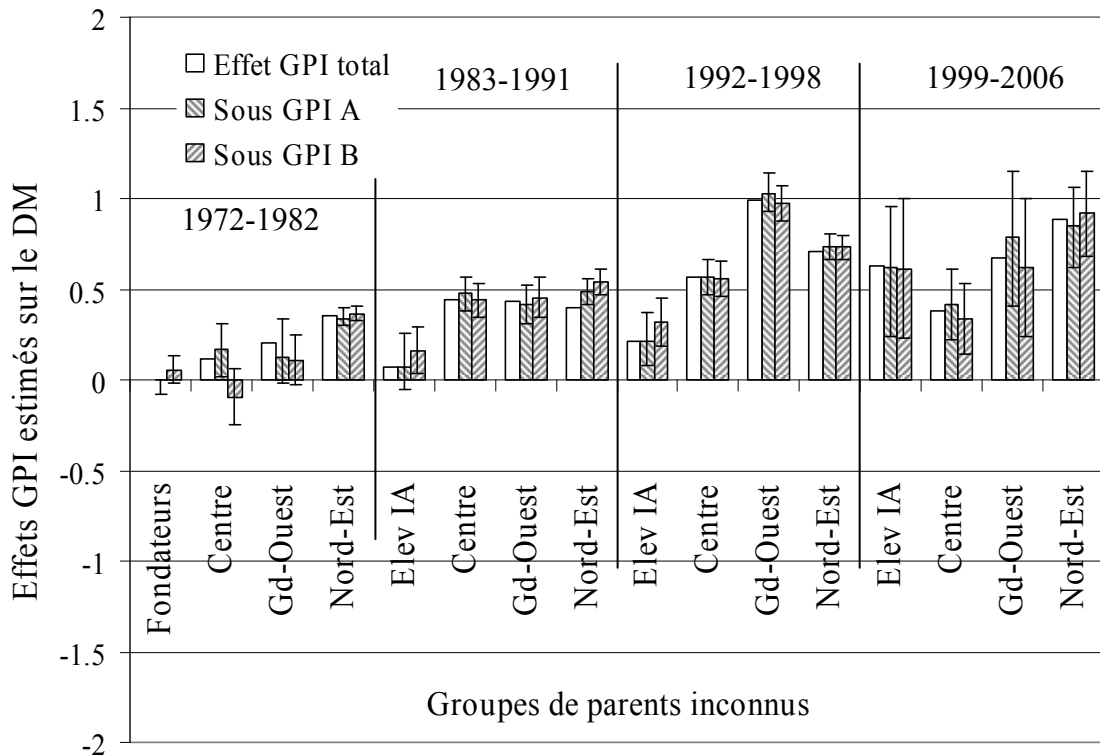


Figure 3. 23. Effets GPI estimés sur le DM sur l'ensemble de la population et effets GPI des sous-groupes correspondants exprimés en unité d'écart-type génétique en écart au sous-groupe A des fondateurs nés avant 1972 (la barre d'erreur supérieure représente l'écart-type d'échantillonnage calculé à partir de 10 réplifications).

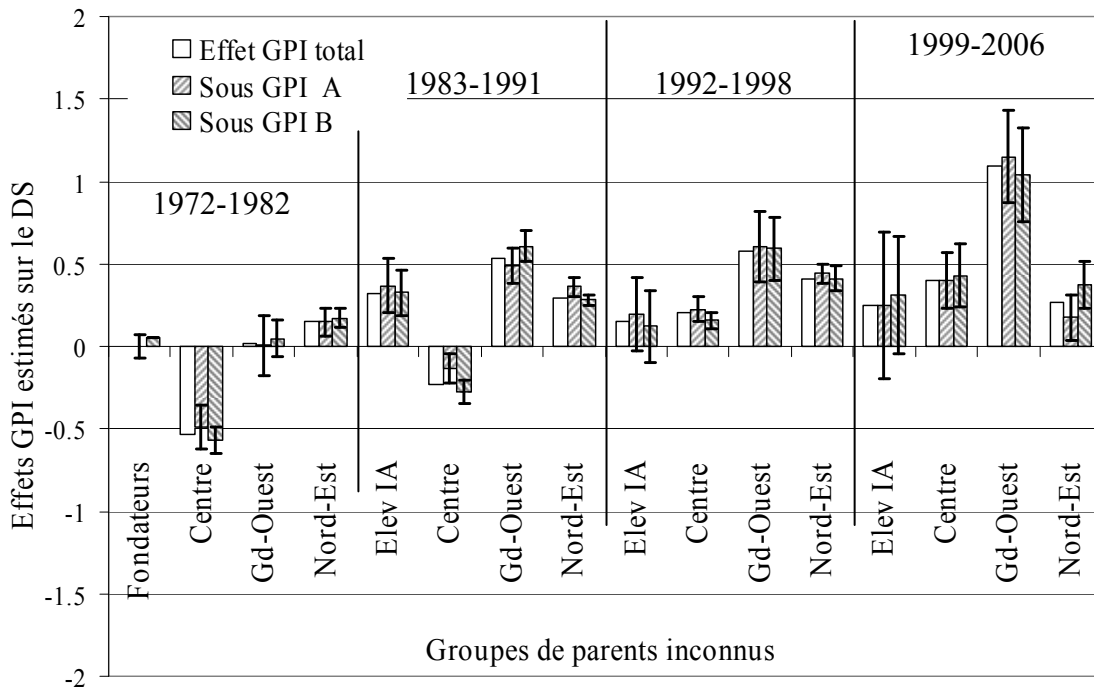


Figure 3. 24. Effets GPI estimés sur le DS sur l'ensemble de la population et effets GPI des sous-groupes correspondants exprimés en unité d'écart-type génétique en écart au sous-groupe A des fondateurs nés avant 1972 (la barre d'erreur supérieure représente l'écart-type d'échantillonnage calculé à partir de 10 réplifications).

4.3.3. ROBUSTESSE ET HOMOGENEITE DES GPI

Pour tester la robustesse et l'homogénéité des GPI, les seize GPI ont été divisés aléatoirement en deux sous-groupes de taille égale, les effets de chaque sous-groupe étant ensuite estimés en modèle père. Cette opération a été répliquée dix fois. Les résultats sont présentés en figure 3.23 et 3.24 respectivement pour le DM et le DS. Ils sont exprimés en unité d'écart-type génétique en écart au sous-groupe A de taureaux fondateurs nés avant 1972.

En moyenne sur les dix réplifications, les effets estimés pour les deux sous-groupes d'un même GPI sont proches. Ces deux effets sont également proches de l'effet GPI correspondant estimé sur l'ensemble de la population. Les écarts-types d'erreur d'échantillonnage de chaque sous-groupe des périodes 1972-1982 et 1983-1991 sont relativement faibles (<25% σ_g). Cela signifie que les effets GPI estimés sont stables et reposent sur une population homogène de taureaux fondateurs. Une analyse de pedigree avec le logiciel Pedig (Boichard, 2002) a montré que certains de ces taureaux fondateurs nés avant les années 1980 ont des contributions génétiques relativement élevées dans la population actuelle (résultats non présentés). Ces fondateurs ont un poids important dans l'estimation des effets GPI et permettent d'obtenir des effets GPI stables pour les périodes 1972-1982 et 1983-1991 (Golden et al., 1994).

Les écarts-types d'échantillonnage des effets estimés pour les sous-groupes des périodes 1992-1998 et 1999-2006 sont généralement plus élevés que sur les périodes précédentes, notamment pour les GPI comportant peu de taureaux sans pedigree. Pour les deux GPI comportant 120 à 130 taureaux (ElevIA et Gd-Ouest sur la période 1999-2006), les effets estimés pour chaque sous-groupe présentent un écart-type d'échantillonnage particulièrement élevé (>30% σ_g). Grâce à la procédure de division en deux parts égales de ces deux GPI, nous avons remarqué qu'un effectif d'environ 65 taureaux dans chaque sous-groupe était insuffisant pour obtenir des estimées d'effet GPI stables, c'est-à-dire avec un écart-type d'échantillonnage inférieur à 25% σ_g . En revanche, les sous-groupes des GPI Centre et Nord-Est de la période 1999-2006, comprenant chacun plus de 100 taureaux, présentent une meilleure stabilité numérique. Nous en avons déduit qu'un minimum d'environ 100 taureaux par sous-groupe était nécessaire pour obtenir des estimées d'effet GPI relativement stables, c'est-à-dire avec un écart-type d'échantillonnage inférieur à 25% σ_g . Ce nombre minimal de taureaux est plus élevé que celui recommandé par Interbull, probablement parce que les taureaux Charolais sans pedigree ont en moyenne 14 descendants pour l'estimation de leur valeur génétique contre plusieurs centaines en races laitières.

Sur la période 1999-2006, la plus forte variabilité des effets estimés pour les sous-groupes d'un même GPI est probablement liée à de moindres effectifs de fondateurs concernés ainsi qu'à l'élévation plus rapide du niveau génétique au cours de la dernière décennie. Toutefois, un découpage temporel supplémentaire ne pourrait pas être envisagé pour tous les GPI récents, notamment les groupes ElevIA et Gd-Ouest, parce qu'il conduirait à diminuer de façon trop importante les effectifs de taureaux sans généalogie dans chaque GPI et donc la précision et la stabilité des estimations d'effet GPI.

La plus forte variabilité des effets GPI estimés sur la 1999-2006 peut également suggérer que les taureaux sans pedigree regroupés dans un même GPI présentent des niveaux génétiques plus hétérogènes. Pour tous sauf un GPI, la différence minimale estimée entre deux sous-groupes est inférieure à 5% σ_g sur le DS. En effet, il a été constaté que la différence minimale estimée entre les deux sous-groupes du GPI Nord-Est de la période 1999-2006 était systématiquement supérieure de 9% σ_g sur l'ensemble des 10 réplifications (résultats non présentés). Il semble donc plus difficile de découper ce GPI en deux sous-groupes présentant des niveaux génétiques équivalents. Comme ce GPI compte presque 400 taureaux, il serait envisageable de le diviser en deux groupes régionaux différents pour mieux apprécier l'hétérogénéité génétique sur le DS des fondateurs de cette région.

4.3.4. PERTE DE PRECISION DES INDEX

Les variances d'erreur de prédiction (PEV) des valeurs génétiques ont été calculées en modèle père sur un échantillon de 2000 élevages. Elles sont présentées dans le tableau 3.5 pour plusieurs populations de taureaux.

Tableau 3.5. Variance d'erreur de prédiction (PEV) et coefficient de détermination (CD) moyen des index de DM et de DS des taureaux dans un modèle père sans et avec GPI pour les taureaux de MN nés en 2003-2004 et les taureaux d'IA nés entre 1990 et 1999 et entre 1999 et 2002

Caractère	Type de taureaux	Effectifs	Modèle sans GPI		Modèle avec GPI	
			PEV	CD	PEV	CD
DM	MN	1538	3,80	0,40	3,84	0,40
	IA [1990-1999]	131	1,06	0,78	1,10	0,77
	IA [2000-2002]	50	1,87	0,70	1,88	0,70
DS	MN	1538	1,90	0,36	1,93	0,35
	IA [1990-1999]	131	0,59	0,75	0,61	0,74
	IA [2000-2002]	50	1,02	0,65	1,04	0,65

L'introduction des GPI dans le modèle d'évaluation n'induit pas d'accroissement important des variances d'erreur de prédiction des index (>20% des PEV obtenues dans le modèle sans GPI), même pour les taureaux sans généalogie. De fortes augmentations de PEV auraient indiqué l'apparition de déconnexions dans l'évaluation des reproducteurs. D'après les coefficients de détermination des valeurs génétiques, l'ajout de GPI au modèle d'évaluation induit une perte de précision négligeable sur les index des taureaux, qu'ils soient utilisés en MN ou par IA, et ce même pour les taureaux les plus jeunes.

Ainsi, la définition proposée de 16 GPI permet d'apprécier de réelles différences de niveau génétique entre groupes de fondateurs. Elle semble correspondre à un compromis raisonnable entre prise en compte du biais lié aux hétérogénéités de niveau génétique dans la population de fondateurs et précision des effets GPI estimés liée au nombre de taureaux affectés à chaque groupe.

4.4. VALIDATION DU MODELE ANIMAL AVEC GPI

L'objectif final de cette étude est de proposer une définition de GPI adaptée à un modèle animal puisque ce modèle est celui utilisé dans les évaluations génétiques des reproducteurs en ferme. Nous avons donc voulu vérifier que les règles de définition des GPI établies en modèle père permettaient de constituer des GPI pertinents pour les vaches sans généalogie. Une évaluation génétique en modèle animal a été réalisée séparément sur le DM et le DS selon les modèles sans et avec GPI. Les GPI ont été définis selon les mêmes critères pour les taureaux fondateurs et les vaches fondatrices (cf. Chapitre 3, § 3.1.4).

Dans un premier temps, seuls les veaux avec parents connus ont été considérés dans l'évaluation génétique pour pouvoir analyser la même population qu'en modèle père et établir des comparaisons entre les deux modélisations. Les animaux directement associés aux GPI sont donc uniquement des reproducteurs sans pedigree. L'annexe VII présente les modifications engendrées par la prise en compte des veaux de pères inconnus. Les composantes de variance utilisées pour réaliser les évaluations génétiques avec et sans GPI en modèle animal ont été fixées à des valeurs égales dans les deux modèles. Ces valeurs ont été calculées à partir de celles estimées en modèle père en supposant les variances phénotypique et d'environnement commun constantes. Cela a permis de comparer à composantes de variance équivalentes les résultats du modèle animal à ceux du modèle père.

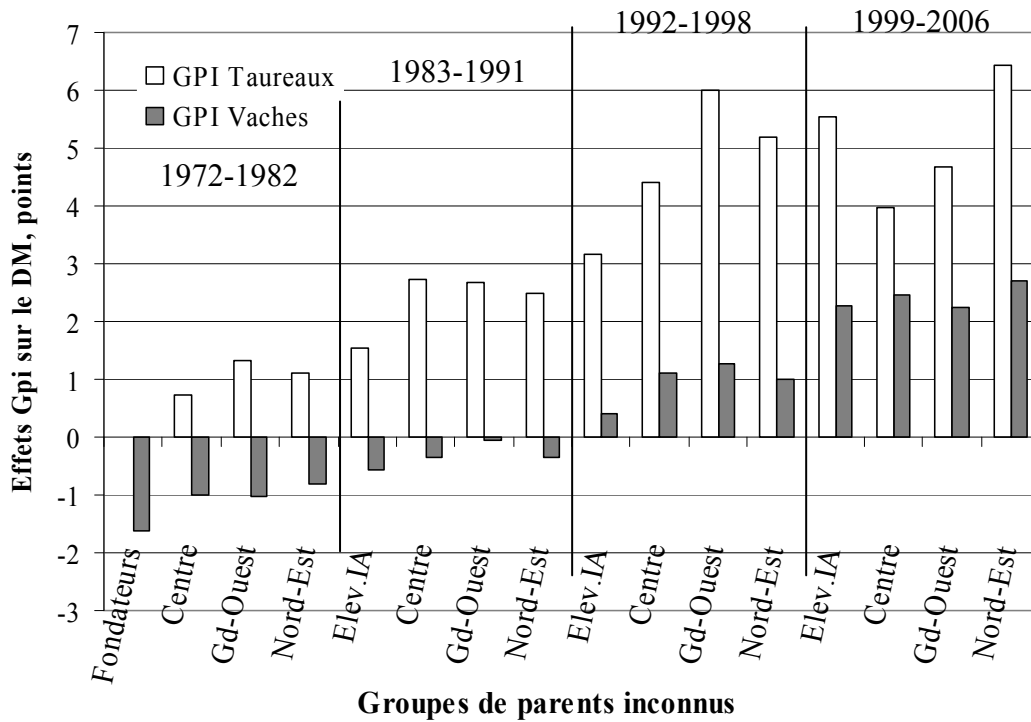


Figure 3. 25. Effets des groupes de parents inconnus (GPI) estimés sur le DM en modèle animal et exprimés en contraste de l'effet GPI des taureaux fondateurs nés avant 1972 (1 écart-type génétique = 5,0 points).

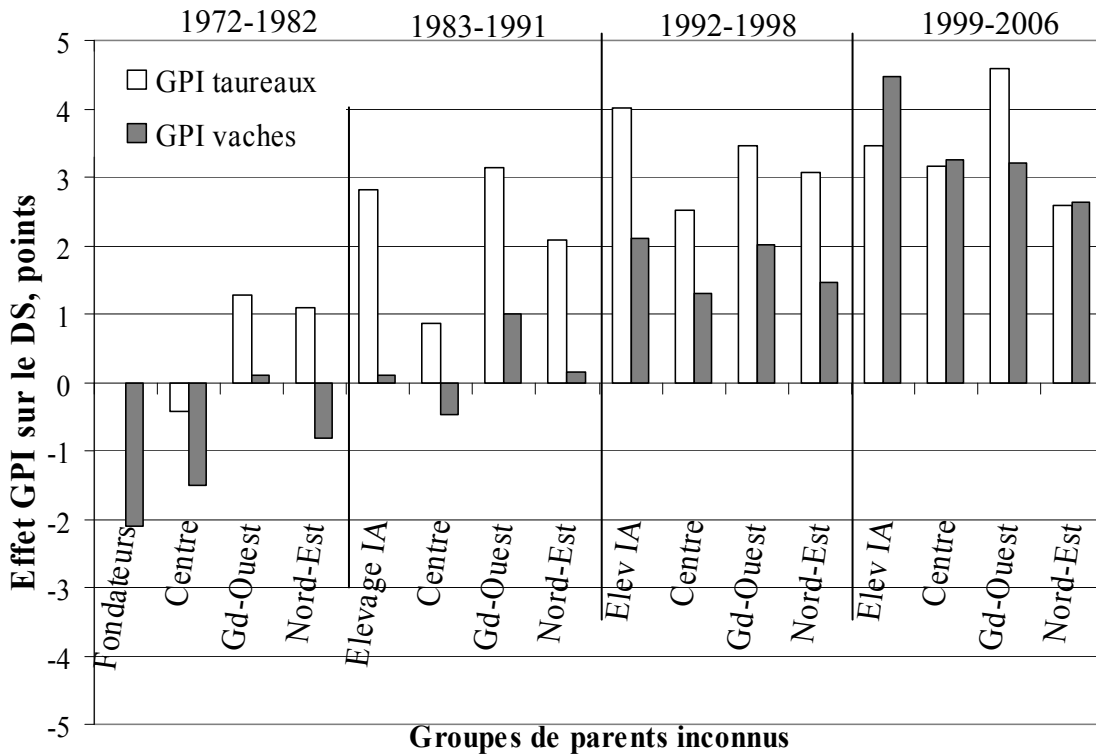


Figure 3. 26. Effets des groupes de parents inconnus (GPI) estimés sur le DS en modèle animal et exprimés en contraste de l'effet GPI des taureaux fondateurs nés avant 1972 (1 écart-type génétique = 3,46 points)

4.4.1. ESTIMATION DES EFFETS GPI DANS LE MODELE ANIMAL

Les effets GPI estimés pour le DM et le DS en modèle animal sont présentés respectivement dans les figures 3.25 et 3.26. Ces effets sont exprimés par rapport à l'effet GPI des taureaux fondateurs nés avant 1972.

En ce qui concerne le DM, les effets GPI des taureaux sont estimés à des valeurs proches entre modèles père et animal en comparant l'effet GPI en modèle animal à deux fois l'effet estimé en modèle père. En revanche, les effets GPI des taureaux fondateurs estimés en modèle père pour le DS sont systématiquement supérieurs (jusqu'à 70% σ_g) à ceux estimés en modèle animal. Cet écart d'estimation tend à s'accroître au cours des décennies et provient d'un biais induit par la non prise en compte en modèle père de la sélection des vaches sur le DS. En effet, sur la dernière décennie, les vaches avec un pedigree connu ont un niveau génétique sur le DS de 25 à 30% σ_g supérieur à celui de l'ensemble des veaux nés sur ces mêmes campagnes (cf. Annexe VIII). Leur niveau génétique est également supérieur au niveau génétique des mâles sans généalogie depuis 1990. En modèle père, les vaches sont supposées avoir un niveau génétique moyen égal à celui de la population des veaux nés. Par conséquent, le fait d'ignorer leur niveau génétique élevé sur le DS tend à augmenter les estimations de l'effet du groupe de contemporains au détriment des effets GPI.

Quel que soit le caractère étudié, le niveau génétique moyen des vaches fondatrices est différent de celui des taureaux fondateurs. En ce qui concerne le DM, les effets GPI des vaches sont inférieurs d'environ 50% σ_g à ceux des taureaux. Ces estimées sont homogènes entre les différentes zones de sélection alors que les effets GPI des taureaux fondateurs varient entre zones, variations qui peuvent atteindre 50% σ_g sur les deux dernières décennies. En ce qui concerne le DS, les effets GPI des vaches fondatrices sont aussi plus faibles que ceux des taureaux d'environ 30 à 50% σ_g jusqu'aux années 1990. Sur la dernière période étudiée, dans trois GPI sur quatre, les effets GPI des vaches sans généalogie ont été estimés à des valeurs équivalentes voire supérieures à celles des taureaux correspondants.

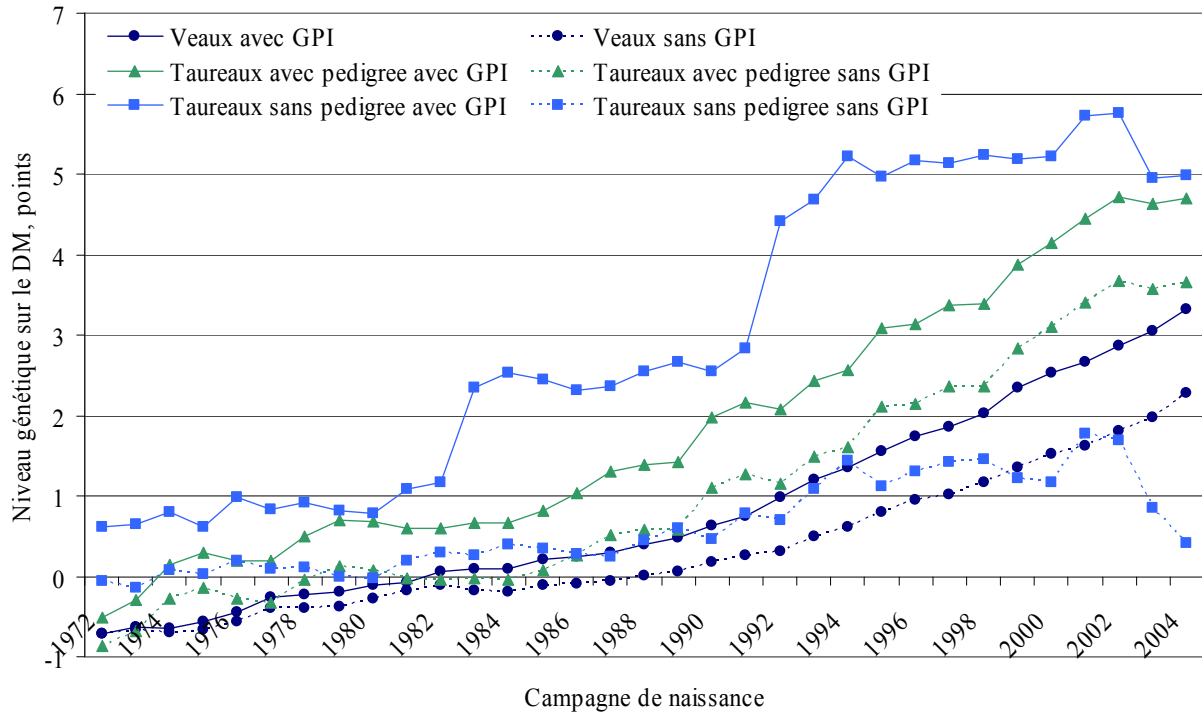


Figure 3. 27. Evolution des niveaux génétiques estimés sur le DM dans les modèles avec et sans groupes de parents inconnus (GPI) pour l'ensemble des veaux de la population, des taureaux avec et sans pedigree connu (écart-type génétique = 5,0 points)

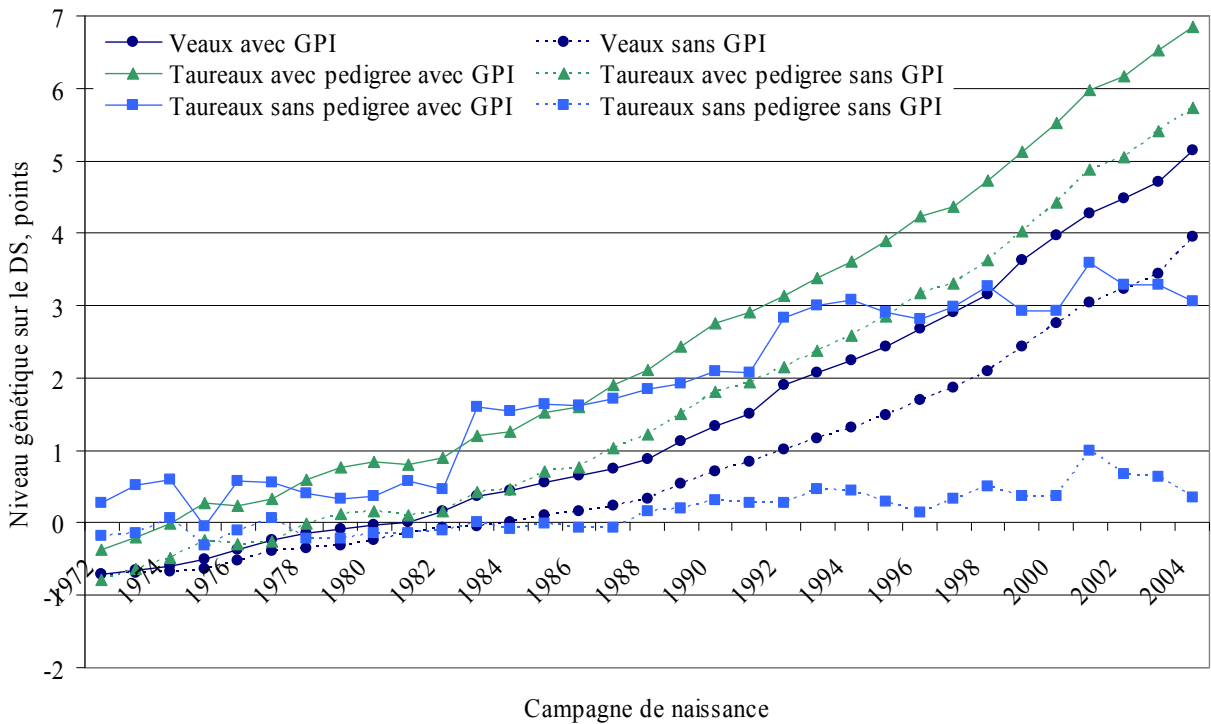


Figure 3. 28. Evolution des niveaux génétiques estimés sur le DS dans les modèles avec et sans groupes de parents inconnus (GPI) pour l'ensemble des veaux de la population, des taureaux avec et sans pedigree connu (écart-type génétique = 3,46 points)

4.4.2. ESTIMATION DU PROGRES GENETIQUE

Les niveaux génétiques estimés pour les taureaux et les vaches sans pedigree ont été comparés au niveau génétique moyen de la population pour mieux comprendre leurs évolutions relatives. Les figures 3.27 et 3.28 présentent l'évolution des niveaux génétiques moyens estimés respectivement sur le DM et le DS dans les modèles sans et avec GPI pour l'ensemble des veaux de la population et les populations de taureaux sans et avec pedigree. Ces niveaux génétiques sont exprimés en écart à l'effet du groupe de fondateurs nés avant 1972. Pour faciliter la comparaison des niveaux génétiques entre les modèles avec et sans GPI, les niveaux génétiques estimés dans le modèle sans GPI ont été centrés de manière à ce que le niveau génétique des veaux nés en 1972 soit le même dans les deux modèles.

Parce que l'introduction de GPI dans le modèle d'évaluation permet de mieux prendre en compte les différences de niveau génétique qui existent au sein de la population de fondateurs, un progrès génétique plus important a été estimé dans le modèle avec groupes, et ce pour les deux caractères. Entre 1992 et 2004, un progrès génétique annuel de 2% et 7% σ_g a été estimé avec le modèle sans groupe, respectivement pour le DM et le DS. Ce progrès génétique a été estimé à 3% et 8% σ_g dans un modèle avec groupes. Entre 1972 et 1991, l'évolution des niveaux génétiques est moins importante mais la différence de progrès génétique estimée entre les deux modèles reste comparable.

Les niveaux génétiques estimés pour les reproducteurs sans généalogie, mâles comme femelles, sont beaucoup plus élevés dans le modèle avec GPI. Dans ce modèle, le niveau génétique des vaches sans généalogie augmente par paliers correspondants au découpage temporel des GPI (cf. Annexe VIII). Un découpage temporel plus fin des GPI de vaches permettrait de lisser la tendance observée. Ce découpage temporel supplémentaire est envisageable étant donné le grand nombre (plusieurs milliers) de vaches sans pedigree nées à chaque campagne et utilisées comme reproductrices.

Dans le modèle avec GPI, le niveau génétique de DM des taureaux sans pedigree est plus élevé que celui des taureaux aux parents connus depuis les années 1970 (Figure 3.27). La situation est inverse pour le DS (Figure 3.28). Il semble donc que les taureaux sans pedigree ne soient pas sélectionnés sur les mêmes critères que les taureaux avec pedigree. Ces taureaux sont principalement des taureaux de MN utilisés pour la reproduction dans des élevages producteurs

(Chapitre 2, §.3.1). Ils ont en moyenne 14 descendants nés contre environ 40 pour les taureaux de MN avec pedigree connu et peu sont conservés pour la reproduction. Par conséquent, on peut penser que les taureaux sans pedigree sont utilisés dans des élevages producteurs pour produire des veaux très conformés destinés à la boucherie (fort DM) plutôt qu'au renouvellement de la population, bien que certaines filles soient parfois conservées dans le troupeau de vaches.

En ce qui concerne le PN et le P210, les niveaux génétiques estimés en modèle père avec GPI sont présentés en Annexe IX. Pour ces deux caractères, dans le modèle avec GPI, le niveau génétique des taureaux sans pedigree est plus faible que celui des taureaux dont le pedigree est connu. Les tendances observées sont donc semblables à celles observées sur le DS. Il faut noter que l'évaluation génétique du PN concerne tous les veaux nés dans les élevages au VA4 mais également au VA0. L'ajout de GPI dans le modèle d'évaluation est particulièrement important pour cette dernière population dans laquelle environ 15 à 20% des veaux avec performances n'ont pas de généalogie connue.

4.4.3. DETECTION DE BIAIS A L'AIDE DU CRITERE DE VALIDATION DU PROGRES GENETIQUE

Pour vérifier l'absence de biais systématique dans les modèles d'évaluation génétique sans et avec GPI, un critère de validation du progrès génétique a été étudié en modèle animal. Les coefficients de régression des performances pré-corrigées sur l'année de naissance des veaux sont présentés dans le tableau 3.6.

Tableau 3. 6. Coefficient de régression des performances moyennes de DM et de DS exprimées en points et corrigées des effets environnementaux et de l'effet génétique de la mère des taureaux d'IA sur la campagne d'utilisation (écart-type d'erreur d'estimation entre parenthèses)

	Modèle	DM	DS
Coefficient de régression	Sans GPI	-0,017 (0,005)	-0,029 (0,005)
	Avec GPI	-0,023 (0,003)	-0,034 (0,004)

Pour les deux caractères et pour les deux modèles d'évaluations comparés, les valeurs absolues des coefficients de régression sont inférieurs ou égaux au seuil de 1% σ_g (soit 0,05 pour le DM et 0,035 pour le DS) en deçà duquel les biais d'estimation du progrès génétique sont considérés comme négligeables dans les évaluations internationales. Par conséquent, aucun biais majeur n'affecte l'estimation du progrès génétique en considérant l'une ou l'autre des modélisations. Dans

les deux cas, le coefficient de régression est légèrement négatif ce qui indique que le progrès génétique est légèrement sous estimé (Boichard et al., 1995).

4.5. IMPACT DE L'INTRODUCTION DES GPI DANS LE MODELE IBOVAL SUR LES INDEX DES REPRODUCTEURS

4.5.1. CORRELATIONS ENTRE INDEX

L'introduction des GPI dans le modèle IBOVAL a un impact plus important sur les valeurs génétiques prédites pour le DS (0,981) que pour le DM (0,989) (Tableau 3.7). Tous les animaux de la base de sélection ne sont pas affectés de façon identique par l'évolution proposée du modèle IBOVAL. Les corrélations entre les index sans et avec GPI des animaux sans pedigree sont respectivement de 0,658 et 0,858 sur le DS et le DM. Ces corrélations sont beaucoup plus élevées pour les animaux dont le grand-père (paternel comme maternel) est inconnu (Tableau 3.7). Enfin, l'impact de l'introduction des GPI dans le modèle IBOVAL est négligeable pour les veaux dont les deux premières générations d'ancêtres sont connues. Ainsi, l'introduction des GPI dans le modèle IBOVAL influence avant tout les valeurs génétiques prédites pour les animaux dont les généalogies sont très courtes (père ou grand-père inconnu).

Tableau 3. 7. Corrélations et variations entre index prédits dans les modèles sans et avec GPI concernant différentes sous-populations de veaux nés en 2005 ou de reproducteurs (taureaux / vaches) nés entre 2000 et 2004

Facteur de variation		DM	DS
Effectifs		167 123	167 123
Base de sélection		0,989	0,981
Généalogies	Père inconnu	0,858	0,658
	Grand Père inconnu	0,979	0,963
Type d'élevage	Producteurs	0,989	0,986
	Sélectionneurs	0,997	0,997
Catégorie d'animaux	Veaux	0,997	0,989
	Taureaux	0,994	0,991
	Vaches	0,987	0,947

En raison de la moins bonne connaissance de leurs généalogies, les valeurs génétiques des animaux des élevages producteurs sont également plus affectées par le changement de modèle que celles des animaux des élevages sélectionneurs (Tableau 3.7). En effet, la totalité des veaux nés en 2005 dont la variation d'index DS ou DM est supérieure à $0,33 \sigma_g$ provient d'élevages producteurs.

Les corrélations entre les index sans et avec GPI sont relativement élevées pour les veaux et les taureaux. Dans cette analyse, tous les veaux ont leurs deux parents connus et très peu de taureaux sans pedigree ont été utilisés pour la reproduction dans la base de sélection. Les index des vaches sont en moyenne plus affectés par l'ajout des GPI au modèle d'évaluation parce que d'une part, le taux de vaches sans généalogie est beaucoup plus élevé que celui de taureaux sans pedigree et, d'autre part, le poids de l'index sur ascendance est d'autant plus élevé qu'il y a peu de descendants contrôlés. Sur la campagne 2005, 14 % des vaches conservées pour la reproduction avaient un père inconnu et 99% de ces quelques 23 000 vaches appartenaient à des éleveurs producteurs. La corrélation entre les valeurs génétiques des vaches prédites avec et sans GPI est plus faible sur le DS (0,948) que sur le DM (0,975) parce que le progrès génétique réalisé dans la population de vaches est plus important sur le DS que sur le DM. Les variations d'index des vaches se répercutent fortement sur les valeurs génétiques des veaux. En effet, l'absence de grand-père maternel connu explique 98% des variations d'index DS supérieures à $0,33 \sigma_g$ pour les veaux nés sur la campagne 2005.

4.5.2. IMPACT SUR LES CHOIX DE REPRODUCTEURS

4.5.2.1. Choix des femelles de renouvellement

L'introduction des GPI dans l'évaluation provoque un reclassement important des vaches sans pedigree sur leur index DM et surtout DS. La redistribution des index des vaches nées entre 2002 et 2004 entre les modèles sans et avec GPI est présentée en figure 3.29a et 3.29b, respectivement pour le DM et le DS.

Quel que soit le caractère considéré, les valeurs génétiques des vaches aux généalogies inconnues des élevages producteurs, très faibles dans le modèle sans GPI, sont revalorisées à un niveau génétique plus proche de la moyenne de la population. L'introduction de GPI dans le modèle IBOVAL est donc primordiale pour améliorer le classement intra-troupeau des vaches des élevages producteurs, notamment ceux nouvellement adhérents au contrôle de performances. Dans ces élevages, un choix plus juste des vaches pour le renouvellement permettra d'améliorer l'efficacité de la sélection, notamment sur le DS.

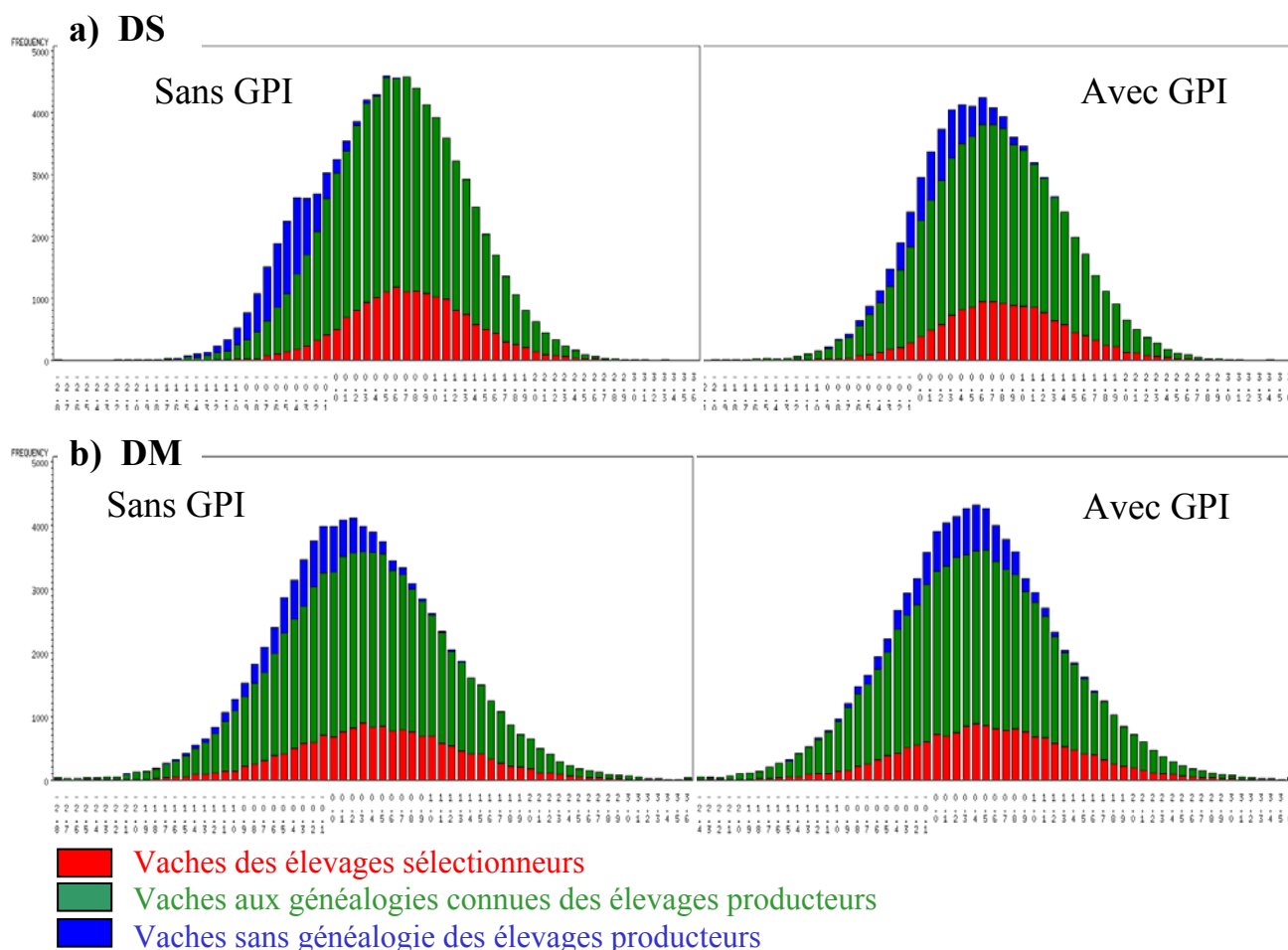


Figure 3. 29. Distribution des index des vaches nées entre 2002 et 2004 pour le DS (a) et le DM (b) dans les modèles sans et avec GPI

Etant donné le niveau génétique moyen de DM et DS des vaches sans pedigree, cette évolution de modèle ne changera pas le choix des mères à taureaux. Les tendances observées en modèle père sur le P210 et le PN étant semblables à celles observées sur le DS, il est raisonnable de penser que l'introduction de GPI au modèle IBOVAL sera souhaitable pour mieux sélectionner les femelles de renouvellement sur ces performances.

4.5.2.2. Choix des mâles reproducteurs

Les figures 3.30a et 3.30b présentent les classements des 100 meilleurs mâles nés en 2005 respectivement sur leur index DM et DS prédit dans un modèle avec GPI selon leurs classements dans le modèle sans GPI. Pour chacun des caractères, le tableau 3.8 présente le taux de taureaux en commun, les corrélations de rang et les variations moyennes de classement observés dans les TOP100, 1000 et 3000 sur index sans et avec GPI.

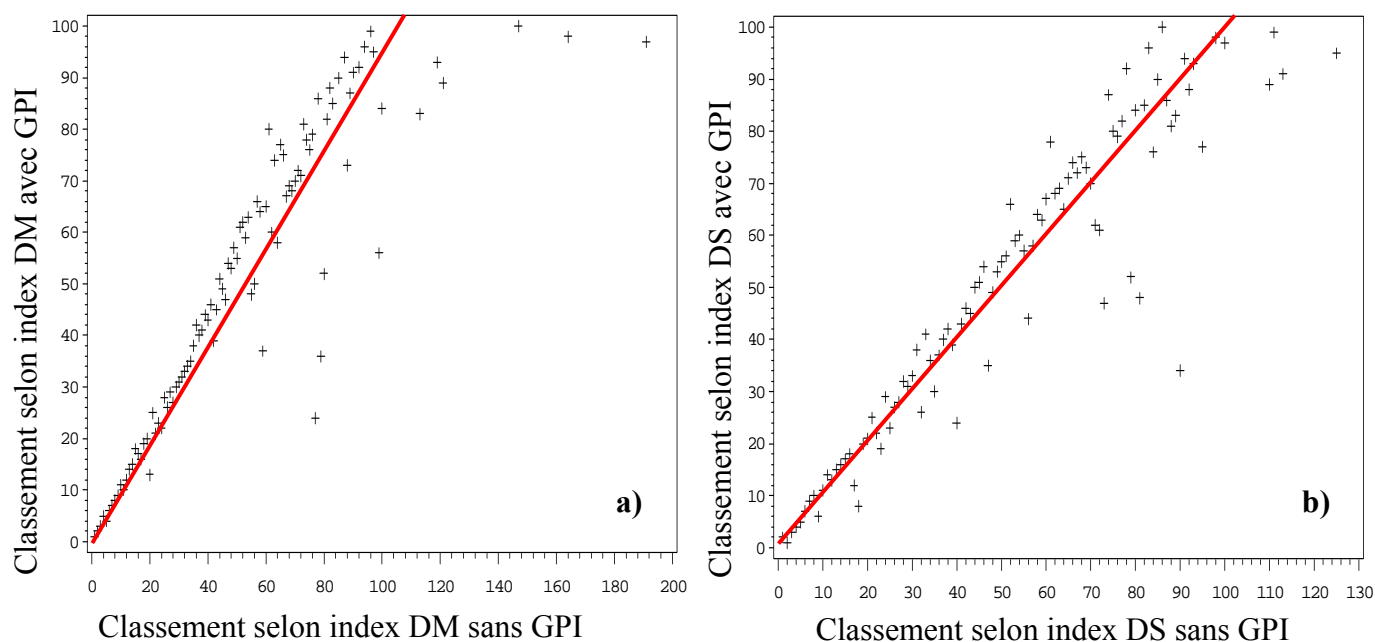


Figure 3. 30. Représentation du classement des 100 meilleurs mâles nés en 2005 sur leur index avec GPI en fonction de leur classement dans un modèle sans GPI respectivement pour le DM (a) et le DS (b)

Tableau 3. 8. Paramètres relatifs aux variations de classement des candidats mâles à la sélection entre modèles sans et avec GPI (cohorte de naissance 2005)

	TOP	% de taureaux communs aux TOP sur index sans / avec GPI	Corrélation de rang entre index sans / avec GPI	Variation moyenne de classement	Variation maximale de classement
DM	100	94,0	0,939	9	94
	1000	95,1	0,956	70	2832
	3000	96,0	0,966	163	9837
DS	100	96,0	0,943	7	56
	1000	94,6	0,956	86	3741
	3000	94,3	0,941	266	7745

Tableau 3. 9. Nombre de lignées parentales différentes (nombre de pères ou GPM inconnus entre parenthèses) ayant engendré les TOP 100, 1000 et 3000 parmi les mâles nés en 2005

Classement	Caractère	Modèle sans GPI		Modèle avec GPI	
		Nombre de pères différents	Nombre de GPM différents	Nombre de pères différents	Nombre de GPM différents
TOP 100	DS	45(0)	59 (0)	45(0)	58(0)
	DM	65 (0)	80 (5)	63 (0)	81 (9)
TOP 1000	DS	304(0)	382 (3)	296(0)	389(24)
	DM	510 (3)	720 (63)	507 (5)	726 (94)
TOP 3000	DS	726 (0)	1036 (37)	703(0)	1079 (127)
	DM	1268 (7)	1914 (232)	1277(19)	1936 (286)

Pour le DM comme pour le DS, le TOP 100 est peu modifié, que ce classement soit réalisé sur l'index sans ou avec GPI (Figures 3.30a et 3.30b). Sur ce TOP, les reclassements observés sont de faible amplitude. Les reclassements importants sont observés plus loin dans le classement et concernent des animaux qui apparaissent entre la 500 et la 1000^{ème} place dans le classement sur index avec GPI (cf. Annexe X).

Ainsi, pour le DM, 94% des mâles nés en 2005 sont communs aux tops 100 sur index sans et avec GPI. Ce taux de mâles en commun dans les TOP 1000 et 3000 sans et avec GPI augmente pour atteindre respectivement 95% et 96%. Pour ce caractère, les mâles subissant les plus fortes variations d'index ont un grand-père paternel inconnu. Toutefois, ces jeunes mâles sont peu nombreux parce que le nombre de taureaux sans pedigree utilisé dans la base de sélection est très réduit. En effet, ils ne représentent que 25% des 120 nouveaux entrants dans le TOP3000 sur index avec GPI par rapport au même TOP sur index sans GPI.

Pour le DS, la proportion de taureaux en commun dans le TOP 100 avec et sans GPI est plus élevée (96%) que pour le DM, les quelques nouveaux entrants dans le TOP 100 sur index avec GPI n'ayant gagné que très peu de places (Figure 3.30b). En descendant dans le classement, les variations de classement des mâles sont plus importantes. La proportion de taureaux en commun dans les classements avec et sans GPI diminue progressivement pour atteindre 94% sur le TOP 3000 (Tableau 3.8). Les plus fortes variations d'index concernent les veaux des élevages IA dont le grand-père maternel est inconnu.

4.5.3. ORIGINES GENETIQUES DES MALES SELECTIONNES DANS LES TOPS

L'élite des mâles, vouée à une large diffusion, est peu affectée par l'introduction des GPI dans le modèle d'évaluation génétique du DM et du DS. Par conséquent, le nombre de lignées parentales à l'origine du TOP100 reste quasi constant (Tableau 3.9). Le changement de modèle ne sera donc pas à l'origine d'une concentration du choix des mâles candidats à l'entrée en CI vers certaines origines familiales, que ce choix soit réalisé sur l'index DM ou DS. L'inclusion des GPI modifie aussi très faiblement le nombre global de pères et de grands-pères maternels ayant engendré les TOP 1000 et 3000 sur le DM (Tableau 3.9). Le nombre de pères à taureaux reste sensiblement le même pour un choix sur index DM mais diminue légèrement (-3%) pour un choix sur index DS.

En supposant que les grands-pères maternels inconnus sont tous différents, l'inclusion de GPI dans le modèle d'évaluation provoque une légère augmentation (2 à 4%) du nombre de grands-pères maternels ayant engendré les tops 1000 et 3000 des veaux nés en 2005. Cette augmentation est liée principalement à un accroissement du nombre de veaux avec GPM inconnu sélectionnés dans les TOP 1000 et 3000. Ceci est particulièrement vrai pour un choix des reproducteurs sur le DS, le nombre total de GPM augmentant de 4% sur le TOP3000. De manière générale, les plus fortes variations d'index DS touchent les mâles nés dans les élevages IA. Dans ces élevages, l'élargissement du nombre de lignées maternelles sur les TOP 1000 et 3000 n'est vraisemblablement qu'apparent parce que les vaches sans pedigree ont une probabilité élevée d'être issues de pères d'IA. En outre, les vaches sans pedigree des élevages IA sont plus souvent accouplées à des taureaux d'IA, ce qui explique la diminution du nombre de pères différents sélectionnés dans le TOP 3000 sur le DS (Tableau 3.9). Cette érosion du nombre de lignées parentales sélectionnées n'est toutefois pas inquiétante étant donné le nombre de pères et de grands-pères maternels différents à l'origine de ce top.

5. CONCLUSION : QUELLE EVOLUTION POUR LE MODELE D'EVALUATION GENETIQUE EN FERME ?

5.1. REFLEXIONS SUR LA METHODE DE DEFINITION DES GPI ET SON APPLICATION A D'AUTRES POPULATIONS DE BOVINS ALLAITANTS

Sur le plan conceptuel, on peut s'interroger sur le postulat sous-jacent à la définition des GPI proposée dans cette thèse : « les reproducteurs non identifiés, utilisés dans des élevages de régions différentes, mais présentant un approvisionnement similaire (origine et type génétique) en reproducteurs mâles connus sont assimilés à un même groupe de parents inconnus ». En effet, si les taureaux inconnus sont sélectionnés pour des objectifs très différents des taureaux identifiés, une définition des GPI basée sur un tel postulat pourrait ne pas être une bonne solution pour réduire les biais de l'évaluation génétique. Ainsi, en race Charolaise, l'estimation des effets GPI a montré très clairement que les pères inconnus n'avaient pas été choisis sur le même objectif de sélection que leurs contemporains qui assurent l'essentiel du renouvellement de la base de sélection. En terme de morphologie au sevrage, ces derniers sont choisis sur le développement squelettique tandis que les taureaux sans généalogie sont clairement choisis sur le développement musculaire car ils sont destinés à produire des animaux destinés à la boucherie et non au renouvellement du cheptel

reproducteur, même si certaines filles sont conservées pour la reproduction. Le postulat émis pour définir les GPI n'est pas pour autant invalidé. D'une part, aucune hypothèse n'est faite sur le niveau génétique des parents inconnus par rapport à celui des parents connus puisque les effets GPI sont estimés partir des performances des descendants des parents sans généalogie. D'autre part, il est naturel de supposer que deux éleveurs ayant une même stratégie d'approvisionnement en reproducteurs identifiés utilisent des reproducteurs inconnus ayant des profils génétiques similaires. En outre, dans le cas Charolais, il y a preuve par le résultat de la pertinence du postulat émis. En effet, la méthode proposée a bien permis de constituer des GPI relativement homogènes pour les reproducteurs mâles et présentant une forte hétérogénéité génétique entre groupes.

L'étude des flux de reproducteurs apporte donc des informations importantes pour la définition des GPI à inclure dans les évaluations génétiques des races bovines allaitantes. En effet, l'étude de cas conduite sur la population Charolaise a montré qu'il existe des sous-populations régionales aux niveaux génétiques très différents et qu'il est possible de les identifier à partir de l'analyse des données zootechniques et démographiques des élevages. Bien qu'une approche par classification automatique à partir de ces données permette de définir spatialement des groupes en identifiant de grosses disparités de systèmes de production, l'étude des flux de reproducteurs entre régions est nécessaire pour assurer la cohérence génétique et temporelle des groupes en retraçant les sources de disparités génétiques au sein des populations animales sélectionnées depuis plusieurs décennies.

La méthode de définition des GPI proposée dans cette thèse est applicable à toute autre grande population hétérogène, notamment aux autres populations bovines allaitantes françaises. Les trois critères – temps, espace et mode de reproduction - proposés pour décrire l'hétérogénéité génétique de la population Charolaise sont *a priori* très pertinents pour décrire aussi les disparités génétiques des populations Blonde d'Aquitaine et Limousine sélectionnées en France. En effet, le taux de pénétration de l'IA est relativement similaire à l'heure actuelle dans les trois races et les schémas de sélection des taureaux d'IA Blancs d'Aquitaine et Limousins sont comparables à celui mis en place en race Charolaise dans les années 1980. Par conséquent, des différences de niveau génétique entre élevages sont susceptibles d'exister selon leur mode de reproduction prépondérant. En outre, les populations Blonde d'Aquitaine et Limousine ont également connu une forte expansion régionale depuis l'instauration des quotas laitiers, qui peut être à l'origine d'hétérogénéités génétiques dans la population. Le découpage en régions d'élevage ne sera toutefois pas identique à celui de la race Charolaise parce que les principales régions d'élevage des trois races

sont différentes. Dans les autres populations bovines allaitantes évaluées en ferme (Aubrac, Bazadaise, Gasconne, Parthenaise, Rouge des Prés, Salers), l'expansion hors du berceau de race est beaucoup plus limitée. De plus, dans ces races, les programmes de sélection des taureaux d'IA sont d'une moindre efficacité avec, d'une part, l'absence de testage sur descendance, d'autre part, un taux de pénétration de l'IA souvent plus faible que dans les races allaitantes spécialisées. Un simple découpage temporel pourrait donc être suffisant pour prendre en compte les hétérogénéités de niveau génétique dans la population de fondateurs.

Le travail de thèse n'a considéré que des effets génétiques directs dans la modélisation des performances et des GPI. Pour les caractères soumis à des effets maternels tels que les poids à la naissance et au sevrage, il s'agit donc de valider la pertinence des GPI définis sur des effets directs. Concomitamment au travail de thèse, le logiciel d'évaluation « Génial » développé par l'INRA et l'Institut de l'Élevage pour effectuer les évaluations sur données d'abattoir et de ferme a été modifié par Marie-Noëlle Fouilloux afin de pouvoir analyser en modèle animal avec GPI des caractères soumis à des effets génétiques directs et maternels. Ce logiciel, basé sur les développements méthodologiques de Van Vleck (1990), suppose que la définition des groupes de niveau génétique est la même pour les effets génétiques directs et maternels. Avant de mettre opérationnellement en œuvre les GPI dans les évaluations IBOVAL, il s'agira donc d'étudier l'impact de l'introduction de GPI sur les paramètres et les valeurs génétiques maternelles prédites pour les poids à la naissance et au sevrage. Cet aspect a été très peu étudié dans la littérature. Diaz et al. (2002) ont montré sur l'exemple de la population Limousine Espagnole que la définition de groupes génétiques sur la composante génétique maternelle était souhaitable pour mieux estimer la variance génétique maternelle en intégrant les effets corrélés de la sélection réalisée sur la composante génétique directe du poids au sevrage. L'impact de l'inclusion de GPI sur les prédictions de valeurs génétiques d'effets maternels n'a toutefois pas été étudié.

5.2. IMPORTANCE DES GROUPES GENETIQUES POUR UNE EVALUATION NON BIAISEE ET UNE SELECTION EFFICACE DES REPRODUCTEURS

Etant donné la proportion importante de vaches sans généalogie dans l'ensemble des bases de sélection allaitantes, considérer les GPI dans l'évaluation en ferme s'avère utile pour améliorer l'efficacité de la sélection sur la voie femelle. En effet, cela permet d'évaluer à un niveau génétique vraisemblable, fonction de la typologie de l'élevage (région et taux de pénétration de l'IA) et

l'année de naissance, les vaches sans généalogie, présentes notamment dans les élevages nouvellement inscrits au contrôle de performances.

En revanche, les index des taureaux sont peu affectés par l'introduction des GPI dans le modèle IBOVAL parce que la généalogie de la très grande majorité (98%) des reproducteurs mâles utilisés en base de sélection sur la campagne 2006 est connue sur plus de trois générations. Les taureaux sans pedigree sont donc actuellement très peu nombreux (1%) et ne sont généralement pas utilisés pour le renouvellement de la base de sélection. L'introduction des GPI dans le modèle d'évaluation génétique ne modifiera donc que peu l'efficacité à court terme de la sélection sur la voie mâle. Cette évolution n'est pas non plus susceptible de modifier sensiblement l'efficacité à plus long terme de la sélection car elle n'impacte que fort peu le choix et les origines (lignées d'IA versus lignées plus originales) des reproducteurs élites qui diffuseront largement dans la population.

Cependant, considérer des GPI permettra d'éliminer des sources de biais dans le testage en ferme des taureaux d'IA. En effet, le testage des facilités de naissance s'effectue à partir des performances de tous les veaux de testage nés dans les élevages en contrôle de performance VA4 mais aussi VA0, élevages dans lesquels le taux de veaux et de vaches sans généalogie (15-20%) est beaucoup plus élevé qu'en VA4. Ainsi, respectivement 20% et 34% des veaux de testage Limousins et Blonds d'Aquitaine proviennent d'élevages au VA0. L'index IBOVAL de facilité de naissance des taureaux de testage est susceptible de varier beaucoup avec l'arrivée des veaux de service si les IA de testage sont effectuées sur un nombre important de vaches sans pedigree dont le niveau génétique n'est pas correctement estimé. De même, dans le cadre du testage en ferme des qualités maternelles des taureaux d'IA Charolais, 13% des mères supports de testage sont sans généalogie (F. Phocas, communication personnelle). L'inclusion de GPI dans le modèle d'évaluation IBOVAL doit permettre de mieux estimer le niveau génétique de ces mères et de réduire les biais d'évaluation au testage. Toutefois, il est recommandé aux entreprises de sélection de réaliser les IA de testage sur des femelles dont au moins les deux parents sont connus, afin de rendre négligeable l'effet des GPI maternels sur les index des taureaux de testage.

Chapitre 4. Modèles d'évaluation génétique des reproducteurs en stations

1. INTRODUCTION

En France, les programmes actuels de sélection des taureaux d'insémination animale (IA) en races bovines allaitantes ont été mis en place au début des années 1980. Ils sont constitués de trois étapes séquentielles de sélection :

- La sélection en ferme des candidats à l'entrée en station parmi les meilleurs mâles sur index sur ascendance IBOVAL et sur performances individuelles au sevrage selon des objectifs de croissance, morphologie et facilité de naissance déterminés par les entreprises de sélection.
- La sélection des taureaux à tester sur descendance parmi les meilleurs mâles évalués en station de contrôle individuel (CI) sur les index prédits pour les performances de croissance, morphologie et efficacité alimentaire post-sevrage enregistrées en station.
- La sélection des taureaux agréés à l'IA en sortie de contrôle sur descendance (CD) en station sur les index prédits pour améliorer soit les aptitudes bouchères (AB) des jeunes bovins (programme AB) ou des veaux de boucherie (programme « Veaux de Boucherie » en races Blonde d'Aquitaine et Limousine, programme « Muscularité Précoce » en race Charolaise), soit les qualités d'élevage des génisses allaitantes (programme « Qualités Maternelles »).

Dans ce chapitre, nous ne nous intéresserons qu'au CD « Aptitudes Bouchères » qui est le principal programme de sélection des aptitudes bouchères en races allaitantes spécialisées. Ce programme concerne l'évaluation d'aptitudes fortement corrélées aux performances enregistrées aux étapes antérieures d'évaluation et de sélection en ferme et en CI.

Associées à ces divers programmes et étapes de sélection des reproducteurs mâles destinés à l'IA, de nombreuses sources d'information sont disponibles pour le calcul des index des taureaux évalués en station. Actuellement, les index sont calculés en utilisant uniquement les informations récoltées à la dernière étape de contrôle avant sélection des reproducteurs pour l'étape suivante du programme ou la mise sur le marché des semences. Historiquement, ce choix d'évaluations séquentielles indépendantes les unes des autres a été fait parce que les évaluations génétiques en stations ont été mises en place au début des années 1980, c'est-à-dire antérieurement à la mise en place de l'évaluation en ferme IBOVAL qui date du début des années 1990. En outre, les capacités de calcul des ordinateurs et les logiciels d'évaluation génétique disponibles à cette époque ne permettaient pas d'envisager d'intégrer l'exhaustivité des informations recueillies en ferme et en station pour l'évaluation génétique des reproducteurs en station.

Toutefois, cette procédure séquentielle d'évaluation peut engendrer des problèmes de biais et limiter la précision de l'évaluation des taureaux. En effet, les mâles entrant en station sont sélectionnés sur leur croissance et leur morphologie au sevrage. La théorie indique que les valeurs génétiques prédites par BLUP ne sont pas biaisées sous réserve que toutes les données ayant servi à la sélection, sur le caractère considéré mais également sur tout autre caractère corrélé, soient prises en compte pour l'estimation des paramètres génétiques et le calcul des index (Henderson, 1975). Or, des caractères homologues sont contrôlés dans les différentes étapes d'évaluation génétique des reproducteurs pour apprécier l'évolution d'une même aptitude biologique des animaux au cours de leur vie ou dans des conditions de conduite différentes : ainsi le poids au sevrage enregistré en ferme pour les veaux de 7 mois et les poids à âge-type de 15 ou 16 mois enregistrés en station pour les taurillons à l'engrais visent à apprécier le potentiel de croissance des reproducteurs. De même, les notes de développement musculaire et développement squelettique attribuées à 7 mois et 15-16 mois permettent d'apprécier respectivement la conformation et le gabarit des reproducteurs. Etant donné les corrélations génétiques élevées qui existent entre caractères homologues sélectionnés en ferme et en stations (Fouilloux et al., 1999), le fait d'ignorer les données qui ont servi à la sélection aux étapes précédentes est d'une part, source de biais potentiel dans l'évaluation génétique des reproducteurs en station, et, d'autre part, source d'une moindre précision dans la prédiction des index.

Par ailleurs, la réalisation d'évaluations génétiques des reproducteurs mâles indépendantes de l'évaluation des veaux en ferme ne permet pas de comparer les taureaux évalués en station au reste de la base de sélection sur la base de valeurs génétiques prédites pour les performances post-sevrage. Qui plus est, la comparaison des index des taureaux évalués en station dans des séries (années) différentes est peu fiable. En station de CI, la connexion génétique des différentes séries n'est assurée que par les relations de parenté qui existent entre les animaux via la matrice de parenté. En station de CD, trois taureaux de référence sont utilisés chaque année pour connecter les différentes séries entre elles afin de mieux les comparer (Foulley et al., 1983). Cette quantité d'information est insuffisante pour bien estimer les différences de niveau génétique qui existent entre les différentes séries (Laloë et Phocas, 2003). Enfin, les taureaux évalués génétiquement dans ces programmes disposent de quantités d'information variables pour la prédiction de leurs valeurs génétiques. En effet, une partie de ces taureaux est issue de pères ou/et de grands-pères agréés à l'IA. Ces taureaux disposent alors d'une quantité importante d'information à chaque étape d'évaluation : leurs performances propres, celles de leurs ascendants et de leurs apparentés évalués en station. A l'opposé, les taureaux issus de lignées de monte naturelle (MN) n'ont généralement eu

que peu, voire pas, d'apparentés déjà contrôlés en station. Les taureaux issus de ces lignées plus « originales » ne disposent donc pour la prédiction de leurs valeurs génétiques que de leurs performances propres en CI et celles de leurs descendants directs en CD. A valeur génétique vraie égale, ces taureaux ont des index plus régressés vers la moyenne de la population évaluée que les taureaux issus de lignées d'IA ; ils ont donc moins de chance d'être sélectionnés à l'issue d'une étape d'évaluation en station. A chacune de ces étapes, la prise en compte de l'information recueillie aux étapes antérieures d'évaluation pourrait peut-être permettre d'augmenter la proportion d'animaux sélectionnés issus de lignées MN en réduisant le déséquilibre d'information entre taureaux issus de lignées d'IA et de lignées MN. Elle pourrait ainsi conduire à un élargissement des origines génétiques de candidats mâles sélectionnés pour l'étape de contrôle sur descendance ce qui serait bénéfique en terme de maintien de la diversité génétique de l'ensemble de la population.

Pour répondre aux interrogations soulevées ci-dessus, l'évaluation génétique des reproducteurs en station doit être réalisée en intégrant toutes les étapes d'évaluation dans une modélisation multicaractère, considérant que les performances homologues mesurées en ferme, en CI et en CD sont des caractères différents, mais génétiquement et phénotypiquement corrélés entre eux. En exploitant les corrélations génétiques et environnementales qui existent entre performances, une évaluation multicaractère permet à tous les individus de la base de sélection d'être évalués sur tous les caractères, même en l'absence de performances sur certains caractères. Elle permet également de pallier les limites rencontrées par les évaluations séquentielles unicaractères, à savoir la suppression des biais de sélection, l'augmentation de la précision des index prédits et l'amélioration de la connexion entre les données (Thompson et Meyer, 1986 ; Mrode, 1996).

En revanche, l'évaluation multicaractère exige des besoins importants en mémoire informatique et en temps de calcul sur de grandes populations telles que les populations d'animaux contrôlés en ferme en race allaitante spécialisée. En outre, elle nécessite une bonne connaissance des paramètres génétiques, en particulier des corrélations génétiques, afin que la précision réelle de l'évaluation multicaractère soit meilleure que celle de l'évaluation unicaractère (Henderson et Quaas, 1976). Une étude spécifique des paramètres génétiques a donc été effectuée et fait l'objet d'un article soumis à *Livestock Science* (cf. Annexe XI).

Dans ce chapitre, l'objectif poursuivi est d'établir une stratégie opérationnelle pour intégrer un maximum d'informations utiles pour améliorer la qualité de l'évaluation des reproducteurs en station. A cette fin, de nouveaux modèles d'évaluation génétique en station sont proposés et

comparés aux procédures actuelles d'évaluation en CI et CD en terme d'efficacité à court et plus long terme de la sélection des taureaux destinés à l'IA.

2. MATERIELS ET METHODES

L'étude a été effectuée en races Blonde d'Aquitaine et Limousine car ces deux races présentent des stratégies différentes d'approvisionnement de leurs stations. De plus, le fonctionnement de leurs stations de contrôle sur descendance devrait perdurer dans les années futures à la différence de la race Charolaise.

2.1. PROTOCOLE DE CONDUITE DES ANIMAUX

2.1.1. STATIONS DE CONTROLE INDIVIDUEL

Chaque année, une série de 40 mâles Blonds d'Aquitaine et 42 mâles Limousins entrent en station de CI vers l'âge de 7 à 9 mois. A leur arrivée en station, les jeunes mâles sont répartis en deux ou trois groupes de contemporains constitués de veaux dont la différence d'âge est inférieure à six semaines. Le contrôle des performances des mâles dure 18 semaines. Il est précédé d'une période d'adaptation de huit semaines. Cette période d'adaptation a pour but de laisser s'exprimer le potentiel de croissance compensatoire des mâles et de gommer les différences de performances qui existent à l'entrée du CI, différences principalement liées aux diverses conditions d'élevages rencontrées chez les naisseurs. Durant cette période, les animaux s'habituent progressivement aux conditions d'élevage en station et en particulier à l'aliment concentré distribué. Durant les 4 premières semaines, l'aliment est distribué *ad libitum* afin que les candidats expriment au maximum leur capacité de croissance. Au cours des 14 semaines suivantes, la ration alimentaire de chaque taureau est ajustée toutes les semaines à son poids vif selon une grille de rationnement définie pour atteindre une croissance pondérale moyenne pour la série de 1,3kg/ jour en race Limousine et de 1,4kg / jour en race Blonde d'Aquitaine. La consommation alimentaire des mâles est contrôlée quotidiennement par pesée des apports et des refus pendant les périodes d'alimentation *ad libitum* et limitée. Pendant la période de contrôle, les mâles sont pesés tous les 28 jours. La morphologie des jeunes taureaux est également contrôlée par pointage et mensuration en divers postes des animaux dans les deux semaines qui précèdent la fin du contrôle. Ces pointages, réalisés par un unique technicien, sont ensuite utilisés pour calculer les notes globales de développements musculaire et squelettique, d'aptitudes fonctionnelles et de qualités de race pour chaque mâle (cf. Annexe XII).

Enfin, des mesures de la composition corporelle (adiposité) des mâles sont réalisées par ultrasons à l'aide du matériel VOS dans les deux semaines qui précèdent la fin du contrôle. Ces mesures d'ultrasons permettent d'apprécier leur adiposité au niveau de l'épaule et du filet. Le régime alimentaire, la grille de rationnement et les conditions de conduite du contrôle en station de CI sont décrits en détail par Pabiou (2005).

A la fin de la période de contrôle, une évaluation génétique des mâles est réalisée à l'aide d'un modèle animal à partir des informations enregistrées en station de CI. Des index élémentaires sont calculés pour sept caractères : la croissance (CR_{ci}), l'efficacité alimentaire (EFA_{ci}), le développement musculaire (DM_{ci}), le développement squelettique (DSci), la composition corporelle (VO_{Sci}), les qualités de race (QR_{ci}) et les aptitudes fonctionnelles (AF_{ci}). L'index croissance des mâles en CI (CR_{ci}) est obtenu en combinant l'index poids au sevrage ajusté à 210 jours et l'index obtenu par BLUP modèle animal sur les performances de gain moyen quotidien (GMQ) enregistrées sur la période de contrôle en CI (Pabiou, 2005). L'index CR_{ci} est équivalent à celui d'un poids post-sevrage calculé à l'âge-type de 450 jours (15 mois). Enfin, un indice synthétique (IMOCR_{ci}) combinant les index élémentaires CR_{ci}, EFA_{ci}, DM_{ci} et DSci est calculé en fonction des objectifs de sélection propres à chaque race. Cet index de synthèse permet d'établir un classement des futurs reproducteurs destinés à assurer le renouvellement en base de sélection. Par ailleurs, un index de synthèse spécifique « Aptitudes Bouchères » (IABV_{ci}) est calculé à partir des index CR_{ci}, EFA_{ci} et DM_{ci} pour classer les taureaux pour une production d'animaux de boucherie.

Les stations de CI sont les seuls outils qui permettent d'évaluer l'efficacité alimentaire dans les schémas de sélection allaitants. Cependant, l'étude réalisée (Annexe XI) pour estimer les paramètres génétiques des performances contrôlées en CI a révélé une nécessaire évolution du prédicteur de cette efficacité alimentaire. L'efficacité alimentaire est appréciée par la consommation alimentaire résiduelle (RFI¹) qui se calcule comme la différence entre consommation individuelle réelle et besoins alimentaires théoriques, prédits selon le poids et le GMQ de l'animal. L'utilisation de la RFI est un critère particulièrement pertinent pour apprécier l'efficacité alimentaire parce que cette variable doit être par construction indépendante du poids et des performances de croissance des animaux. Elle permet alors de comparer entre eux des animaux présentant des performances différentes de croissance.

¹ Residual Feed Intake

Pour chaque mâle contrôlé en CI, les besoins alimentaires théoriques sont calculés selon la formule de Geay et Micol (1988) : $0,0502*PM^{0,75} + 0,15*PM^{0,4}*GMQ^{1,4}$, où PM est le poids moyen de l'animal sur la période considérée. Cette équation a été établie à partir d'une population de référence de 500 mâles de races Charolaise, Limousine et croisés Charolais x Salers dont les consommations alimentaires ont été contrôlées dans des essais expérimentaux dans les années 1970 (Jarrige, 1978). Une autre solution pour calculer les besoins alimentaires théoriques des mâles évalués en CI a été proposée par Arthur et al. (2001). Il s'agit d'établir l'équation de prédiction des besoins directement à partir de la population de mâles évalués en CI par une régression multiple de la consommation alimentaire observée sur le poids métabolique ($PM^{0,75}$) et le GMQ de l'ensemble des animaux contrôlés. Si la population de référence et la population des animaux contrôlés en CI ont des caractéristiques biologiques proches et donc en moyenne des besoins alimentaires équivalents, les deux méthodes de calcul de la RFI doivent aboutir à des résultats similaires. En ce qui concerne les mâles Blonds d'Aquitaine et Limousins évalués en CI, la corrélation phénotypique entre les deux mesures n'est que de 0,35. En outre, les corrélations phénotypiques entre P450 et RFI calculée selon l'équation de Geay et Micol (1988) sont très élevées : 0,70 et 0,79 respectivement en races Limousine et Blonde d'Aquitaine. Ainsi, il apparaît que l'évaluation génétique actuelle réalisée sur cette RFI théorique n'est pas pertinente pour évaluer l'efficacité alimentaire des mâles évalués en CI puisque que la variable utilisée n'est pas phénotypiquement indépendante du poids des animaux. Une révision du protocole d'évaluation est donc souhaitable pour sélectionner de façon plus adéquate les mâles en CI sur l'efficacité alimentaire, le progrès génétique réalisé actuellement sur une RFI calculée par régression des consommations alimentaires observées en station étant très faible dans les deux races (cf. Annexe XI).

2.1.2. STATIONS DE CONTROLE SUR DESCENDANCE

Une série de testage des AB sur descendance est constituée d'au moins 10 taureaux mis à l'épreuve simultanément. En pratique, 8 à 10 mâles Blonds d'Aquitaine et 10 à 12 mâles Limousins sont choisis dans les stations de CI. Ces séries peuvent être complétées par un ou deux candidats provenant des stations d'évaluation (SE) des mâles *a priori* destinés à la monte naturelle. La mise à l'épreuve sur descendance des taureaux intervient après examen de leur fonction sexuelle, de leurs aptitudes fonctionnelles et de l'aptitude à la naissance de leurs veaux. Afin de connecter génétiquement les séries entre elles et de pouvoir comparer les index des taureaux qui les composent, trois taureaux dits « témoins » subissent le protocole de testage conjointement aux

taureaux de chaque série. Ce lot de taureaux est défini par race et doit être mis en place dans chaque nouvelle série. Les échantillons de descendants sont procréés par accouplements randomisés des candidats avec des femelles d'élevages acceptant de réaliser des inséminations de testage. Ces élevages ne sont pas nécessairement adhérents au contrôle de performances. Bien qu'en constante augmentation, la proportion de taurillons de testage nés dans des troupeaux de la base de sélection est encore faible dans les deux races étudiées. Ainsi, en 2008, 39% et 55% des taurillons contrôlés dans le cadre du testage AB étaient issus d'élevages de la base de sélection respectivement en race Blonde d'Aquitaine et Limousine.

Les poids et conditions de naissance des veaux de testage sont enregistrés. Les veaux mâles sont achetés aux alentours de six à sept mois puis envoyés en station de contrôle sur descendance. Pour atteindre une précision suffisante des index, un minimum de 20 taurillons par taureau doit être contrôlé, l'objectif étant d'en contrôler 25. A leur arrivée en station, les taurillons sont répartis en lots constitués d'au moins 20 taurillons contemporains dont la différence d'âge est inférieure à un mois. A l'issue d'une période d'adaptation d'un mois débute la phase de contrôle des performances. Pendant cette phase, les taurillons sont soumis à une conduite et un régime alimentaire identiques à ceux rencontrés dans des ateliers d'engraissement commerciaux (Pabiou, 2005). Les performances contrôlées sont la vitesse de croissance avec une pesée toutes les quatre semaines et la morphologie post-sevrage avant abattage. Après abattage, le poids, la conformation et l'adiposité de la carcasse des taurillons sont enregistrés et le rendement à l'abattage est calculé. Pour homogénéiser les conditions d'abattage, tous les taurillons d'une série sont abattus dans le même abattoir et leurs carcasses sont classifiées par le même opérateur.

A la fin du contrôle, une évaluation génétique est réalisée en modèle père à partir des données recueillies en station. Trois index élémentaires sont produits sur les caractères mesurés en vif : le poids à âge-type (CRjbs), le développement musculaire (DMjbs) et le développement squelettique (DSjbs). Neuf index élémentaires sont calculés sur des caractères de carcasse : le rendement à l'abattage (RDTjbs), l'état d'engraissement (GRASjbs), la conformation de la carcasse (CONFjbs), de l'arrière (CACjbs), de l'épaule (CECjbs), du dessus (CDCjbs) et la compacité de la cuisse (CCUjbs) et de la carcasse (CCAjbs). A l'issue du testage sur descendance, les taureaux d'IA sont choisis sur l'index IABjbs qui combine les index élémentaires CRjbs, CONFjbs, RDTjbs et en plus GRASjbs pour la race Limousine. Un autre index de synthèse est calculé pour apprécier les Aptitudes Bouchères sur les taurillons avant abattage (IABVjbs). Il inclut les index élémentaires CRjbs et DMjbs selon des pondérations différentes entre races.

2.2. DESCRIPTION DES DONNEES

Les données analysées proviennent de la base de données nationale utilisée pour réaliser les évaluations génétiques en ferme, en stations de CI et de CD du programme de sélection AB des taureaux d'IA en races Blonde d'Aquitaine et Limousine. Depuis 1981, 1 182 mâles Blonds d'Aquitaine et 1 179 mâles Limousins ont été contrôlés en station de CI. Parmi ces reproducteurs, 215 taureaux Blonds d'Aquitaine et 272 taureaux Limousins ont été testés sur descendance.

Avant 1988, le taux de mâles contrôlés en CI ayant une performance de croissance et de morphologie au sevrage était faible (25%) en race Blonde d'Aquitaine et plus élevé (65%) en race Limousine. En effet, avant cette date, l'adhésion des élevages au contrôle de performances VA4 n'était pas obligatoire pour inscrire des animaux au Herd-book. En 1988, environ 55% et 80% des mâles contrôlés en station de CI avaient une performance au sevrage enregistrée, respectivement en races Blonde d'Aquitaine et Limousine. Ce pourcentage n'a cessé d'augmenter dans les deux races jusqu'à nos jours. Toutefois, en 2007, le taux de mâles contrôlés en CI ayant un P210 est toujours plus faible en race Blonde d'Aquitaine (75%) qu'en race Limousine (85%). En effet, dans cette race, la commercialisation de veaux à un âge relativement précoce implique la réalisation plus fréquente de pesées autour de 3 - 4 mois. Ces poids, alors ajustés à 120 jours, n'ont pas été pris en compte pour cette étude.

Les performances de croissance et de morphologie des mâles mesurées en stations de CI ont été enregistrées de façon quasi-exhaustive depuis 1980 en race Blonde d'Aquitaine et depuis 1982 en race Limousine. En race Blonde d'Aquitaine, la station de CI accueille également les mâles destinés au schéma « Veaux de Boucherie » (VB) depuis 1991. Une dizaine de mâles par campagne était recrutée pour ce schéma au début des années 1990 ; ce nombre a été réduit à deux ou trois depuis la fin des années 1990.

Dans les stations de CD, tous les taureaux Limousins nés depuis 1982 ont été testés sur descendance en race pure selon un même protocole et toutes les performances de croissance et de morphologie de leurs taurillons ont été enregistrées. En revanche, les aptitudes à l'engraissement des taureaux Blonds d'Aquitaine nés entre 1986 et 1991 ont été testées sur une production de jeunes bovins croisés nés de vaches de races laitières. Les données de croissance et de morphologie de ces

taurillons n'ont donc pas été enregistrées dans la base de données servant à l'évaluation en race pure.

2.3. VARIABLES ANALYSEES

Pour cette étude, seuls la croissance, le développement musculaire et le développement squelettique ont été analysés parce que ces trois aptitudes sont le socle commun des mesures et sélections réalisées à la fois au sevrage en ferme et vers 15-16 mois en stations de CI et de CD. Les variables, effectifs, moyennes et écarts-types des deux caractères étudiés dans ces deux populations sont présentés dans le tableau 4.1.

Tableau 4. 1. Statistiques descriptives des performances de croissance et de morphologie dans les élevages approvisionnant les stations de CI et de CD pour les races Blonde d'Aquitaine et Limousine

Variable	Unité	Race							
		Blonde d'Aquitaine				Limousine			
		Effectifs	Age standard	Moyenne	Ecart-type	Effectifs	Age standard	Moyenne	Ecart-type
DM7	points	97 139		63,0	9,8	252 175		62,6	8,6
DS7	points	97 139		64,4	8,0	252 175		61,7	7,8
P210	kg	86 511	210j	286,5	44,6	265 525	210j	281,6	35,2
DM15	points	671		63,7	9,4	705		62,5	8,9
DS15	points	671		64,2	8,7	705		62,3	9,0
P450	kg	679	450j	668,1	53,3	708	450j	613,4	35,6
DMcd	points	3 755		36,7	5,5	5 263		37,1	6,3
DScd	points	3 755		34,2	5,2	5 263		35,2	6,3
PATcd	kg	3 755	450j	641,5	59,1	5 263	480j	625,5	54,6

Pour la croissance, les performances analysées concernent le poids au sevrage mesuré en ferme et ajusté à 210 jours (P210), le poids à âge type ajusté à 450 jours (P450) des taureaux évalués en station de CI et le poids vif des taurillons à l'âge type (PATcd) de 450 jours en race Blonde d'Aquitaine et 480 jours en race Limousine.

Dans les évaluations génétiques officielles, le poids à âge-type des taurillons engraisés en station de CD est standardisé intra-série selon l'âge moyen d'abattage de la série. En effet, en station de CD, l'âge moyen d'abattage des taurillons peut fluctuer fortement d'une année sur l'autre. Dans notre étude, pour faciliter la comparaison des PATcd entre séries, ceux-ci ont été ajustés à un

âge constant pour toutes les séries correspondant à l'âge moyen d'abattage de l'ensemble des séries : 450 et 480 jours respectivement pour les races Blonde d'Aquitaine et Limousine.

Les notes globales de morphologie sont le DM et le DS mesurés au sevrage (DM7 et DS7), en station de CI (DM15 et DS15) et en station de CD (DMcd et DScd). Les combinaisons des divers postes de pointages pour le calcul des notes globales au sevrage, en station de CI et de CD sont différentes. Elles varient également entre races en stations de CI. Le détail de ces notes est reporté en annexe XII. Ainsi, les notes de morphologie données au sevrage et en station de CI sont exprimées sur une échelle de 100 points et celles mesurées en station de CD sur une échelle de 60 points.

2.4. MODELES D'EVALUATION GENETIQUE COMPARES

Différents modèles d'évaluation génétique en station de CI et de CD ont été comparés sur les trois groupes de caractères homologues étudiés : la croissance, le DM et le DS. Ces modèles prennent en compte tous les effets fixes définis dans les modèles actuels d'évaluation génétique en ferme, en stations de CI et de CD et les effets aléatoires des valeurs génétiques additives des animaux pour chacun des caractères mesurés en ferme ou en station. Un effet aléatoire d'environnement permanent de la mère est également considéré pour les caractères mesurés au sevrage. Les valeurs génétiques des animaux sont distribuées selon une loi normale centrée de variance égale à $A\sigma_g^2$, où A est la matrice de parenté entre animaux et σ_g^2 est la variance génétique additive. Dans chaque modèle analysé, la matrice de parenté A a été construite en remontant trois générations de pedigree, c'est-à-dire jusqu'aux grands-parents, de chaque individu contrôlé.

2.4.1. MODELES D'EVALUATION GENETIQUE EN STATION DE CI.

Pour simplifier l'écriture des modèles dans la suite du paragraphe, les composantes matricielles liées aux performances contrôlées respectivement au sevrage et en CI sont suffixées par « sev » et « ci ». Quatre modèles d'évaluation génétique des mâles en CI ont été comparés.

1. **Un modèle unicaractère simple** qui prend en compte toutes les performances des mâles évalués en station de CI.

Ce modèle animal, noté UniCI, s'écrit sous forme matricielle :

$$\mathbf{Y}_{ci} = \mathbf{X}_{ci}\mathbf{b}_{ci} + \mathbf{Z}_{ci}\mathbf{a}_{ci} + \mathbf{e}_{ci} \quad (4.1)$$

où \mathbf{Y}_{ci} est le vecteur des performances en CI, \mathbf{X}_{ci} et \mathbf{Z}_{ci} les matrices d'incidence, \mathbf{b}_{ci} , \mathbf{a}_{ci} et \mathbf{e}_{ci} les vecteurs des effets fixes, des valeurs génétiques et des résiduelles. Le modèle UniCI comporte un effet génétique additif aléatoire et un seul effet fixe. Cet effet fixe correspond au groupe de contemporains (GCci).

2. **La méthode actuelle d'évaluation génétique** qui associe les valeurs génétiques prédites par le modèle UniCI (I_{UniCI}) à celles de l'évaluation en ferme du caractère correspondant au sevrage (I_{sev}) pour former un index combiné station (I_{actuel}).

La combinaison de ces deux index s'appuie sur la théorie des indices de sélection qui permet de prendre partiellement en compte dans l'index station l'effet de la sélection à l'entrée en CI (Fouilloux, 2004). Les index calculés selon le modèle d'évaluation génétique actuel seront dénommés I_{actuel} . Ils sont obtenus par la formule :

$$I_{actuel} = b_{sev}I_{sev} + b_{UniCI}I_{UniCI}$$

où b_{sev} et b_{UniCI} sont les coefficients de pondération des deux index élémentaires. Ces pondérations se calculent selon les formules :

$$b_{sev} = \frac{r_g(1 - CD_{UniCI})}{(1 - CD_{sev}CD_{UniCI}r_g^2)} \quad \text{et} \quad b_{UniCI} = \frac{r_g(1 - CD_{sev})}{\alpha(1 - CD_{sev}CD_{UniCI}r_g^2)},$$

où r_g est la corrélation génétique entre les caractères mesurés au sevrage et en CI, CD_{sev} et CD_{UniCI} sont les coefficients de détermination des index unicaractères au sevrage et en CI et α est le rapport entre les écarts-types génétiques du caractère au sevrage et du caractère en CI (Fouilloux, 2004).

Puisque les index IBOVAL des taureaux en contrôle individuel ne sont pas toujours disponibles au moment de l'évaluation CI, la méthode actuelle d'évaluation génétique combine l'index I_{UniCI} à l'index IBOVAL sur ascendance. Les index IBOVAL sur ascendance des caractères au sevrage sont calculés comme la moyenne des index IBOVAL des deux parents.

Dans le cadre de cette étude, le modèle d'analyse des données pour décrire les performances au sevrage est décrit dans le chapitre 3 de la thèse et s'écrit sous forme matricielle :

$$\mathbf{Y}_{sev} = \mathbf{X}_{sev}\mathbf{b}_{sev} + \mathbf{Z}_{sev}\mathbf{a}_{sev} + \mathbf{W}_{sev}\mathbf{p}_{sev} + \mathbf{e}_{sev} \quad (4.2)$$

où \mathbf{Y}_{sev} est le vecteur des performances au sevrage, \mathbf{X}_{sev} , \mathbf{Z}_{sev} et \mathbf{W}_{sev} les matrices d'incidence, \mathbf{b}_{sev} , \mathbf{a}_{sev} , \mathbf{p}_{sev} et \mathbf{e}_{sev} les vecteurs des effets fixes, des valeurs génétiques additives, des effets d'environnement permanent et des résiduelles.

Afin réduire les temps de calcul et contrairement au modèle d'indexation IBOVAL officiel, le modèle d'analyse du P210 ne prend pas en compte explicitement les effets génétiques maternels.

En effet, ces effets génétiques maternels ne sont que faiblement corrélés ($<|0,3|$) aux effets génétiques directs des caractères de croissance post-sevrage (Crews et al., 2004 ; Roughsedge et al., 2005). Un test du rapport de vraisemblance nous a permis de vérifier sur les échantillons utilisés pour l'estimation des composantes de la variance que l'omission de l'effet génétique maternel du P210 ne changeait pas significativement la vraisemblance du modèle. Les effets génétiques maternels sont alors intégrés dans l'effet d'environnement permanent de la mère.

3. **Un modèle bicaractère exhaustif** qui prend en compte toute l'information enregistrée en ferme et en station de CI. Ce modèle bicaractère est, théoriquement, celui qui permet de corriger au mieux tous les biais générés par la sélection réalisée à l'entrée en CI. Les index issus de ce modèle bicaractère, appelé BiEX, seront notés I_{BiEX} . En conservant les mêmes notations matricielles que précédemment, ce modèle s'écrit :

$$\begin{bmatrix} Y_{\text{sev}} \\ Y_{\text{ci}} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_{\text{sev}} & 0 \\ 0 & X_{\text{ci}} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_{\text{sev}} \\ b_{\text{ci}} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_{\text{sev}} & 0 \\ 0 & Z_{\text{ci}} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_{\text{sev}} \\ a_{\text{ci}} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_{\text{sev}} & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} p_{\text{sev}} \\ 0 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_{\text{sev}} \\ e_{\text{ci}} \end{bmatrix} \quad (4.3)$$

Les effets fixes et aléatoires pour analyser les performances au sevrage et en CI correspondent à ceux présentés précédemment. Y_{sev} et Y_{ci} sont les vecteurs de performances. X_{sev} et X_{ci} sont les matrices d'incidence qui relient les performances aux effets fixes du modèle. b_{sev} et b_{ci} sont les vecteurs des effets fixes. Z_{sev} et Z_{ci} sont les matrices d'incidence qui relient les performances aux effets génétiques. a_{sev} et a_{ci} sont les vecteurs d'effets génétiques. p_{sev} est l'effet d'environnement permanent de la mère et W_{sev} est la matrice d'incidence qui relie les performances aux effets permanents maternels. Enfin, e_{sev} et e_{ci} sont les vecteurs des effets résiduels.

Ce modèle permet de prendre en compte partiellement les différences de performances en entrée de CI via l'effet groupe de contemporains du modèle d'analyse de la performance au sevrage. En effet, si la période d'adaptation permet de corriger les différences de performances de DM observées en entrée de CI, cette période ne semble pas être suffisante pour gommer les effets de l'élevage naisseur sur le DS et le poids des mâles en fin de contrôle (cf. Annexe XIII).

4. **Un modèle bicaractère partiel** dont le modèle est identique au modèle (4.3) mais qui associe à l'information mesurée en CI les seules informations au sevrage des élevages alimentant le CI. En effet, il est possible que les informations enregistrées dans ces élevages soient suffisantes pour corriger les biais de la sélection effectuée à l'entrée en CI. Si tel est le cas, cela faciliterait la mise en œuvre opérationnelle d'une évaluation génétique multicaractère en diminuant

les besoins en mémoire informatique et en temps de calculs. Les index issus de ce modèle bicaractère, appelé BiCI, seront notés I_{BiCI} .

2.4.2. *MODELES D'ÉVALUATION GENETIQUE DES STATIONS DE CD*

Dans ce paragraphe, nous garderons les mêmes suffixes que précédemment pour désigner les performances au sevrage et en CI, le suffixe « cd » désignant les performances mesurées en station de CD. Deux modèles ont été comparés pour les évaluations génétiques en station de CD.

1. Un modèle unicaractère simple (UniCD) proche du modèle actuel d'évaluation en station de CD qui prend en compte les performances mesurées sur les taurillons engraisés en station de contrôle sur descendance et leurs généalogies.

$$\mathbf{Y}_{cd} = \mathbf{X}_{cd}\mathbf{b}_{cd} + \mathbf{Z}_{cd}\mathbf{a}_{cd} + \mathbf{e}_{cd} \quad (4.4)$$

où \mathbf{Y}_{cd} est le vecteur des performances en CD, \mathbf{X}_{cd} et \mathbf{Z}_{cd} les matrices d'incidence, \mathbf{b}_{cd} , \mathbf{a}_{cd} et \mathbf{e}_{cd} les vecteurs des effets fixes, des valeurs génétiques et des résiduelles. Les index obtenus avec ce modèle sont notés I_{UniCD} .

Actuellement, les évaluations génétiques des taureaux testés en stations de CD sont réalisées à l'aide d'un modèle père en utilisant les seules performances des taurillons. Dans le cadre de cette étude, afin de faciliter les comparaisons avec le modèle multicaractère décrit ci-après, les index ont été calculés en modèle animal. Toutefois, les mères des taurillons ne sont connues que pour une partie des taurillons nés après 1998 et dans les élevages en contrôle de performances.

Le vecteur \mathbf{b}_{cd} contient les effets fixes correspondant au groupe de contemporains du taurillon, au rang de vêlage de sa mère, à la région et au système de production de son élevage d'origine. L'effet rang de vêlage de la mère compte quatre niveaux : 2^{ème} veau, 3^{ème} veau, 4^{ème} veau et 5^{ème} veau ou plus ; l'effet région compte quatre niveaux correspondant à quatre zones géographiques de naissance du veau et l'effet système de production comporte deux niveaux correspondant aux systèmes de veau sous la mère ou autre.

2. Un modèle d'évaluation tricaractère (TriCD) qui analyse simultanément les performances enregistrées en station des taurillons issus des taureaux testés en CD mais aussi les performances individuelles des taureaux et de leurs contemporains contrôlés en ferme et en CI. Les index prédits avec ce modèle sont notés I_{TriCD} . Les modèles d'analyse des performances au sevrage, en CI et en CD correspondent aux modèles précédemment décrits.

Les séries de mâles testés sur descendance sont constituées d'une majorité de mâles provenant du CI et de quelques mâles issus des stations de contrôle individuel des taureaux de monte naturelle (SE). Si les performances enregistrées au sevrage dans les élevages approvisionnant le SE ont été prises en compte dans cette analyse, les données enregistrées en SE n'ont pas été considérées pour l'heure.

2.5. ESTIMATION DES COMPOSANTES DE LA VARIANCE

L'estimation des composantes de la variance des performances enregistrées aux différentes étapes du programme de sélection de taureaux d'IA a exigé un échantillonnage des données. Cet échantillonnage a notamment été nécessaire en raison de la trop grande quantité de données disponibles au sevrage. Il a, par ailleurs, permis de maximiser la quantité d'information prise dans chaque étape de sélection et d'homogénéiser le protocole d'étude entre les deux races. Dans les deux races, tous les taurillons nés des taureaux témoins ont été conservés afin de préserver une connexion maximale entre les différentes séries de taureaux évalués en CD.

En race Blonde d'Aquitaine, aucune performance n'a été enregistrée sur les taurillons des stations de CD des séries de taureaux nés entre 1986 et 1991. Par ailleurs, peu de taureaux nés avant 1988 ont une performance au sevrage. Ainsi, dans cette race, seules les performances au sevrage et des taureaux nés depuis 1991 et contrôlés en CI et en CD ont été conservées ainsi que les performances au sevrage de leurs contemporains nés dans les élevages alimentant le CI.

En outre, la station de CI accueille les quelques mâles destinés au schéma VB. Ces mâles présentent un morphotype particulier, avec un DM supérieur et un DS inférieur à la moyenne des mâles destinés au schéma AB. Environ 50% des mâles qui ont intégré le schéma VB proviennent d'un noyau d'élevages spécialisés dans la production d'animaux très conformés. Les 50% autres mâles du schéma VB proviennent d'élevages ayant déjà approvisionné le schéma AB. Dans ces derniers élevages, nous avons montré à l'aide d'une analyse de pedigree réalisée avec le logiciel Pedig (Boichard, 2002) que 90% des 150 ancêtres les plus importants étaient communs aux populations de mâles destinés aux schémas AB et VB. Parce que les populations de mâles des schémas AB et VB ne sont pas distinctes, les mâles Blonds d'Aquitaine destinés au schéma VB mais issus d'élevages ayant déjà approvisionné le schéma AB ont été conservés pour l'estimation des composantes de la variance. En revanche, les élevages spécialisés ont été écartés de l'étude parce que leurs animaux et pratiques d'élevages ne sont pas représentatifs du reste des élevages fournissant le schéma AB.

Au final, l'échantillon de données pour l'estimation des composantes de la variance en race Blonde d'Aquitaine inclut 97 139 veaux nés entre 1991 et 2007 dans les 277 troupeaux ayant fourni au moins un taureau à la station de CI sur cette même période. Les taureaux contrôlés en CI et issus de ces élevages sont au nombre de 680 parmi lesquels 145 ont été testés sur descendance sur une production de taurillons en station. L'ensemble des performances enregistrées après sevrage sur ces taureaux en station de CI et sur leurs taurillons de testage en station de CD ont également été conservées.

En race Limousine, ont été conservées les performances au sevrage des 91 730 veaux nés entre 1991 et 2007 dans les 88 troupeaux ayant fourni à la station de CI au moins 3 taureaux nés sur la même période. Ces taureaux sont au nombre de 440 parmi lesquels 88 ont été testés sur descendance sur une production de taurillons en station. L'ensemble des performances enregistrées après sevrage sur ces taureaux en station de CI et sur leurs taurillons de testage en station de CD ont également été conservées.

La corrélation résiduelle n'a pu être estimée entre les performances mesurées en ferme et en station de CD car peu de taurillons de testage sont nés dans les élevages alimentant le CI. En effet, seuls 3% et 5% des taurillons respectivement Blonds d'Aquitaine et Limousins disposaient d'une performance au sevrage dans les élevages échantillonnés pour l'estimation des composantes de la variance. De même, la corrélation environnementale entre les caractères mesurés en stations de CI et de CD n'a pu être estimée. En effet, aucun animal ne dispose à la fois de performances individuelles mesurées en stations de CI et de CD. Par conséquent, pour réaliser l'estimation des composantes de la variance, les deux corrélations environnementales entre les caractères mesurés en ferme et en station de CI ou en station de CD ont été fixées à zéro.

Les composantes présentées dans ce chapitre ont été obtenues à partir du modèle tricaractère précédemment décrit. Elles ont été estimées à l'aide de la méthode du Maximum de Vraisemblance Restreint (ReML) avec le logiciel ASReML (Gilmour, 2002).

Une estimation plus complète des composantes de la variance a ensuite été réalisée en considérant d'autres caractères également mesurés dans les stations de CI et de CD. Les caractères mesurés en stations de CI qui ont été considérés dans cette nouvelle estimation des composantes de la variance concernent la croissance (P450), le développement musculaire (DM15), la

consommation et la transformation des aliments : la consommation alimentaire (FI²), la consommation alimentaire résiduelle (RFI³), l'indice de transformation alimentaire (FCR⁴). Les caractères considérés en station de CD sont le poids de carcasse et trois caractères de composition des carcasses : le rendement, la conformation et le gras de couverture. Les résultats de cette étude ont permis d'estimer les relations génétiques qui existent entre les caractères de croissance et de développement musculaire au sevrage et les caractères homologues post-sevrage, l'efficacité alimentaire en régime d'engraissement et la composition des carcasses.

2.6. PREDICTION DES INDEX DE VALEUR GENETIQUE

Les évaluations génétiques ont été réalisées en appliquant un BLUP aux données récoltées aux différentes étapes de sélection selon les modèles précédemment décrits. Les variances génétiques, résiduelles et d'environnement permanent de la mère sont celles estimées à l'aide du modèle tricaractère correspondant à chacun des trois groupes de caractères homologues étudiés (croissance, DM et DS). La comparaison des différents modèles a donc été effectuée à paramètres génétiques constants.

Afin de rester comparable aux évaluations génétiques réalisées actuellement, toutes les données enregistrées en ferme et en station depuis 1980 en race Blonde d'Aquitaine et depuis 1981 en race Limousine ont été considérées pour comparer les modèles d'évaluation. En race Blonde d'Aquitaine, 512 361 et 135 386 performances au sevrage ont été enregistrées depuis 1980 respectivement dans l'ensemble des élevages de la base de sélection et dans les élevages alimentant le CI. En race Limousine, 1 642 228 et 415 321 performances au sevrage ont été enregistrées depuis 1982 respectivement dans l'ensemble des élevages de la base de sélection et dans les élevages alimentant le CI.

Les évaluations génétiques unicaractères sur données au sevrage ont été réalisées avec le logiciel GENEKIT (V. Ducrocq, communication personnelle). Les évaluations génétiques unicaractères sur données en station de CI ou de CD ont été réalisées avec le logiciel ASREML (Gilmour, 2002). Les évaluations génétiques multicaractères sur l'ensemble de la population

² Feed Intake

³ Residual Feed Intake

⁴ Feed Conversion Ratio

IBOVAL ont été réalisées à l'aide du logiciel GENIAL développé par M.-N. Fouilloux (communication personnelle).

En station de CI, l'index synthétique IMOCRci a été calculé pour chacune des modélisations à partir des index élémentaires (DMci, CRci, DSci). Cet index est proche mais différent de l'IMOCRci publié actuellement qui intègre l'index Efficacité Alimentaire. Pour la race Blonde d'Aquitaine, l'index IMOCRci a été calculé selon la formule : $0,63*DMci + 0,36*CRci + 0,22*DSci$. Pour la race Limousine, il a été calculé selon la formule : $0,31*DMci + 0,33*CRci + 0,18*DSci$.

De même, en station de CD, l'index synthétique Aptitudes Bouchères en vif (IABVjbs) a été calculé pour chaque modélisation. Conformément au mode de construction officiel de cet index, IABVjbs combine deux index élémentaires : DMjbs et CRjbs selon les pondérations suivantes : $IABVjbs = 0,750*CRjbs + 0,274*DMjbs$ en race Blonde d'Aquitaine et $IABVjbs = 0,50*CRjbs + 0,50*DMjbs$ en race Limousine.

2.7. CRITERES DE COMPARAISON DES MODELES

Pour chaque évaluation, le modèle multicaractère comportant toutes les données enregistrées aux étapes précédentes de sélection a été considéré comme le modèle de référence parce qu'il comporte la totalité des informations qui ont servi à la sélection depuis le sevrage. Les index calculés avec ce modèle ont été comparés à ceux obtenus avec la procédure actuelle d'évaluation génétique et les autres modèles proposés.

2.7.1. ETUDE DES VARIATIONS D'INDEX

Les variations d'index observées entre deux modèles ont été appréciées en termes de corrélation de Pearson et de rang. Les variations de classement des mâles entre les modèles ont été étudiées plus précisément pour les deux dernières séries de taureaux évalués en CI (nés sur les campagnes 2006 et 2007) et en CD (nés sur les campagnes 2003 et 2004 et évalués en 2007 et 2008). En effet, seuls ces jeunes taureaux sont en situation réelle de candidats à la sélection : la prédiction de leur valeur génétique ne repose que sur leurs performances individuelles et celles de leurs apparentés connues en ferme et en station de CI (et de CD pour les taureaux testés sur descendance) au moment de leur première évaluation en station. A ce stade, ces taureaux n'ont pas encore été agréés et donc diffusés comme reproducteurs dans la population évaluée IBOVAL.

Les corrélations entre index ont été calculées en distinguant les mâles issus des taureaux de MN, autorisés et agréés à l'IA puis en ne considérant que les 25% et 50% meilleurs mâles triés sur index IMOCRCi (TOP25%, TOP50%) et les 50% meilleurs mâles triés sur index IABVjbs. En CI, le TOP50% correspond à la liste des mâles qui devraient théoriquement être retenus pour la phase de testage sur descendance et le TOP25% correspond au nombre de mâles qui devraient théoriquement être testés sur descendance si seuls les index intervenaient comme critères de choix des taureaux.

2.7.2. PRECISION DES INDEX

La précision des index a été évaluée à l'aide du coefficient de détermination (CD) (cf. §3.4.6, chapitre 3). La précision des index actuels qui combinent index au sevrage sur ascendance et

index CI a été estimée selon la formule : $CD_{actuel} = \frac{CD_{sev} + h^2_{CI} - 2h^2_{CI} CD_{sev}}{1 - h^2_{CI} CD_{sev}}$,

où CD_{sev} est le coefficients de détermination des index IBOVAL sur ascendance et h^2_{CI} est l'héritabilité des caractères mesurés en CI (Fouilloux, 2004).

Les variances d'erreur de prédiction (PEV) utilisées pour le calcul du CD ont été estimées à l'aide du logiciel ASReML (Gilmour, 2002). Ces PEV n'ont donc été estimées que sur une population de taille limitée, à savoir la population Blonde d'Aquitaine pour le modèle BiCI qui ne comporte que les performances au sevrage des élevages ayant alimenté les stations de CI. L'estimation des précisions des index sur cette population donnera néanmoins une idée du gain de précision attendu sur les index des taureaux en utilisant un modèle multicaractère plutôt qu'un modèle unicaractère.

2.7.3. AUTRES CRITERES

Le niveau génétique moyen des séries a été calculé pour évaluer le gain d'un modèle multicaractère par rapport au modèle d'évaluation génétique actuel en termes de connexion entre les différentes séries et d'estimation du progrès génétique réalisé. En station de CI, les progrès génétiques ont été estimés par régression des niveaux génétiques moyens pour les mâles Blonds d'Aquitaine nés entre 1980 et 2007 et pour les mâles Limousins nés entre 1981 et 2007. En station de CD, les progrès génétiques ont été estimés par régression des niveaux génétiques moyens pour

les taureaux Blonds d'Aquitaine nés entre 1991 et 2004 et pour les taureaux Limousins nés entre 1982 et 2004.

Pour apprécier l'impact des divers modèles sur les origines génétiques des reproducteurs sélectionnés à l'issue du CI et du CD, le taux de mâles issus de lignées paternelles de MN, agréées à l'IA et autorisées à l'IA dans les TOP 50% a également été considéré. Ce critère est un indicateur du maintien de la variabilité génétique dans la population.

Enfin, le temps CPU nécessaire pour la réalisation des calculs est également un critère de décision pour le choix du modèle. En effet, les évaluations en stations doivent être réalisées par une seule personne dans un laps de temps relativement court. Le modèle adopté ne doit donc pas demander des temps de préparation des données et de calcul trop longs pour apporter la flexibilité de travail nécessaire à l'évaluateur.

Tableau 4. 2. Héritabilités (sur la diagonale), corrélations génétiques (au dessus de la diagonale) et corrélations résiduelles (au dessous de la diagonale) estimées pour les développements musculaires mesurés au sevrage (DM7), en station de CI (DM15) et de CD (DMcd) en races Blonde d'Aquitaine et Limousine (écart-type d'erreur entre parenthèses)

Race	Blonde d'Aquitaine			Limousine		
	Caractère	DM7	DM15	DMcd	DM7	DM15
DM7	0,30 (0,01)	0,69 (0,10)	0,70 (0,08)	0,35 (0,01)	0,74 (0,12)	0,65 (0,09)
DM15	0,15	0,57 (0,10)	0,97 (0,08)	0,26	0,51 (0,14)	0,79 (0,14)
DMcd	NE	NE	0,60 (0,08)	NE	NE	0,42 (0,08)
Variance						
Phénotypique	78,6 [0,03] ¹	51,7	30,1	68,2 [0,05] ¹	75,6	39,7

¹ [] Ratio de la variance d'environnement permanent sur la variance phénotypique du DM7

NE : Non estimé.

Tableau 4. 3. Héritabilités (sur la diagonale), corrélations génétiques (au dessus de la diagonale) et corrélations résiduelles (au dessous de la diagonale) estimées pour les développements squelettiques mesurés au sevrage (DS7), en station de CI (DS15) et de CD (DScd) en races Blonde d'Aquitaine et Limousine (écart-type d'erreur entre parenthèses)

Race	Blonde d'Aquitaine			Limousine		
	Caractère	DS7	DS15	DScd	DS7	DS15
DS7	0,24 (0,01)	0,85 (0,10)	0,86 (0,06)	0,37 (0,01)	0,89 (0,09)	0,86 (0,05)
DS15	0,18	0,73 (0,10)	0,87 (0,06)	0,31	0,46 (0,10)	0,86 (0,11)
DScd	NE	NE	0,77 (0,08)	NE	NE	0,48 (0,06)
Variance						
Phénotypique	48,5 [0,07] ¹	64,8	27,9	55,8 [0,06] ¹	90,0	38,1

¹ [] Ratio de la variance d'environnement permanent sur la variance phénotypique du DS7

NE : Non estimé.

Tableau 4. 4. Héritabilités (sur la diagonale), corrélations génétiques (au dessus de la diagonale) et corrélations résiduelles (au dessous de la diagonale) estimées pour les poids mesurés au sevrage (P210), en station de CI (P450) et de CD (PATcd) en races Blonde d'Aquitaine et Limousine (écart-type d'erreur entre parenthèses)

Race	Blonde d'Aquitaine			Limousine		
	Caractère	P210	P450	PATcd	P210	P450
P210	0,27 (0,01)	0,73 (0,10)	0,86 (0,06)	0,35 (0,01)	0,72(0,09)	0,76 (0,09)
P450	0,06	0,53 (0,10)	0,87 (0,10)	0,42	0,62 (0,10)	0,96 (0,11)
PATcd	NE	NE	0,60 (0,08)	NE	NE	0,59 (0,05)
Variance						
Phénotypique	1158 [0,12] ¹	1853	2661	704 [0,12] ¹	1292	2876

¹ [0,12] Ratio de la variance d'environnement permanent sur la variance phénotypique du P210

NE : Non estimé.

3. RESULTATS

3.1. COMPOSANTES DE LA VARIANCE

Les paramètres génétiques estimés avec les modèles tricaractères pour les DM, les DS et les poids mesurés aux trois étapes d'évaluation sont présentés respectivement dans les tableaux 4.2, 4.3 et 4.4. Les héritabilités estimées pour le DM au sevrage à partir des données des élevages échantillonnés sont de 0,30 et 0,35 en races Blonde d'Aquitaine et Limousine, respectivement. Elles sont donc proches de celles utilisées pour les évaluations IBOVAL (0,32) (Guerrier et al., 2007). Les héritabilités estimées pour le DS au sevrage sont égales à 0,24 et 0,37 en races Blonde d'Aquitaine et Limousine, respectivement. Elles sont également cohérentes avec celles utilisées pour les évaluations IBOVAL (0,32). Les héritabilités estimées pour les effets génétiques directs sur le P210 sont de 0,27 et 0,35 en races Blonde d'Aquitaine et Limousine. Elles sont donc toutes deux légèrement supérieures à celles utilisées dans les évaluations IBOVAL (0,23 et 0,26 en races Blonde d'Aquitaine et Limousine, respectivement).

Quels que soient le caractère et la race, les héritabilités estimées entre un caractère mesuré en CI et en CD sont généralement proches. Les héritabilités des caractères de croissance et de morphologie mesurés en stations de CI et de CD sont plus élevées que celles des caractères mesurés en ferme, probablement en raison d'effets de milieu plus homogènes et mieux maîtrisés. En ce qui concerne les caractères de croissance, les résultats de la littérature montrent que l'héritabilité est généralement plus faible au moment du sevrage : elle diminue entre la naissance et le sevrage puis augmente à nouveau entre le sevrage et l'âge adulte (Koots et al., 1994a).

Les héritabilités utilisées pour réaliser les évaluations génétiques en CI des DM15, DS15 et P450 sont identiques entre races et égales respectivement à 0,40, 0,40 et 0,28 (Pabiou, 2005). Ces héritabilités ont été fixées *a priori* à partir des résultats de la littérature. Les héritabilités utilisées pour les évaluations du DMcd, du DScd et du PATcd (respectivement 0,30, 0,30 et 0,25) ont été estimées à partir des estimations de paramètres réalisées par Fouilloux et al. (1999) en races Limousine et Charolaise à partir des données enregistrées en stations de CI mais en ignorant la sélection réalisée en ferme.

Les héritabilités estimées dans notre étude pour les P450 et PATcd sont relativement proches entre races et sont comprises entre 0,50 et 0,60. Elles sont donc nettement supérieures aux héritabilités utilisées pour les évaluations génétiques actuelles. Les héritabilités (h^2) estimées pour

les deux caractères de morphologie mesurés en stations de CI et de CD sont supérieures à celles utilisées pour les évaluations génétiques. Ces héritabilités sont élevées en race Blonde d'Aquitaine ($h^2 \sim 0,60$ pour les DM15 et DMcd et $h^2 \sim 0,75$ pour le DS15 et le DScd) et supérieures à celles estimées en race Limousine ($h^2 \sim 0,50$). Ces résultats sont toutefois cohérents avec les héritabilités estimées par Bonnot et Renand (2007) sur trois séries de taurillons Blonds d'Aquitaine contrôlés dans ces mêmes stations de CD entre 2004 et 2006. En effet, ces auteurs ont estimé des héritabilités de 0,51 sur le DMcd et de 0,65 sur le DScd.

Les corrélations génétiques entre les caractères homologues mesurés en ferme et dans les stations sont élevées ($r_g > 0,7$) et homogènes entre races. Ces corrélations élevées montrent que les caractères mesurés au sevrage sont de bons prédicteurs des performances homologues post-sevrage. Par conséquent, une sélection réalisée sur les performances de croissance et de morphologie des veaux au sevrage permet d'améliorer la croissance et la morphologie des taurillons à l'engrais, même si elle est moins précise qu'une sélection sur descendance. Des corrélations similaires ont déjà été publiées pour des caractères de croissance mesurés à différents stades de maturité ou entre pères et descendants (Koots et al., 1994b ; Fouilloux et al., 1999 Eriksson et al., 2003 ; Crews et al., 2004 ; Fouilloux et al., 2008 ;). En revanche, peu de corrélations ont été publiées concernant des caractères de développement musculaire et squelettique mesurés à différents âges. Fouilloux et al. (1999) ont estimé des corrélations génétiques élevées entre les DM mesurés sur les taureaux contrôlés en CI et les taurillons du programme AB contrôlés en CD en races Limousine (0,80) et Charolaise (0,64).

3.2. DETERMINATION DU MODELE DE REFERENCE

Pour la réalisation des évaluations génétiques en stations de CI et de CD, l'utilisation d'un modèle multicaractère intégrant toutes les performances des veaux nés en base de sélection, des taureaux contrôlés en station de CI et de CD est théoriquement la meilleure solution pour éliminer les biais générés par la sélection des mâles entrant en station de CI. Dans le cas des évaluations génétiques en station de CI, nous avons évalué l'intérêt de prendre en compte la seule information au sevrage des élevages alimentant le CI pour la prédiction des index CI et non toute l'information de l'ensemble des élevages de la base de sélection.

Tableau 4. 5. Niveaux génétiques des animaux nés entre 2002 et 2007 en base de sélection et dans les élevages alimentant le CI et des mâles contrôlés en CI en races Blonde d'Aquitaine et Limousine selon les modèles Bi_{EX} et Bi_{CI} (exprimés en unité d'écart-type génétique en écart au niveau génétique moyen des veaux nés entre 2002 et 2007 des élevages alimentant le CI)

Index	Modèle	Blonde d'Aquitaine			Limousine		
		Base de sélection	Elevage alimentant le CI	Mâles évalués en CI	Base de sélection	Elevage alimentant le CI	Mâles évalués en CI
DMci	BiEX	-0,01	0,00	0,56	0,00	0,00	0,27
	BiCI		0,00	0,60		0,00	0,28
DSci	BiEX	-0,29	0,00	0,48	-0,12	0,00	0,41
	BiCI		0,00	0,46		0,00	0,39
CRci	BiEX	-0,13	0,00	0,63	-0,12	0,00	0,31
	BiCI		0,00	0,63		0,00	0,33

Le tableau 4.5 présente les niveaux génétiques estimés pour les mâles contrôlés en CI et nés entre 2002 et 2007 et leurs contemporains nés dans l'ensemble des élevages de la base de sélection et dans les seuls élevages alimentant le CI. Ces résultats confirment la forte sélection sur la croissance et la morphologie à l'entrée du CI. En effet, les mâles contrôlés en stations de CI ont un niveau génétique supérieur à celui des élevages dont ils sont issus : environ 30% d'écart-type génétique en race Limousine et de 50% à 60% d'écart-type génétique selon les caractères en race Blonde d'Aquitaine. En outre, l'écart de niveaux génétiques entre les mâles contrôlés en CI et l'ensemble des veaux des élevages alimentant le CI est similaire qu'il soit calculé avec le modèle BiEX ou BiCI (Tableau 4.5).

Ainsi, malgré la sélection des données au sevrage pour l'estimation des index CI dans le modèle BiCI les index des mâles évalués en CI peuvent être tout de même comparés correctement au reste de la base de sélection. Pour ce faire, il suffit d'estimer l'écart de niveau génétique qui existe entre les élevages alimentant le CI et l'ensemble des élevages de la base de sélection. En race Blonde d'Aquitaine comme en race Limousine, le niveau génétique sur le DMci des élevages alimentant le CI est proche de celui de l'ensemble de la base de sélection. La sélection sur le développement musculaire n'est donc pas plus importante dans les élevages alimentant le CI que dans l'ensemble de la base de sélection. En revanche, les niveaux d'index DSci et CRci indiquent que la sélection sur ces deux aptitudes est plus importante dans les élevages alimentant le CI que dans les autres élevages de la base de sélection.

Tableau 4. 6. Corrélations entre index prédits selon les modèles BiEX et BiCI pour les séries de mâles contrôlés en 2006 et 2007, selon leur origine génétique et pour les 25% et 50% meilleurs sur index BiEX

Population	Index	N	Blonde		
			d'Aquitaine	Limousine	
Séries 2006-2007	DMci	74	0,998	84	0,999
Séries 2006-2007	DSci	74	0,996	84	0,996
Séries 2006-2007	CRci	74	0,997	84	0,999
Séries 2006-2007	IMOCRci	74	0,998	84	0,996
Père MN	IMOCRci	31	0,999	20	0,998
Père IA	IMOCRci	19	0,996	56	0,998
Père autorisé à l'IA	IMOCRci	24	0,996	8	0,990
TOP 50% I _{BiEX}	IMOCRci	37	0,994	42	0,996
TOP 25% I _{BiEX}	IMOCRci	18	0,995	21	0,998

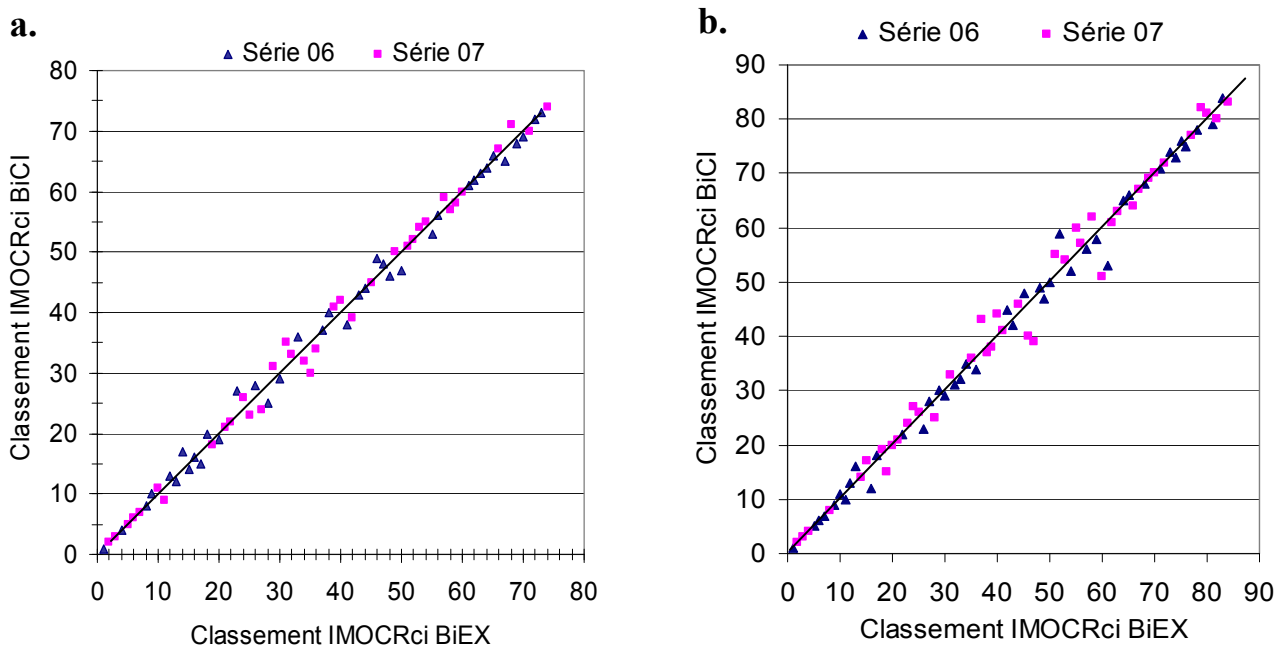


Figure 4. 1. Représentation du classement sur IMOCR_{BiEX} et IMOCR_{BiCI} des mâles Blondes d'Aquitaine (a) et Limousins (b) évalués en CI en 2006 et 2007 en fonction du classement sur l'index de référence

Les corrélations estimées entre les index prédits à l'aide des modèles BiEX et BiCI sont présentées dans le tableau 4.6 pour les séries de mâles évaluées en 2006 et 2007. Dans les deux races, les corrélations entre I_{BiCI} et I_{BiEX} de caractères homologues sont très élevées ($>0,995$). Les corrélations obtenues entre les index synthétiques $IMOCR_{BiCI}$ et $IMOCR_{BiEX}$ sont également très élevées, que les mâles soient issus de taureaux de MN, autorisés ou agréés à l'IA.

Les figures 4.1a et 4.1b présentent le classement des mâles des séries 2006 et 2007 sur l'index $IMOCR_{BiCI}$ en fonction du classement sur l'index $IMOCR_{BiEX}$, respectivement en race Blonde d'Aquitaine et Limousine. Les reclassements d'animaux sur l' $IMOCR_{BiCI}$ sont très peu nombreux entre ces deux modèles et correspondent à de très faibles variations d'index. Cela confirme les corrélations de rang très élevées estimées entre les index $IMOCR_{BiCI}$ et $IMOCR_{BiEX}$, qu'elles soient calculées sur l'ensemble des séries 2006-2007 (0,998) ou sur leur TOP 25% et 50% ($>0,996$) (résultats non présentés).

Le modèle BiCI requiert des temps de calcul beaucoup plus faibles que le modèle complet BiEX. En effet, avec le logiciel GENIAL, l'évaluation génétique BiCI nécessite 15 et 49 minutes de temps CPU contre 1h45 et 6h25 de temps CPU avec le modèle BiEX, respectivement pour les races Blonde d'Aquitaine et Limousine. L'utilisation du modèle BiCI permet donc de réduire les temps de calcul par un facteur compris entre 7 et 8 par rapport au modèle BiEX tout en prédisant des index quasiment identiques. Nous pouvons donc conclure que la quantité d'information au sevrage des seuls élevages alimentant le CI est suffisante pour prédire correctement les valeurs génétiques des mâles évalués en CI. Une simplification opérationnelle visant à limiter mémoire informatique et temps CPU nécessaires dans une évaluation multicaractère est donc envisageable.

Dans la suite de l'étude, nous avons donc considéré les modèles BiCI et TriCD, ne prenant en compte que les données IBOVAL des seuls élevages alimentant le CI, comme modèles de référence pour effectuer la comparaison des différents modèles étudiés respectivement pour les évaluations génétiques en stations de CI et de CD.

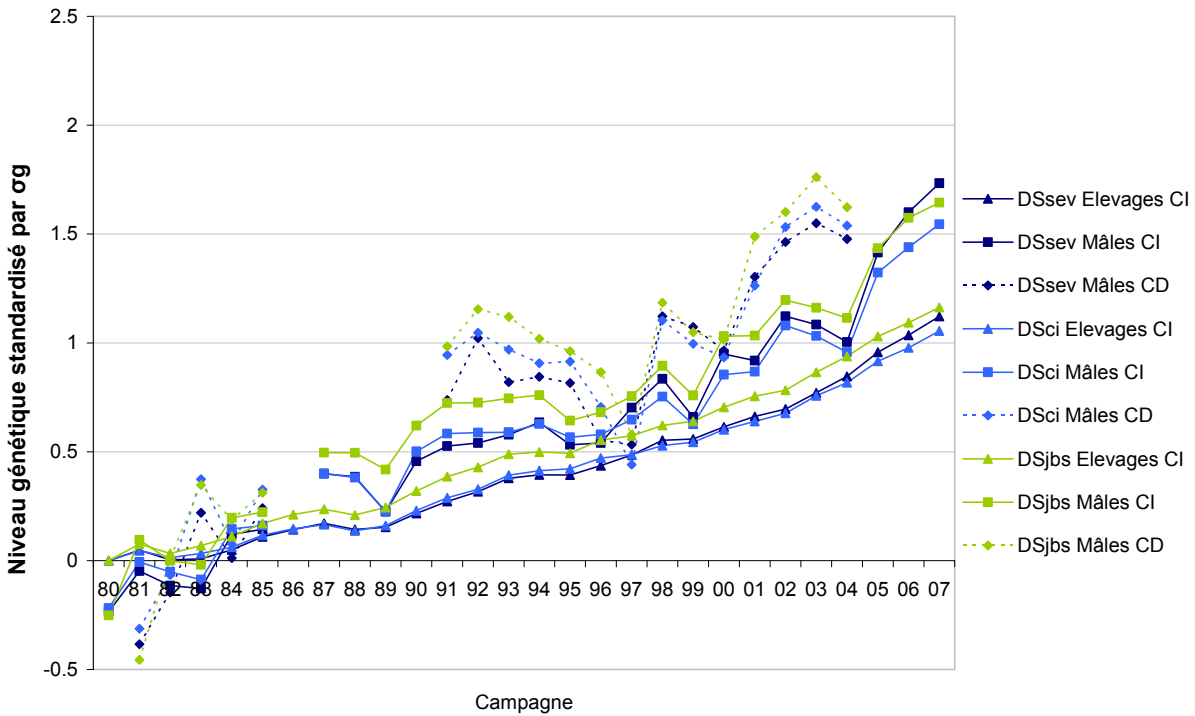


Figure 4. 2. Evolution des niveaux génétiques prédits par le modèle TriCD (standardisés par écart-type génétique) des DS au sevrage (DSsev), en CI (DSci) et en CD (DSjbs) pour les populations des veaux des élevages alimentant le CI, des mâles évalués en CI et en CD de race Blonde d'Aquitaine

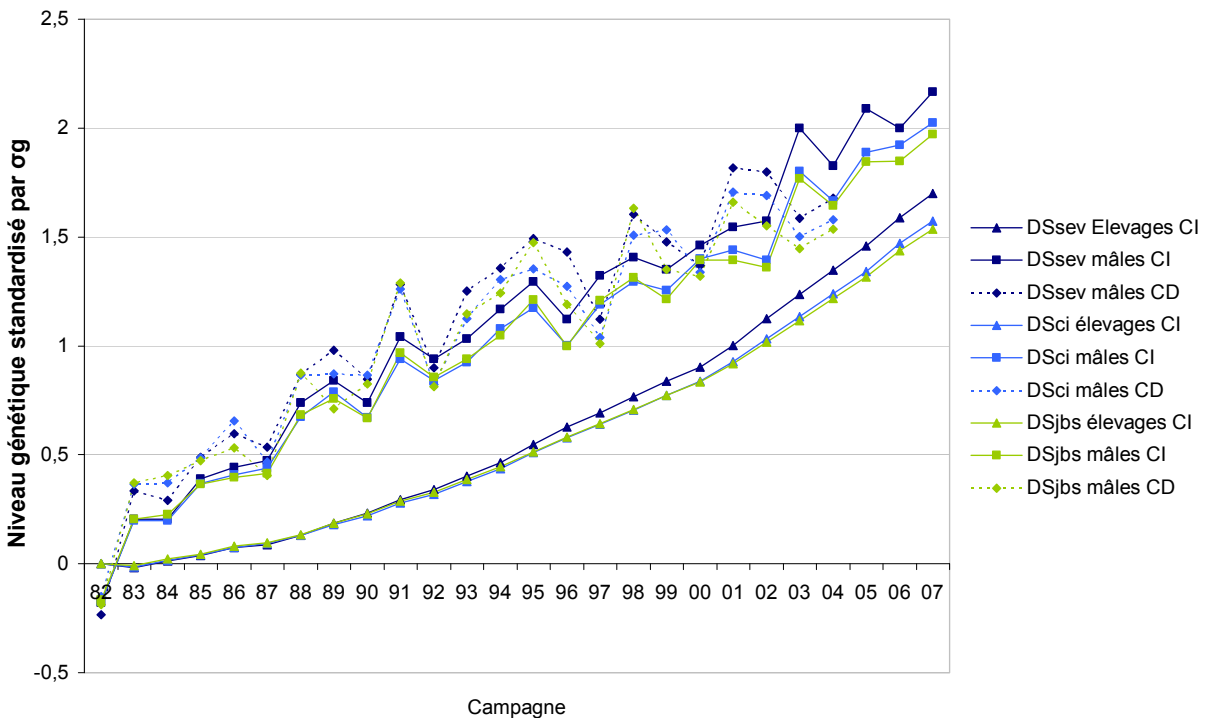


Figure 4. 3. Evolution des niveaux génétiques prédits par le modèle TriCD (standardisés par écart-type génétique) des DS au sevrage (DSsev), en CI (DSci) et en CD (DSjbs) pour les populations des veaux des élevages alimentant le CI, des mâles évalués en CI et en CD de race Limousine

3.3. ESTIMATION DES PROGRES GENETIQUES

3.3.1. COMPARAISON A LA BASE DE SELECTION

Un des avantages du modèle multicaractère est de pouvoir prédire des valeurs génétiques pour les caractères mesurés en station pour tous les veaux de la base de sélection, même ceux non évalués en station. Cette prédiction, correspondant à une valeur sur ascendance en l'absence d'information individuelle, permet néanmoins d'estimer le niveau génétique des taureaux évalués en station par rapport à la base de sélection. La possibilité de comparer les valeurs génétiques des taureaux en CI ou en CD par rapport au niveau génétique de la population est un outil de validation de l'efficacité du choix des reproducteurs à chaque étape de sélection. En outre, il facilite la détermination des mères à taureaux à partir des informations post-sevrage pour procréer les nouvelles générations de mâles destinés au schéma d'IA.

Dans les figures 4.2 et 4.3, les évolutions de niveau génétique du DSsev, DSci et DSjbs ont été tracées pour l'ensemble des veaux des élevages alimentant le CI et pour les taureaux évalués en CI et en CD respectivement en race Blonde d'Aquitaine et Limousine. Ces évolutions sont représentatives des deux autres caractères (DM et Poids à âge type) dont la représentation graphique des niveaux génétiques est reportée en annexe XIV.

Pour les trois aptitudes, le niveau génétique des élevages alimentant le CI augmente continuellement depuis les années 1980. L'élévation du niveau génétique des taureaux contrôlés en CI et en CD est parallèle à celle de l'ensemble des veaux de élevages alimentant le CI. Leur supériorité génétique par rapport aux veaux de élevages alimentant le CI varie entre races et entre séries. De même, les taureaux testés en CD ont généralement un niveau génétique supérieur ou égal à celui des séries du CI dont ils sont issus. En race Blonde d'Aquitaine, cela est particulièrement vrai pour les caractères homologues de DS et de croissance. En race Limousine, cela est également vrai pour les caractères de croissance et de DS (Figure 4.3) sauf sur les deux dernières séries évaluées en CD pour lesquelles les taureaux ont été plus sélectionnés sur le DM (cf. Annexe XIV) que sur le DS.

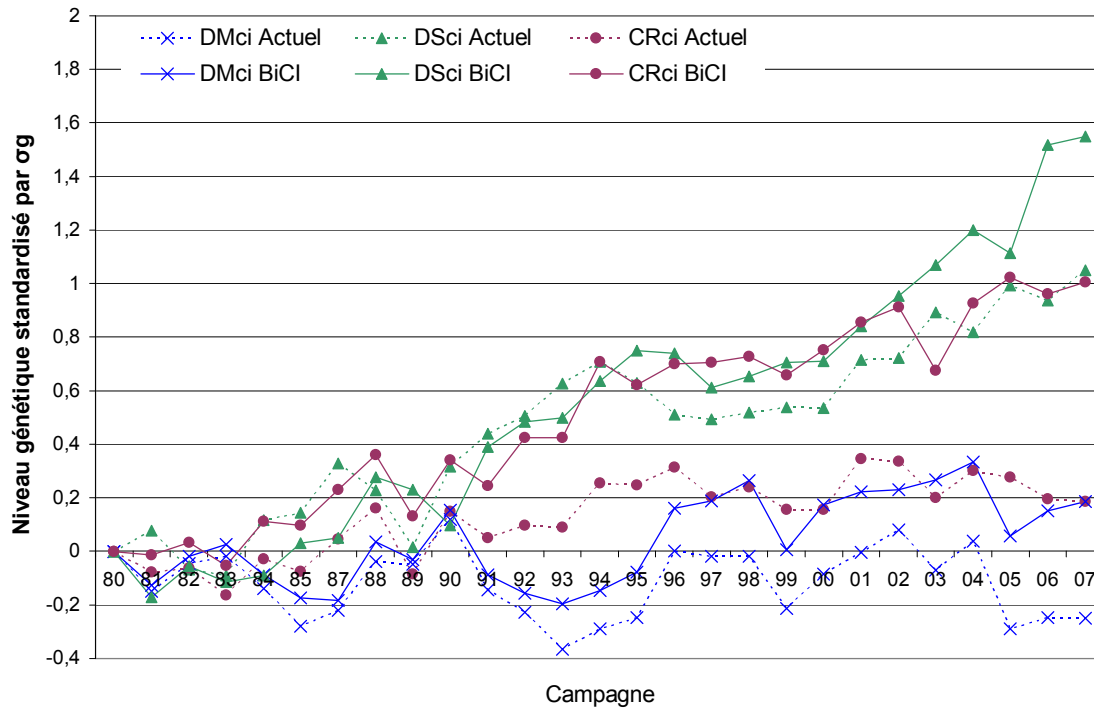


Figure 4. 4. Niveaux génétiques (standardisés par écart-type génétique) estimés pour le DMci, DSci et CRci des mâles Blonds d'Aquitaine évalués en station de CI selon les modèles actuel et bicaractère (BiCI)

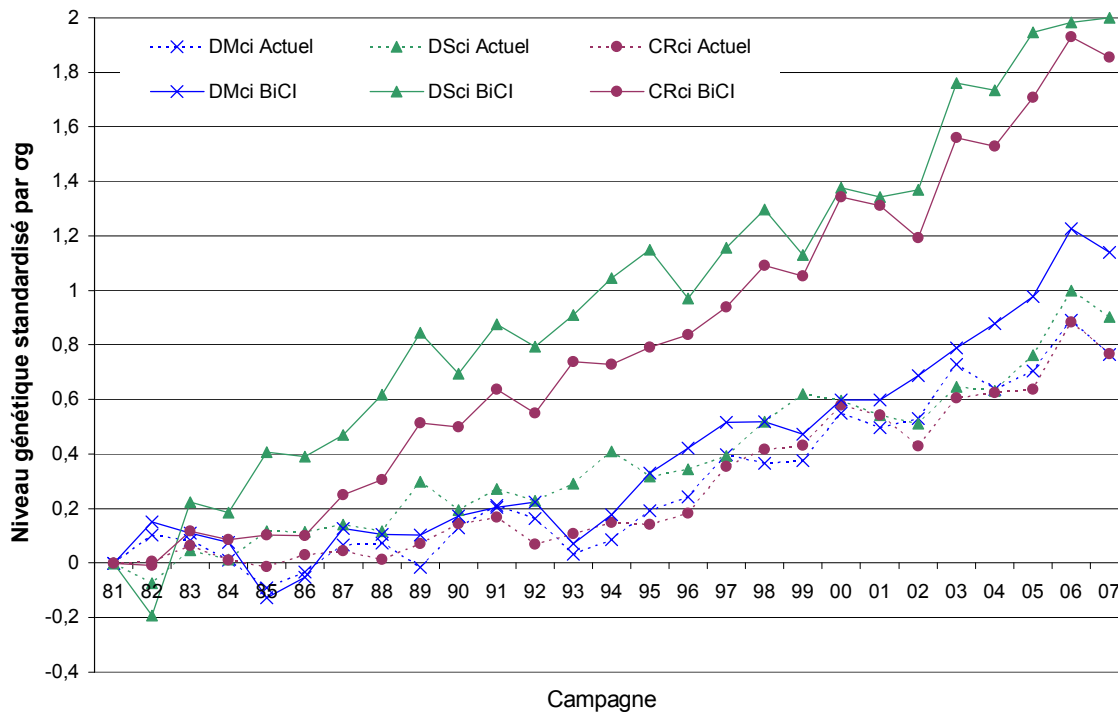


Figure 4. 5. Niveaux génétiques (standardisés par écart-type génétique) estimés pour le DMci, DSci et CRci des mâles Limousins évalués en station de CI selon les modèles actuel et bicaractère (BiCI)

3.3.2. COMPARAISON ENTRE SERIES DE CI

Les niveaux génétiques moyens des séries de CI Blond d'Aquitaine et Limousin estimés pour le DMci, le DSci et le CRci avec les modèles actuel et BiCI sont représentés respectivement en figure 4.4 et 4.5. Les progrès génétiques estimés à l'aide des modèles UniCI, actuel et BiCI sont récapitulés dans le tableau 4.7 pour les trois caractères étudiés en CI.

Dans les deux races, les progrès génétiques estimés sont plus élevés sur le CRci et le DSci que sur le DMci. Cela démontre l'orientation du recrutement des taureaux vers des animaux lourds et de grand gabarit pour assurer le renouvellement du troupeau de vaches et la production de jeunes bovins en race pure.

Tableau 4. 7. Progrès génétique annuel (en unité d'écart-type génétique) estimé sur le DMci, le DSci et le CRci pour l'ensemble des séries de mâles évalués en station de CI de race Blonde d'Aquitaine et Limousine

Index	Blonde d'Aquitaine			Limousine		
	UniCI	Actuel	BiCI	UniCI	Actuel	BiCI
DMci	-0,8%	0,1%	1,3%	0,8%	3,8%	4,3%
DSci	2,5%	3,9%	6,0%	1,9%	3,4%	7,5%
CRci	1,2%	1,5%	4,3%	2,4%	3,2%	7,4%

En station de CI, le progrès génétique annuel estimé sur CRci et DSci à l'aide du modèle BiCI est de 1,5 à 2,5 fois plus important que celui estimé à l'aide du modèle actuel. Bien que le progrès génétique estimé dans le modèle actuel soit bien supérieur à celui estimé dans le modèle UniCI (Tableau 4.7), l'évaluation actuelle sous-estime fortement les progrès génétiques. Ces résultats montrent l'intérêt de prendre en compte l'information au sevrage pour mieux estimer le progrès génétique réalisé en station de CI. En effet, dans le modèle UniCI, la connexion entre les différentes séries de CI n'est réalisée que par les relations de parenté qui existent entre mâles évalués sur différentes séries. Cette quantité d'information n'est pas suffisante pour estimer le niveau génétique moyen de chaque série et conduit donc à régresser fortement les index des taureaux vers la moyenne de la population évaluée.

L'utilisation de modèles multicaractères (BiCI) permet de mieux apprécier l'élévation du niveau génétique entre séries en exploitant toute l'information disponible au sevrage (performances individuelles et des apparentés) par le biais des corrélations génétiques et environnementales qui existent entre les divers caractères homologues mesurés à la fois en ferme et en station de CI.

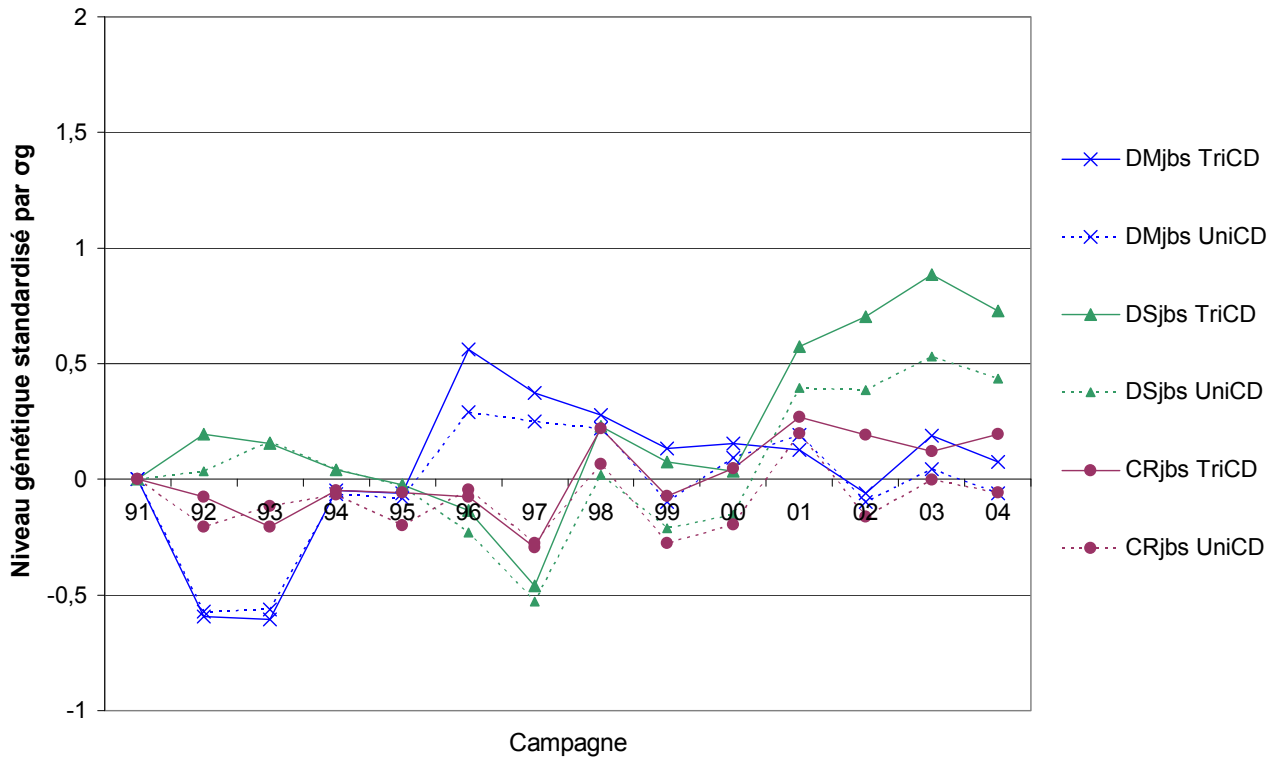


Figure 4. 6. Niveaux génétiques (standardisés par écart-type génétique) estimés pour le DMjbs, DSjbs et CRjbs selon l'année de naissance des taureaux Blancs d'Aquitaine évalués en station de CD dans les modèles UniCD et TriCD.

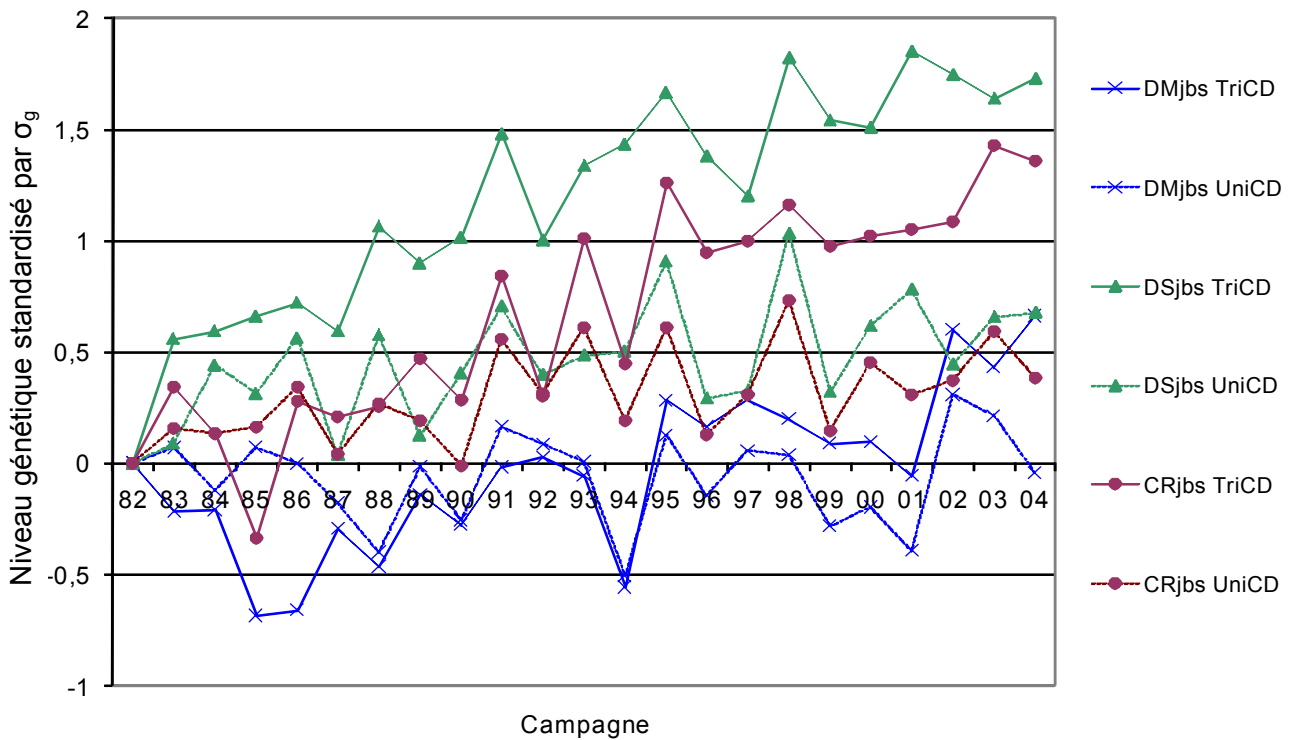


Figure 4. 7. Niveaux génétiques (standardisés par écart-type génétique) estimés pour le DMjbs, DSjbs et CRjbs selon l'année de naissance des taureaux Limousin évalués en station de CD dans les modèles UniCD et TriCD.

Grâce à la meilleure estimation du progrès génétique réalisé sur les caractères mesurés en station, le modèle bicaractère présente un réel intérêt pour la validation des choix de reproducteurs qui ont été effectués. Bien que le choix des mâles en CI pour l'étape de contrôle sur descendance soit réalisé intra-série, l'amélioration de la comparaison des différentes séries de CI entre elles est importante pour l'utilisation des reproducteurs issus du CI. En effet, tous les reproducteurs non testés sur descendance, qui étaient seulement utilisés en MN voire autorisés à l'IA jusqu'en 2006, peuvent dorénavant être diffusés par IA depuis l'application de la Loi d'Orientation Agricole.

3.3.3. COMPARAISON ENTRE SERIES DE CD

Les niveaux génétiques moyens de chaque série de testage en race Blonde d'Aquitaine et Limousine sont présentés respectivement en figure 4.6 et 4.7. Les progrès génétiques annuels estimés pour ces séries de CD pour les DMjbs, DSjbs et CRjbs sont récapitulés dans le tableau 4.8. Ces progrès génétiques sont exprimés en unité d'écart-type génétique et sont calculés pour l'ensemble des taureaux Blonds d'Aquitaine et Limousins nés respectivement depuis 1991 et 1982.

Tableau 4. 8. Progrès génétiques annuels estimés (en unité d'écart-type génétique) sur les développements musculaire (DMjbs) et squelettique (DSjbs) et le poids âge-type (CRjbs) des séries de taureaux de race Blonde d'Aquitaine et Limousine évaluées en station de CD

Modèle	Blonde d'Aquitaine			Limousine		
	DMjbs	DSjbs	CRjbs	DMjbs	DSjbs	CRjbs
UniCD	2,6%	3,4%	0,1%	0,1%	2,2%	1,6%
TriCD	3,4%	6,0%	2,6%	4,0%	6,7%	6,4%

De façon générale, le progrès génétique annuel estimé avec le modèle TriCD est supérieur à celui estimé avec le modèle UniCD. Le progrès génétique estimé avec le modèle TriCD sur le DSjbs ($\sim +6\% \sigma_g/\text{an}$) et le DMjbs ($\sim +4\% \sigma_g/\text{an}$) sont comparables entre races. Le progrès génétique estimé sur le CRjbs est nettement plus faible en race Blonde d'Aquitaine ($+2,6\% \sigma_g/\text{an}$) qu'en race Limousine ($+6,4\% \sigma_g/\text{an}$).

Dans le modèle actuel, seuls trois taureaux témoins permettent de connecter et donc de comparer les séries entre elles. Laloë et Phocas (2003) ont montré que le progrès génétique réalisé dans les stations de CD est fortement sous-estimé en utilisant un modèle ignorant la sélection antérieure des mâles. En effet, la prise en compte des informations enregistrées au sevrage et en

station de CI, qui sont fortement génétiquement corrélées avec leurs caractères homologues évalués en station de CD, permet d'améliorer la connexion entre séries, permettant ainsi une meilleure comparaison entre elles et une meilleure estimation des niveaux génétiques.

En conclusion, l'utilisation d'un modèle tricaractère permet de mieux estimer les progrès génétiques réalisés dans les stations et donc de mieux comparer les différentes séries entre elles. Ce résultat est primordial pour mieux raisonner la diffusion des taureaux d'IA à grande échelle dans la base de sélection et leur utilisation comme pères à taureaux pour recycler le progrès génétique. Une meilleure comparabilité des taureaux, indépendamment de leur série de testage, facilite également le choix des taureaux nécessaires au renouvellement de l'offre commerciale des entreprises de sélection.

3.4. COMPARAISON DES MODELES D'EVALUATION EN CI

3.4.1. IMPACT SUR LES VALEURS GENETIQUES

Deux modèles d'évaluation génétique des taureaux en CI ont été comparés au modèle de référence (BiCI) : le modèle actuel et le modèle unicaractère simple (UniCI). Les corrélations entre les index DM_{ci}, DSci, CR_{ci} et la synthèse IMOCR_{ci} prédits à l'aide de ces trois modèles sont présentées dans le tableau 4.9 pour les mâles évalués en CI dans les séries 2006 et 2007.

Tableau 4. 9. Corrélations entre l'index I_{BiCI} et les index I_{actuel} et I_{UniCI} sur le développement musculaire (DM_{ci}) et squelettique en CI (DSci), le poids-âge-type (CR_{ci}) et la synthèse IMOCR_{ci} pour les mâles contrôlés en séries 2006 et 2007

Population	Index	N	Blonde d'Aquitaine				Limousine				
			Corrélation de Pearson		Corrélation de rang		Corrélation de Pearson		Corrélation de rang		
			I _{Actuel}	I _{UniCI}	I _{Actuel}	I _{UniCI}	N	I _{Actuel}	I _{UniCI}	I _{Actuel}	I _{UniCI}
∇ mâles	DM _{ci}	74	0,993	0,983	0,990	0,980	84	0,993	0,982	0,991	0,981
∇ mâles	DSci	74	0,987	0,967	0,978	0,954	84	0,979	0,953	0,971	0,944
∇ mâles	CR _{ci}	74	0,980	0,979	0,970	0,973	84	0,978	0,980	0,975	0,976
∇ mâles	IMOCR _{ci}	74	0,990	0,985	0,988	0,982	84	0,984	0,953	0,985	0,979
TOP50%	IMOCR _{ci}	37	0,973	0,961	0,973	0,964	42	0,969	0,956	0,969	0,955
TOP25%	IMOCR _{ci}	18	0,958	0,948	0,969	0,958	21	0,952	0,932	0,958	0,944
Père MN	IMOCR _{ci}	31	0,990	0,988	0,987	0,985	20	0,989	0,974	0,985	0,965
Père IA	IMOCR _{ci}	19	0,998	0,993	0,991	0,970	56	0,992	0,985	0,989	0,979
Père autorisé IA	IMOCR _{ci}	24	0,989	0,976	0,982	0,973	8	0,900	0,962	0,857	0,952

Les corrélations entre $CR_{ci_{BiCI}}$ d'une part et $CR_{ci_{actuel}}$ ou $CR_{ci_{UniCI}}$ d'autre part sont élevées et du même ordre de grandeur entre races (environ 0,980). Pour les caractères de morphologie, les corrélations entre les index I_{actuel} et I_{BiCI} sont plus élevées (de 0,979 à 0,993 selon la race et l'index considérés) qu'entre les index I_{UniCI} et I_{BiCI} (de 0,952 à 0,982).

Dans les deux races, la corrélation entre $IMOCR_{actuel}$ et $IMOCR_{BiCI}$ est élevée et supérieure à la corrélation estimée entre $IMOCR_{BiCI}$ et $IMOCR_{UniCI}$. Ainsi, en race Blonde d'Aquitaine comme en race Limousine, il y a un réel intérêt à considérer l'information au sevrage pour prédire les index en CI. Cette prise en compte via la théorie des indices de sélection est efficace pour classer les reproducteurs intra-série mais peut cependant être améliorée par une évaluation bicaractère pour les caractères de croissance et de DS.

3.4.2. IMPACT SUR LES CHOIX DE REPRODUCTEURS

A l'issue du CI sont retenus les taureaux qui seront testés sur descendance en station. Les corrélations de rang entre les index I_{actuel} et l'index BiCI (Tableau 4.9) sont similaires aux corrélations de Pearson, qu'elles soient calculées sur l'ensemble des mâles ou sur le TOP 25% et 50% des mâles sur I_{actuel} .

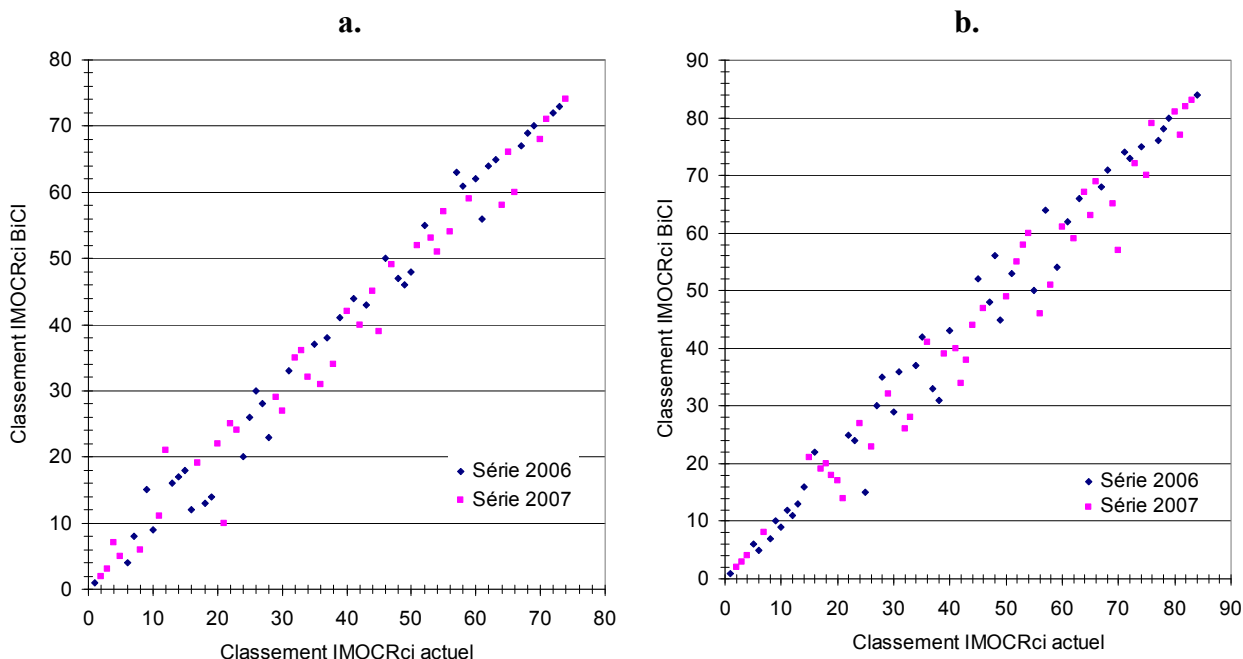


Figure 4. 8. Représentation des reclassements observés entre index IMOCRci BiCI (en ordonnée) et IMOCRci actuel (en abscisse) pour les mâles Blancs d'Aquitaine (a) et Limousins (b) évalués en CI en 2006 et 2007

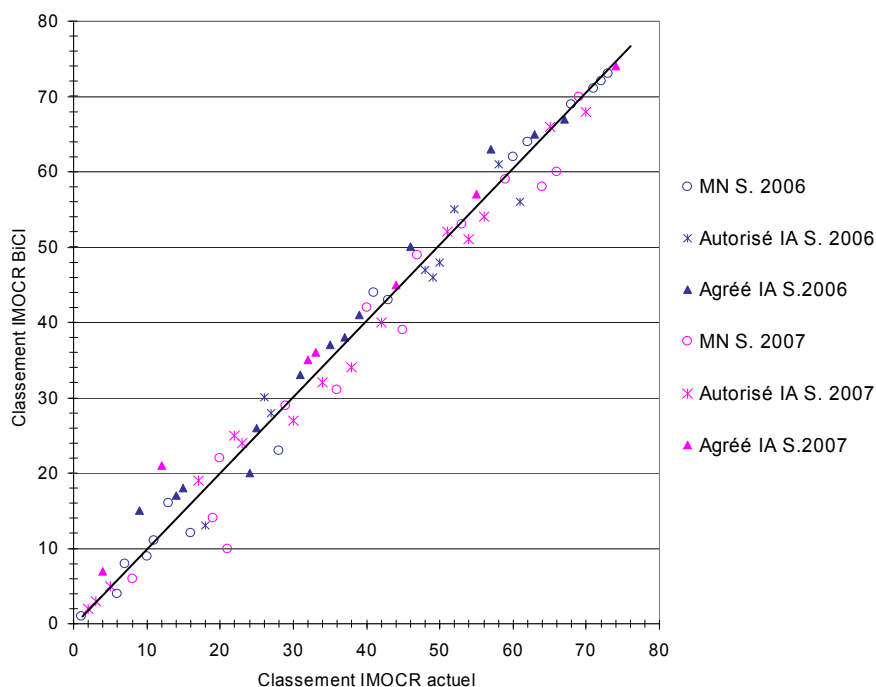


Figure 4. 9. Représentation des reclassements observés entre index IMOCR BiCI (en ordonnée) et actuel (en abscisse) pour les mâles Blonds d'Aquitaine évalués en CI en 2006 et 2007 selon le statut de leur père : monte naturelle (o), Autorisé à l'IA (*) ou Agréé à l'IA (▲)

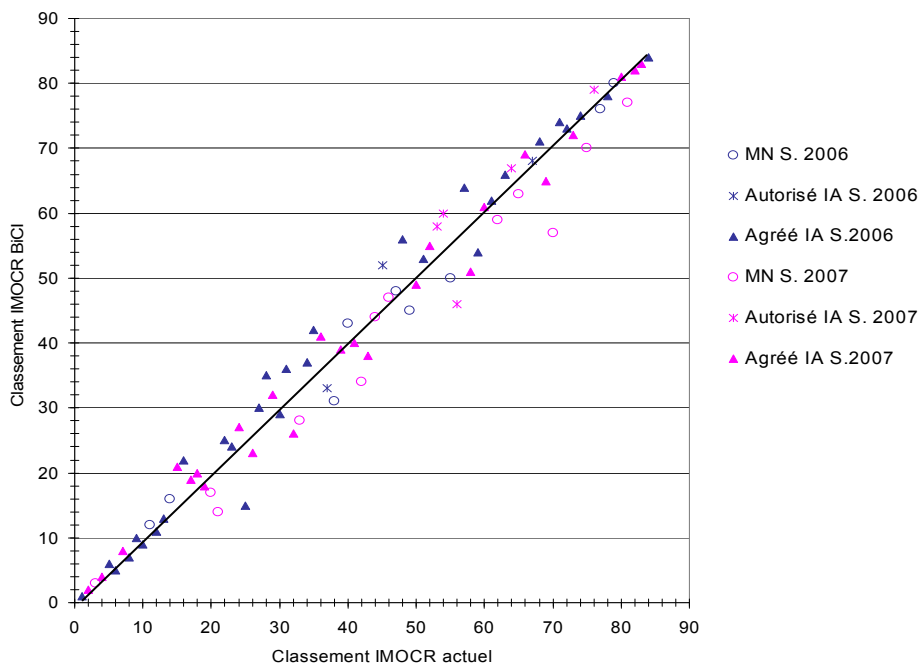


Figure 4. 10. Représentation des reclassements observés entre index IMOCR BiCI (en ordonnée) et actuel (en abscisse) pour les mâles Limousins évalués en CI en 2006 et 2007 selon le statut de leur père : monte naturelle (o), Autorisé à l'IA (*) ou Agréé à l'IA (▲)

Les reclassements entre index I_{BiCI} et I_{actuel} sont représentés sur les figures 4.8a et 4.8b respectivement en races Blonde d'Aquitaine et Limousine. Sur ces figures apparaissent de nombreux reclassements intra-série. Cependant, ces reclassements sont de faible amplitude : par exemple, sur la série 2007, la variation maximale de classement intra-série entre $IMOCR_{BiCI}$ et $IMOCR_{actuel}$ est de 4 places sur 38 mâles évalués en race Blonde d'Aquitaine et de 8 places sur 42 mâles évalués en race Limousine. La composition des TOP25% et 50% des meilleurs mâles de chaque série n'est donc modifiée qu'à la marge. Toutefois, le nombre de taureaux retenus pour la phase de testage sur descendance étant très faible, toute modification dans le choix des reproducteurs, même à la marge, est susceptible de modifier l'efficacité de la sélection étant donné la forte diffusion des taureaux d'IA.

Les corrélations de Pearson et de rang entre les index I_{BiCI} et I_{actuel} sont présentées dans le tableau 4.9 selon leur lignée paternelle pour les mâles évalués en CI en 2006 et 2007. Tout d'abord, il est intéressant de noter que les deux dernières séries du CI Limousin sont constituées d'une proportion bien plus importante de mâles issus de taureaux agréés à l'IA (71%) que celles du CI Blond d'Aquitaine (25%). Les corrélations entre index I_{actuel} et I_{BiCI} sont similaires quelle que soit la lignée paternelle. Seule la corrélation entre I_{actuel} et I_{BiCI} est plus faible pour les lignées autorisées à l'IA en race Limousine mais cette observation est à relativiser étant donné le faible nombre de mâles issus de ces taureaux.

Les reclassements entre index I_{actuel} et I_{BiCI} des mâles Blonds d'Aquitaine et Limousins évalués en CI en 2006 et 2007 sont représentés respectivement en figure 4.9 et 4.10 en distinguant les mâles issus de pères de MN, autorisés à l'IA et agréés à l'IA. Bien que peu d'animaux soient affectés par de grands reclassements, il semble que la plupart des taureaux Blonds d'Aquitaine favorablement reclassés sont issus de pères de MN ou autorisés à l'IA (individus situés sous la bissectrice) dans le modèle BiCI par rapport au modèle actuel (Figure 4.9). En effet, 23 des 24 mâles Blonds d'Aquitaine ayant subi un reclassement positif étaient issus de ces pères. Au contraire, dans cette même race, parmi les 36 mâles ayant été déclassés, 17 sont issus de pères agréés à l'IA. De même, en race Limousine, 50% des individus favorablement reclassés ont un père de MN ou autorisé à l'IA, alors que cette population ne représente que 25% des mâles contrôlés en CI (Figure 4.10).

Par conséquent, l'utilisation d'un modèle bicaractère pour l'évaluation en CI semble revaloriser légèrement les index des mâles issus de pères de MN ou autorisés à l'IA par rapport aux

mâles issus de taureaux agréés à l'IA. Dans la méthode d'évaluation actuelle, le poids accordé à l'information IBOVAL ne semble donc pas être suffisant pour éviter totalement la régression des index CI des mâles issus de ces lignées plus originales.

Pour apprécier l'effet d'un modèle multicaractère sur un plus long terme de sélection, le nombre de pères à taureaux différents et les origines génétiques des mâles sélectionnées dans le TOP 25% et 50% ont également été analysées. Le nombre de pères différents ayant engendré les TOP25% et 50% de chaque série n'est pas modifié étant donné la relative constance de ces classements. Le pourcentage de mâles issus de taureaux de MN ou autorisés à l'IA dans le TOP50% sur IMOCRCi_{actuel} ou IMOCRCi UniCI est également très peu modifié

3.4.3. GAIN DE PRECISION

La précision des index en CI a été mesurée à l'aide du coefficient de détermination uniquement pour la race Blonde d'Aquitaine. Les coefficients de détermination prédits à l'aide des modèles UniCI, actuels et BiCI sont présentés dans le tableau 4.10 pour l'ensemble des mâles des séries évaluées en CI 2006 et 2007 et par catégorie de lignées paternelles.

Tableau 4. 10. Coefficients de détermination des index de développements musculaire (DMci), et squelettique en CI (DSci) et poids-âge-type (CRci) des taureaux évalués en CI en 2006 et 2007

Population	N	UniCI			Actuel			BiCI		
		DMci	DSci	CRci	DMci	DSci	CRci	DMci	DSci	CRci
∇ mâles	74	0,64	0,71	0,54	0,66	0,73	0,57	0,67	0,73	0,57
Père MN	31	0,63	0,70	0,52	0,65	0,72	0,56	0,66	0,72	0,56
Père Autorisé IA	19	0,64	0,71	0,54	0,67	0,73	0,57	0,67	0,73	0,57
Père Agréé IA	24	0,65	0,72	0,55	0,68	0,74	0,58	0,68	0,74	0,58

Quel que soit le modèle, la différence de précision des index des mâles entre les diverses lignées paternelles est faible. De manière générale, les lignées agréées à l'IA présentent les coefficients de détermination les plus élevés et la précision des index CI des mâles issus de taureaux de MN est plus faible que celle des mâles issus de taureaux autorisés à l'IA.

Les niveaux de précision d'index obtenus avec le modèle BiCI et actuel sont comparables. L'introduction de l'information au sevrage, par la théorie des indices de sélection ou l'utilisation d'un modèle bicaractère, permet d'augmenter très légèrement la précision des index prédits par rapport au modèle UniCI.

3.5. EVALUATIONS GENETIQUES EN STATION DE CD

Deux modèles d'évaluation génétique des taureaux en CD ont été comparés : le modèle actuel (UniCD) et le modèle tricaractère (TriCD entre caractères homologues). Puisqu'il a été démontré que la prise en compte de l'information IBOVAL réduite aux élevages alimentant la station de CI permettait de corriger les biais liés à la sélection des mâles à l'entrée en CI, seules ces données au sevrage ont été utilisées dans l'étude du modèle TriCD.

La réalisation du modèle UniCD requiert quelques secondes de temps CPU pour la race Blonde d'Aquitaine comme pour la race Limousine avec le logiciel ASReML. En race Limousine, le modèle TriCD a requis 6h25 de temps CPU avec le logiciel GENIAL. En race Blonde d'Aquitaine, le modèle TriCD a été réalisé avec le logiciel ASReML pour disposer des PEV des valeurs génétiques. Ce logiciel n'est pas optimisé pour réaliser un BLUP et a donc requis 16h de temps CPU malgré un nombre environ deux fois plus faible de données qu'en race Limousine.

3.5.1. IMPACT SUR LES INDEX ET LE CHOIX DES REPRODUCTEURS

Le tableau 4.11 présente les corrélations de Pearson et de rang entre index DMjbs, DSjbs, CRjbs et la synthèse IABVjbs prédits avec les modèles UniCD et TriCD des taureaux Blonds d'Aquitaine et Limousins évalués sur descendance en 2007 et 2008.

Tableau 4. 11. Corrélations entre les index I_{UniCD} et I_{TriCD} des développements musculaire (DMjbs) et squelettique (DSjbs), de la croissance (CRjbs) et de la synthèse IABVjbs en station de contrôle sur descendance pour les taureaux Blonds d'Aquitaine et Limousins évalués en 2007 et 2008 et le TOP50% des mâles sur I_{UniCD}

Race	Population	Index	N	Corrélation de Pearson	Corrélation de rang
Blonde d'Aquitaine	∇ taureaux	DMjbs	20	0,987	0,987
	∇ taureaux	DSjbs	20	0,961	0,961
	∇ taureaux	CRjbs	20	0,982	0,982
	∇ taureaux	IABVjbs	20	0,985	0,951
	TOP 50%	IABVjbs	10	0,944	0,842
	∇ taureaux	DMjbs	24	0,933	0,899
	∇ taureaux	DSjbs	24	0,980	0,978
	∇ taureaux	CRjbs	24	0,969	0,969
	∇ taureaux	IABVjbs	24	0,948	0,900
Limousine	TOP 50%	IABVjbs	12	0,948	0,923

Les corrélations entre I_{UniCD} et I_{TriCD} sur IABVjbs sont plus élevées en race Blonde d'Aquitaine (0,985) qu'en race Limousine (0,948). Dans cette dernière race, c'est l'index DMjbs qui est plus affecté (0,933) par le changement de modèle, ce qui explique la corrélation plus faible entre les index IABVjbs_{UniCD} et IABVjbs_{TriCD}. L'utilisation du modèle TriCD peut donc provoquer des variations d'index non négligeables par rapport au modèle d'évaluation utilisé actuellement.

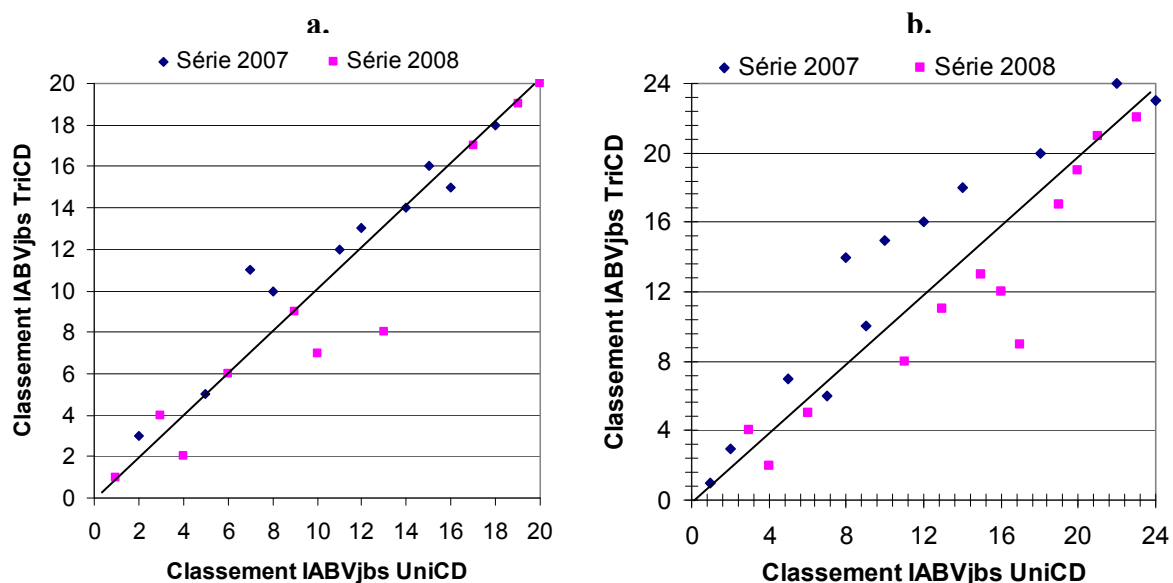


Figure 4. 11. Représentation des reclassements observés entre index IABV_{TriCD} (en ordonnée) et IABV_{UniCD} (en abscisse) pour les mâles a) Blondes d'Aquitaine et b) Limousins évalués en CD en 2007 et 2008

A l'issue du CD sont sélectionnés les taureaux qui sont largement diffusés par IA. Dans les deux races, la corrélation de rang entre IABVjbs_{UniCD} et IABVjbs_{TriCD} est plus faible que celle de Pearson. Les reclassements entre ces deux index sont représentés en figures 4.11a et 4.11b respectivement pour les races Blonde d'Aquitaine et Limousine. Ils se produisent intra-série mais également entre séries de testage, plus particulièrement en race Limousine.

Dans les deux races, les reclassements intra-série sur l'index IABVjbs sont d'amplitude modérée. L'utilisation d'un modèle TriCD pour la réalisation des évaluations génétiques en CD change donc peu les choix de reproducteurs intra-série à l'issue du testage sur descendance. En revanche, les différences d'estimation du niveau génétique moyen des séries entre modèles UniCD et TriCD sont à l'origine de reclassements importants entre séries, notamment en race Limousine (Figure 4.11b). En effet, dans cette race, les niveaux génétiques moyens du DMjbs et du CRjbs des taureaux Limousins sont estimés à des valeurs très différentes pour les séries 2007 et 2008 entre le modèle UniCD et TriCD (cf. Figure 4.7, §2.3.3, chapitre 4). L'estimation de niveaux génétiques très

différents sur ces index élémentaires permet d'expliquer le décalage observé entre les index IABVjbs estimés avec le modèle TriCD des taureaux de la série CD 2007 par rapport à ceux des taureaux de la série CD 2008 (Figure 4.11b).

L'amélioration de la comparaison des taureaux entre séries est souhaitable pour mieux raisonner l'utilisation des reproducteurs dans la population. A cette étape du schéma de sélection, toute modification, même mineure, dans le choix des reproducteurs ou l'utilisation qui en est faite influence l'efficacité de la sélection car la semence des taureaux retenus est ensuite largement diffusée dans la population des vaches allaitantes en base et hors base de sélection.

Seulement six taureaux Blonds d'Aquitaine et sept taureaux Limousins provenaient de taureaux de MN ou autorisés à l'IA parmi les 20 et 24 testés dans les séries 2007 et 2008. Dans les deux races, ces taureaux n'ont pas subi de reclassement intra-série importants, les plus forts reclassements étant observés entre séries. Les faibles effectifs de taureaux évalués en CD ne permettent pas de conclure sur d'éventuelles modifications des origines génétiques des taureaux sélectionnés à l'issue du contrôle sur descendance avec l'utilisation d'un modèle tricaractère.

3.5.2. GAIN DE PRECISION DES INDEX EN CD

Les coefficients de détermination estimés à l'aide des modèles UniCD et TriCD en race Blonde d'Aquitaine ont été comparés pour les index DMjbs, DSjbs et CRjbs. Ils sont présentés pour l'ensemble des mâles des séries de CD 2007 et 2008 et par catégorie de lignées paternelles dans le tableau 4.12.

Tableau 4. 12. Coefficients de détermination des index de développements musculaire (DMjbs), et squelettique (DSjbs) et poids-âge-type (CRjbs) des taureaux Blonds d'Aquitaine évalués en CD en 2007 et 2008 pour les modèles UniCD et TriCD.

	N	UniCD			TriCD		
		Index			Index		
		DMjbs	DSjbs	CRjbs	DMjbs	DSjbs	CRjbs
∇ taureaux	20	0,79	0,84	0,81	0,83	0,87	0,84
Père MN	4	0,78	0,84	0,80	0,82	0,87	0,83
Père Autorisé IA	2	0,76	0,82	0,78	0,80	0,85	0,82
Père Agréé IA	14	0,80	0,85	0,81	0,83	0,88	0,84

L'utilisation d'un modèle TriCD intégrant les informations enregistrées au sevrage et en station de CI permet d'augmenter légèrement la précision des index prédits de toutes les catégories

de taureaux. Dans les deux modèles et pour tous les index, les taureaux issus de pères d'IA présentent des coefficients de détermination plus élevés que les taureaux issus de pères de MN ou autorisés à l'IA mais cette différence est très faible. La prise en compte des informations disponibles aux étapes précédentes d'évaluation ne semble pas permettre d'éliminer la différence de précision observée entre lignées de MN et lignées agréées à l'IA. Néanmoins, le faible nombre de taureaux concernés par l'étude ne permet aucune conclusion catégorique.

L'utilisation de modèles multicaractères pour réaliser les évaluations génétiques des reproducteurs en station doit permettre d'améliorer l'efficacité à court terme de la sélection notamment par l'élimination des biais dus à la sélection des mâles, par une légère augmentation de la précision des index et par l'amélioration de la connexion entre séries que cela soit en CI ou en CD. A plus long terme, une prédiction plus juste des index des mâles issus de lignées parentales plus originales est *a priori* bénéfique pour concilier progrès génétique et préservation des ressources génétiques de la population.

4. DISCUSSION : QUELLES EVOLUTIONS POUR LE MODELE D'EVALUATION GENETIQUE DES REPRODUCTEURS EN STATIONS ?

L'utilisation de modèles multicaractères intégrant les diverses étapes séquentielles de sélection sur des caractères homologues fortement corrélés entre eux est une évolution importante pour améliorer la qualité de l'évaluation des reproducteurs en station. En effet, elle permet de limiter fortement les biais d'évaluation, notamment par une meilleure comparabilité des index entre séries. Cette meilleure connexion entre séries est essentielle pour l'efficacité des schémas de sélection allaitants car elle permet une meilleure estimation des niveaux génétiques des séries et donc une diffusion préférentielle des meilleurs taureaux indépendamment de leur série de contrôle ou de testage. L'évaluation multicaractère des reproducteurs en station permet aussi de comparer les valeurs génétiques des aptitudes de croissance et de morphologie au sevrage et post-sevrage des taureaux évalués en CI et en CD, animaux très sélectionnés, et des animaux de la base de sélection. Cette comparaison à l'ensemble des veaux de la base de sélection peut contribuer à mieux raisonner

l'utilisation des taureaux évalués en station, en particulier les taureaux d'IA, par rapport aux autres taureaux utilisés en base de sélection. Elle peut également aider à mieux raisonner le choix des mères à taureaux pour la procréation des nouvelles générations de taureaux destinés au schéma d'IA. Cependant, avant toute mise en œuvre opérationnelle, une méthode de calcul de la précision des index doit être déterminée.

La mise en place des modèles multicaractères pour réaliser les évaluations génétiques en stations doit toutefois être raisonnée en intégrant les contraintes techniques liées à la réalisation des calculs et préserver la flexibilité de travail nécessaire à l'évaluateur. En effet, les évaluations génétiques sont réalisées par un seul opérateur sur un laps de temps parfois très court. En races Blonde d'Aquitaine, Charolaise et Limousine, une seule évaluation annuelle est réalisée en stations de CI et CD. En race Rouge des Prés, deux évaluations annuelles sont réalisées en station de CI. Ces évaluations sont destinées à sélectionner les taureaux d'IA dont la semence est ensuite largement diffusée au sein des populations de bovins. De ce fait, l'augmentation des temps de calcul de quelques secondes à plusieurs heures paraît négligeable par rapport aux bénéfices escomptés en termes d'efficacité de la sélection. Par ailleurs, l'utilisation des seules données au sevrage des élevages alimentant le CI est une alternative automatisable et opérationnelle pour intégrer correctement l'effet de la sélection des mâles en entrée de CI, en restant dans des temps de calcul et de gestion des données raisonnables pour l'évaluateur.

En revanche, la mise en place d'une évaluation intégrant les informations IBOVAL n'est pas opérationnellement évidente à mettre en œuvre dans le cas des stations d'évaluation des taureaux destinés à la monte naturelle. Ces stations d'évaluation existent dans sept races différentes (Aubrac, Blonde d'Aquitaine, Charolaise, Gasconne, Limousine, Parthenaise et Salers). Chacune de ces races disposent d'une à sept stations qui testent de 1 à 4 séries par an. Chaque série étant indexée dès la fin des contrôles, le nombre moyen d'évaluations réalisées chaque année par race est de 4 (de 1 à 12). En conséquence, la méthode d'indexation à utiliser doit être très efficace, à savoir peu coûteuse en temps tout en fournissant des index les plus précis et les moins biaisés possibles. Un modèle bicaractère pour les stations d'évaluation aurait pour intérêt essentiel d'améliorer la comparaison des taureaux contrôlés à la base de sélection IBOVAL, et ainsi aider les éleveurs producteurs à acheter des taureaux de MN répondant au mieux à leurs besoins. Il permettrait également de déterminer plus précisément les mâles exceptionnels pouvant intégrer les séries de contrôle sur descendance du schéma d'IA. Cependant, la méthode actuelle d'indexation qui combine les index obtenus avec un modèle unicaractère et des index sur ascendance IBOVAL par la

théorie des indices de sélection est la mieux adaptée aux contraintes opérationnelles précédemment évoquées.

Dans ce travail de thèse, seuls les caractères de croissance et de morphologie ont été étudiés car, d'une part, ce sont les principaux caractères utilisés pour la sélection des mâles en ferme, en CI et en CD, et d'autre part, ils présentent des corrélations génétiques élevées entre les trois environnements différents. Pour ces deux raisons, il y a un réel intérêt à considérer l'information connue au sevrage et en CI pour prédire sans biais et avec précision les valeurs génétiques des reproducteurs évalués en station sur leurs aptitudes de croissance et morphologie. En revanche, une évaluation génétique multicaractère associant des aptitudes biologiques différentes mesurées intra ou entre étapes d'évaluation n'aurait pas d'intérêt pour améliorer la qualité de l'évaluation car les corrélations génétiques et environnementales entre aptitudes évaluées (croissance, morphologie, efficacité alimentaire) sont faibles ou modérées ($r_g < 0,40$) à l'exception des caractères de croissance et de développement squelettique ($r_g \sim 0,7$). En effet, Appel et al. (1998) ont montré par simulation que les biais dans l'évaluation génétique dus à l'absence d'informations qui ont servi à la sélection ne deviennent importants (>20%) que lorsque la corrélation génétique entre caractères évalué et sélectionné est supérieure à 0,50.

Cependant, à chaque étape d'évaluation en station, plusieurs index élémentaires sont calculés à partir de performances fortement corrélées car associées à une même grande aptitude biologique des animaux. Ainsi, pour les aptitudes bouchères évaluées en CD, des index élémentaires sont calculés pour des performances très corrélées enregistrées sur l'animal vif et sur l'animal abattu (poids avant abattage et poids de carcasse, développement musculaire avant abattage et conformation de carcasse). Deux solutions sont envisageables dans de tels cas : 1/ mener autant d'analyses multicaractères entre étapes (mais unicaractères intra-étape) qu'il y a d'index élémentaires à fournir ; 2/ considérer dans l'évaluation multicaractère l'ensemble des performances associées à une même grande aptitude intra et entre étapes d'évaluation. La seconde solution est en théorie à recommander en terme de précision des index, mais les gains de précision attendus sont négligeables en l'absence de données manquantes et en situation de fortes corrélations génétiques et environnementales entre performances. En outre, cette solution est opérationnellement plus coûteuse (mémoire et temps de calcul) que la première proposition.

La mise en place de modèles multicaractères pour les évaluations en stations requiert un lourd investissement pour la réécriture des chaînes d'évaluation qui ne sera rentable qu'en cas de maintien des stations. Si le maintien de station de CI paraît nécessaire pour assurer l'efficacité des

schémas de sélection bovins allaitants, on peut s'interroger sur la pérennité des stations de CD. En race Charolaise, l'étape de testage en station est en voie de suppression depuis 2005 pour laisser place à une évaluation génétique réalisée à partir de données collectées exclusivement en ferme et sur données commerciales d'abattage. Pour l'heure, les entreprises de sélection des races Blonde d'Aquitaine et Limousine n'envisagent pas l'arrêt à court terme des stations de CD car leur capacité de testage en base de sélection n'est pas suffisante pour réaliser un contrôle sur descendance en ferme. Par ailleurs, la rénovation des chaînes d'évaluation des reproducteurs en station de CD doit anticiper les espoirs portés par la sélection génomique, à savoir l'inutilité du testage des taureaux pour obtenir des index à précision suffisante ($CD > 0,5$) avant la mise sur le marché de leur semence. Deux prérequis fondamentaux sont nécessaires à la mise en place d'un programme de sélection génomique permettant de supprimer l'étape de contrôle sur descendance des reproducteurs. D'une part, il faut disposer des génotypes précis des reproducteurs via un génotypage avec une puce pangénomique à haute densité en marqueurs SNPs. D'autre part, il est indispensable qu'une population de référence comprenant quelques milliers d'animaux phénotypés et génotypés soit choisie au sein de chaque race pour estimer régulièrement les effets des SNPs sur les performances contrôlées. Certains pays (Etats-Unis, Australie) ont entrepris de développer de tels programmes de sélection en races bovines allaitantes. Si les entreprises et organismes de sélection français n'ont pas pour le moment lancé de tels programmes, il est vraisemblable que la situation évolue dans les années à venir et rende obsolète l'utilisation des stations de CD pour le testage des taureaux d'IA. Dans le futur, ces stations pourraient alors contribuer à la collecte de phénotypes fins dans la population de référence.

- Discussion générale -

DISCUSSION GENERALE ET CONCLUSION

L'efficacité technique d'un schéma de sélection est une composante essentielle de sa rentabilité, les bénéfices tirés de l'amélioration génétique permettant d'amortir les investissements lourds consentis sur plusieurs années, voire plusieurs dizaines d'années chez les bovins. Un schéma de sélection est efficace d'un point de vue technique s'il permet de :

- Créer et cumuler un certain de niveau de progrès génétique sur des caractères d'intérêt économique par la sélection des meilleurs reproducteurs à chaque génération
- Préserver la diversité génétique de la population, garante de l'efficacité à plus long terme de la sélection, par une utilisation raisonnée des reproducteurs

Le succès d'un schéma de sélection dépend donc de la capacité de ses acteurs à sélectionner les meilleurs reproducteurs d'une population à l'aide de méthodes d'évaluation génétique fiables puis à utiliser ces reproducteurs à bon escient pour procréer la génération suivante.

Les acteurs des schémas de sélection bovins allaitants relèvent que les index BLUP prédits par les modèles actuels désignent souvent les reproducteurs à sélectionner parmi les mêmes lignées familiales très bien connues au détriment de lignées plus originales. Les sélectionneurs s'inquiètent des conséquences négatives de l'utilisation des index BLUP pour l'efficacité à long terme de la sélection en bovins allaitants. L'utilisation à long terme de ces index pourrait d'une part engendrer des effets défavorables sur les performances par la procréation d'animaux consanguins et, d'autre part, limiter les marges possibles pour la réorientation des objectifs de sélection et pour le progrès génétique dans les générations futures des populations de bovins allaitants.

Le travail réalisé pendant cette thèse s'est focalisé sur l'étude des modèles d'évaluation génétique utilisés à chaque étape du schéma de sélection pour effectuer le classement des reproducteurs bovins allaitants, d'abord en ferme (IBOVAL) puis en stations de contrôle individuel et sur descendance des taureaux du schéma d'IA. De nouveaux modèles statistiques sont proposés pour améliorer l'efficacité de la sélection sur un court mais aussi sur un plus long terme en veillant à ce qu'ils ne conduisent pas à une réduction de la variabilité génétique de la population.

Le modèle IBOVAL est utilisé pour sélectionner les reproducteurs en ferme sur les performances au sevrage de leurs descendants. Mis en place en 1993, ce modèle relativement simple comporte deux hypothèses simplificatrices susceptibles d'introduire des biais dans la prédiction des valeurs génétiques. Deux évolutions du modèle IBOVAL ont été étudiées et discutées dans le chapitre 3.

La première évolution proposée concerne la prise en compte des différences de longueur de pedigree existant dans les populations bovines allaitantes pour dépasser l'hypothèse du modèle actuel d'une population d'animaux fondateurs non sélectionnés, de même niveau génétique espéré indépendamment de leur origine et année de naissance. Les résultats obtenus montrent qu'il est important d'inclure des groupes de parents inconnus dans le modèle IBOVAL d'une part pour améliorer l'efficacité à court terme de la sélection sur la voie femelle, en particulier dans les élevages nouvellement adhérents au contrôle de performance, et d'autre part, pour assurer une évaluation sans biais aux taureaux testés sur descendance en ferme. En revanche, cette évolution du modèle IBOVAL ne devrait pas avoir de répercussions sur la sélection des taureaux de MN et n'implique pas un élargissement du choix des reproducteurs parmi des mâles aux généalogies plus courtes. L'efficacité de la sélection sur la voie paternelle ne sera donc pas sensiblement améliorée par le changement de modèle.

La seconde évolution envisagée pour le modèle IBOVAL concerne la prise en compte de l'hétéroscédasticité des performances entre élevages. La description des élevages charolais a mis en évidence des écarts importants de variance des performances entre régions mais également entre élevages au sein d'une région. Les travaux réalisés dans cette thèse n'ont pas visé à quantifier l'impact d'une modélisation de variances résiduelles hétérogènes entre élevages sur les index IBOVAL. Cependant, la forte hétéroscédasticité des performances observée entre élevages de la base de sélection charolaise laisse présager que de fortes variations d'index, en particulier des vaches, sont à prévoir suite à ce changement de modèle. Ce phénomène est généralement observé lors de l'introduction d'une hétérogénéité des variances résiduelles dans les modèles d'évaluation génétique des ruminants.

En ce qui concerne le schéma de sélection des taureaux en stations, un modèle multicaractère, combinant performances enregistrées en stations et performances homologues contrôlées en ferme dans les élevages approvisionnant le schéma IA, a été proposé au chapitre 4 pour éliminer les biais dus à la sélection des mâles entrant en station. L'application de ce modèle aux données enregistrées en race Blonde d'Aquitaine et Limousine permet d'augmenter l'efficacité de la sélection par une meilleure précision des index, mais surtout par l'élimination des biais dans la prédiction des valeurs génétiques et l'amélioration de la connexion entre séries évaluées au cours du temps. Si les reclassements des reproducteurs évalués en stations sont limités intra-série, ils peuvent être en revanche plus marqués entre séries évaluées, modulant la diffusion à large échelle de la semence de reproducteurs évalués sur différentes séries. La précision des index en station n'est que très faiblement améliorée par l'apport d'informations sur les performances au sevrage de l'animal et

ses ascendants évalués en ferme. Cet apport d'informations au sevrage ne joue que marginalement sur le phénomène de régression des valeurs génétiques prédites pour les mâles issus d'ascendants non évalués en station par rapport aux index des mâles issus de taureaux d'IA ou de MN évalués en station. Les bénéfices d'une évaluation conjointe des performances en ferme et en stations seront donc limités en terme de maintien de la variabilité génétique sur le long terme.

Les évolutions de modèles d'évaluation génétique qui ont été étudiées permettent d'améliorer avant tout l'efficacité à court terme des schémas de sélection bovins allaitants. Les conséquences en terme d'élargissement des origines génétiques des reproducteurs sélectionnés sont relativement limitées. Bien que les niveaux de diversité génétique des grandes populations françaises de bovins allaitants soient élevés à l'heure actuelle et ne remettent pas en cause les marges de progrès réalisables dans les générations futures, la mise en place par les organismes et entreprises de sélection de stratégies visant à mieux gérer les ressources génétiques de ces populations est recommandée. En effet, l'analyse des probabilités d'origine des gènes a montré une réduction notable ces deux dernières décennies de la variabilité génétique au sein des bases de sélection Charolaise et Limousine. Cette réduction, concomitante à l'augmentation du taux d'utilisation de l'IA dans ces populations, peut être annonciatrice d'une élévation du niveau de consanguinité dans les années à venir. En effet, un décalage peut exister entre l'apparition des goulets d'étranglement dans une population et l'élévation de son niveau moyen de consanguinité.

Etant donné l'impact de l'utilisation de l'IA sur la structure génétique des populations, la conservation d'une diversité d'origines génétiques parmi les candidats à la sélection pour le schéma d'IA est essentielle pour le maintien à long terme de la diversité génétique de l'ensemble de la population. Une recommandation générale pour éviter un renforcement des goulets d'étranglement serait de maintenir un nombre suffisant de pères à taureaux pour procréer la nouvelle génération des taureaux d'IA en veillant à ce que chaque père à taureaux ait un nombre équilibré de mâles évalués en station. L'importation de semences de reproducteurs de race pure de populations étrangères peut également constituer une opportunité pour réintégrer la variabilité génétique perdue au sein des bases de sélection françaises de bovins allaitants.

A l'heure actuelle, une profonde révolution des méthodes de sélection est en cours avec l'avènement de la sélection génomique. Bien que cette méthodologie ne soit pas encore largement développée pour la sélection des bovins allaitants, celle-ci semble très prometteuse pour accroître l'efficacité des schémas de sélection. Pour les caractères sur lesquels un contrôle de descendance est nécessaire pour obtenir des index BLUP classiques de précision suffisante ($CD > 0,5$) avant la mise

sur le marché des reproducteurs ou de leur semence, la sélection génomique permettrait, à nombre de candidats évalués constants, de diviser par un facteur 2 à 2,5 les coûts du schéma de sélection des taureaux d'IA, l'étape très coûteuse de testage sur descendance s'avérant alors inutile (Schaeffer, 2006 ; König et al., 2009). Par ailleurs, cette approche permet d'augmenter fortement le progrès génétique espéré en réduisant drastiquement l'intervalle de génération. En outre, si l'on raisonne à coût constant du schéma, le progrès génétique peut être également accru en augmentant la différentielle de sélection possible par un accroissement du nombre de candidats évalués précocement et de manière relativement précise. En effet, le calcul de valeurs génomiques peut être réalisé dès la naissance, voire dès les premiers stades embryonnaires (Colleau et al., 2008). Toutefois, la question de l'utilisation des index de valeur génomique sur l'efficacité à long terme de la sélection reste entière. En effet, l'utilisation d'index de valeurs génomiques est susceptible de concentrer, plus rapidement qu'une sélection sur index BLUP classiques, le choix des reproducteurs dans certaines lignées présentant des allèles aux effets favorables, notamment dans le cas où ces allèles ont un effet fort et sont présents en faible fréquence dans la population. L'utilisation ciblée de certains reproducteurs directement sur l'information aux marqueurs génétiques est donc susceptible de réduire la variabilité génétique de la population par une augmentation rapide de l'homozygotie, limitant ainsi l'efficacité à long terme de la sélection. Dans une telle situation, des méthodes de gestion des accouplements seront d'autant plus nécessaires pour concilier création de progrès génétique et préservation d'un maximum de variabilité génétique dans la population.

Références bibliographiques

- ABARE (Australian Bureau of Agricultural and Resource Economics) Beef 06.1. Accessible sur Internet, www.abareconomics.com/publications_html/livestock/livestock_06/livestock_06.html
- ADAFF (Australian Department of Agriculture Forest and Fisheries), 2006. A review of the structure and dynamics of the Australian Beef cattle industry. Technical report, 93p.
- Aignel, M., 2009. Etude des flux de reproducteurs dans les races bovines allaitantes françaises. Rapport de stage. Département Génétique, Institut de l'Élevage. 111p.
- Akaike, H. 1973. Information theory as an extension of the maximum likelihood principle. In: Petrov, B.N., Csaki, F. (Eds.) Proceedings of the 2nd International Symposium on Information Theory. Akademiai Kiado, Budapest, Hungary, pp. 267-281.
- Alvarez, I., Royo, L.J., Guttierrez, J.P., Fernandez, I., Arranz, J.J., Goyache, F., 2008. Relationship between genealogical and microsatellite information characterising losses of genetic variability: empirical evidence from the rare Xalda sheep breed, *Livest. Sci.*, 115, 80-88.
- Angus Australia, www.angusaustralia.com.au
- Appel, L.J., Strandberg, E., Danell, B., Lundeheim, N., 1998. Adjusting for missing data due to culling before testing in genetic evaluations of swine. *J. Anim. Sci.*, 76, 1794-1802.
- Arthur, P.F., Renand, G., Krauss, D., 2001. Genetic and phenotypic relationships among different measures of growth and feed efficiency in young Charolais bulls. *Livest. Prod. Sci.*, 68, 131-139.
- Banos, G., Schaeffer, L.R., Burnside, E.B., 1991. Genetic relationships and linear model comparisons between United States and Canadian Ayrshire and Jersey bull populations. *J. Dairy Sci.* 74, 1060-1068.
- Belonsky, G.M., Kennedy, B.W., 1988. Selection on individual phenotype and best linear unbiased prediction of breeding values in a closed swine herd. *J. Anim. Sci.*, 66, 1124-1131.
- Bertipaglia, E.C.A., da Silva, R.G., Cardoso, V., Fries, L.A. 2006. Sweating rate and hair coat characteristics of Braford cows in Brazil. Proceedings of the 8th World Congress on genetics applied to livestock production, comm.. 16-10, 13-18 Août 2006, Belo Horizonte, Brésil.
- Bidanel, J.-P., 1992. Comment exploiter la variabilité génétique entre races : du croisement simple à la souche synthétique. *Prod. Anim. Hors-Série "Eléments de génétique quantitative et application aux populations animales"*, 249-254.
- Bijma, P., Woolliams, J.A., 1999. Prediction of genetic contribution and generation intervals in populations with overlapping generations under selection, *Genetics*, 151, 1197-1210.
- Blach R., 2006. Defining your goals and opportunities for profitability. Proceedings of the 37th BIF Annual Meeting, Juillet 2005.
- Blackburn, H, Gollin, D., 2009. Animal genetic resource trade flows: The utilization of newly imported breeds and the gene flow of imported animals in the United States of America. *Livest. Sci.*, 120, 240-247.
- Boichard, D., Bonaiti, B., Barbat, A., Mattalia, S., 1995. Three methods to validate the estimation of genetic trend for dairy cattle. *J. Dairy Sci.*, 78, 431-437;
- Boichard D., Maignel L., Verrier V., 1996. Analyse généalogique des races bovines laitières françaises. *INRA Prod. Anim.*, 9, 323-335.

- Références bibliographiques -

- Boichard D., Maignel L., Verrier V., 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genet. Sel. Evol.*, 29, 5-23.
- Boichard, D., 2002. Pedig: a Fortran package for pedigree analysis suited to large populations. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Montpellier, 19-23 août 2002, paper 28-13.
- Bonnot, A., Renand, G., 2007. Amélioration de la qualité de la viande bovine des trois principales races à viande françaises. Rapport de stage réalisé à l'INRA-GABI. 61pp.
- Bouglér, J., Coudurier, B., Duplan, J.M., Hocde, H., Le Liboux, H., Tondu, R. Vissac, B., 1973. Performances de production. Pages 265-339 in *La race Charolaise - Résultats français*. INRA, Jouy-en-Josas, France.
- Bouglér, J., 1992. La gestion des populations. La loi sur l'Élevage et l'organisation générale de la sélection en France. INRA Prod. Anim. Hors-Série « Éléments de génétique quantitative et application aux populations animales », 219-222.
- Boulesteix, P., Fouilloux, M.-N., Guerrier, J., Laloë, D., 2008. Répertoire des résultats de l'évaluation IBOVAL 2008 pour les races bovines à viande. Compte-rendu n° 010871063, Département Génétique, Institut de l'Élevage.
- Bouquet, A., Phocas, F., 2008. Analyse des performances et index de 199 élevages adhérents au Herd Book Charolais. Rapport interne.
- Bulmer, M.G. 1971. The effect of selection on genetic variability. *Am. Nat.* 105, 201-211.
- Caballero, A., 1994. Development in the prediction of effective population size. *Heredity*, 73, 657-679.
- Caballero, A., Toro, M.A., 2000. Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. *Genet. Res.*, 75, 331-343.
- Caballero, A., Toro, M.A., 2002. Analysis of genetic diversity for the management of conserved subdivided populations, *Conservation Genetics*, 3, 289-299.
- Cantet, R.J.C., Schaeffer, L.R., Smith, C., 1992. Reduced animal model with differential genetic grouping for direct and maternal effects. *J. Anim. Sci.*, 70, 1730-1741.
- Cardoso, V., Fries, L.A., Roso, V.M., Brito, F.V., 2006. Estimates of heritability for resistance to *Boophilus microplus* tick evaluated by an alternative method in a commercial polled Hereford x Nelore population in Brazil. Proceedings of the 8th World Congress on genetics applied to livestock production, papier 16-12, 13-18 Août 2006, Belo Horizonte, Brésil.
- Casellas, J., Piedrafita, J., Varona, L., 2007. Bayes factor for testing between different structures of random genetic groups: a case study using weaning weight in Bruna dels Pireneus beef cattle. *Genet. Sel. Evol.*, 39, 39-53.
- Cervantes I., Goyache F., Molina A., Valera M., Gutierrez J.P., 2008. Application of individual increase in inbreeding to estimate realized effective sizes from real pedigrees. *J. Anim. Breed. Genet.*, 125, 301-310.
- Chatellier, V., Guyomard, H., Le Bris, K., 2005. La diversité des exploitations professionnelles du type bovins-viande dans l'Union Européenne. *Economie Rurale*, 288, 9-24.
- Charroin, T., Palazon, R., Madeline, Y., Guillaumin, A., Tchakerian, E., 2005. Réseaux d'Élevage et approche globale de l'exploitation : intérêts et enjeux dans une perspective de la prose en compte de la durabilité. *Renc. Rech. Ruminants*, 12, 335-338.

- Chotteau, P., 2009. Les marchés du bœuf – les échanges mondiaux dans la tourmente ! Intervention à la conférence Agri Benchmark « La production de viande bovine dans le monde : systèmes en compétition et atouts de la filière française, Institut de l’Elevage, 26 juin 2006, Paris. Visuels accessibles sur Internet : <http://www.inst-elevage.asso.fr/html1/spip.php?article17427>
- Cleveland, H.A., Blackburn, H.D., Enns, R.M., Garrick, D.J., 2005. changes in inbreeding of US Herefords during the twentieth century. *J. Anim. Sci.*, 83, 992-1001.
- Colleau, J.-J., Tribout, T., 2006. Gestion optimisée de variabilité génétique dans les populations porcines sélectionnées. *INRA Prod. Anim.*, 19 (5), 339-346.
- Colleau, J.-J., Régaldo, D., Moureaux, S., Barbat, A., Fritz, S., de Préaumont, H., Tual, K., Mattalia, S., 2006. Mise en place de la gestion optimisée de la variabilité génétique dans les populations sélectionnées de bovins laitiers. *Renc. Rech. Ruminants*, 13, 235-238.
- Colleau, J.-J., Fritz, S., Ponsart, C., Le Bourhis, D., Lacaze, S., Tissier, M., Mervant, G., Amigues, Y., Druet, T., Malafosse, A., Boichard, D., Humblot, P., 2008. Intérêt du typage des embryons dans un programme de sélection assistée par marqueurs en bovins laitiers. *Renc. Rech. Ruminants*, 15, 427-430.
- Coulomb, C., 2008. La viande bovine dans le monde. Collection Repères, Institut de l’Elevage, GEB, Journée Défis et opportunités pour l’élevage ruminant en Europe, 5 juin 2008, Paris.
- Crews, D.H., Lowerison, M., Caron, N., Kemp, R.A., 2004. Genetic parameters among growth and carcass traits of Canadian Charolais cattle. *Can. J. Anim. Sci.*, 84, 589-597.
- CSAGAD (Cours Supérieur d’Amélioration Génétique des Animaux Domestiques), 2006. Etude d’impact sur une ordonnance et ses textes réglementaires d’application relatifs à l’élevage et à l’amélioration génétique du cheptel. Intervention CSAGAD – Agroparistech, 18 Octobre 2006. Accessible en ligne : www.agroparistech.fr/svs/genere/ger_genetique/csagad/loa/loa_accueil.htm
- Da, Y., Grossman, M., Misztal, I. 1989. Prediction error variance and restricted maximum likelihood estimation for animal model with relationship grouping. *J. Dairy Sci.*, 72, 2125-2135.
- Da, Y., Grossman, M., 1991. Multitrait Animal model with genetic groups. *J. Dairy Sci.*, 74, 3183-3195.
- De Jong, G. 2003. MACE – Options for improvement. *Interbull Bulletin*. 30, 112-116.
- Diaz, C., Moreno, A., Carabaño, M.J., 2002. Effects of genetic groups on estimates of variance components for a maternally influenced trait in the Spanish Limousin. *J. Anim. Breed. Genet.*, 119, 325-334.
- Devun, J., Laroche, J.M., Bourge, C., Auzel, S., Ledieu, F., Gros, J.M., Lahémade, T., Vincent, C., Laviron, J., Prouteau, Y., Muron, G., 2007. Réseaux d’élevages Charolmois : 40 exploitations, 14 années d’adaptation – Analyses et réflexions. CR Institut de l’Elevage, Paris, 30pp.
- Ducos, A., Berland, H.-M., Pinton, A., Seguela, A., Brun-Baronnat, C., Darre, A., Darre, R., 2000. Contrôle chromosomique des populations animales d’élevage. *Prod. Anim.* 13, 25-35.
- Elsik, C.G., Tellam, R.L., Worley, K.C., 2009. The Genome sequence of Taurine cattle: a window to ruminant biology and evolution. *Science*, 324, 522-527.
- Eriksson S., Nasholm, A., Johansson, K., Philipsson, J., 2003. Genetic analyses of field-recorded growth and carcass traits for Swedish beef cattle. *Livest. Prod. Sci.* 84, 53-62.
- Euclides-Filho, K. 1999. Crossbreeding strategies for beef cattle production in Brazil. ICAR Technical series n°3, 355-363. Proceeding of the workshop for Development of breeding strategies for lower input Animal production environments, 22-25 Sept. 1999, Bella, Italie.

- Références bibliographiques -

- Falconer, D.S., Mackay, T.F.C., 1996. Introduction to quantitative genetics. 464 pp. 4^{ème} édition Longman, Harlow, Essex, Royaume-Uni.
- Faminow, M.D., 1997. The Brazilian cattle sector: status, prospects and controversies. Canadian Journal of Agricultural Economics, 45, 179-199.
- FAO (Food and Agriculture Organization), 1998. Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans: management of small populations at risk. FAO, Rome, Italy.
- FAO (Food and Agriculture Organization), 2008a. The state of capacities in animal genetic resource management. Section B – Structured Breeding Programs, pp 215-241. FAO, Rome, Italy.
- FAO, 2008b. Statistiques agricoles FAOSTAT. <http://faostat.fao.org/>
- Fernando, R., Gianola, D., 1986. Optimal properties of the conditional mean as a selection criterion. Theor. Appl. Genet. 72, 822-825.
- Ferraz, J.B.S, Fries, L.A., 2004. Beef cattle genetic evaluation programs in Brazil. Annales du 5^{ème} symposium national de la Société Brésilienne d'Amélioration Animale (SBMA), Juillet 2004. Accessible en ligne www.sbmaonline.org.br/anais/v/palestras/palest08.pdf
- Ferraz, J.B.S, Fries, L.A., 2006. Beef cattle genetic programs in Brazil. Proceedings of the 8th World Congress on genetics applied to livestock production, 13-18 Août 2006, Belo Horizonte, Brésil.
- Ferraz, J.B.S, de Felicio, P.E., 2009. Production systems – An example from Brazil. Meat Sci., sous presse.
- FGE, 2006. France, the country of beef breeds. Plaquette d'information conçue par France Génétique Elevage et l'Office de l'Elevage. Accessible sur Internet : www.france-genetique-elevage.fr/spip.php?rubrique194
- FGE, 2009. Dispositif Génétique français : chiffres clés 2008 en ruminants. Plaquette d'information conçue par France Génétique Elevage. Accessible sur Internet : www.france-genetique-elevage.fr/spip.php?rubrique177.
- Fikse, F., 2003. Approaches to incorporate genetic groups in MACE. Paper presented at the Interbull Workshop, Beltsville, MD, USA. <http://www-interbull.slu.se/bulletins/framesida-pub.htm>. Accessed Oct. 8, 2008.
- Fouilloux, M.-N., Renand, G., Gaillard, J., Méniéssier, F., 1999. Genetic parameters of beef traits of Limousin and Charolais progeny-tested AI sires. Genet. Sel. Evol. 31, 465-489.
- Fouilloux, M.-N. 2000. Amélioration des systèmes d'évaluation génétique des Aptitudes Bouchères des reproducteurs des races bovines allaitantes. Thèse de doctorat, Paris XI- INAPG-INRA, 274p.
- Fouilloux, M.-N., 2004. Cahier des charges de modification du mode de calcul de CECI. Rapport interne.
- Fouilloux, M.-N., Venot, E., Laloë, D., 2008. Fattening beef for Froggies. Post-weaning evaluations in French beef breeds. Interbull Bulletin, 38, 8-12. Proc. Interbull Meeting, June 16-19, 2008, Niagara Falls, USA.
- Foulley, J.L., Schaeffer, L.R., Wilton, J.W., 1983. Progeny group size in an organized progeny test program of AI beef sires using reference sires, Can. J. Anim. Sci. 63, 17-26.
- Garrick, D.J., Golden, B.L. 2009. Producing and using genetic evaluations in the United States beef industry of today. 87, E-Suppl. E11-E18.

- Garrick, D.J., Golden, B.L., 2009. Producing and using genetic evaluations in the United States beef industry of today. *J. Anim. Sci.*, 87, E11-E18.
- Garrick, D.J., Van Vleck, L.D., 1987. Aspects of selection for performance in several environments with heterogeneous variances. *J. Anim. Sci.*, 65, 409-421.
- Geay, Y., Micol, D., 1988. dans Jarrige, R. (Ed.), *Alimentation des bovins, ovins et caprins*, Chapitre 12 Bovins en croissance et à l'engrais, pp.213-347. Ed. Institut National de la Recherche Agronomique, 471p.
- GEB, 2007. Le marché mondial de la viande bovine en 2007. CR n°372, Département Economie, Institut de l'Élevage.
- GEB, 2008. Productions bovines, lait & viande. Institut de l'Élevage, Rapport n° 180860028. Accessible en ligne à l'adresse : http://www.inst-elevage.asso.fr/html1/spip.php?page=article_espace&id_espace=951&id_article=15983
- Gibbs, R.A., Taylor, J.F., van Tassel, C.P., 2009. Genome-wide survey of SNP variation uncovers the genetic structure of cattle breeds. *Science*, 324, 528-531.
- Gilmour, A.R., Gogel, B.J., Cullis, B.R., Welham, S.J., Thompson, R., 2002. *ASReml User Guide Release 1.0* VSN International Ltd., Hemel Hempstead, HP1 1ES, UK.
- Goddard, M.E., 1983. Selection indices for non-linear profit functions. *Theor. Appl. Genet.*, 80, 339-344.
- Goddard, M.G., Smith, C., 1990. Optimum number of bull sires in dairy cattle breeding. *J. Dairy Sci.*, 73, 1113-1122.
- Goffinet, B., Elsen, J.-M., 1984. Critères optimal de sélection : quelques résultats généraux. *Genet. Sel. Evol.*, 16, 307-318.
- Golden, B.L., Bourdon, R.M., Snelling, W.M., 1994. Additive genetic groups for animals evaluated in more than one Breed Association National Cattle Evaluation, *J. Anim. Sci.*, 72, 2559-2567.
- Golden, B.L., Garrick, B.J., Benyshek, L.L., 2009. Milestones in beef cattle genetic evaluation. *J. Anim. Sci.*, 87, E3-E10.
- Guerrier, J., 2007. Résultats du contrôle de performance des bovines allaitants. Compte rendu n° 010677003, Département Génétique, Institut de l'Élevage.
- Guerrier, J., Boulesteix, P., Laloë, D., Fouilloux, M.-N., 2007. Les principaux résultats de l'évaluation IBOVAL 2007 pour les races à viande. Compte-Rendu n°010771024, Département de Génétique, Institut de l'Élevage, Paris.
- Gutiérrez, J.P., Altarriba, J., Diaz, C., Quintanilla, R., Cañon, J., Piedrafita, J., 2003. Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. *Genet. Sel. Evol.* 35, 43-63.
- Gutiérrez, J.P., Marmi, J., Goyache, F., Jordana, J., 2005. Pedigree information reveals moderate to high levels of inbreeding and a population genetic structure in the Catalanian donkey breed. *J. Anim. Breed. Genet.*, 122, 378-386.
- Gutiérrez, J.P., Cervantes, I., Molina, A., Valera, M., Goyache, F., 2008. Individual increase in inbreeding allows estimating effective sizes from pedigrees. *Genet. Sel. Evol.* 40, 359-378.
- Haldane, D.B.S., 1930. A mathematical theory of natural and artificial selection. III. Selection intensity as a function of mortality rate. *Proc. Camb. Phil. Soc. Biol. Sci.* 27, 131.
- Hamann, H., Distl, O., 2008. Genetic variability in Hanoverian Warmblood horses using pedigree analyses, *J. Anim. Sci.*, 86, 1503-1513.

- Harris, D.L., Newman, S. 1994. Breeding for profit: synergism between genetic improvement and livestock production (a review). *J. Anim. Sci.*, 72, 2178-2200.
- Harris, D.L. 1998. Livestock improvement: art, science or industry? *J. Anim. Sci.* 76, 2294-2302.
- Hazel, L.N., 1943. The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics*, 28, 476-490.
- Henderson, C.R. 1973. Sire evaluation and genetic trends. Pages 10-41 in *Proc. Anim. Breed. Genet. Symp. In honor of Dr. Jay L. Lush, Am. Soc. Anim. Sci. and Am. Dairy Sci. Assoc. Champaign, IL, USA.*
- Henderson, C.R. 1975. Best Linear Unbiased Estimation and Prediction under a selection model. *Biometrics*, 31, 423-447.
- Henderson, C.R., Quaas, R.L., 1976, Multiple trait evaluation using relatives' records. *J. Anim. Sci.* 43, 1188-1197.
- Henderson, C.R., 1977. Prediction of future records. In *Proceedings of the International Conference on Quantitative Genetics, Ames, Iowa, Aug. 16-21, 1976.* In: Pollack, E., Kempthorne, O., Bailey, T.B. Jr. (eds) Iowa State University Press, Ames, pp. 615-638.
- Henry, J.-P., Gouyon, P.-., 1999. Précis de génétique des populations. Chapitre A- Principales notions de génétique des populations. Ed. Masson, Paris, 186p.
- Hill, W.G., 1984. On selection among groups with heterogeneous variance. *Anim. Prod.*, 39, 473-477.
- Huby, M., Griffon, L., Moureaux, S., de Rochambeau, H., Danchin-Burge, C., Verrier, E., 2003. Genetic variability of six French meat sheep breeds in relation to their genetic management. *Genet. Sel. Evol.* 35, 637-655.
- Interbull, 2008. Interbull code of practice – Annexe 3. http://www-interbull.slu.se/service_documentation/General/Code_of_practice/framesida-code.htm
- James, J., 1972. Computation of genetic contributions from pedigrees. *Theor. Appl. Genet.*, 42, 272-273.
- Jarrige, R., 1978. Alimentation des ruminants. Chapitre 11 Bovins en croissance et à l'engrais, pp.297-344. Ed. *Actualités scientifiques et Agronomiques, Institut National de la Recherche Agronomique*, 597p.
- Jarrige R., Auriol P., 1992. An outline of world beef production. In: *Beef Cattle Production.* Jarrige R., Béranger C. (Eds), Elsevier Science Publisher, Amsterdam, The Netherlands, 3-27.
- Jorjani, H., Philipsson, J. and J.-C. Moquot. 2001. Use of phantom parent groups. Pages 16-17 in *Interbull guidelines for national and international genetic evaluation systems in dairy cattle with focus on Production traits.* <http://www.interbull.org/bulletins/framesida-pub.htm>, Accessed Oct. 8, 2008.
- Journaux, J., Berrechet, P. and Ledos, H., 2006. Etude d'un dispositif déclaratif des filiations en bovins et de ses conséquences sur la fiabilité des parenté et l'organisation collective. *Tech. Bull. No 010678012.* Genetics Department, Institut de l'Élevage, Paris, France. www.inst-elevage.asso.fr/html1/spip.php?page=article_espace&id_espace=934&id_article=10730
- Kearney, J.F., Wall, E., Villanueva, B., Coffey, M.P., 2004. Inbreeding trends and application of optimized selection in the UK Holstein population. *J. Dairy Sci.*, 87, 3503-3509.
- Kennedy, B.W., 1981. Bias and mean standard error from ignoring genetic groups in mixed model sire evaluation. *J. Dairy Sci.* 64, 689-697.

- Kennedy, B.W., Trus, D., 1993. Considerations on genetic connectedness between management units under an animal model. *J. Anim. Sci.*, 71, 2341-2352.
- König, S., Simianer, H., Willam, A. 2009. Economic evaluation of genomic breeding programs, *J. Dairy Sci.*, 92, 382-391.
- Koots, K.R., Gibson, J.P., Wilton, J.W., 1994a. Analyses of published genetic parameters for production beef traits. 1. Heritabilities. *Anim. Breed. Abstr.* 62, 309-338.
- Koots, K.R., Gibson, J.P., Wilton, J.W., 1994b. Analyses of published genetic parameter estimates for beef production traits. 2. Phenotypic and genetic correlations. *Anim. Breed. Abstr.* 62, 827-844.
- Lacy, R.C., 1989. Analysis of founder representation in pedigree: founder equivalents and founder genome equivalents. *Zoo. Biol.* 8, 111-123.
- Laloë, D., 1993. Precision and information in linear models of genetic evaluation. *Genet. Sel. Evol.*, 25, 557-576.
- Laloë, D., Phocas, F., 2003. A proposal of criteria of robustness analysis in genetic evaluation. *Livest. Prod. Sci.*, 80, 241-256.
- Lebart, L., Morineau, A. and M. Piron. 2002. Quelques méthodes de classification. Pages 145-206 in *Statistique exploratoire multidimensionnelle*. 3rd ed. Dunod, Paris, France.
- Li, M.H., Strandén, I., Kantanen, J., 2009. Genetic diversity and pedigree analysis of the Finnsheep breed. *J. Anim. Sci.*, 87, 1598-1605.
- Lutaaya, E., Misztal, I., Bertrand, K., Makey, J.W., 1999. Inbreeding in populations with incomplete pedigree. *J. Anim. Breed. Genet.*, 116, 475-480.
- Makin, D., Hill, I.D., Laeven, G. 2006. The Nelore consolidated sire summary. Rapport technique. PAINT Lagoa da Serra, Agro-Pecuaria CFM, Conexao DeltaG, Seraozinho, 48p.
- MacCluer, J.W., Van der Berg, J.L., Read, B., Ryder, O.A., 1986. Pedigree analyses by computer simulations. *Zoo. Biol.* 5, 147-160.
- Malafosse, A. 2006. Insémination animale en France – Statistiques 2005. MédIA Revue de l'UNCEIA, Paris.
- McParland, S., Kearney, J.F., Rath, M., Berry, D.P., 2007. Inbreeding trends and pedigree analysis of Irish dairy and beef cattle populations. *J. Anim. Sci.*, 85, 322-331.
- Ménissier, F., Bouix, J., 1992. L'amélioration génétique en France : le contexte et les acteurs – Les bovins et ovins producteurs de viande. INRA Prod. Anim. Hors Série « Eléments de génétique quantitative et application aux populations animales », pp. 11-23.
- Ménissier, F., Journaux, L., Laloë, D., Rehben, E., Lecomte, C., Boulesteix, I., Sapa, J., 1996. Iboval, une révolution tranquille dans l'évaluation génétique des bovins allaitants. *Renc. Rech. Ruminants*, 3, 321-324.
- Meuwissen, T.H.E., Woolliams, J.A., 1994. Effective sizes of livestock populations to prevent a decline in fitness. *Theor. Appl. Genet.*, 89, 1019-1026.
- Meuwissen, T.H.E., Luo, Z., 1992. Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genet. Sel. Evol.*, 24, 305-313.
- Miglior, F., Sullivan, P.G., Van Doormaal, B.J., 2003. Analysis of genetic groups in MACE evaluations with different time-edit on data. Paper presented at the Interbull Workshop, Roma, Italy. <http://www-interbull.slu.se/bulletins/framesida-pub.htm>. Accessed Aug. 30 2009.

- Références bibliographiques -

- Miller, S.P., 2009. Harnessing the power of genomics for beef cattle – A collaborative approach. Technical Report. Ministry of agriculture, Food and Rural Affairs, Accessible sur Internet : <http://www.omafra.gov.on.ca/english/livestock/beef/news/vbn0209a2.htm>
- Minvielle, F. 1990. Principes d'amélioration génétique des animaux domestiques. Presses de l'Université de Laval. 178p.
- Moureaux, S., Verrier, E., Ricard, A., Mériaux, J.C., 1996. Genetic variability within French race and riding horse breeds from genealogical data and blood marker polymorphism. *Genet. Sel. Evol.*, 28, 83-102.
- Moureaux, S., Boichard, D., Verrier, E., 2000. Bilan démographique et analyse de la variabilité génétique de principales races bovines laitières françaises. Actes des 7^{èmes} Renc. Rech. Ruminants. p149. Institut de l'Élevage, Paris.
- Mrode, R.A., 1996. Linear models for the prediction of animal breeding values. CAB International, Oxon, UK. 185pp.
- Neureuther, B.D., Kenyon, G.N., 2008. The impact of information technologies on the US Beef Industry's supply chain, *International Journal of Information Systems and Supply Chain Management*, 1, 48-65.
- Oden, D., 2004. Grille de pointage en race Limousine. Bovins Croissance. Intervention du 11 sept. 2004, Wasmès (Belgique).
- Office de l'Élevage, 2008. Le marché des produits laitiers, carnés et avicoles en 2008. Synthèse accessible en ligne à l'adresse : www.office-elevage.fr/publications/marche2008/pdf/Bovins/GB-MONDE.pdf
- Nomura, T., Honda, T., Mukai, F., 2001. Inbreeding and effective population size of Japanese Black cattle. *J. Anim. Sci.*, 79, 366-370.
- Pabiou, T., 2005. Répertoire des méthodes et procédures de contrôle des bovins de races à viande. Compte-Rendu 010579105. Département Génétiques, Institut de l'Élevage, Paris, 91pp.
- Patterson, H.D., Thompson, R., 1971. Recovery of interblock information when block size are unequal, *Biometrika*, 58, 545-554.
- Perez-Enciso, M., 1995. Use of the uncertain relationship matrix to compute effective population size. *J. Anim. Breed. Genet.*, 112, 327-332.
- Phocas, F., Laloë, D., 2004. Should genetic groups be fitted in BLUP evaluation? Practical answer for the French AI beef sire evaluation. *Genet. Sel. Evol.*, 36, 325-345.
- Pieramati, C., Van Vleck, L.D., 1993. Effect of genetic groups on estimates of additive genetic variance. *J. Anim. Sci.*, 71, 66-70.
- Pollak, E.J., Quaas, R.L., 1983. Definition of group effects in sire evaluation models. *J. Dairy Sci.* 66, 1503-1509.
- Poutous, M., Vissac, B., 1962. Recherche théorique des conditions de rentabilité maximum de l'épreuve sur descendance des taureaux d'insémination artificielle. *Ann. Zootech.*, 11, 233-256.
- Quaas, R.L., Pollak, E.J., 1981. Modified equations for sire models with groups. *J. Dairy Sci.*, 64, 1868-1872.
- Quaas, R.L., 1988. Additive genetic model with groups and relationships. *J. Dairy Sci.*, 71, 1338-1345.

- Quinton, M., Smith, C., Goddard, M.E., 1992. Comparison of selection methods at the same level of inbreeding. *J. Anim. Sci.* 70, 1060-1067.
- Robinson, G.K. 1986. Group effects and computing strategies for models for estimating breeding values. *J. Dairy Sci.* 69:3106-3111.
- Romagnoli, S., Schwarz, C., Leotta, R., Soldaini, G., Ott, R., Romagnoli, A., 1999. Relationships between scrotal circumference and some traits in Italian Friesian and Italian Brown bulls. *Atti della Societa Italiana di Buiatria*, 31., 253-259.
- Ron Garrido, L., Birchmeier, A.N., Munilla, S., Cantet, R.J.C., 2008. Estimation of effective population size using bivariate discrete distributions for modeling family size in beef cattle. *Livest. Sci.*, 117, 43-51.
- Rochambeau, H. de, De la Fuente, L.F., Rouvier, R., Ouhayoun, J., 1989. Sélection sur la vitesse de croissance post-sevrage chez le lapin. *Genet. Sel. Evol.*, 21, 527-540.
- Roughsedge, T., Brotherstone, S., Visscher, P.M., 1999. Quantifying genetic contributions to a dairy cattle population using pedigree analyses. *Livest. Prod. Sci.*, 60, 359-369.
- Roughsedge, T., Amer, P.R., Thompron, R., Simm, G., 2005. Genetic parameters for a maternal breeding goal in beef production. *J. Anim. Sci.*, 83, 2319-2329.
- Rueda-Sabater, C., Esteban, P.C.A., Iscar, A.M., Diez, A.L., 2004. Clustering to reduce regional heterogeneity: a Spanish case study. *J. Pop. Research.* 21, 73-92.
- Sarzaud, P., Bécherel, F., Perrot, C., 2007. Adaptations des systèmes bovins viande européens à la réforme de la PAC. Première analyse de la Beef Task Force (FEZ). *Renc. Rech. Ruminants*, 14, 445-448.
- SAS Institute, 2004. SAS & SAS/ETS software, Version 9.1. SAS Inst. Inc., Cary, NC.
- Schaeffer, L.R., 1994. Multiple country comparison of dairy sires, *J. Dairy Sci.*, 77, 2671-2678.
- Schaeffer, L.R., 2006. Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle. *J. Anim. Breed. Genet.*, 123, 218-223.
- Shepherd, R.K., Kinghorn, B.P., 1992. Optimizing multi-tier open nucleus breeding schemes. *Theor. Appl. Genet.*, 85, 372-378.
- Smith, H.F., 1936. A discriminant function for plant selection. *Ann. Eugen.*, 7, 240-250.
- Sölkner, J., Filipcic, L., Hampshire, N., 1998. Genetic variability of populations and similarity of subpopulations in Austrian cattle breeds determined by pedigree analyses. *Anim. Sci.*, 67, 249-256.
- Sonesson, A. K., Meuwissen, T.H.E, 2000. Mating schemes for optimum contribution selection with constrained rates of inbreeding. *Genet. Sel. Evol.*, 32, 231-248.
- Sorensen, A.C., Sorensen, M.K., Berg, P., 2005. Inbreeding in Danish dairy cattle breed. *J. Dairy Sci.*, 88, 1865-1875.
- Spiegelhalter, D.J., Best, N.G, Carlin, B.P., Van der Linde., A., 2002. Bayesian measures of complexity and fit. *J. Roy. Stat. Soc.* 64(4), 583-639.
- Toro, M. A., Perez-Enciso, M. 1990. Optimizing selection under restricted inbreeding. *Genet. Sel. Evol.* 22, 93-107.
- Thompson, R., Meyer, K., 1986. A review of theoretical aspects in the estimation of breeding values for multi-trait selection. *Livest. Prod. Sci.*, 15, 299-313.
- USDA, 2002 Census of Agriculture, Maps and cartographic resources. Accessible en ligne <http://www.nass.usda.gov/research/atlas02/>

- Références bibliographiques -

- Van Raden, P.L., 1992. Accounting for inbreeding and crossbreeding in genetic evaluation of large population, *J. Dairy, Sci.*, 75, 305-313.
- Van Vleck, L.D., 1990. Breeding value prediction with maternal genetic groups. *J. Anim. Sci.* 68, 3998-4013.
- Venot, E., Pabiou, T., Fouilloux, M.-N., Coffey, M., Laloë, D., Guerrier, J., Cromie, A., Journaux, L., Flynn, J., Whickham, B., 2007. Interbeef in practice: Example of a joint genetic evaluation between France, Ireland and United Kingdom for purebred Limousin weaning weights. INTERBULL Technical workshop, Paris, France. March 9-10, Bulletin no. 36, 41-47.
- Verrier, E., Colleau, J.-J., Foulley, J.-L., 1993. Long-term effects of selection based on the animal model BLUP in a finite population. *Theor. Appl. Genet.*, 87, 446-454.
- Ward, E.J. 2008. A review and comparison of four commonly used Bayesian and maximum likelihood model selection tools. *Ecological Modelling.* 211:1-10.
- Weaber, B., 2004. Crossbreeding for commercial beef production. In: Pollak, E.J., Bertrand, K., Bullock, D., Moser, D., Reecy, J., Beef sire selection manual, National Beef Cattle Evaluation Consortium, USA.
- Westell, R.A., Quaas, R.L., Van Vleck, L.D., 1988. Genetic groups in an animal model. *J. Dairy Sci.*, 71, 1310-1318.
- Zenger, K.R., Khatkar, M.S., Cavanagh, J.A.L, Hawken, R.J., Raadsma, H.W., 2006. Genome-wide genetic diversity of Holstein Friesian cattle reveals new insights into Australian and global population variability, including impact of selection. *Anim. Genet.*, 38, 7-14.

ANNEXES

ANNEXE I – Caractérisation de la diversité génétique de la métapopulation Limousine Européenne⁵

1. Introduction

Comme nous l'avons vu au chapitre 1, le contexte de la production de viande bovine est de plus en plus mondialisé et conduit dans de nombreux pays à une spécialisation des systèmes de production avec une utilisation courante du croisement. A ce titre, les races bovines allaitantes spécialisées françaises, en particulier la Charolaise et la Limousine, ont été fréquemment utilisées de par le monde en raison de leurs excellentes aptitudes bouchères. Des reproducteurs ont donc été exportés de façon régulière dans les divers pays d'élevage bovin allaitant depuis les années 1970. Dans ces pays, des populations de bovins Charolais et Limousins de race pure ont été constituées avec pour objectif de fournir des reproducteurs aux élevages de production. Les populations Charolaise et Limousine sont donc constituées d'une multitude de sous-populations géographiquement distinctes, chacune pouvant être sélectionnée selon des pratiques et des objectifs de sélection spécifiques. L'ensemble de ces sous-populations constitue une métapopulation. Bien que les populations Françaises constituent la majorité des effectifs sélectionnés, la diversité génétique globale de la métapopulation ne peut se limiter à celle de la seule population Française.

En 2005, le service Interbeef a été créé au sein de la structure Interbull pour mettre en place une évaluation génétique internationale des populations Charolaise et Limousine (Venot et al, 2007). Pour les pays Européens partenaires de ce projet, l'objectif était de décloisonner le marché des reproducteurs, limité jusqu'alors à la seule offre nationale, en donnant aux éleveurs des outils impartiaux pour élargir le choix des reproducteurs à des populations étrangères. Pour mener à bien la réalisation de ces évaluations génétiques internationales, Interbeef a collecté les généalogies et performances d'animaux Charolais et Limousins de race pure de cinq pays : le Danemark, la France, l'Irlande, la Suède et le Royaume-Uni (uniquement en race Limousine). L'information généalogique recueillie dans le cadre de ce projet a rendu possible l'évaluation de la diversité génétique qui existe entre et au sein de chacune de ces sous-populations.

L'objectif de cette étude est de décrire la structure génétique de chacune des sous-populations de bovins Limousins des pays participant au projet Interbeef et d'évaluer la diversité génétique qui existe entre les différentes populations.

2. Matériel et Méthodes

2.1. Origine des données

Les données ont été fournies par le service Interbeef (Uppsala, Suède). Elles sont extraites de la base de données utilisée pour les évaluations génétiques internationales des bovins allaitants de race Limousine. Cette base de données contient les poids au sevrage et les généalogies des veaux Limousins de race pure nés dans les élevages réalisant un contrôle de

⁵ Cette étude a été présentée au Congrès Interbull à Barcelone en Août 2009 sous le titre « Genetic structure of the European Limousin cattle metapopulation using pedigree analyses »

performances au sevrage dans cinq pays différents. Le fichier de performances inclut 1 652 734 veaux nés entre 1989 et 2008, dont 91,9% sont nés en France (FRA), 4,9% au Royaume-Uni (UK), 1,8% au Danemark (DNK), 0,9% en Suède (SWE) et 0,5% en Irlande (IRL). Les populations analysées représentent environ 20% de l'ensemble de la population de race pure Limousine en Irlande (T. Pabiou, communication personnelle), 14% en France (Guerrier, 2007), 8% au Danemark (A. Fogh, communication personnelle) et 5% au Royaume-Uni (K. Moore, communication personnelle). Cette proportion n'est pas connue en Suède (J.A. Eriksson, communication personnelle).

Après homogénéisation des identifiants des animaux selon un numéro unique codé sur 19 caractères (Pabiou et al., 2007), les pedigrees des cinq pays ont été regroupés en un seul fichier de généalogies en éliminant les généalogies redondantes. Ce fichier de généalogies global inclut 2 409 659 animaux dont 82,5% proviennent de France, 11,1% du Danemark, 4,9% du Royaume-Uni, 0,8% d'Irlande et 0,7% de Suède.

2.2. Analyse démographique et connaissance des pedigrees

Dans cette étude, toutes les analyses de pedigrees ont été réalisées à l'aide du logiciel Pedig (Boichard, 2002). Dans chaque pays, la population de référence considérée pour les analyses comprend tous les animaux nés entre 2004 et 2008 avec deux parents connus.

Pour chaque sous-population, une analyse démographique a permis de caractériser l'évolution du nombre de veaux contrôlés au sevrage et les flux de gènes qui existent entre et au sein de chaque sous-population.

La connaissance des généalogies a été appréciée par le nombre d'équivalents générations complètes (EG) (cf. chapitre 2, § 3.2.2). Enfin, la proportion d'ancêtres connus à chaque génération a été calculée pour comparer la profondeur moyenne des pedigrees des veaux de chaque sous-population. Pour chaque sous-population, ces deux analyses ont été réalisées en considérant successivement l'ensemble des fichiers de généalogies disponibles et le seul fichier de pedigree national. Cela nous a permis de quantifier le gain en terme de connaissance des généalogies qui résulte de la fusion des cinq fichiers nationaux.

2.3. Diversité génétique d'une population subdivisée et analyses de pedigree

Les méthodes de caractérisation de la diversité génétique présentées au paragraphe 3.2 du chapitre 2 sont applicables dans le cas d'une population homogène. La diversité génétique au sein de chaque sous-population Européenne a donc été appréciée par l'étude de l'évolution du coefficient de consanguinité, le calcul de l'effectif génétique et enfin l'étude des statistiques de probabilité d'origine des gènes.

La caractérisation de la structure génétique d'une métapopulation constituée de plusieurs entités géographiquement éloignées est plus complexe. En effet, dans le cas où les flux de gènes se font uniquement intra sous-population, un phénomène de différenciation génétique se produit entre sous-populations du fait des pertes aléatoires d'allèles qui surviennent au fil des générations et affectent différemment chacune des sous-populations. Les flux de gènes entre sous-populations atténuent ce phénomène de différenciation génétique par un brassage des allèles dans l'ensemble de la population.

L'étude du taux d'accroissement de la consanguinité dans la métapopulation et au sein de chacune des sous-populations ne rend pas compte de la différenciation génétique qui s'opère entre sous-populations. Pour traiter de ces questions de variabilité intra- et entre sous-populations, Wright (1969) a alors introduit l'utilisation de trois statistiques, plus connues sous le nom de F-statistiques, pour apprécier la diversité génétique dans une population présentant une structuration spatiale. Ces trois statistiques, F_{IT} , F_{IS} et F_{ST} , sont reliées par la formule :

$$(1-F_{IT}) = (1-F_{IS})(1-F_{ST}) \quad (3.1)$$

Le paramètre F_{IS} représente le déficit d'hétérozygotes observé dans une sous-population en écart aux proportions attendues dans une population idéale en équilibre de Hardy-Weinberg. Le paramètre F_{IT} représente le déficit d'hétérozygotes observé dans l'ensemble de la métapopulation en écart aux proportions attendues dans une population idéale en équilibre de Hardy-Weinberg. Enfin, le paramètre F_{ST} représente le degré de différenciation génétique entre deux sous-populations. La formule (3.1) permet donc de séparer dans la structure génotypique d'une métapopulation ce qui revient à la structure spatiale en sous-populations différenciées (F_{ST}) et ce qui revient aux effets internes propres aux sous-populations (F_{IS}) (Henry et Gouyon, 1999).

Ces trois statistiques peuvent être estimées à partir d'analyses de pedigree (Caballero et Toro, 2002) d'après les formules :

$$F_{IT} = \frac{\tilde{F} - \bar{f}}{1 - \bar{f}}, \quad F_{IS} = \frac{\tilde{F} - \tilde{f}}{1 - \tilde{f}}, \quad F_{ST} = \frac{\tilde{f} - \bar{f}}{1 - \bar{f}}$$

où \tilde{F} est le coefficient de consanguinité moyen de la métapopulation, \tilde{f} est la moyenne des coefficients d'apparentement intra-population et \bar{f} est le coefficient d'apparentement moyen entre tous les individus de deux populations différentes.

Les statistiques de Wright n'ont été jusqu'à présent utilisées que pour apprécier l'évolution de la structure génétique de métapopulations de petite taille (<1800 individus) d'espèces bovines (Nomura et al., 2001), ovines (Alvarez et al., 2008), équines (Cervantes et al., 2008) et asines (Gutierrez et al., 2008). En effet, les calculs de coefficients d'apparentement sont coûteux en temps CPU et en mémoire informatique. Cette méthode n'a donc pas pu être appliquée à la métapopulation Limousine en raison des effectifs trop importants d'animaux à analyser dans la population française mais aussi du nombre élevé de générations connues dans les pedigrees.

Ainsi, pour caractériser la diversité génétique entre sous-populations, nous avons privilégié une étude fine des contributions génétiques des ancêtres ayant le plus largement diffusé dans chaque sous-population. Nous nous sommes concentrés sur les ancêtres principaux qui expliquent 50% de l'origine des gènes des populations de référence de chaque sous-population. Pour apprécier la diversité ou la proximité génétique entre deux sous-populations, nous avons tout d'abord calculé le nombre d'ancêtres communs parmi les ancêtres principaux expliquant 50% de l'origine des gènes de deux sous-populations différentes.

Toutefois, ce critère n'est pas suffisant pour apprécier la diversité qui existe entre populations. En effet, on pourrait imaginer une situation dans laquelle les ancêtres principaux de deux sous-populations différentes ne sont pas les mêmes mais sont fortement apparentés. Par

conséquent, le coefficient d'apparementement entre les ancêtres principaux expliquant 50% de l'origine des gènes dans deux populations différentes a été calculé.

3. Résultats et discussion

3.1. Analyses démographiques

Pour chaque sous-population, les évolutions du nombre de veaux contrôlés au sevrage et du nombre moyen de veaux contrôlés par troupeau sont représentées respectivement en figures 1 et 2.

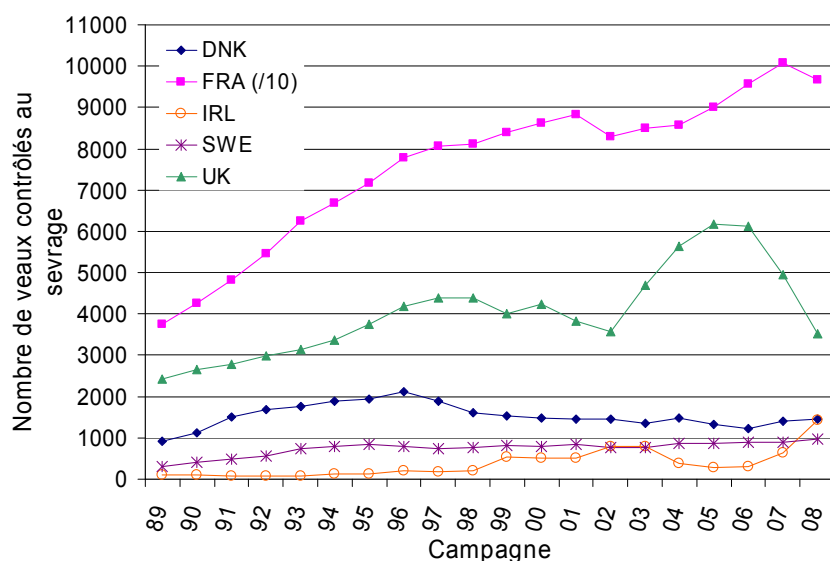


Figure 1. Evolution du nombre de veaux contrôlés au sevrage dans chaque pays entre 1989 et 2008 (Pour des raisons d'échelle, le nombre de veaux contrôlés en France a été divisé par 10).

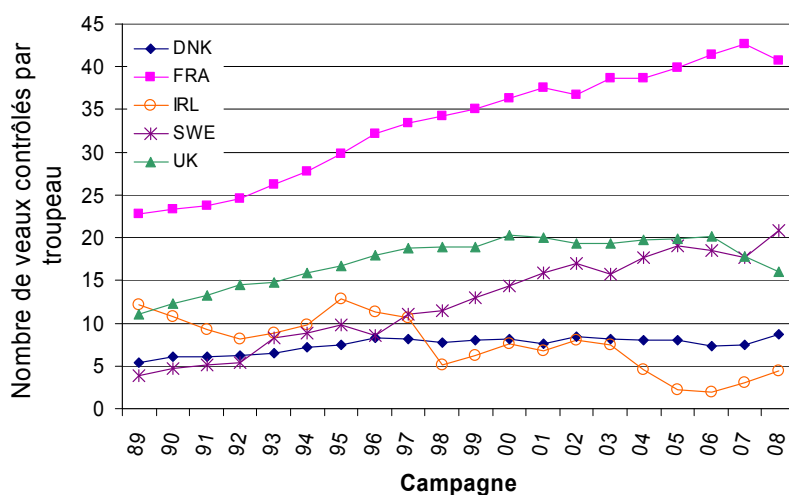


Figure 2. Evolution du nombre de veaux contrôlés au sevrage par troupeau entre 1989 et 2008

Depuis 1989, le nombre de veaux Limousins contrôlés au sevrage a augmenté en France, principalement en raison d'une hausse du nombre moyen de veaux contrôlés par troupeau. En Suède, le nombre de veaux contrôlés au sevrage est resté constant depuis le

milieu des années 1990 alors que le nombre d’animaux contrôlés par élevage a clairement augmenté. Le nombre de veaux contrôlés au Royaume-Uni a progressivement augmenté jusqu’au milieu des années 1990 pour atteindre un pic en 2005-2006. Cette augmentation est due principalement à l’augmentation du nombre d’élevages réalisant un contrôle des performances. En effet, dans ce pays, le nombre de veaux contrôlés par élevage est resté constant sur cette période. Au Danemark, le nombre de veaux contrôlés a légèrement diminué depuis 1996 en raison d’une diminution du nombre d’élevages réalisant un contrôle des performances au sevrage. Enfin, le nombre d’animaux contrôlés au sevrage en Irlande a fluctué entre 1995 et 2005 et est en forte augmentation depuis 2006. Au Danemark et en Irlande, le nombre moyen de veaux contrôlés par élevage est très faible (<10). Ces faibles nombres s’expliquent par le contrôle non systématique de l’ensemble des veaux au moment du sevrage et la présence de nombreux animaux croisés dont les performances ne sont pas prises en compte pour la réalisation de l’évaluation génétique internationale.

3.2. Flux de gènes entre populations

Le tableau 1 présente la proportion de veaux Limousins nés dans chaque sous-population en fonction de la nationalité de son père. La population Limousine Française est très fermée dans la mesure où 100% des taureaux utilisés dans les élevages Français sont nés en France. De nombreux flux de gènes sont observés à l’intérieur de cette population avec notamment l’existence d’un noyau de sélectionneurs spécialisés dans la vente de taureaux de MN qui diffuse à hauteur de 70% dans le reste de la base de sélection (cf. chapitre 2, § 2.3).

Tableau 1. Proportion (%) de veaux nés dans chaque pays en 2008 en fonction de la nationalité de son père

	Pays de naissance du père					
	DNK	FRA	IRL	SWE	UK	Autres
DNK	77	22	0	0	0	1
Pays de naissance du veau	FRA	0	100	0	0	0
	IRL	0	50	49	0	1
	SWE	1	4	0	94	1
	UK	0	23	0	0	77

Dans les années 1970 et 1980, le principal émetteur de génétique Limousine était la France. A cette époque, quelques flux de gènes étaient réalisés entre le Danemark et la Suède. En 1989, 11% des veaux Danois avaient un père Suédois et 11% des veaux Suédois avaient un père Danois (résultats non présentés). En 2008, la France exporte toujours une proportion non négligeable de taureaux de MN et de semences dans chaque autre pays, à l’exception de la Suède (Tableau 1). En dehors des exportations françaises de génétique Limousine, les échanges de reproducteurs de MN et de semences de taureaux d’IA sont très limités entre pays, particulièrement sur la dernière décennie. Les flux de vaches et d’embryons entre pays sont beaucoup plus limités que ceux de taureaux et de semences (résultats non présentés).

3.3. Connaissance des pedigrees

Les nombres d'équivalents générations complètes (EG) sont présentés dans le tableau 2 pour les veaux nés entre 2004 et 2008 dans chaque sous-population. Ils ont été calculés en utilisant successivement le fichier de pedigrees disponibles dans chaque pays et l'ensemble des fichiers de généalogies.

Tableau 2. Nombre d'équivalents générations connus dans le pedigree des veaux nés entre 2004 et 2008

Pays	Fichier de pedigree national	Ensemble des fichiers de généalogies
DNK	5.6	7.3
FRA	6.9	6.9
IRL	5.2	6.5
SWE	6.3	7.5
UK	6.8	7.5

Même en étant appréciée à partir des seuls pedigrees disponibles dans le pays considéré, la connaissance des généalogies est bonne dans les cinq pays étudiés (EG>5). Cette connaissance est la meilleure en France lorsque l'on utilise uniquement les fichiers de pedigrees nationaux. Parce que les importations de génétique Limousine en France sont négligeables, la prise en compte de l'ensemble des généalogies ne permet pas d'augmenter le nombre d'EG connus pour les veaux contrôlés entre 2004 et 2008. Dans les autres pays, la prise en compte de l'ensemble des fichiers de pedigree permet d'améliorer notablement le degré de connaissance des généalogies (entre 0,7 et 1,7 EG respectivement pour le Royaume-Uni et le Danemark).

Toutefois, l'amélioration de la connaissance des généalogies n'est effective qu'à partir de la 4^{ème} génération pour les veaux Irlandais et de la 5^{ème} génération pour les veaux Britanniques, Danois et Suédois (Figure 3). La prise en compte des pedigrees Français n'apporte donc qu'une information généalogique relativement ancienne.

La connaissance des trois premières générations de généalogies est presque exhaustive pour les veaux contrôlés dans les élevages Britanniques, Danois et Suédois (Figure 3). Dans ces trois sous-populations, la connaissance des pedigrees est meilleure que celle de la sous-population Française lorsque l'ensemble des fichiers de pedigrees est pris en compte dans l'analyse. Toutefois, il faut rappeler que la connaissance des généalogies est relativement hétérogène dans la population Française : le nombre d'EG des veaux nés entre 2004 et 2008 dans les élevages du noyau MN était de 7,9 contre 6,8 pour les veaux nés dans les élevages de production (cf. chapitre 2, § 4.2.1). La connaissance des pedigrees des veaux des populations Limousines du Danemark, de Suède et du Royaume-Uni est donc très similaire à celle du noyau des élevages de sélection Français.

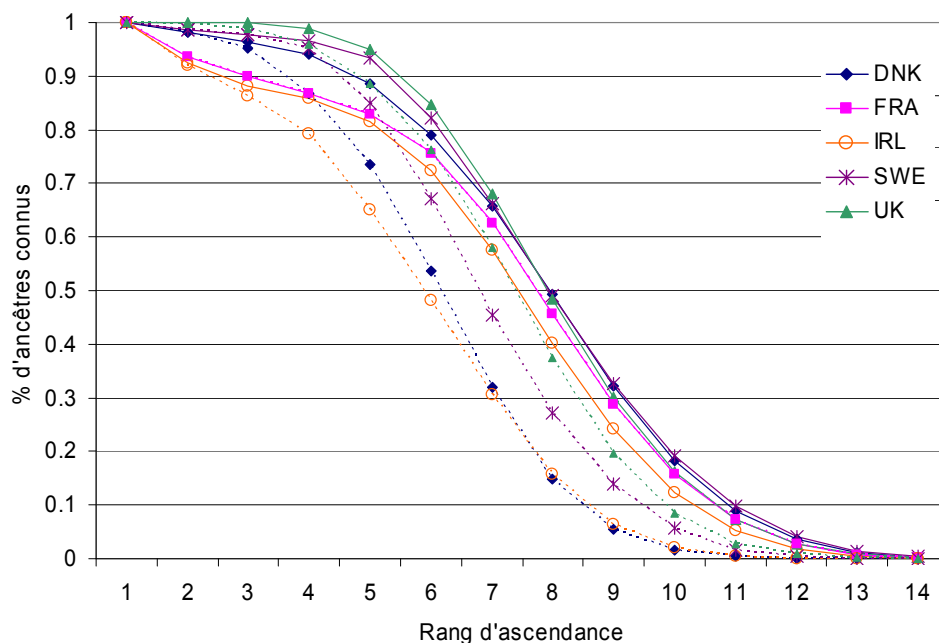


Figure 3. Pourcentage d'ancêtres connus en fonction du rang d'ascendance des veaux de chaque population de référence en utilisant l'ensemble des fichiers de généalogies (trait continu) ou le seul fichier de pedigrees national (trait pointillé)

3.4. Analyse des contributions génétiques des ancêtres.

3.4.1. Origine des fondateurs

Pour chaque sous-population Limousine, la proportion de fondateurs nés en France a été estimée. Cette proportion a été déterminée pour les cohortes de veaux nés entre 1989 et 2008 et est présentée en figure 4.

La population Limousine Française est très fermée ; il n'est donc pas étonnant de noter que la totalité des fondateurs des veaux Limousins nés entre 1989 et 2008 provient de France. Dans les autres sous-populations Européennes, la proportion de fondateurs nés en France est restée relativement stable et élevée en Irlande et au Royaume-Uni (environ 90-95%), a augmenté au Danemark de 76% à 89% et a décliné en Suède de 85% à 71%. Par conséquent, même dans les populations dans lesquelles les importations de génétique française sont très limitées sur la dernière décennie (Suède, Danemark), la majorité des fondateurs est née en France. Cela souligne la bonne connaissance des pedigrees dans chaque sous-population qui permet de remonter les généalogies jusqu'à la population fondatrice française.

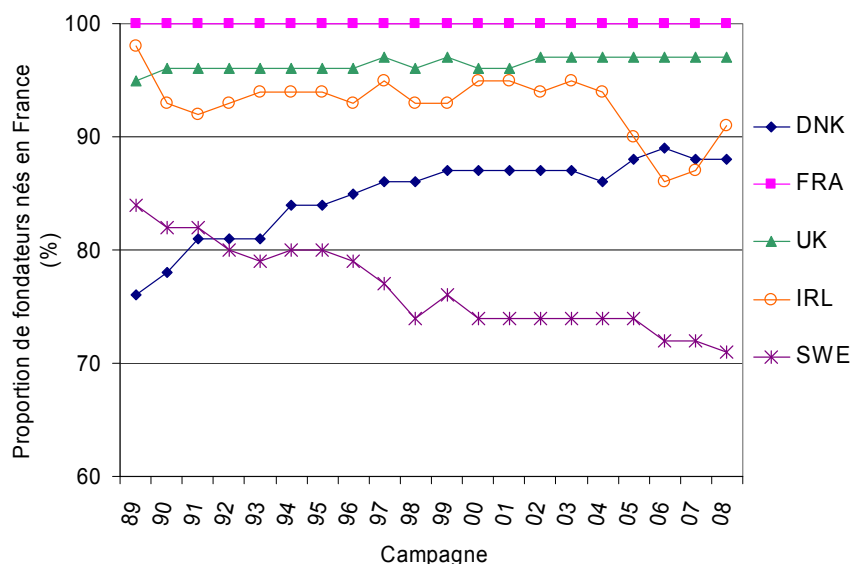


Figure 4. Proportion de fondateurs Français dans le pedigree des veaux nés entre 1989 et 2008 dans chaque sous-population Européenne

Dans la population Suédoise, la proportion de fondateurs nés en Amérique du Nord (Etats-Unis, Canada) est en constante augmentation depuis 1999 pour atteindre 15% en 2008 (résultats non présentés). Cette augmentation est due à l'utilisation de quelques taureaux Canadiens et Américains aux généalogies relativement courtes pour procréer des taureaux ensuite diffusés plus largement dans la population Suédoise.

3.4.2. Diversité génétique intra-populations

Le tableau 3 présente les statistiques dérivées des probabilités d'origine des gènes pour les veaux nés entre 2004 et 2008 dans chaque sous-population étudiée. Ces statistiques ont été calculées en considérant l'ensemble des fichiers de pedigrees disponibles. Dans les cinq populations, le nombre de fondateurs efficaces (F_e) est beaucoup plus faible que le nombre total de fondateurs ce qui indique que les contributions génétiques des fondateurs sont très déséquilibrées.

Le ratio F_a / F_e est relativement faible (de 0,28 à 0,37) et indique l'existence de goulets d'étranglement qui diminuent la diversité génétique au sein de chaque sous-population analysée. Ce ratio est toutefois supérieur à celui reporté pour des populations laitières dont la connaissance des généalogies est comparable (Sorensen et al., 2005). La principale conséquence de ces goulets d'étranglement est une réduction du nombre d'ancêtres importants dont les contributions génétiques augmentent. Ainsi, en France, les dix premiers ancêtres principaux expliquent à eux seuls environ 20% de l'origine des gènes des veaux de la base de sélection. Les dix ancêtres principaux des veaux contrôlés au Danemark, en Irlande, en Suède et au Royaume-Uni expliquent environ 25% de l'origine des gènes (Tableau 3).

Tableau 3. Nombres efficaces de fondateurs (F_e), d'ancêtres (F_a) et de génomes fondateurs (N_g) et contributions génétiques des 10 ancêtres principaux (C_{10}) de chaque sous population Européenne de veaux mâles nés entre 2004 et 2008.

Pays	Population de référence	Nombre de fondateurs	F_e	F_a	N_g	C_{10}
DNK	3 360	2 495	310	92	48	25%
FRA	217 606	43 064	468	156	89	20%
IRL	1 745	3 261	395	110	60	23%
SWE	2 213	1 520	274	77	39	27%
UK	13 237	4 098	232	86	48	26%

Le ratio N_g / F_a permet d'apprécier les effets de la dérive génétique dans chacune des populations, de faibles valeurs indiquant une forte dérive génétique. Dans chacune des sous-populations, le ratio N_g / F_a est d'environ 57-58% en considérant la population des veaux nés entre 1999 et 2003 (résultats non présentés). Cinq années plus tard, c'est-à-dire approximativement une génération plus tard, ce ratio est égal à 57% en France, 56% au Royaume-Uni, 55% en Irlande, 52% au Danemark et enfin 51% en Suède. Les effets de la dérive génétique se révèlent donc plus importants dans les plus petites sous-populations (<1 500 veaux contrôlés par an), notamment celles du Danemark et de Suède. En effet, dans ces deux dernières sous-populations, les faibles importations de reproducteurs ou de semences de l'étranger sont un facteur propice à la dérive génétique.

Les effets de la dérive génétique semblent moins marqués dans la population Irlandaise malgré sa petite taille et l'existence de goulets d'étranglement relativement marqués ($F_a/F_e=28\%$). Dans cette population, les importations fréquentes de reproducteurs et de semences de France assurent le maintien d'un certain niveau de diversité génétique. Ces résultats sont cohérents avec ceux de McParland et al. (2007) qui ont réalisé une analyse de pedigrees de la population Limousine Irlandaise à partir des seuls pedigrees Irlandais.

3.4.3. Diversité génétique entre populations

Pour apprécier la diversité génétique entre sous-populations, une analyse détaillée des ancêtres principaux qui expliquent 50% de l'origine des gènes des populations de référence de chaque pays a été réalisée (Tableau 4).

Les populations Britannique, Française et Irlandaise présentent un nombre non négligeable d'ancêtres majeurs en commun parmi ceux qui expliquent 50% de l'origine des gènes dans leur population de référence respective. Par exemple, parmi les 40 ancêtres majeurs identifiés dans la population Irlandaise, 17 figurent également dans les ancêtres majeurs de la population française. Ces ancêtres en commun sont généralement des taureaux d'IA Français nés dans les années 1990 dont les semences ont été exportées.

En dehors de ce cas précis, le nombre d'ancêtres ayant diffusé largement dans plusieurs populations est plus limité. Ces quelques ancêtres sont généralement des taureaux d'IA populaires ou des fondateurs historiques de la race qui ont diffusé largement via leurs descendants. Les populations Limousines Danoise et Suédoise présentent particulièrement peu d'ancêtres importants en commun avec les populations Française, Britannique et Irlandaise.

Tableau 4. Nombre d'ancêtres majeurs expliquant 50% de l'origine des gènes dans chaque pays (sur la diagonale), nombre d'ancêtres en commun entre les ancêtres majeurs expliquant 50% de l'origine des

gènes dans deux pays différents (au dessus de la diagonale) et coefficient d'apparement entre ancêtres principaux non communs entre deux populations différentes (en dessous de la diagonale)

	DNK	FRA	IRL	SWE	UK
DNK	36	9	5	3	4
FRA	0,5%	80	17	3	13
IRL	0,4%	0,5%	40	3	11
SWE	0,3%	0,2%	0,2%	27	1
UK	0,4%	0,2%	0,6%	0,2%	44

Dans tous les pays, à l'exception de la Suède, une proportion élevée des ancêtres principaux expliquant 50% de l'origine des gènes est née en France. Par exemple, au Royaume-Uni, parmi les 44 ancêtres principaux qui expliquent 50% des gènes de la population des veaux nés entre 2004 et 2008, 38 ancêtres étaient nés en France (résultats non présentés). Ces ancêtres sont généralement des taureaux qui ont été exportés pour être ensuite utilisés par IA. Les ancêtres principaux de la population Limousine Suédoise présentent une plus grande diversité d'origines géographiques. En effet, parmi les 27 ancêtres qui expliquent 50% de l'origine des gènes, trois sont nés au Canada, six au Danemark, deux en Finlande, neuf en France, un au Luxembourg et six en Suède.

Parmi les ancêtres principaux qui expliquent 50% de l'origine des gènes au Danemark, en Irlande, en Suède et au Royaume-Uni mais qui ne sont pas représentés parmi les ancêtres principaux de la population Française, très peu (de 0 à 3) ont été détectés comme ayant une contribution génétique supérieure à 1/10 000 dans la population Française actuelle. Ce résultat signifie que les ancêtres qui ont largement diffusé dans les populations Britannique, Danoise, Irlandaise et Suédoise ont peu diffusé dans la base de sélection Française.

Quel que soit le couple de sous-populations considéré, les coefficients d'apparement entre les ancêtres majeurs non communs entre ces deux populations sont très faibles (<0,6%). Les ancêtres majeurs de la population Suédoise sont particulièrement peu apparementés (0,2%) aux ancêtres majeurs des autres sous-populations étudiées (Tableau 4). Le faible apparement entre les ancêtres majeurs des différentes sous-populations Européennes est un gage de diversité génétique.

4. Conclusion

Cette étude permet d'apprécier, à l'aide d'analyses de pedigree et d'indicateurs simples dérivés des contributions génétiques des ancêtres principaux, le niveau de diversité génétique de cinq sous-populations de race pure Limousine sélectionnées en Europe. Une diminution de la diversité génétique est constatée au sein de chaque sous-population en raison des effets des goulets d'étranglement liés à l'utilisation de l'IA. Les effets de la dérive génétique réduisent également le niveau de diversité génétique des plus petites populations important peu de génétique de l'étranger (Danemark, Suède). Toutefois, la subdivision de la métapopulation Limousine et les flux modérés de gènes entre sous-populations ont permis le maintien d'un certain niveau de diversité génétique entre sous-populations.

Ainsi, à l'exception de la population Irlandaise qui importe une quantité importante de génétique Française, les sous-populations Britanniques et surtout Danoises et Suédoises

présentent des structures génétiques relativement différentes de celle de la base de sélection Française. Ce résultat peut être intéressant pour la gestion de la variabilité génétique de la base de sélection Limousine Française. En effet, les statistiques dérivées des probabilités d'origine des gènes indiquent que la diversité génétique de cette population se réduit au fil des générations, bien que les effets de cette réduction de diversité ne semblent aujourd'hui pas sévères (cf. chapitre 2, § 4.2.2). L'existence de sous-populations Limousines étrangères présentant une structure génétique différente de celle de la population française peut constituer une opportunité pour réintégrer de la diversité génétique. Ce résultat souligne donc l'intérêt de la mise en place d'une évaluation génétique internationale qui permettrait d'élargir le choix des reproducteurs à des populations aux origines génétiques différentes.

Références Bibliographiques

- Alvarez, I., Royo, L.J., Guttierrez, J.P., Fernandez, I., Arranz, J.J., Goyache, F., 2008. Relationship between genealogical and microstellite information characterising losses of genetic variability: empirical evidence from the rare Xalda sheep breed, *Livest. Sci.*, 115, 80-88.
- Boichard D., Maignel L., Verrier V., 1996. Analyse généalogique des races bovines laitières françaises. *INRA Prod. Anim.*, 9, 323-335.
- Boichard D., Maignel L., Verrier V., 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genet. Sel. Evol.*, 29, 5-23.
- Boichard, D., 2002. Pedig: a Fortran package for pedigree analysis suited to large populations. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Montpellier, paper 28-13.
- Caballero, A., Toro, M.A., 2000. Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. *Genet. Res.*, 75, 331-343.
- Caballero, A., Toro, M.A., 2002. Analysis of genetic diversity for the management of conserved subdivided populations, *Conservation Genetics*, 3, 289-299.
- Cervantes, I., Molina, A., Goyache, F., Guttierrez, J.P., Valera, M., 2008. Population history and genetic variability in the Spanish Arab Horse assessed via pedigree analysis. *Livest. Sci.*, 113, 24-33.
- Guerrier, J., 2007. Résultats du contrôle de performance des bovines allaitants. *Compte rendu n° 010677003*, Département Génétique, Institut de l'Élevage.
- Guttierrez, J.P., Marmi, J., Goyache, F., Jordana, J., 2005. Pedigree information reveals moderate to high levels of inbreeding and a population genetic structure in the Catalanian donkey breed. *J. Anim. Breed. Genet.*, 122, 378-386.
- Henry, J.-P., Gouyon, P.-., 1999. Précis de génétique des populations. Chapitre A- Principales notions de génétique des populations. Ed. Masson, Paris, 186p.
- James, J., 1972. Computation of genetic contributions from pedigrees. *Theor. Appl. Genet.*, 42, 272-273.
- Lacy, R.C., 1989. Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and founder genome equivalents. *Zoo Biol.* 8, 111-123.
- McCluer, J.W., Van de Berg, J.L., Read, B., Ryder, O.A., 1986. Pedigree analysis by computer simulation. *Zoo Biol.*, 5, 147-160.
- McParland, S., Kearney, J.F., Rath, M., Berry, D.P., 2007. Inbreeding trends and pedigree analysis of Irish dairy and beef cattle populations. *J. Anim. Sci.*, 85, 322-331.
- Nomura, T., Honda, T., Mukai, F., 2001. Inbreeding and effective population size of Japanese Black cattle. *J. Anim. Sci.*, 79, 366-370.

- Annexes -

Pabiou, T., Venot, E., Guerrier, J., 2007. Data exchange for international beef evaluations. INTERBULL Technical workshop, Paris, France. March 9-10, Bulletin no. 36, 49-56.

Sorensen, A.C., Sorensen, M.K., Berg, P., 2005. Inbreeding in Danish dairy cattle breed. J. Dairy Sci., 88, 1865-1875.

Venot, E., Pabiou, T., Fouilloux, M.-N., Coffey, M., Laloë, D., Guerrier, J., Cromie, A., Journaux, L., Flynn, J., Whickham, B., 2007. Interbeef in practice: Example of a joint genetic evaluation between France, Ireland and United Kingdom for purebred Limousin weaning weights. INTERBULL Technical workshop, Paris, France. March 9-10, Bulletin no. 36, 41-47.

Wright, S., 1969. Evolution and the genetics of populations, Vol. 2, The theory of gene frequencies. The University of Chicago press, Chicago, USA.

ANNEXE II – Conduite d'élevage des éleveurs producteurs et sélectionneurs dans chacune des 14 régions d'élevage Charolais

Tableau 1. Quelques caractéristiques de la conduite d'élevage des éleveurs producteurs (P) et sélectionneurs (S) selon la région d'élevage considérée sur la campagne 2005

Type d'élevage	Mise à la reproduction des femelles						Taux de veaux nés d'IA					
	Parité moyenne		% de vêlages < 30 mois		% vêlages 34-39 mois		0%		1 - 50%		>50%	
	P	S	P	S	P	S	P	S	P	S	P	S
Allier	3,7	3,6	10	3	76	83	23	14	68	79	9	6
Bretagne	3,2	3,3	13	11	56	56	8	0	60	100	32	0
Cher	3,6	3,6	3	1	79	90	32	15	62	81	6	4
Cotdor	3,5	3,4	4	4	81	78	12	17	71	78	17	6
Crindre	3,8	3,8	5	2	74	79	26	13	68	83	6	4
Sud	3,5	3,4	5	2	70	78	10	6	67	88	23	6
Dsevres	3,2	3,6	24	3	52	73	10	4	58	96	32	0
Est	3,4	3,4	6	6	75	76	6	8	56	64	38	28
Nièvre	3,7	3,7	3	3	83	81	27	12	64	82	9	6
Normandie	3,3	3,2	8	7	64	84	9	0	68	50	22	50
Pdome	3,7	3,6	2	1	80	76	8	0	75	70	17	30
Rhonalp	3,4	3,5	6	1	73	83	5	8	38	75	57	17
Saonel	3,6	3,6	4	2	77	82	27	16	60	82	13	2
Vendée	3,2	3,3	13	5	61	61	7	5	71	82	22	13

Les grandes différences de conduite d'élevage concernant la mise à la reproduction des femelles sont avant tout régionales. Dans le berceau de race, les régions du Centre de la France et le Puy de Dôme, la carrière reproductrice des vaches est plus longue (3,6 à 3,7 veaux / vache) que la moyenne nationale (3,4 veaux / vache) et les vêlages des génisses sont centrés autour de 36 mois. Ces caractéristiques ont peu évolué dans le temps. Dans les élevages du Grand Ouest, les vaches ont des carrières reproductrices plus courtes que la moyenne (3,2 à 3,3 veaux par vache). La mise à la reproduction des génisses est différente entre élevages de sélection et de production. La pratique de vêlage précoce (avant 30 mois) s'est répandue chez les producteurs depuis la fin des années 1980 mais ne s'est pas développée dans les élevages sélectionneurs. Dans les régions Est et Rhône-Alpes, le nombre de veaux par vache est proche de la moyenne nationale (3,4 veaux par vache) et la mise à la reproduction des génisses, avec peu de vêlages précoces, est similaire entre sélectionneurs et producteurs.

Les grandes différences concernant l'utilisation de l'IA sont aussi principalement régionales. Cependant, l'utilisation de l'IA est en moyenne plus importante dans les élevages producteurs (36%) que sélectionneurs (14%). Il est intéressant de noter que la proportion d'élevages n'utilisant pas du tout l'IA est plus élevée chez les producteurs (25-30%), tout comme la proportion d'élevages utilisant fortement l'IA. La proportion de sélectionneurs utilisant uniquement la monte naturelle est relativement faible. La réalisation systématique de quelques inséminations traduit une volonté de connexion au reste de la population pour les évaluations génétiques.

ANNEXE III – Quantification des hétérogénéités de variances des performances en ferme

I) Estimation des composantes de variance en modèle IBOVAL hétéroscédastique

Les composantes de variance ont été estimées dans un modèle hétéroscédastique dans lequel une variance résiduelle a été estimée pour chaque région. Les variances résiduelles régionales moyennes estimées pour le DM et le DS sur dix échantillons de 300 élevages sont présentées respectivement en figure 1 et 2. Les variances estimées pour le PN et le P210 sont présentées respectivement en figure 3 et 4. Pour les deux notes de morphologie, la variabilité des variances résiduelles régionales (79,7 points² pour le DM et 54,5 points² pour le DS) est proche de la variabilité due à l'échantillonnage (80,0 points² pour le DM et 54,5 points² pour le DS). Pour le P210, la variabilité des variances résiduelles régionales (97,7 kg²) est significativement plus forte que la variabilité due à l'échantillonnage (67,7 kg²).

Pour le DS et le DM, le critère d'Akaike indique pour chacun des dix échantillons étudiés que l'ajustement aux données du modèle hétéroscédastique est meilleur que celui du modèle à variance constante (résultats non présentés). Pour le DM, le DS et le PN, les variances résiduelles estimées pour les régions du berceau de race et du Centre de la France sont significativement plus faibles que la moyenne des variances résiduelles régionales alors que celles des régions Normandie, Bretagne et Rhône-Alpes sont significativement supérieures à cette moyenne. Au contraire, sur le P210 (cf. Figure 4), les variances résiduelles estimées dans les régions du berceau de race, de Vendée et des Deux-Sèvres sont significativement plus élevées que la moyenne des variances résiduelles régionales.

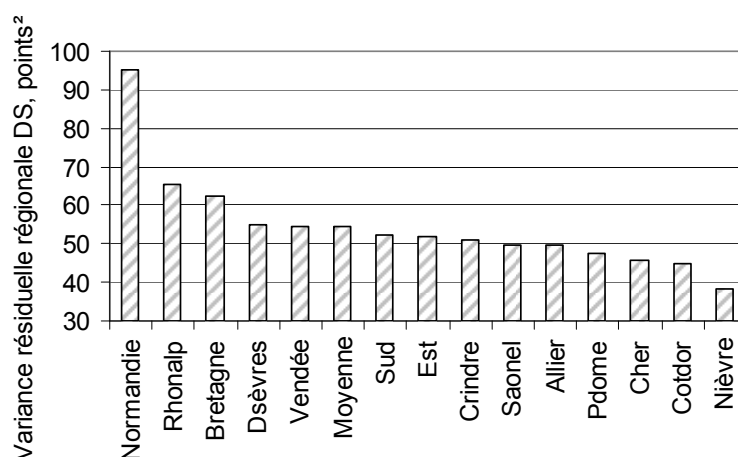


Figure 1. Variances résiduelles régionales estimées sur a) le développement musculaire (DM) pour 10 échantillons de 300 élevages représentatifs de la base de sélection Charolaise

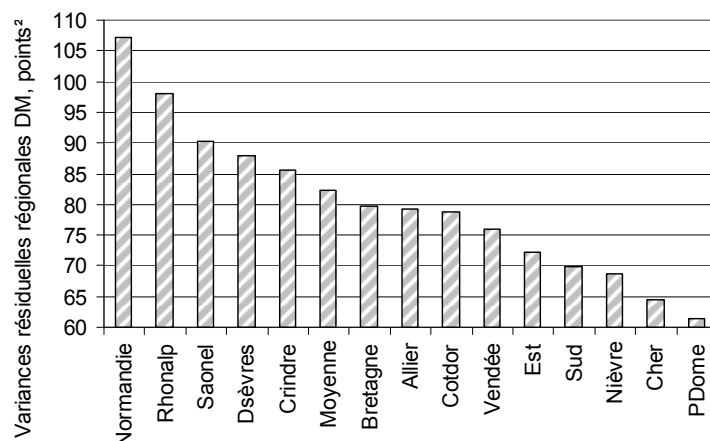


Figure 2. Variations résiduelles régionales estimées sur le développement squelettique (DS) pour 10 échantillons de 300 élevages représentatifs de la base de sélection Charolaise

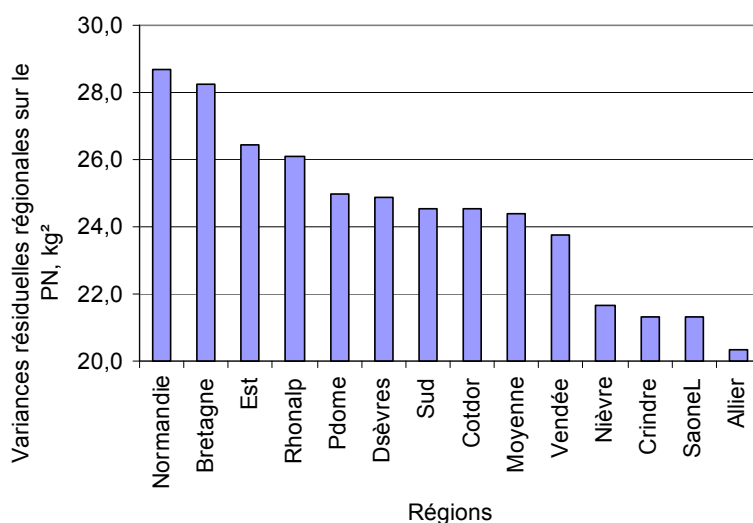


Figure 3. Variations résiduelles moyennes sur le poids à la naissance (PN) estimées sur 10 échantillons de 300 élevages représentatifs de la population charolaise inscrite au VA4.

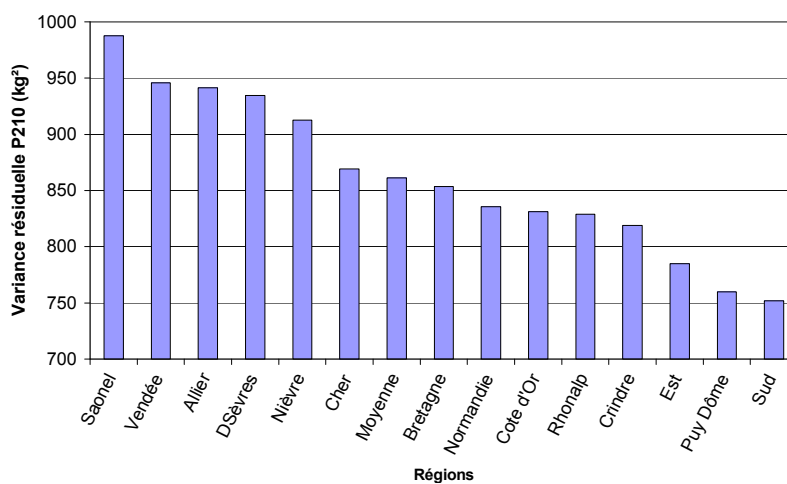


Figure 4. Variations résiduelles moyennes sur le poids au sevrage (P210) estimées sur 10 échantillons de 300 élevages représentatifs de la population charolaise inscrite au VA4.

II) Mise en évidence de différences de variance intra-régions

Pour définir une hétéroscédasticité résiduelle à la seule échelle régionale, il est indispensable de vérifier que tous les élevages d'une même région présentent une variabilité des performances similaire. En effet, une forte variance résiduelle régionale peut cacher une forte hétérogénéité de la variance des performances entre plusieurs groupes d'élevages. Pour déterminer l'origine des différences régionales de variance résiduelle, les variances phénotypiques ont été analysées intra-troupeau pour les quatre caractères en distinguant élevages de production et de sélection des noyaux MN et IA. Les variances intra-troupeau au sein de chaque région sont représentées pour le DM, le DS et le PN et le P210 respectivement en figures 5a, 5b, 5c et 5d.

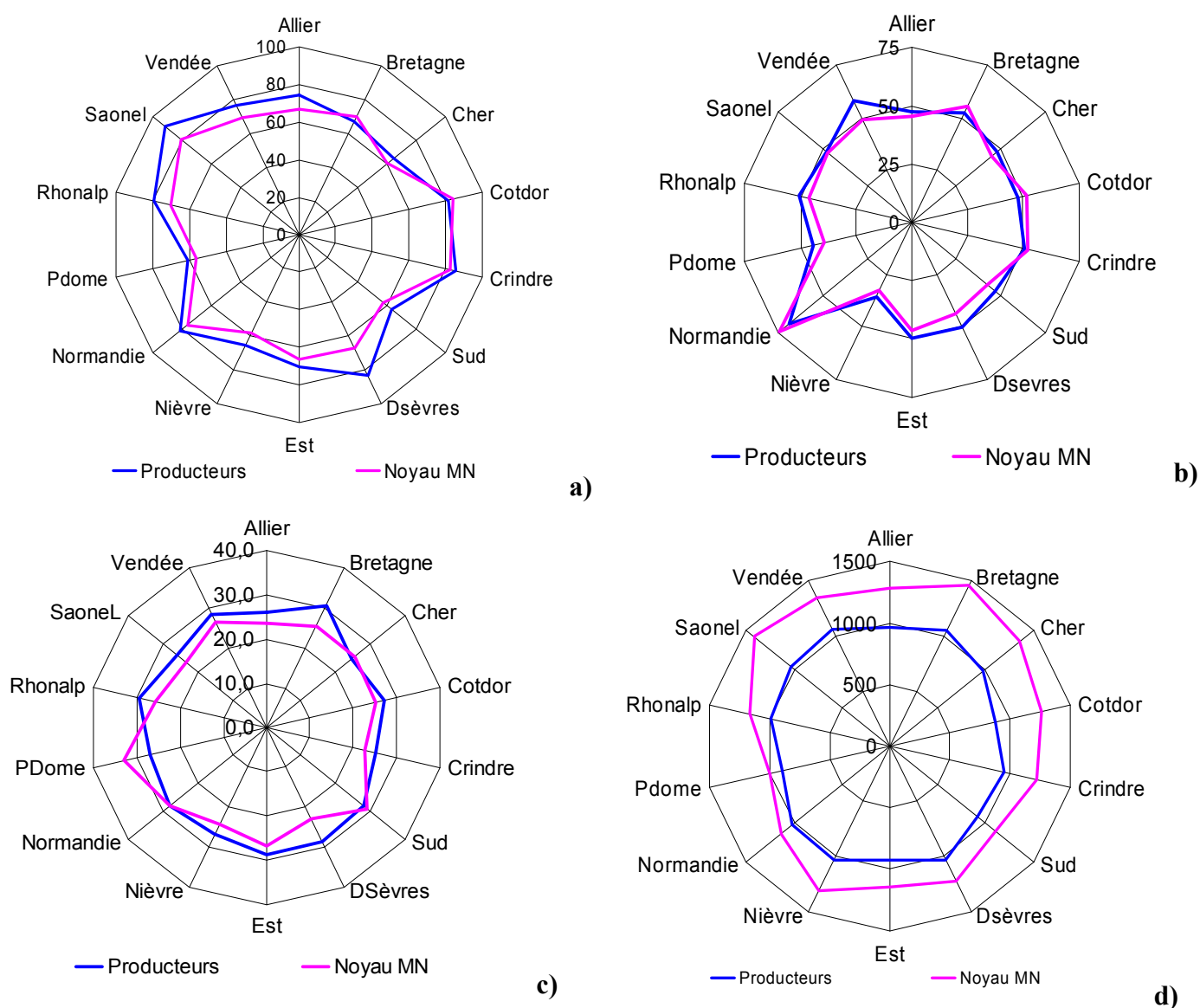


Figure 5. Représentation des variances phénotypiques intra-troupeau pour a) le développement musculaire (DM, points²), b) le développement squelettique (DS, points²), c) le poids à la naissance (PN, kg²) et d) le poids au sevrage (P210, kg²).

Au sein d'une même région d'élevage, les variances phénotypiques du DM, du DS et du PN sont proches entre élevages producteurs et sélectionneurs du noyau MN. Au contraire, la variance du P210 est nettement plus élevée dans les élevages du noyau MN que dans les élevages de production. Cette forte variabilité des performances de P210 entre élevages d'une même région nécessite la définition d'une hétéroscédasticité résiduelle à l'échelle du troupeau. En considérant une sélection sur l'index P210, cette évolution du modèle IBOVAL devrait conduire à choisir moins de taureaux et de mères à taureaux dans les élevages sélectionneurs actuels, les plus variables, au profit de reproducteurs appartenant à des élevages moins variables.

ANNEXE IV – Effets d’origine paternelle du poids à la naissance et du poids au sevrage sur la période 1999-2006

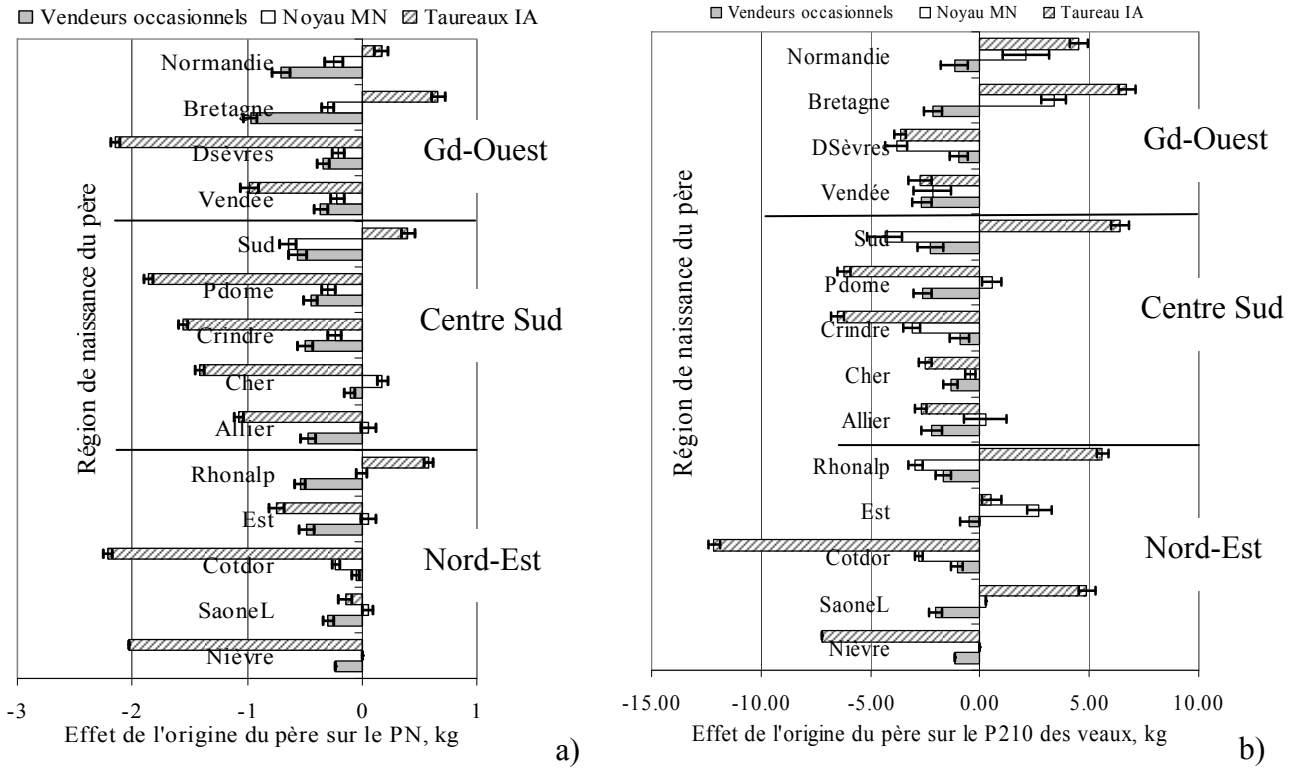


Figure 1. Effets de l’origine du père sur le poids à la naissance (PN, figure a, $\sigma_g=2,98\text{kg}$) et le poids au sevrage (P210, figure b, $\sigma_g=16\text{kg}$) des veaux nés entre 1999 et 2006.

ANNEXE V – Niveau génétique moyen sur le PN et le P210 des taureaux utilisés dans les élevages IA et MN entre 1999 et 2006

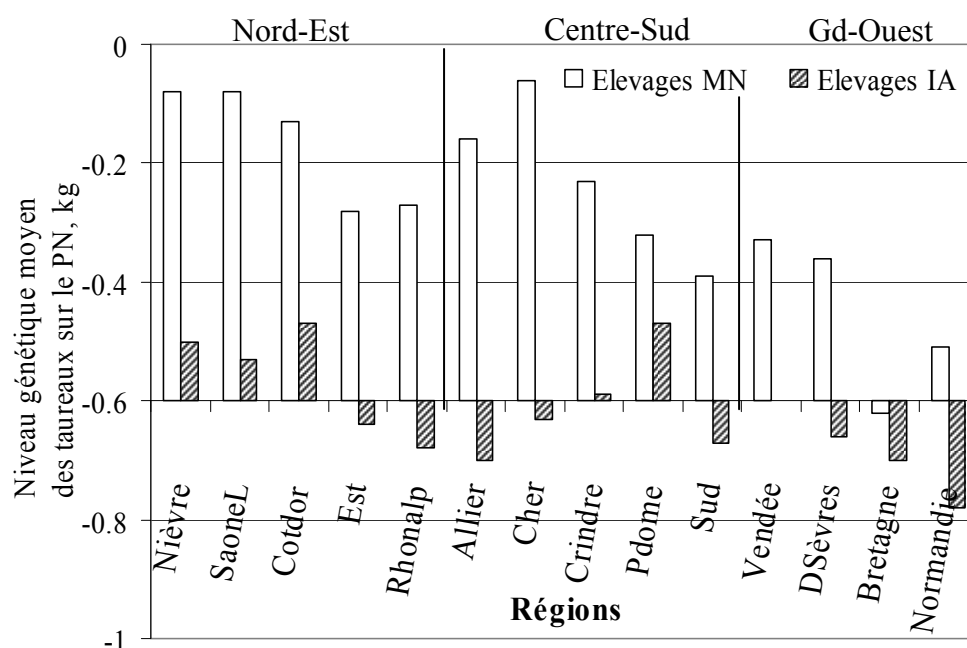


Figure 1. Niveau génétique moyen des taureaux utilisés dans les élevages à faible taux d'IA (Elevages MN) et à fort taux d'IA (Elevages IA) dans chaque région française sur le poids à la naissance (PN), écart-type génétique=2,98 kg

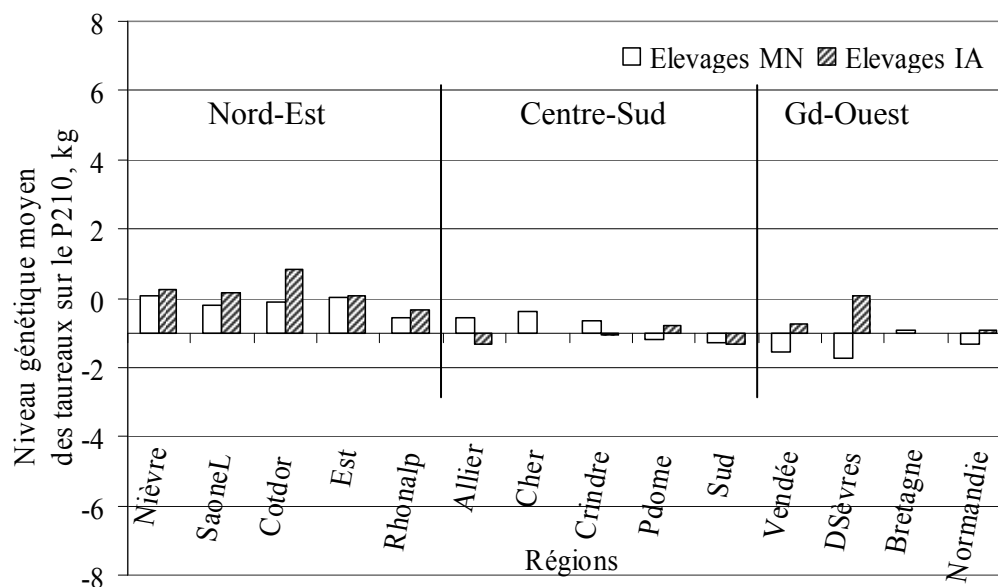


Figure 2. Niveau génétique moyen des taureaux utilisés dans les élevages à faible taux d'IA (Elevages MN) et à fort taux d'IA (Elevages IA) dans chaque région française sur le poids au sevrage (P210), écart-type génétique=16kg

ANNEXE VI - Effets des groupes de parents inconnus estimés en modèle père pour le P210 et le PN

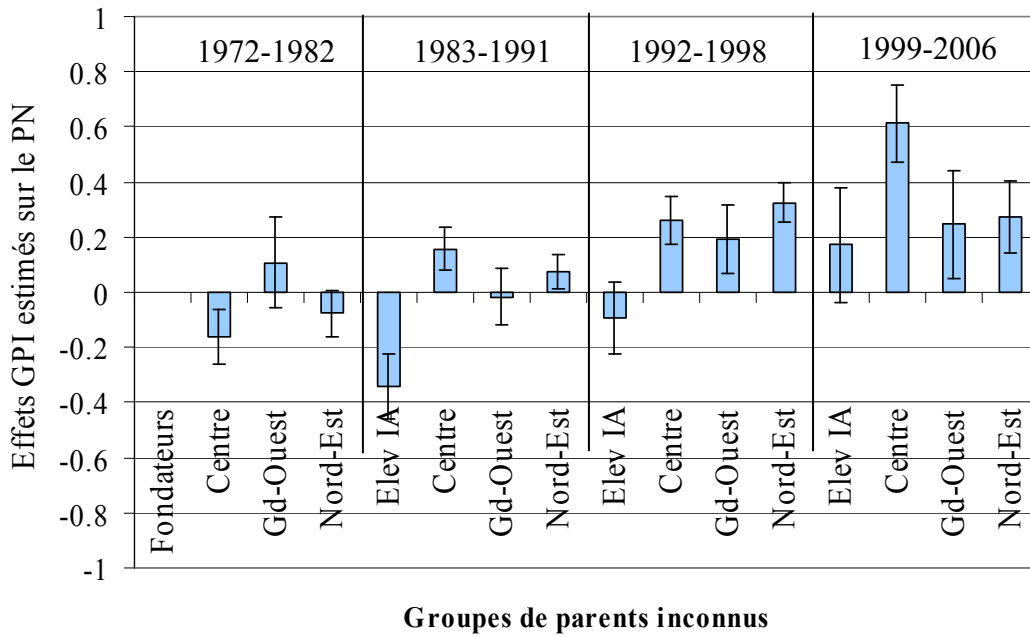


Figure 1. Valeurs des effets GPI estimés sur la population charolaise au VA4 pour le poids à la naissance (effets GPI exprimés en modèle animal puis standardisés par écart-type génétique)

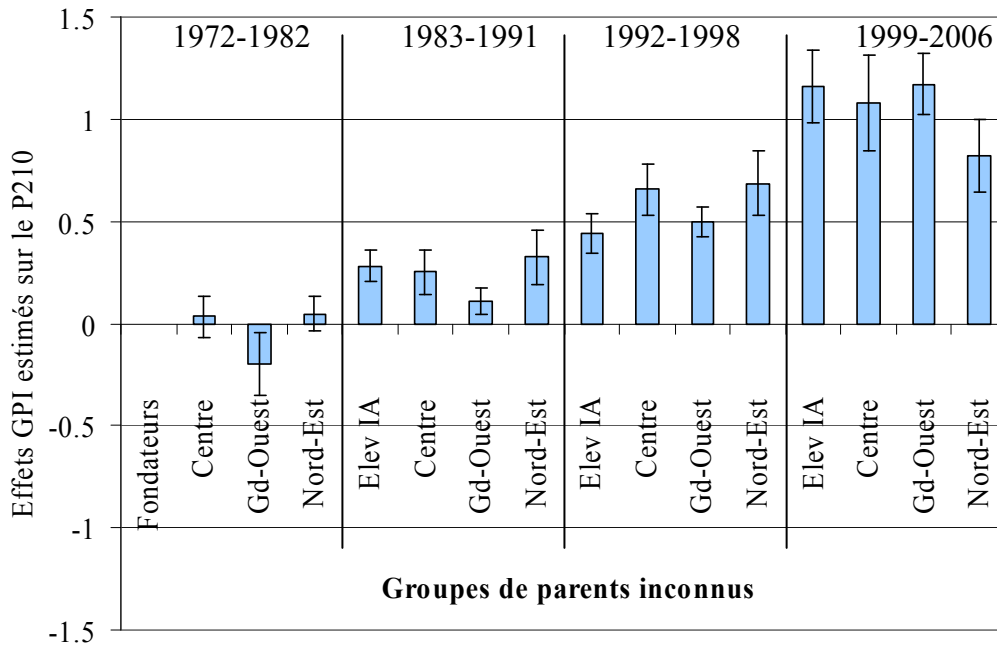


Figure 2. Valeurs des effets GPI estimés sur la population charolaise au VA4 pour le poids au sevrage (effets GPI exprimés en modèle animal puis standardisés par écart-type génétique)

ANNEXE VII – Inclusion des veaux sans père connu dans l’analyse du DM et du DS en modèle animal

Le modèle IBOVAL actuel prend également en compte les veaux dont le père est inconnu, la mère étant obligatoirement connue pour la définition des effets maternels. L’inclusion de ces veaux sans père connu dans l’évaluation génétique requiert la création d’un GPI différent de ceux des reproducteurs (cf. Chapitre 3, § 3.1.4). Les effets estimés dans ce nouveau modèle sont présentés pour le DM et le DS respectivement en figures 1 et 2.

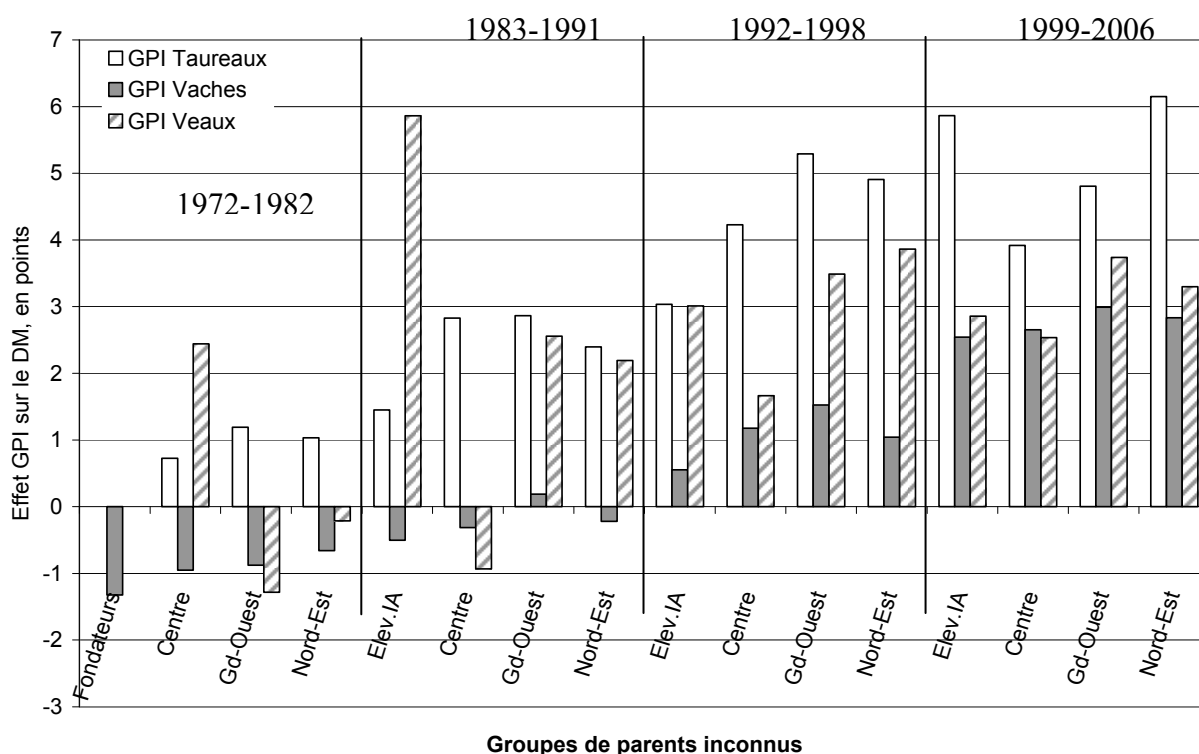


Figure 1. Effets GPI estimés pour le développement musculaire (DM) sur la population entière incluant également les veaux sans père connu. (1 écart-type génétique = 5,00 points)

Pour le DM comme pour le DS, la prise en compte des veaux sans père connu dans l’évaluation génétique ne modifie pas, ou très peu, les estimations des effets GPI de taureaux. Les estimations des effets GPI de vaches sont également très stables sur les trois premières décennies. En revanche, sur la dernière décennie, le fait d’inclure les veaux sans père connu implique une augmentation systématique des effets estimés pour les GPI de vaches. Cette augmentation est relativement faible sur le DM (de +2% σ_g à +15% σ_g) et plus importante sur le DS (+21% σ_g à +47% σ_g). Ce phénomène peut s’expliquer par des effets de confusion lors de l’estimation des effets GPI des veaux (père inconnu) et des vaches reproductrices. Si le père inconnu a été très sélectionné sur un caractère, une partie de la supériorité génétique du veau sur ce caractère due au père est attribuée à la mère. Parce que la proportion de veau ayant un grand-père maternel inconnu est importante (40%) parmi les veaux sans père connu, l’attribution à la mère d’une partie de la supériorité génétique du père inconnu a pour conséquence d’augmenter les effets GPI estimés pour les groupes de vaches.

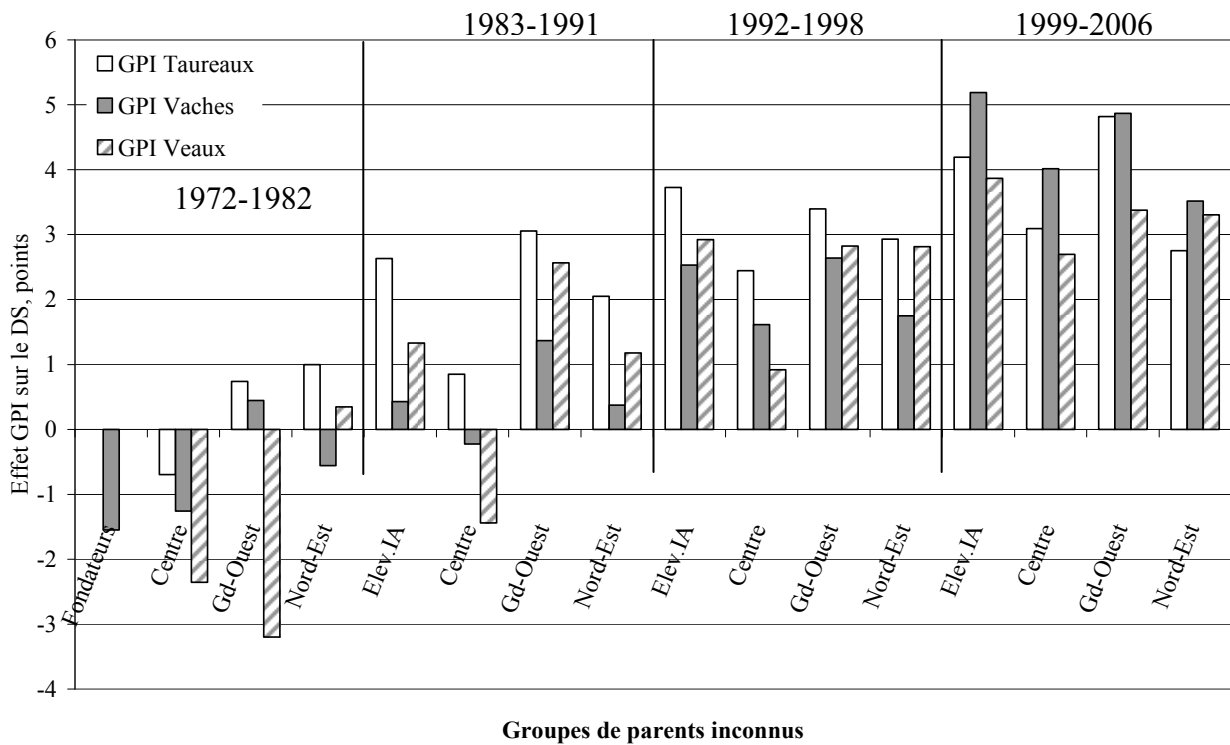


Figure 2. Effets GPI estimés pour le développement suélettique (DS) sur la population entière incluant également les veaux sans père connu. (1 écart-type génétique = 3,46 points)

Tableau 1. Nombre pères et grands-pères maternels (GPM) ayant engendré les TOP 100, 1000 et 3000 sur index sans et avec GPI pour les mâles nés en 2005 (entre parenthèse nombre de pères ou GPM inconnus)

		Modèle sans GPI		Modèle avec GPI	
Classement	Caractère	Nombre de pères différents	Nombre de GPM différents	Nombre de pères différents	Nombre de GPM différents
TOP 100	DS	45(0)	59 (0)	48(0)	61(0)
	DM	65 (0)	80 (5)	65 (0)	81 (7)
TOP 1000	DS	304(0)	384 (2)	287 (1)	400(56)
	DM	510 (3)	713 (67)	508 (4)	727 (101)
TOP 3000	DS	729 (0)	1037 (37)	703 (3)	1121 (186)
	DM	1268 (7)	1926 (243)	1271 (11)	1943 (306)

Ces variations d'effets estimées pour les GPI de vaches impliquent des variations d'index sur le DS. La hausse des valeurs génétiques sur le DS accentue légèrement la sélection de veaux avec un grand-père maternel inconnu dans les TOP 1000 et 3000 (Tableau 1).

ANNEXE VIII – Evolution des niveaux génétiques de vaches estimés sur le DM et le DS en modèle animal sans et avec GPI

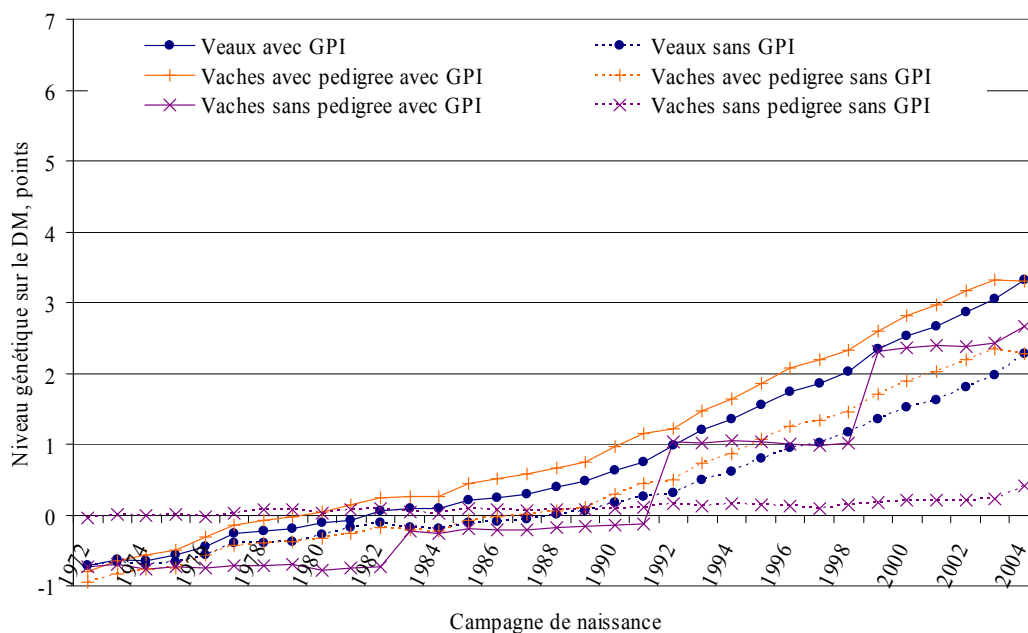


Figure 1. Evolution des niveaux génétiques estimés sur le DM dans les modèles avec et sans groupes de parents inconnus (GPI) pour l'ensemble des veaux de la population, les vaches avec pedigree connu et les vaches sans pedigree (1 écart-type génétique = 5,00 points)

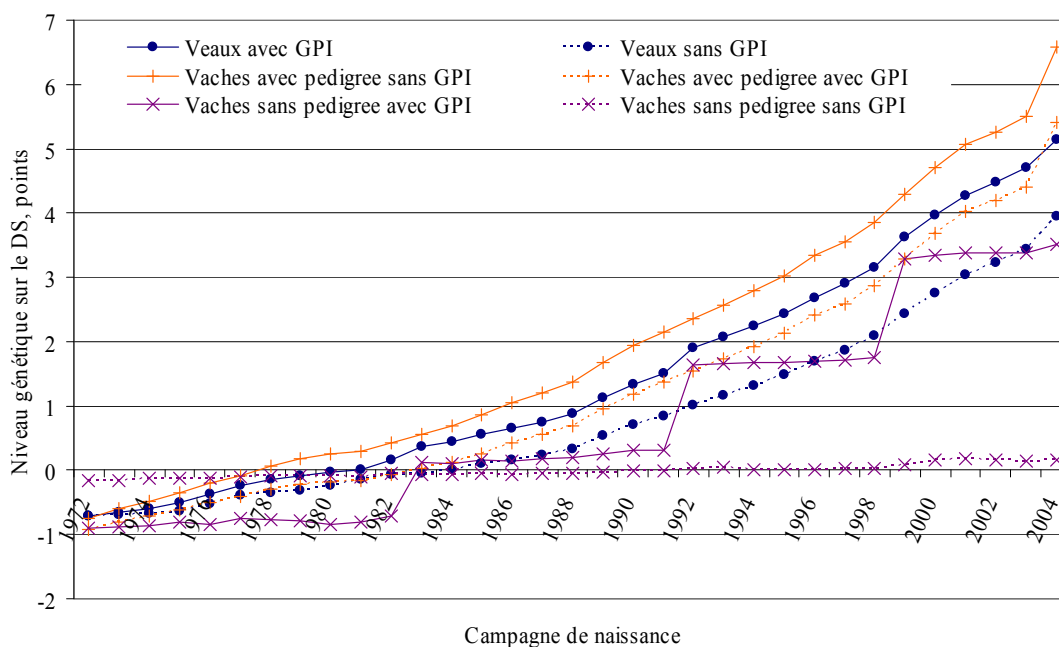


Figure 2. Evolution des niveaux génétiques estimés sur le DS dans les modèles avec et sans groupes de parents inconnus (GPI) pour l'ensemble des veaux de la population, les vaches avec pedigree connu et les vaches sans pedigree (1 écart-type génétique = 3,46 points)

ANNEXE IX – Courbe de niveau génétique du PN, P210, DS et DM en modèle père sans et avec GPI

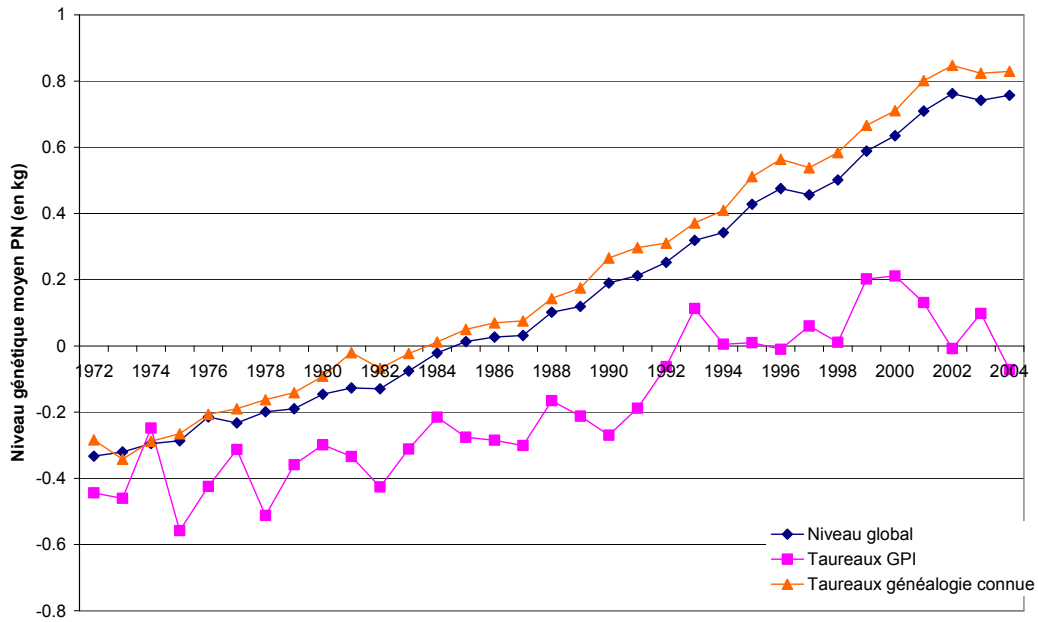


Figure 1. Courbe de niveau génétique du poids à la naissance (PN) estimé en modèle père des taureaux avec et sans généalogie connue en 1^{ère} génération ($\sigma_s=1,49\text{kg}$)

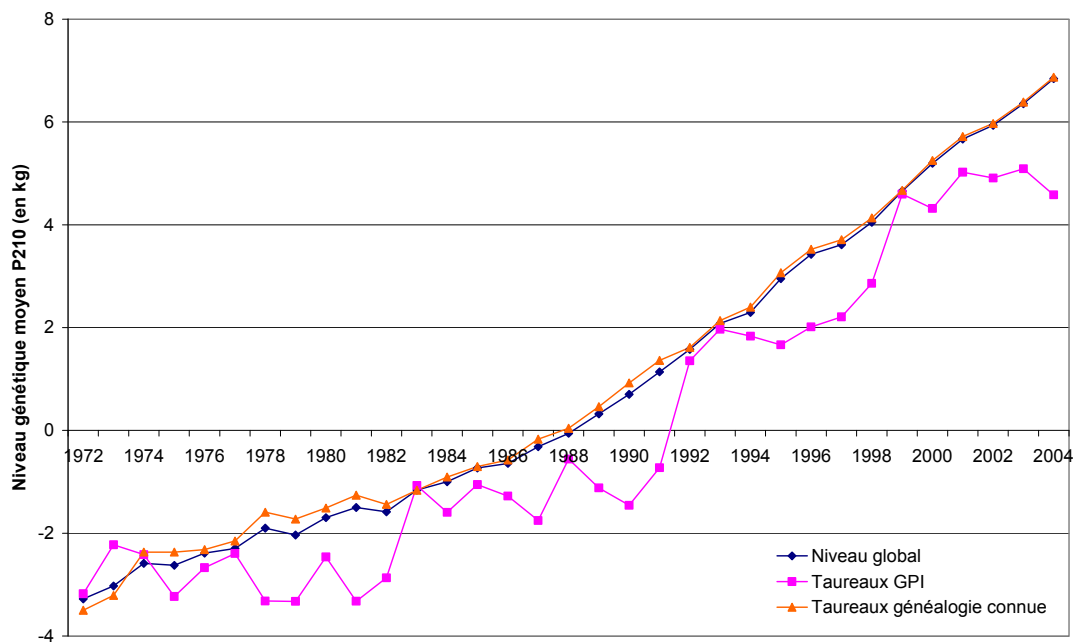


Figure 2. Courbe de niveau génétique du poids au sevrage (P210) estimé en modèle père des taureaux avec et sans généalogie connue en 1^{ère} génération ($\sigma_s=8\text{kg}$)

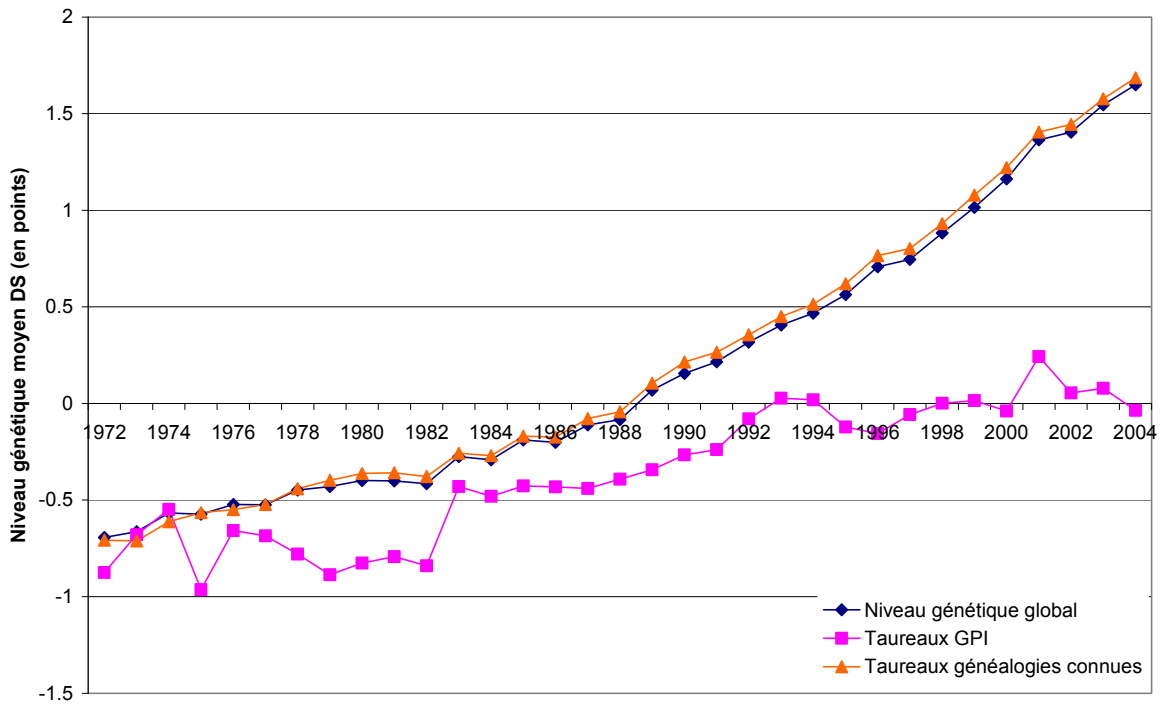


Figure 3. Courbe de niveau génétique de DS estimé en modèle père des taureaux avec et sans généalogie connue en 1^{ère} génération ($1\sigma_s=1,73\text{kg}$)

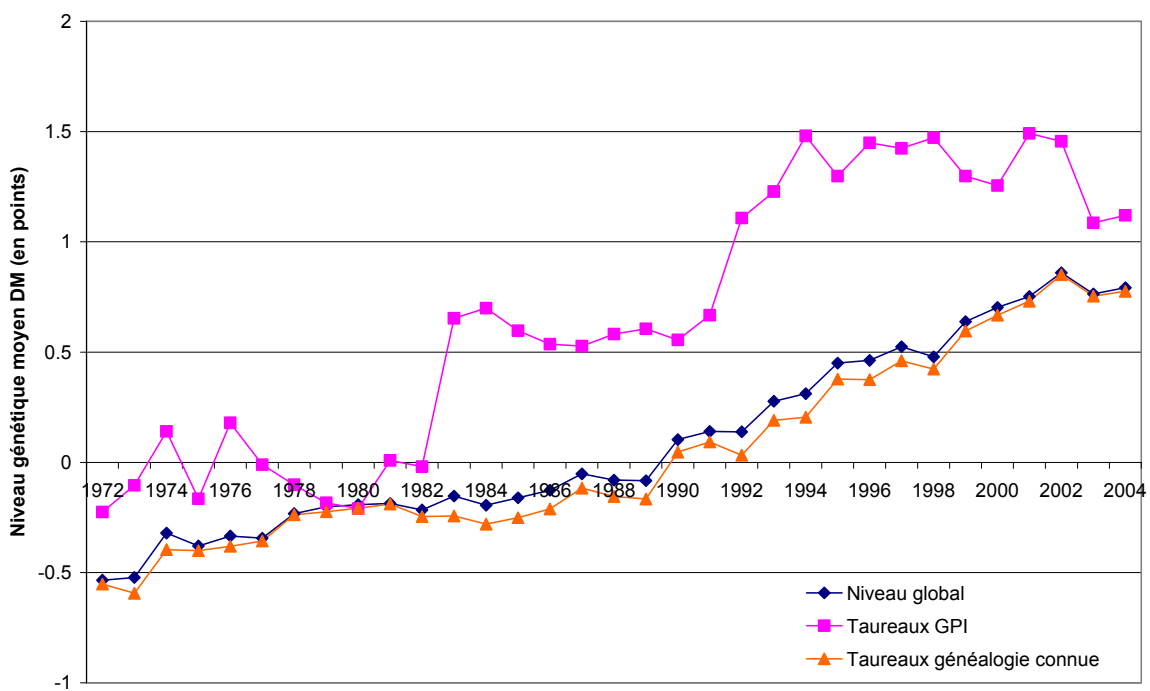


Figure 4. Courbe de niveau génétique de DM estimé en modèle père des taureaux avec et sans généalogie connue en 1^{ère} génération ($\sigma_s=2,50\text{kg}$)

ANNEXE X – Reclassements des 3000 meilleurs mâles Charolais nés en 2005 entre index sans et avec GPI sur le DM et le DS

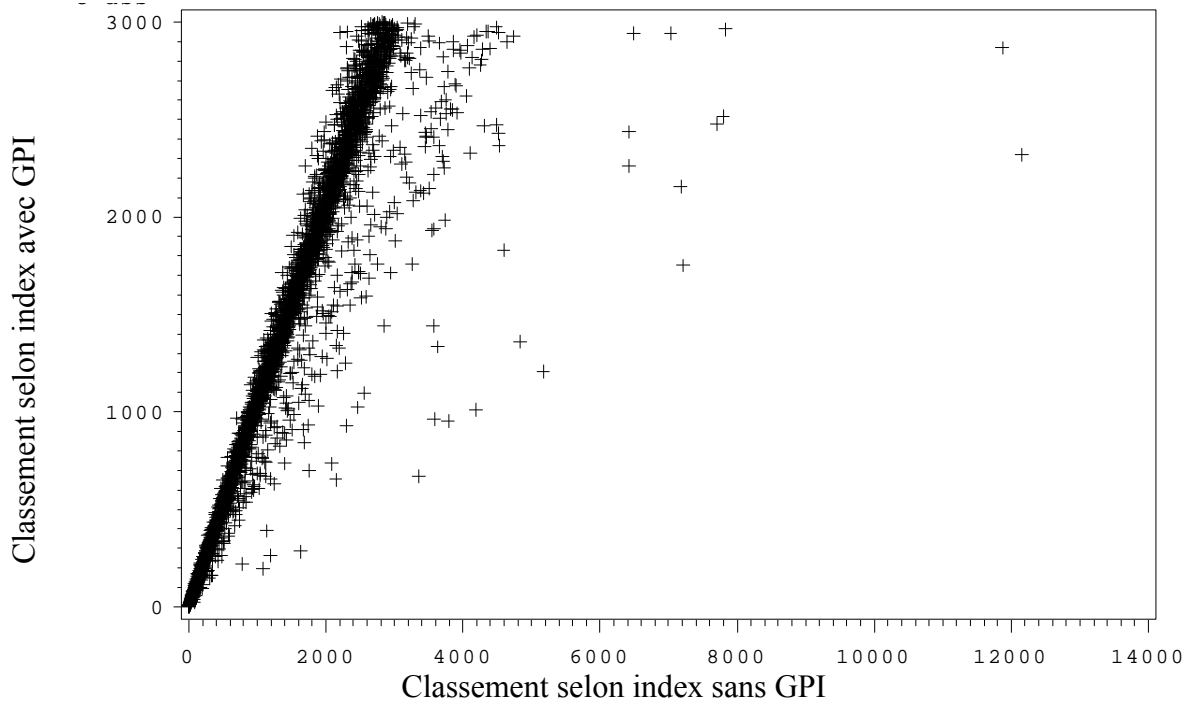


Figure 1. Classement des 3000 meilleurs mâles nés en 2005 sur index DM avec GPI en fonction de leur classement sans GPI

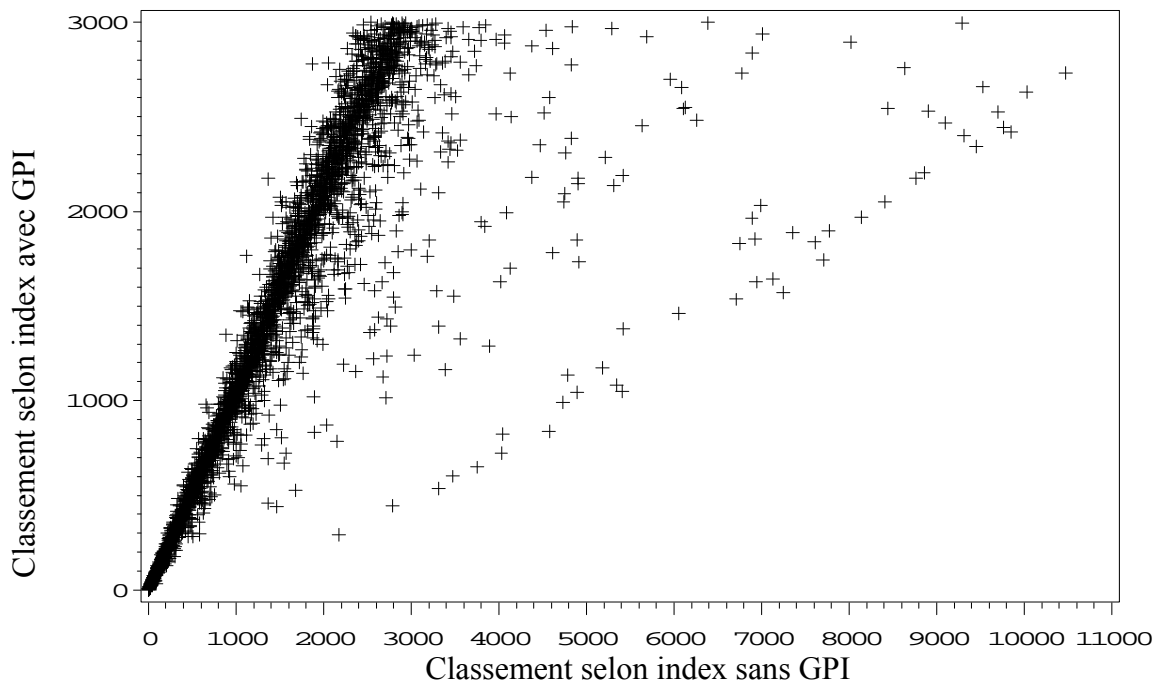


Figure 2. Classement des 3000 meilleurs mâles nés en 2005 sur index DS avec GPI en fonction de leur classement sans GPI

ANNEXE XI – Genetic parameters for growth, muscularity, feed efficiency and carcass traits of young beef bulls⁶

A. Bouquet ^{a,b,*}, M.-N. Fouilloux ^c, G. Renand ^a, F. Phocas ^a

^a INRA, UMR1313 Génétique Animale et Biologie Intégrative, F-78350 Jouy-en-Josas, France

^b AgroParisTech, UMR1313 Génétique Animale et Biologie Intégrative, F-75231 Paris, France

^c Institut de l'Élevage, Département de Génétique, 149 rue de Bercy, F-75595 Paris, France

* Corresponding author:

Email : alban.bouquet@jouy.inra.fr

Phone/fax numbers: 33 1 34 65 22 01 / 33 1 34 65 22 10

Running title: Genetic parameters for beef traits

Abstract

Genetic parameters were estimated for feed efficiency and live performance traits of 678 Blonde d'Aquitaine (BA) and 708 Limousin (LI) bulls born between 1991 and 2007, and for carcass traits of 3755 BA and 5263 LI progeny. Records at weaning were registered on-farm in 277 BA and 298 LI herds having provided purebred males for the French selection scheme of progeny tested bulls destined to artificial insemination. Analyzed traits included weight (WW) and muscle score (WM) recorded at weaning, and weight (LW) and muscle score (LM) recorded on bulls in performance test stations at 15 months. Feed intake (FI), residual feed intake (RFI) and feed conversion ratio (FCR) were also recorded in performance test stations. Carcass traits recorded in progeny test stations were age-adjusted carcass weight (CW), dressing percentage (DP), European commercial score for carcass muscularity (CM) and carcass internal fatness score (CF). Multivariate analyses were performed on different trait combinations using BLUP animal model and REML methodology. Heritability estimates for WW, WM, LW, LM, FI, RFI, FCR, CW, DP, CM and CF were 0.27, 0.31, 0.57, 0.64, 0.30, 0.26, 0.30, 0.53, 0.62, 0.47 and 0.47 for BA, respectively, and 0.35, 0.35, 0.63, 0.51, 0.48, 0.45, 0.23, 0.61, 0.47, 0.54 and 0.38 for LI, respectively. Genetic correlations (r_g) between live performance traits and the corresponding carcass traits were strong in both breeds, ranging from 0.52 to 0.98. Thus, an early selection on live traits recorded at weaning should improve carcass value of young bulls. In both breeds, genetic correlations were null to weak between growth and muscularity at weaning and feed utilization traits ($|r_g| < 0.30$). LW was

⁶ Article soumis à Livestock Science en Juillet 2009, accepté en décembre 2009.

strongly genetically correlated with FI ($|r_g| > 0.71$) but weakly to moderately negatively with RFI and FCR ($|r_g| < 0.30$). In both breeds, RFI was genetically independent from CF and weakly related to DP. Over the period 1991-2007, realized genetic trends estimated on males entering AI bulls test stations were clearly positive on CW. For BA and LI bulls, annual trends were equal to 3.9% and 5.0% of genetic standard deviation (σ_g) per year, respectively. Estimated trends were lower for CM (1.3% and 3.7% σ_g per year, respectively), for RFI (-1.5% and 0.0% σ_g per year, respectively) and FCR (-1.0% and -2.3% σ_g per year, respectively).

Keywords: beef cattle, genetic parameters, growth, feed efficiency, fatness, carcass

1. Introduction

For decades, selection to improve the beef carcass value in France has been based on growth and muscularity of young bulls. Beef traits of artificial insemination (AI) bulls have been improved by a 3-step sequential selection since the end of the 1980's. The first step of selection is based on pedigree and performance at weaning of candidate bull calves. The second step is based on growth and fattening performance of bulls recorded in central test stations. Because feed is a major cost in beef cattle production, feed intake is also recorded in those performance test stations to select bulls not only with high growth and muscularity performance, but also efficient animals via the limitation of their residual feed intake. The last step is based on carcass traits of a sample of their male progeny fattened in progeny test stations.

Heritability estimates for growth, based on live weight and weight gains, and carcass traits abound in the scientific literature as reviewed by Koots et al. (1994a) and Rios-Utrera and Van Vleck (2004). However, there are limited references concerning genetic parameters for live muscularity traits (Renand et al., 1986; Robinson et al., 1993; Fouilloux et al., 1999; Afolayan et al., 2007; Fouilloux et al., 2008), feed intake and feed utilization traits (Arthur et al., 2001b; Schenkel et al., 2004; Robinson and Oddy, 2004). Therefore, the first objective of this paper was to estimate the genetic correlations between i) growth and muscularity of bulls at weaning and 15 months of age, ii) their feed intake and efficiency and iii) progeny carcass traits. This will allow us to assess the efficiency of each step of selection of AI bulls to improve beef production. The second objective was to estimate the realized genetic trend for

feed utilization traits and slaughter value of animals in the French AI beef program over the period 1991-2007.

2. Material and methods

2.1. Data

Data were extracted from the French national databases used for beef cattle genetic evaluations on-farm, in central performance test stations and in progeny test stations. During the period 1991-2007, 558 059 Blonde d'Aquitaine (BA) and 1 495 219 Limousin (LI) male and female calves were evaluated on weaning performance. Owing to the huge information available for cattle at weaning in the French on-farm recording system, data had to be sampled in order to estimate variance components. A first edit consisted in selecting data from the 277 BA herds and 298 LI herds that sent males to performance test stations since 1991. The 277 BA herds provided 680 males to central test stations of bulls. Among those males, 145 bulls were progeny tested to estimate their slaughter value. In those herds, 97 139 calves have been controlled at weaning since 1991. In the LI population, the 298 herds provided 708 males to central test stations. In those stations, 162 bulls were selected to be progeny tested. LI data from those herds had to be sampled because those herds bred 252 175 calves at weaning since 1991. In that breed, a nucleus of herds regularly provided males to performance test stations. Thus, for the AI Limousin scheme, variance components were estimated with data collected from 88 LI herds which provided at least 3 males to the AI programme since 1991. Since 1991, 91 730 animals were controlled at weaning in these 88 herds. Those herds provided 440 males to the LI performance test station and 88 bulls were progeny tested.

2.2. Feeding and management of animals in French AI selection schemes

Those programmes were set up in the 1980's to select AI bulls on their slaughter value for purebred young bull production in Charolais, Blonde d'Aquitaine and Limousin breeds. The Charolais AI selection scheme had already been fully described and analysed by Fouilloux et al. (1999) and Arthur et al. (2001b). Therefore, the present study focused on the two other breeds.

First, calves were evaluated for on-farm performance, i.e. birth and weaning weights and morphology at weaning. In 1991, 7200 BA and 28 600 LI bull calves were controlled at weaning in the 277 BA and 298 LI analyzed herds. In those herds, a strong increase in the number of recorded animals was observed over time because 18 420 BA and 54 600 LI males were controlled at weaning in 2007.

Since 1991, 680 BA and 708 LI young bulls were controlled in performance test stations after being selected among the best ones at weaning. Each year, about 40 weaned males of each breed entered the performance test station between 7 and 9 months of age. At their arrival in station, young males were split up into 2 or 3 control groups. Those control groups were made up of animals born within a 6-week period. Performance testing started for a fixed period of 18 weeks after 9 weeks of adaptation to the testing regime. In both breeds, bulls were weighted every 4 weeks. The amount of food distributed per bull was not strictly *ad libitum* and adjusted weekly in order to obtain an expected average daily gain of 1.3 kg/day in the Limousin breed and 1.5 kg/day in the Blonde d'Aquitaine breed. The whole test diet was composed of pellets composed of 29% alfalfa hay, 29% dehydrated beet pulp, 4% corn, 8% of other cereals (wheat, barley), 21% wheat bran, 4% sunflower oil cake and about 5% of other ingredients (including urea and minerals) to make a balanced diet. The composition of the test diet was assessed to be 0.73 Unité Fourragère Viande (UFV), the net energy of 1kg of standard barley. Details on the French feed evaluation system can be obtained from Jarrige (1978). At the end of the test, the best bulls were selected according to an index combining final Live Weight (LW) adjusted to 450 days, Residual Feed Intake (RFI) and Muscle Score (LM) recorded in performance test stations (Fouilloux et al., 1999).

On average, 8 to 10 BA and 10 to 12 LI bulls were selected each year in the central test stations to be progeny tested on their slaughter value. Management in progeny test stations was similar to management in commercial fattening units. At their arrival in the test station, male progeny were gathered in age-contemporary-groups (born within a 1 month-period). Performance tests of male calves started after a 1-month adaptation period. At the beginning of fattening tests, BA and LI calves were 8 and 10-month old, respectively. During the test period, calves were intensively fattened with corn silage distributed *ad libitum* and supplemented with protein feed. Live weight measurements were made monthly. Young bulls were slaughtered at a fixed age of 450 days for BA (410 days in the last 5 cohorts) and 480 days for LI animals. Carcass traits were recorded. In each progeny test station, different year batches were genetically connected through the use of 3 national reference sires (Foulley et al., 1983). Eventually, about 5 bulls per breed were selected each year for AI use, according to

a total merit index including post-weaning growth, dressing percentage, carcass conformation for the BA breed and, in addition, the fatness carcass score for the LI breed.

2.3. Trait description

Among the diverse traits concerning growth, morphology, feed intake and carcass characteristics which were recorded in one of the 3 steps of the AI scheme programme, 11 traits were considered in analyses because they are the current selection criteria due to their great economical importance for beef production.

Traits recorded at weaning were the weaning weight adjusted to 210 days (WW) and the muscle score (WM) scored over 100 points from visual appraisal. This score was the sum of scores of 5 different subjective measurements to assess the calf muscularity: width at withers, width behind withers, hindquarter width, curve of rump and loin thickness. These performances were recorded on-farm in routine by habilitated technicians of the recording organization.

Growth and muscularity traits recorded on bulls in performance test stations were the live weight adjusted for 450 days (LW) and the muscle score (LM). LM was scored over 100 points from visual appraisal and was a sum of scores of 6 different items to assess muscularity of bulls at 430 days and 480 days for the BA and the LI breeds, respectively. Those 6 items corresponded to the muscle thickness and width of the back, the muscle thickness of the shoulder and the muscle width, thickness and fleshiness of the rump.

Individual feed intakes (FI) were daily recorded by automates in performance test stations. Residual feed intakes (RFI) were calculated as the difference between the observed FI for each animal and the expected feed requirements (FI_{exp}). The prediction equation of FI_{exp} accounted for maintenance and growth requirements of young bulls. It was derived by multiple regression of FI on average test metabolic weight ($LW^{0.75}$) and average daily gain (ADG) during the test period for all animals born since 1991 including a fixed effect of year, as described by Arthur et al. (2001b). For BA young bulls, FI_{exp} was found equal to $-0.021+0.071 LW^{0.75}+0.757ADG$. For LI young bulls, $FI_{exp}=1.084+0.071LW^{0.75}+0.334ADG$. Feed transformation had been also assessed by the feed conversion ratio (FCR) calculated as the ratio of daily FI to ADG. To better assess feed efficiency, FI, RFI and FCR were evaluated under a slightly restrictive feeding regime. According to Andersen et al. (1981), growth rate measured during the performance test simultaneously depends on physical appetite, residual efficiency and lean-tissue growth capacity. Under *ad libitum* roughage

feeding, growth performance depends more on the genetic variation for appetite and gain than that of feed utilization (Andersen et al., 1987). On the contrary, with a restrictive feeding regime, feed efficiency can be better evaluated because it is better correlated to lean-tissue growth capacity (Averdunk et al., 1988). Therefore, the diet was individually adjusted each week so that bulls can reach the growth objective accounting for their growth and maintenance requirements, using the standard formula of Geay and Micol (1988).

Finally, carcass traits analysed in progeny test stations were the carcass weight (CW) adjusted to 450 and 480 days for BA and LI progeny, respectively, the carcass dressing percentage (DP), the carcass muscling score (CM) and the carcass fatness score (CF). The carcass DP was defined as the ratio of hot carcass weight to final live weight recorded before shipping. The CM score was defined according to the EUROP European beef carcass classification scheme (Commission of the European Communities, 1981). This scoring system is routinely used in commercial slaughterhouses. Carcasses were scored by trained and independent technicians (Commission of the European Communities, 2006). Under the EUROP system, CM described the development of carcass profiles (round, back and shoulder) with 5 main conformation classes and represented from the fleshiest to the thinnest by letters E, U, R, O and P. Each main class was then divided in 3 sub-classes describing declining conformation: '+', '=' and '-'. Thus, carcass conformation was described on a 15-point scale from the worst ('P-'=1) to the best ("E+"=15) carcass conformation. Carcasses were systematically trimmed at slaughter. The CF score described the amount of internal fat observed in the thoracic and abdominal cavity of the carcass. It also used a 15-point scale to classify carcasses from the leanest ("1-" = 1) to the fattest ("5+"=15).

2.4. Statistical analyses

Both breeds were analyzed separately. Estimates of genetic and residual (co)variances were obtained by REML method under multi-trait linear animal models, using ASREML software (Gilmour et al., 2002). The additive relationship matrix between animals was built up with all pedigree information available for up to 3 generations backwards. When estimating genetic parameters across central performance and progeny test stations, it led to account for 11 355 BA and 14 604 LI animals in the pedigree files for the 680 BA and 708 LI performance tested bulls. When accounting for on-farm weaning performance, the pedigree files accounted for 124 998 and 115 946 animals, in the BA and LI breeds, respectively.

Due to computation and convergence limitations, data were analyzed in a series of trivariate or eight-trait animal models in each breed. Two trivariate analyses were carried out to estimate genetic correlations between analogous traits across the three selection steps: the first analysis concerned growth traits WW, LW and CW and the second analysis concerned muscularity traits: WM, LM and CM. Two other trivariate analyses were used to estimate genetic correlations between both weaning traits (WW and WM) and either FI, FCR or RFI in performance test station. To estimate the genetic correlations between the 9 traits recorded in performance and progeny test stations, two 8-trait models were used, combining performances measured on both bulls and their progeny. Because measures were carried out on different sets of animals for performance and progeny test, no residual covariance was estimated between traits measured on bulls and on progeny. A direct 9-trait analysis did not converge because of an estimate of genetic correlation between FI and LW close to unity. Therefore, a first 8-trait model ignored LW and a second 8-trait model ignored FI. A final 9-trait positive definite matrix was derived by bending procedure (Jorjani et al., 2003).

For the weaning traits, the following model was used:

$$y_w = \alpha \text{age}_w + X_w b_w + Z_w u_w + W_w c_w + e_w \quad (1),$$

where y_w was the vector of performance, either WW or WM, age_w was the age at scoring accounted for as a covariate for WM and α was the corresponding regression coefficient, b_w was the vector of fixed effects, u_w , c_w and e_w were random vectors representing animal breeding values, permanent environmental (dam) and residual effects, respectively. X_w , Z_w and W_w were the corresponding incidence matrices.

The b_w vector included the fixed effects of particular treatments before weaning, birth season, age of dam and contemporary group. Particular treatments before weaning corresponded to 3 levels: no treatment, favorable or unfavorable treatments. The 10 classes of the birth season effect corresponded to each single month from October to May and to the association of June and July on one hand and August and September on the other hand. Classes of dam age counted 10 levels as follows: classes 1, 2, 3, 4, 5 corresponded to primiparous dams with age at first calving strictly lower than 27 months, between 27 and 30 months, 31 and 33 months, 34 and 39 months and over 39 months, respectively. Classes 6, 7, 8, 9 and 10 corresponded to multiparous cows whose age belonged to the interval 34-39 months, 40-52 months, 53-65 months, 66-126 months and over 126 months, respectively. The contemporary group was defined as the combination of birth herd, birth year, management group and sex of the calves.

Table 1. Summary statistics for the 11 traits measured on Blonde d'Aquitaine (BA) or Limousin (LI) animals

Trait	Abbreviation	Unit	Breed					
			Blonde d'Aquitaine			Limousin		
			n	Mean	SD	n	Mean	SD
Muscle score at weaning	WM	Points	97 139	63.0	9.78	94 475	62.6	8.61
Weaning weight adjusted to 210 days	WW	kg	86 511	286.5	44.60	91 730	281.6	35.20
Live muscle score at 15 months	LM	Points	671	63.7	9.38	705	62.5	8.90
Live weight adjusted to 450 days	LW	Kg	679	668.1	53.30	708	613.4	35.60
Feed intake	FI	kg/day	678	8.8	0.90	708	10.0	0.67
Residual feed intake	RFI	kg/day	669	0.0	0.32	706	0.0	0.30
Feed conversion ratio	FCR	kg/kg	676	5.8	0.72	707	8.2	1.22
Age-adjusted carcass weight ¹	CW	kg	3755	416.2	38.60	5263	386.6	35.3
Dressing percentage	DP	%	3755	65.1	1.51	5263	61.8	1.45
Carcass conformation score	CM	Points	3753	11.1	1.38	5263	11.1	1.40
Carcass fatness score	CF	Points	3753	6.4	1.39	5263	8.1	1.45

¹ Carcass weights adjusted to 450 and 480 days in the BA and LI breeds, respectively

For WM, b_w also included the condition at scoring which counted 3 levels: weaned, just weaned and not weaned calves.

No maternal genetic effects were taken into account in the model of weaning traits to overcome calculation limitations. However those effects were partially accounted for in the estimation of the dam permanent environmental effects. When considering a multi-trait model accounting for both weaning traits, the two permanent environmental effects were assumed to be correlated and the correlation was estimated.

For the bull own performance in test station, the following model was used:

$$y_b = X_b b_b + Z_b u_b + e_b, (2)$$

where y_b was the vector of bull performance (LW, LM, FI, RFI, FCR), b_b was the vector of the fixed effects of control group; u_b , and e_b were random vectors representing breeding values and residual effects, respectively; X_b , Z_b were the corresponding incidence matrices.

Finally, the following model was used to analyze progeny carcass traits:

$$y_p = \beta age_p + X_p b_p + Z_p u_p + e_p (3),$$

where y_p was the vector of performance (CW, DP, CM, CF), the b_p vector considered the fixed effects of dam parity (2, 3, 4, 5 and over), birth region (6 levels for BA animals, 7 levels for LI animals), management up to weaning (indoor or outdoor) and age-contemporary group. The age at slaughter age_p was taken into account (except for the age-adjusted CW) as a covariate and β was the corresponding regression coefficient. Random vectors of breeding and residual values were represented by u_p and e_p , respectively. X_p and Z_p were the corresponding incidence matrices.

3. Results

3.1 Raw mean and variability of traits

The raw trait means and SD are presented in Table 1. At weaning, BA calves were 5 kg heavier than LI calves although both breeds had similar average muscle scores. The variations of WW and WM across male and female calves were relatively high with average coefficients of variation (CV) close to 16 % for both traits in BA breed, and about 13% in the LI breed.

Table 2. Estimates of genetic and phenotypic parameters for growth traits in Blonde d'Aquitaine (BA) and Limousin (LI) breeds (heritabilities on diagonal, genetic correlations above diagonal, residual correlations below diagonal), together with their standard error (in parenthesis)

Breed	BA			LI		
	WW	LW	CW	WW	LW	CW
WW ¹	0.27 (0.01)	0.74 (0.09)	0.83 (0.06)	0.35 (0.01)	0.74 (0.09)	0.52 (0.10)
LW ²	0.29	0.57 (0.10)	0.71 (0.11)	0.64	0.63 (0.08)	0.98 (0.06)
CW ³	NE	NE	0.53 (0.07)	NE	NE	0.61 (0.09)
Phenotypic variance	1165 [0.11] ⁴	2285	1287	703 [0.11] ⁴	1293	1196

¹ Weaning weight adjusted to 210days

² Live weight adjusted to 450 days

³ Age-adjusted carcass weight in progeny test

⁴ Ratio of dam permanent environment variance on phenotypic variance for WW

NE: Not estimated

Table 3. Estimates of genetic and phenotypic parameters for conformation traits in Blonde d'Aquitaine (BA) and Limousin (LI) breeds (heritabilities on diagonal, genetic correlations above diagonal, residual correlations below diagonal), together with their standard error (in parenthesis)

Breed	BA			LI		
	WM	LM	CM	WM	LM	CM
WM ¹	0.31 (0.01)	0.75 (0.08)	0.69 (0.07)	0.35 (0.01)	0.74 (0.12)	0.54 (0.11)
LM ²	0.06	0.64 (0.10)	0.79 (0.09)	0.26	0.51 (0.14)	0.61 (0.17)
CM ³	NE	NE	0.62 (0.08)	NE	NE	0.47 (0.08)
Phenotypic variance	78.7 [0.03] ⁴	51.5	2.0	64.7 [0.03] ⁴	80.8	2.0

¹ Muscle score at weaning

² Muscle score at 15 months

³ Carcass conformation score

⁴ [] Ratio of Dam permanent environment variance on phenotypic variance for WMS

NE: Not estimated

In performance test stations, average LM at 15 months was very similar across breeds with CV around 14%. The BA young bulls were 55 kg heavier at 450 days than the LI bulls. However, restricted diets were given during the 18-week control period corresponding to different average daily gain objectives in the two breeds: 1.3 kg/day and 1.5 kg/day for LI and BA bulls, respectively. The variability of LW was relatively moderate in both breeds with CV equal to 8 and 6% for BA and LI, respectively.

The feed intake (FI) and conversion ratio (FCR) were higher in LI than in BA young bulls. In average, LI fattening bulls ate 2.4 kg more per kg of weight gain. The CV of FCR was equal to 12% and 15% for BA and LI bulls, respectively. By construction, RFI average was zero in both breeds. Whatever the breed, the difference in RFI between extreme bulls was about 2.2kg/day.

For progeny carcass traits, CM had similar mean and SD across breeds with CV about 13%; LI carcasses were fatter than BA carcasses in average, but very large CV were estimated in both breeds for CF (about 20%). The average CW was 30 kg heavier for BA although progeny was slaughtered 30 days earlier than LI progeny, with CV about 9% in both breeds. The DP was 65% for BA carcasses while it was 62% for LI carcasses with low CV around 2% within breed.

To conclude, both breeds had similar phenotypic profiles for conformation traits. However, BA young bulls exhibited a higher potential for lean growth and feed efficiency than LI bulls. These results could not be considered as a fair comparison across breeds because animals were raised in different environments.

3.2. Genetic trends and relationships between growth, muscularity, feed intake and efficiency of young bulls

Tables 2 and 3 summarize phenotypic variances, heritabilities, environmental and genetic correlations between analogous traits across the 3 AI selection steps for growth and muscularity, respectively. For each trait, heritability estimates were relatively close across breeds. They were all about 0.30 for weaning traits WW and WM. Heritability estimates for LW and CW were all about 0.60, except for BA CW ($h^2=0.50$). Heritability estimates for conformation traits recorded in central test and in progeny test stations (LM and CM) were about 0.60 and 0.50 for BA and LI breeds, respectively.

Table 4. Estimates of genetic and environmental correlations between weaning traits and feed intake (FI), residual feed intake (RFI) and feed conversion ratio (FCR) for Blonde d'Aquitaine (BA) and Limousin (LI) breeds (heritabilities on diagonal, genetic correlations above diagonal, environmental correlations below diagonal), together with their standard errors (in parenthesis)

Breed	BA					LI				
	WM	WW	FI	RFI	FCR	WM	WW	FI	RFI	FCR
WM ¹	0.31 (0.01)	0.19 (0.03)	-0.11 (0.12)	0.02 (0.16)	0.04 (0.15)	0.35 (0.01)	0.23 (0.02)	0.13 (0.11)	0.00 (0.13)	-0.26 (0.27)
WW ²	0.38 [0.72] ⁶	0.27 (0.01)	0.91 (0.09)	-0.05 (0.17)	-0.30 (0.16)	0.40 [0.83] ⁶	0.35 (0.01)	0.62 (0.12)	-0.14 (0.14)	-0.06 (0.25)
FI ³	0.12	0.10	0.30 (0.08)	-0.01 (0.30)	-0.09 (0.28)	0.08	0.33	0.48 (0.14)	0.38 (0.27)	-0.23 (0.26)
RFI ⁴	0.02	-0.06	0.79	0.26 (0.10)	0.72 (0.22)	0.05	0.09	0.73	0.45 (0.18)	0.37 (0.25)
FCR ⁵	-0.04	0.11	0.73	0.18	0.30 (0.12)	-0.16	-0.10	-0.18	0.07	0.23 (0.15)
Phenotypic variance	79.8	1161	0.34	0.08	0.34	65.1	704.2	0.21	0.08	0.91

¹ Muscle score at weaning; ² Weaning weight adjusted to 210days; ³ Feed intake; ⁴ Residual feed intake; ⁵ Feed conversion ratio; ⁶[] correlation between dam permanent environment effects on WM and WW

In both breeds, analogous traits between weaning and 15 months of age were strongly correlated (about 0.75) both for growth and conformation performance. The highest genetic correlation estimates were obtained between WW and CW in BA breed (0.83) and between LW and CW in LI breed (0.98). On the contrary, the lowest genetic correlations were about 0.50 between WW and CW and also between WM and CM in LI breed.

Table 4 summarizes phenotypic variances, heritabilities, environmental and genetic correlations between weaning traits and feed intake and utilization in performance test stations for both breeds. Heritability estimates of FI and RFI were higher (close to 0.50) in LI bulls than in BA bulls (close to 0.30). Heritability of FCR was lower: around 0.20 and 0.30, respectively. Whatever the breed, genetic correlations between RFI and weaning traits were not significantly different from zero. There were weak negative genetic correlation estimates between FCR and WW for BA bulls and WM for LI bulls. The two criteria of feed utilization, RFI and FCR, were genetically strongly correlated (about 0.70) in BA breed, but only moderately correlated (0.40) in LI breed. In both breeds, there were no significant genetic association between FI and WM. On the contrary, FI was strongly correlated to WW, in particular in BA breed. As for the genetic correlation between FI and RFI, the estimate was close to zero in BA breed while it was about 0.40 in LI breed when accounting for weaning traits.

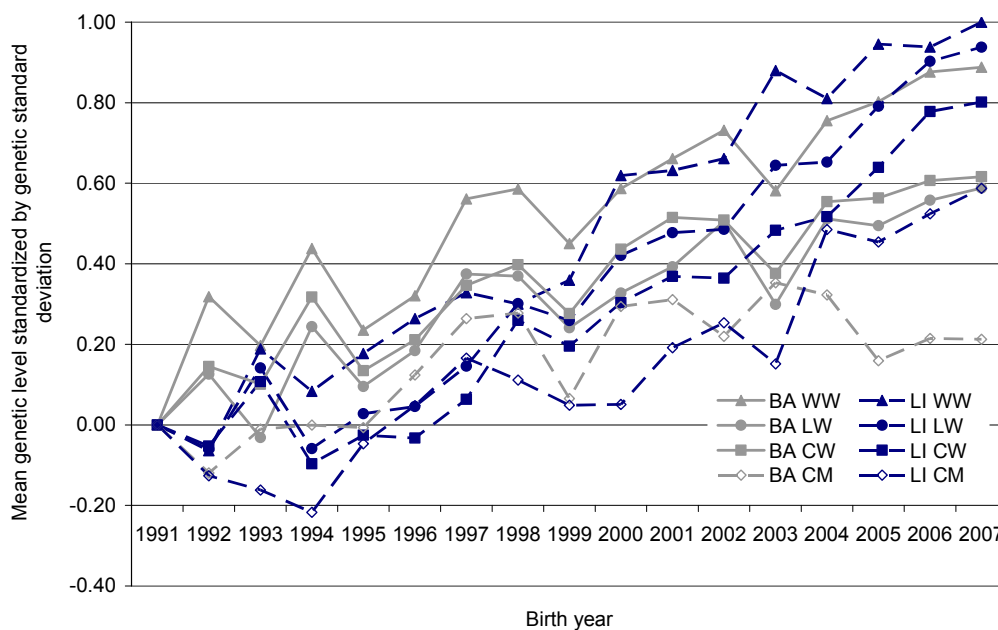


Fig 1. Genetic trends estimated for the weaning weight (WW), the final weight in performance test station (LW), the carcass weight (CW) and conformation (CM) for Blonde d'Aquitaine (BA) and Limousin (LI) bulls evaluated in central test stations.

Fig. 1 presents genetic trends of WW, LW, CW and CM of bulls entering the performance test station in both breeds over the period 1991-2007. Fig. 2 summarizes the evolution of RFI and FCR traits for the same animals. In both figures, the genetic level of each trait is expressed in contrast to the mean genetic level of bulls born in 1991. The annual genetic trend on WW was similar for both breeds and was about 6% of genetic standard deviation (Fig. 1). In both breeds, bulls entering the performance test station were above the average for weaning traits (results not presented). The genetic trend was similar for LW and CW and was about 3.9% and 5.0% of genetic standard deviation (σ_g) in BA and LI breeds, respectively. In terms of CM, the annual genetic evolution was 1.3% and 3.7% σ_g in BA and LI breeds (Fig. 1), respectively. In terms of FI, trait strongly correlated with live growth, the annual genetic trend was about 5.0% σ_g in both breeds (results not presented). In BA and LI breeds, FCR had been very slightly improved according to the decreasing genetic trend estimated to -1.0% and -2.3% σ_g per year, respectively (Fig. 2). The genetic evolution of RFI was different between breeds. In the BA breed, the genetic trend on RFI slightly decreased by -1.5% σ_g per year (improvement of the trait), whereas it remained stable (+0.0% σ_g) for the LI breed (Fig. 2).

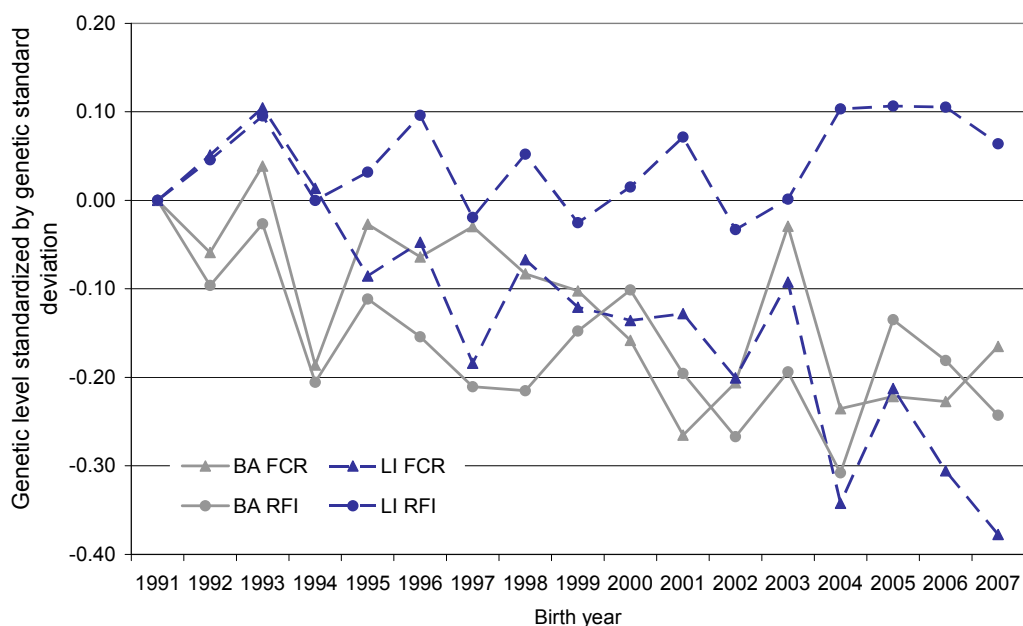


Fig 2. Genetic trends estimated for the feed conversion ratio (FCR) and the residual feed intake (RFI) for Blonde d'Aquitaine (BA) and Limousin (LI) bulls evaluated in central test stations.

Table 5. Estimates of genetic and phenotypic parameters following weighted bending procedure for Blonde d'Aquitaine (heritabilities on diagonal, genetic correlations above diagonal, residual correlations below diagonal), together with their standard error (in parenthesis)

	LM	LW	FI	RFI	FCR	CW	DP	CM	CF
LM ¹	0.61 (0.10)	0.05 (0.14)	-0.08 (0.17)	-0.44 (0.19)	-0.14 (0.18)	0.18 (0.13)	0.38 (0.13)	0.78 (0.09)	-0.17 (0.13)
LW ²	0.61	0.57 (0.10)	0.95 (0.03)	-0.40 (0.21)	-0.42 (0.18)	0.74 (0.10)	-0.17 (0.14)	0.21 (0.13)	0.32 (0.13)
FI ³	0.61	0.68	0.38 (0.09)	-0.12 (0.30)	-0.25 (0.22)	0.70 (0.12)	-0.21 (0.16)	0.21 (0.14)	0.37 (0.15)
RFI ⁴	0.32	0.16	0.79	0.22 (0.10)	0.67 (0.19)	-0.28 (0.21)	-0.12 (0.21)	-0.05 (0.20)	0.00 (0.20)
FCR ⁵	-0.29	-0.34	-0.07	0.18	0.33 (0.11)	-0.64 (0.15)	-0.11 (0.18)	-0.12 (0.17)	-0.41 (0.17)
CW ⁶	NE	NE	NE	NE	NE	0.48 (0.08)	0.06 (0.12)	0.48 (0.09)	0.27 (0.12)
DP ⁷	NE	NE	NE	NE	NE	0.38	0.56 (0.08)	0.53 (0.09)	-0.43 (0.10)
CM ⁸	NE	NE	NE	NE	NE	0.57	0.42	0.47 (0.07)	-0.12 (0.12)
CF ⁹	NE	NE	NE	NE	NE	0.19	-0.12	0.08	0.47 (0.07)
Phenotypic variance	50.6	2388	0.33	0.09	0.34	1268	2.10	2.00	1.60

¹ Muscle score at 15 months ; ² Live weight adjusted to 450 days ; ³ Feed intake ; ⁴ Residual feed intake ; ⁵ Feed conversion ratio ; ⁶ Age-adjusted carcass weight in progeny test ; ⁷ Dressing percentage ; ⁸ Carcass conformation score ; ⁹ Carcass fatness score ; NE: Not estimated.

Table 6. Estimates of genetic and phenotypic parameters following weighted bending procedure for Limousin (heritabilities on diagonal, genetic correlations above diagonal, residual correlations below diagonal), together with their standard error (in parenthesis)

	LM	LW	FI	RFI	FCR	CW	DP	CM	CF
LM ¹	0.62 (0.12)	0.28 (0.12)	-0.06 (0.19)	-0.27 (0.17)	-0.44 (0.19)	0.32 (0.10)	0.45 (0.11)	0.54 (0.11)	0.05 (0.13)
LW ²	0.50	0.54 (0.07)	0.79 (0.07)	-0.07 (0.14)	-0.61 (0.16)	0.91 (0.10)	0.05 (0.11)	0.33 (0.10)	0.28 (0.12)
FI ³	0.54	0.67	0.35 (0.10)	0.52 (0.15)	-0.33 (0.24)	0.87 (0.08)	-0.09 (0.14)	0.47 (0.14)	0.37 (0.15)
RFI ⁴	0.23	-0.26	0.63	0.44 (0.12)	0.27 (0.22)	0.19 (0.11)	-0.19 (0.13)	0.29 (0.12)	0.07 (0.14)
FCR ⁵	-0.23	-0.01	-0.16	0.10	0.31 (0.12)	-0.69 (0.16)	-0.56 (0.16)	-0.28 (0.16)	-0.03 (0.18)
CW ⁶	NE	NE	NE	NE	NE	0.60 (0.06)	0.25 (0.08)	0.46 (0.07)	0.20 (0.10)
DP ⁷	NE	NE	NE	NE	NE	0.26	0.67 (0.07)	0.52 (0.07)	-0.35 (0.09)
CM ⁸	NE	NE	NE	NE	NE	0.51	0.22	0.54 (0.06)	0.12 (0.09)
CF ⁹	NE	NE	NE	NE	NE	0.19	0.01	0.00	0.38 (0.05)
Phenotypic variance	77.9	1123	0.19	0.08	0.88	1180	1.80	2.00	1.90

¹ Muscle score at 15 months; ² Live weight adjusted to 450 days; ³ Feed intake; ⁴ Residual feed intake; ⁵ Feed conversion ratio; ⁶ Age-adjusted carcass weight in progeny test ; ⁷ Dressing percentage; ⁸ Carcass conformation score ; ⁹ Carcass fatness score; NE: Not estimated

3.3. Phenotypic and genetic correlations between sire live performance and progeny carcass traits

Tables 5 and 6 summarize the estimates of genetic and phenotypic parameters across sire performance and progeny carcass traits in test stations for the BA and LI breeds, respectively. In both breeds, heritabilities were moderate (0.30 to 0.40) for FI, RFI, FCR and CF and high (0.50 to 0.60) for live and carcass performance recorded for growth and conformation traits.

In both breeds, three groups of traits could be distinguished according to their genetic relationships within and between groups. The first group included mainly growth traits (LW and CW) and FI which were highly genetically correlated one to each other (above 0.70), and in a lesser extent CF that was only weakly correlated (about 0.30) to the previous traits. The second group included DP and conformation traits (LM and CM). Traits from these two groups were weakly correlated one to each other, although positively in general. The last group included both feed utilization traits (FCR and RFI) in BA breed and was only limited to FCR for LI breed in which RFI and FCR were only weakly correlated. In LI breed, RFI was genetically significantly correlated to FI (about 0.50) whereas the genetic correlation was estimated close to zero in the BA breed. On the contrary, RFI was genetically uncorrelated to LW in LI bulls while this association was estimated to be negative in BA bulls. Phenotypic correlations between RFI and LW were close to zero (-0.05 and -0.04 in BA and LI breeds, respectively) in both breeds as expected due to the derivation of RFI values. In both breeds, RFI was genetically uncorrelated to CF. This result was also true for FCR in BA breed, while a negative genetic association was estimated between FCR and CF in LI breed.

4. Discussion

4.1. Impact of weaning information on the estimation of genetic parameters

Growth and conformation traits recorded in performance and in progeny test stations, as well as feed utilization traits, were analyzed with and without accounting for weaning traits. Considering weaning information used to select young bulls entering the performance test station enabled us i) to better assess the genetic trends of bull populations entering the AI program and ii) to remove potential bias due to selection in the estimation of genetic parameters. Similar heritability and genetic correlation estimates were found across growth, conformation and feed utilization traits with (Tables 2 to 4) and without (Tables 5 and 6) accounting for weaning traits. This led us to the conclusion that sire selection at weaning only had minor effects on genetic parameters estimated among traits recorded in central and progeny test stations.

4.2. Heritabilities estimates

Concerning growth traits, the present study gave higher heritabilities for final live weight and carcass weight than usually found in the literature. Koots et al. (1994a) estimated an average heritability of 0.41 and 0.23 for age-adjusted weight at slaughter and carcass weight, respectively. However, recent heritabilities for carcass weight were in general estimated between 0.40 and 0.50 with experimental data (Morris et al., 1999; Crews and Kemp, 2001; Rios Utrera and Van Vleck, 2004; Meyer, 2007). Heritabilities estimated from commercial data collected in French slaughterhouses were lower (0.20 to 0.30) than in experimental designs (Fouilloux et al., 2008). Other studies also reported heritabilities for CW estimated from commercial data collected in Irish and in Swedish abattoirs. However, estimates greatly varied across sire breeds from about 0.20 for Angus, Belgian Blue, Limousin or Hereford bulls to 0.65 for Charolais bulls in Ireland (Hickey et al., 2007) and from 0.40 for Charolais and Simmental bulls to 0.70 for Hereford bulls in Sweden (Eriksson et al., 2003).

Concerning conformation traits, there was little information available on live performance in the literature. On a French Charolais population with an inactive myostatin gene, Phocas (2009) showed that heritability of muscle score at weaning was 0.31 under a polygenic model but dropped to 0.17 when accounting for the myostatin gene effect in the model. Phocas et Laloë (2004) also estimated heritability of muscle score at weaning close to 0.30 in BA and LI breeds, as in the present study. Afolayan et al. (2007) examined body development in diverse beef cattle genotypes including LI. They measured muscularity by stifle width as a percentage of hip width and found heritabilities varying from 0.19 at weaning or 600 days and 0.44 at 400 days. In the present study, higher heritability at 450 days than at weaning was also estimated for visual muscle score. All those estimates were quite consistent with estimates on carcass conformation (Brackelsberg et al., 1971; Jensen et al., 1991) and average values of about 0.40 to 0.50 for longissimus muscle area and actual retail product yield as reviewed by Rios-Utrera and Van Vleck (2004).

Concerning European commercial score for carcass conformation, Fouilloux et al. (1999) estimated moderate heritabilities in Limousin (0.20) and Charolais breeds (0.30) from data collected in stations the eleven first years of the French progeny test (1987-1997). In the present study based on data collected in stations from 1991 to 2007, the heritability of the carcass muscling score was found at higher values when accounting for previous selection on live muscling scores at weaning and 15 months of age: about 0.60 and 0.50 in BA and LI breeds, respectively. From data collected in French slaughterhouses, Fouilloux et al. (2008) estimated heritability for carcass conformation

comprised between 0.24 and 0.31 in BA, LI and Charolais breeds. This was in close agreement with heritability estimates obtained for CM by Eriksson et al. (2003) in Charolais and Hereford breeds from data collected in Swedish slaughterhouses. In this study, higher estimates for CM are probably explained by a better control of the environmental effects in progeny test stations than in commercial farms and slaughterhouses.

Concerning the carcass fatness score (CF), very consistent results were obtained across this study and those of Fouilloux et al. (1999) and Eriksson et al. (2003) with heritability estimates around 0.45. However, smaller heritabilities were obtained by Hickey et al. (2007) from Irish commercial data with an estimate around 0.20 in Charolais, Belgian Blue or Angus breeds and no genetic variation found in Hereford and LI breeds.

Average heritability of DP was given in literature review to 0.28 and 0.39 by Rios-Utrera and Van Vleck (2004) and Koots et al. (1994a), respectively. Fouilloux et al. (1999) found higher estimates: 0.50 and 0.43 on LI and Charolais breeds, respectively.

In the literature, many different definitions of feed intake and utilization exist such as feed intake (FI; Archer et al., 1998; Scholtz et al., 1998), metabolisable energy intake (Nieuwhof et al., 1992), residual feed intake (Archer et al., 1998; Renand et al., 1998), feed conversion ratio Nieuwhof et al., 1992), the Kleiber ratio (Kleiber, 1936), gross feed efficiency (Nieuwhof et al., 1992), etc. In most of these publications, genetic correlations between feed intake and growth are positive and fall between 0.59 (Scholtz et al., 1998) and 0.95 (Nieuwhof et al., 1992).

Schenkel et al. (2004) demonstrated that LI and BA bulls were more feed efficient in terms of RFI than Charolais, Angus, Hereford and Simmental bulls. On this trait, Arthur et al. (2001b) and Schenkel et al. (2004) estimated moderate heritability (0.40), respectively on Charolais young bulls and on a composite population of purebred beef bulls of six breeds including BA, LI, Charolais, Simmental, Angus and Hereford bulls. Lower heritabilities, similar to the one estimated for the BA breed (about 0.20) were estimated by Hoque et al. (2006) on yearling Wagyu males and by Robinson et Oddy (2004) on composite populations.

4.3. Impact of direct selection for growth and muscularity traits on feed efficiency traits

The present study showed that selection for growth and muscularity at weaning should not modify the feed efficiency of beef young bulls. However, it seemed that bulls with the best growth and muscularity performance in central stations were also slightly more feed efficient, especially as regards FCR. Genetic correlation estimates between feed utilization traits and growth traits were relatively consistent with other reports in other breeds. In general, genetic correlation estimates (r_g)

between post-weaning RFI and growth traits are low ($|r_g| < 0.30$) either for weaning weight (Herd and Bishop, 2000) or final weight of young bulls (Arthur et al., 2001b; Robinson and Oddy, 2004; Vinet et al., 2008). No estimate of genetic correlations between feed utilization traits and live muscle scores was found in the literature. However, non significant estimates were released between RFI and rib eye area (Arthur et al., 2001a; Robinson et Oddy, 2004; Schenkel et al., 2004), which is relatively consistent with present results between RFI and CM.

4.4. Impact of selection for live growth and muscularity on carcass traits

In the literature the relation between growth, feed efficiency and carcass composition mainly depends on feed management as the composition of the diet or the amount of food (restricted *versus ad libitum*) (Bond et al., 1982; Bailey et al., 1985; Moloney et al., 1990; Loerch and Fluharty, 1998; Mandell et al., 1998). Breed type and age or weight at slaughter also influence that relation (Bond et al., 1982; Bailey et al., 1985; Mandell et al., 1998).

The strong genetic correlation of live growth with carcass weight implies that a one-sided selection for faster growth rates would result in heavier carcasses. Genetic correlation estimates for growth between live animals and carcasses were consistent with those obtained on other breeds by Fouilloux et al. (1999, 2008), Splan et al. (2002), Eriksson et al. (2003) and Crews et al. (2004).

Because there is also quite a significant genetic association between visual appraisal of weaning and post-weaning muscularity of live animals and carcass conformation in both breeds, especially in BA young bulls, it is expected that early selection on muscularity of live animals will help to increase the slaughter value of young bulls. In the literature, genetic correlations between sire and progeny conformation are scarce. As in the present study, Fouilloux et al. (1999) found quite favourable genetic correlations between sire live conformation and progeny carcass conformation ($r_g > 0.50$). Oldenbroek et al. (1987) and Dijkstra et al. (1990) estimated low to moderate positive correlations between live muscle scores of sires recorded at 365 days of age in central test stations and the carcass fleshiness of their progeny in fattening units. Low correlations between analogous traits measured on sires and their progeny might be due either to the difference of maturity at recording or to the difference of management (test station *versus* fattening units).

In both BA and LI breeds, the genetic association between live growth and DP was not significantly different from 0 as already reported by Koots et al. (1994b), Pariacote et al. (1998), Fouilloux et al. (1999) and Morris et al. (1999). Genetic correlations between live weight and CF were weak and positive (around 0.30) indicating that selection for faster growth rates might slightly increase fatness

of young bulls' carcasses. Correlation estimates were consistent with those reported by Fouilloux et al. (1999) for Limousin and Charolais breeds for the same traits. They were also in close agreement with other studies concerning beef breeds in which fatness traits were measured either on carcasses as a EUROP fatness score (Eriksson et al., 2003), a fat percentage (Splan et al., 2002; Renand and Krauss, 2002) and a fat thickness (Morris et al., 1999; Splan et al., 2002) or on live animals by visual appraisal and ultra-sound scanning (Koots et al., 1994b; Robinson et al., 1993; Pariacote et al., 1998; Meyer, 2007).

Genetic relationships were moderately positive (about 0.40) between LM and DP as already reported by Fouilloux et al. (1999). Those estimates were in agreement with the positive genetic correlation between DP and rib-eye or longissimus muscle area related by Koots et al. (1994b), Pariacote et al. (1998) and Rios-Utrera et al. (2005). In the present study, genetic correlations between LM and CF were not significantly different from zero. In most studies concerning beef or dual purpose breeds, estimated genetic correlations between carcass fatness traits and live conformation traits of young bulls were below 0.40 (Renand et al., 1986; Golda, 1987; Jensen et al., 1991; Robinson et al., 1993; Fouilloux et al., 1999). Thus, genetic correlations estimated in this present study suggest that a direct selection on live muscle scores would result in higher carcass dressing percentage but should not imply a correlated response on carcass fatness of young bulls.

4.5. Relationship between feed utilization and carcass composition traits

This study confirms the conclusion supported by Herd et al. (2003) and Nkrumah et al. (2007) that RFI would be a better selection criterion than FCR and FI to improve feed efficiency in feedlots because it should not imply correlated responses on growth and carcass composition traits. Indeed, in both breeds, genetic correlations are not significantly different from zero between RFI and carcass DP and CF. Similar correlation estimates have already been reported between those traits by Jensen et al. (1991), Schenkel et al. (2004) and Nkrumah et al. (2007). However, in other studies, stronger genetic correlations were estimated between RFI and carcass DP and fatness traits. Although these authors showed that RFI was independent from growth, their results suggested that RFI was genetically associated with body composition traits (Herd and Bishop, 2000; Renand and Krauss, 2002; Robinson and Oddy, 2004).

In both breeds, FI was moderately positively related to CF (0.37). This is consistent with what has been reported in the literature with similar fatness traits and other beef breeds. In the LI breed, FCR and CF were genetically independent whereas both traits were negatively correlated in the BA breed (-0.41). This difference observed between breeds could be related to the lower slaughter age of BA

progeny which was therefore less mature. Indeed, Nkrumah et al. (2007) reported that FCR was highly related to growth and maturity patterns of animals. This can also explain the great range of genetic correlations found in the literature between FCR and fatness traits depending on the breed and the maturity stage of animals (Renand and Krauss, 2002; Robinson and Oddy, 2004; Schenkel et al., 2004; Nkrumah et al., 2007).

4.6. Efficiency of the beef bulls sequential selection steps to improve carcass values

For BA and LI breeds, the breeding goal for French young bull production was defined in 2005 based on the marginal profit for a fattening unit of 2€ per added kg of CW and 31€ per added point of CM (unpublished results), including also a null desired genetic gain on CF for LI young bull carcasses. It was not possible to be sure to predict well the genetic trend for CF, because this trait was not analyzed with weaning performance. Indeed, when estimating genetic trend for instance for CW based only on LI sire performance and progeny test data without accounting for weaning weight, the trend was underestimated by 30% (results not presented). However, due to the small correlations estimated between CF and other traits under selection, the almost null genetic trend (below 1% σ_g whatever the breed) estimated for CF on performance and progeny test in stations is a likely value.

Due to high genetic correlation between carcass traits and live growth and muscularity in both breeds and high selection intensity at weaning, early selection on weaning weight and muscularity contribute strongly to improve carcass value although heritability of the traits are lower than in performance and progeny test stations. However, better accuracy of selection, which is an important criterion for a large diffusion of genes through AI, needs at least a performance test station for growth and muscularity traits to get a coefficient of determination over 0.50.

The performance test station is also necessary when putting emphasis on feed utilization traits in breeding goals, because those traits are almost uncorrelated with other traits under selection. At the moment, there is almost no selection carried out on feed utilization. Indeed, the small negative genetic trends (Fig. 2) estimated for FCR and RFI demonstrated that only slightly more efficient animals were selected over the last twenty years, while in monogastric species like poultry a very strong genetic progress had been performed on FCR from 1957 to 2001 (Havenstein et al., 2003). In ruminant species, feed efficiency traits should become more and more important in the future both for economic and ecological (greenhouse gases and competition for land use) reasons. However, before recommending RFI as selection criterion, genetic associations between RFI and other production and reproductive traits have to be better understood. Indeed, as reviewed by Johnson et

al. (2003) and Herd and Arthur (2008), numerous factors could explain feed utilization variations between animals. Those factors cover physiological processes implied in digestion, metabolism and thermoregulation, but they also concern behavioral aspects, like physical activity and feeding behavior, or anatomical aspects (body composition, development of different organs or tissues).

5. Conclusion

Breeding strategies to increase genetic potential for live growth and live muscularity will increase the genetic potential for carcass weight and conformation which are the greatest determinants of carcass value at a constant slaughter age. Early selection of sires on weaning performance will help to improve their progeny carcass value. However, performance test station is necessary to improve feed utilization of young bulls. Higher accuracy of selection is also expected by evaluating weight and muscularity at slaughter in station rather than at weaning on-farm because of higher heritability values and higher estimates of genetic correlations with carcass traits. Estimated genetic trends over the period 1991-2007 show that almost no genetic progress has been performed for feed utilization traits over the last twenty years. It is believed that sustainable breeding goal will put emphasis on those traits in the future of ruminant livestock species.

References

- Afolayan, R.A., Pitchford, W.S., Deland, M.P.B., McKiernan., W.A., 2007. Breed variation and genetic parameters for growth and body development in diverse beef cattle genotypes. *Animal*. 1,13-20.
- Andersen, B.B., de Baerdmaker, A., Bittante, G., Bonaiti, B., Colleau, J.-J., fimland, E., Jensen, J., Lewis, W.H.E., Politiek, R.D., Seeland, G., Teehan, T.J., Werkmeister, F., 1981. Performance testing of bulls in AI: report of a working group of the commission on cattle production. *Livest. Prod. Sci.* 8, 101-119.
- Andersen, B.B., Jensen, J., Madsen, P., 1987. Performance testing of potential AI bulls for beef traits. In: *Cattle Production Research, Danish Status and Perspectives*. Landhusholdningselskabets Forlag, Copenhagen.
- Archer, J.A., Arthur, P.F., Herd, R.M., Richardson, E.C., 1998. Genetic variation in feed efficiency and its component traits. In: *Proc. 6th World Cong. Genet. Appl. Livest. Prod.*, Armidale, NSW, Australia, 25, pp. 81-84.
- Arthur, P.F., Archer, J.A., Johnston, D.J., Herd, R.M., Richardson, E.C., Parnell, P.F., 2001a. Genetic and phenotypic variance and covariance components for feed intake, feed efficiency and other post-weaning traits in Angus cattle. *J. Anim. Sci.* 79, 2805-2811.
- Arthur, P.F., Renand, G., Krauss, D., 2001b. Genetic and phenotypic relationships among different measures of growth and feed efficiency in young Charolais bulls. *Livest. Prod. Sci.* 68, 131-139.

- Averdunk, G., Korver, S., Andersen, B.B., 1988. Performance testing of bulls for efficiency and beef traits in dairy and dual-purpose cattle. Report of an E.A.A.P. working group. *Livest. Prod. Sci.* 20, 287-298.
- Bailey, C.M., Liboriussen, T., Andersen, H.R., Andersen, B.B., 1985. Producing beef from intact male progeny of Holstein sires: feed efficiency and compositional characters. *J. Anim. Sci.* 61, 27-35.
- Bond, J., Warwick, E.J., Oltjen, R.R., Putnam, P.A., Hiner, R.L., Kotula, A.W., Weinland, B.T., 1982. Effect of feeding level on growth composition of gain, carcass quality and mature body size in steers at ages up to six years. *Growth* 46, 388:403.
- Brackelsberg, P.C., Kline, E.A., William, R.L., Hazel L.N., 1971. Genetic parameters for selected beef-carcass traits. *J. Anim. Sci.* 33, 13-17.
- Commission of the European Communities, 1981. Council Regulations n° 1208/1981 (April 28th, 1981) Beef Carcass Classification. *Official Journal n°L123* (May 5th, 1981), p. 3.
- Commission of the European Communities, 2006. Council Regulations n° 1183/2006 (July 24th, 2006) Beef Carcass Classification. *Official Journal n°L214* (Aug. 4th, 2006), p.1-6. <http://www.office-elevage.fr/CD-PCM-2008/page-web/p-22a28.htm>, accessed on May 30, 2009.
- Crews, D.H., Kemp, R.A., 2001. Genetic parameters for ultrasound and carcass measures of yield and quality among replacement and slaughter beef cattle. *J. Anim. Sci.* 79, 3008-3020.
- Crews, D.H., Lowerison, M., Caron ,N., Kemp, R.A., 2004. Genetic parameters among growth and carcass traits of Canadian Charolais cattle. *Can. J. Anim. Sci.* 84, 589-597.
- Dijkstra, J., Oldenbroek, J.K., Korver, S., Van der Werf, J.H.J., 1990. Breeding for veal and beef production in Dutch Red and White cattle, *Livest. Prod. Sci.* 25, 183-188.
- Eriksson S., Nasholm, A., Johansson, K., Philipsson, J., 2003. Genetic analyses of field-recorded growth and carcass traits for Swedish beef cattle. *Livest. Prod. Sci.* 84, 53-62.
- Fouilloux, M.-N., Renand, G., Gaillard, J., Ménissier, F., 1999. Genetic parameters of beef traits of Limousin and Charolais progeny-tested AI sires. *Genet. Sel. Evol.* 31, 465-489.
- Fouilloux, M.-N., Venot, E., Laloë, D., 2008. Fattening beef for Froggies. Post-weaning evaluations in french beef breeds. *Interbull Bulletin*, 38, 8-12. *Proc. Interbull Meeting*, June 16-19, 2008, Niagara Falls, USA.
- Foulley, J.L., Schaeffer, L.R., Wilton, J.W., 1983. Progeny group size in an organized progeny test program of AI beef sires using reference sires, *Can. J. Anim. Sci.* 63, 17-26.
- Geay, Y., Micol, D., 1988. Alimentation des bovins à l'engrais, In : Jarrige R. (Ed.), *Alimentation des bovins, ovins et caprins*. INRA, Paris, pp. 213-247 .
- Gilmour, A.R., Gogel, B.J., Cullis, B.R., Welham, S.J., Thompson, R., 2002. *ASReml User Guide Release 1.0* VSN International Ltd., Hemel Hempstead, HP1 1ES, UK.
- Golda, J., 1987. Relationship between performance test and various progeny traits in sons at the testing stations. In: Korver, S., Averdunk G., Andersen B.B. (Eds), *Performance testing of AI bulls for efficiency and beef production in dairy and dual-purpose breeds*, EAAP Publication, 34, Pudoc, Wageningen, The Netherlands, 1987, pp. 59-62.
- Havenstein, G.B., Ferket, P.R., Qureshi, M.A., 2003. Carcass composition and yield of 1957 versus 2001 broilers when fed representative 1957 and 2001 broiler diets. *Poultry Sci.* 82, 1509-1518.
- Herd, R.M., Bishop, S.C., 2000. Genetic variation in residual feed intake and its association with other production traits in British Hereford cattle. *Livest. Prod. Sci.* 63, 111-119.

- Herd, R.M., Archer, J.A., Arthur, P.F., 2003. Reducing the cost of beef production through genetic improvement in residual feed intake: Opportunity and challenges to application. *J. Anim. Sci.* 81, E9-17.
- Herd, R.M., Arthur, P.F., 2008. Physiological basis for residual feed intake. *J. Anim. Sci.* 87, E64-E71.
- Hickey, J.M., Keane, M.G., Kenny, D.A., Cromie, A.R., Verkaamp, R.F., 2007. Genetic parameters for EUROP carcass traits within different groups of cattle in Ireland. *J. Anim. Sci.* 85, 314-321.
- Hoque, M., Arthur P., Hiramoto, K., Oikawa, T., 2006. Genetic relationship between different measures of feed efficiency and its components traits in Japanese black (Wagyu) bulls. *Livest. Prod. Sci.* 99, 111-118.
- Jarrige, R., 1978. Alimentation des ruminants. Actualités scientifiques et Agronomiques Ed., INRA, Paris.
- Jensen, J., Mao, I.L., Andersen, B.B., Madsen, P., 1991. Genetic parameters of growth, feed intake, feed conversion and carcass composition of dual purpose bulls in performance testing. *J. Anim. Sci.* 69, 931-939.
- Johnson, D.E., Ferrell, C.L., Jenkins, T.G., 2003. The history of energetic efficiency research: Where have we been and where are we going? *J. Anim. Sci.* 81, E27-38.
- Jorjani, H., Klei, L., Emanuelson, U., 2003. A simple method for weighted bending of genetic (co)variance matrices. *J. Dairy Sci.* 86, 677-679.
- Kleiber, M., 1936. Problems involved in breeding for efficiency of food production. pp. 247-258 in *Proc. Am. Soc. Anim. Prod.*, Madison, WI.
- Koots, K.R., Gibson, J.P., Wilton, J.W., 1994a. Analyses of published genetic parameters for production beef traits. 1. Heritabilities. *Anim. Breed. Abstr.* 62, 309-338.
- Koots, K.R., Gibson, J.P., Wilton, J.W., 1994b. Analyses of published genetic parameter estimates for beef production traits. 2. Phenotypic and genetic correlations. *Anim. Breed. Abstr.* 62, 827-844.
- Loerch, S.C., Fluharty, F.L., 1998. Effects of programming feed intake on performance and carcass characteristics of feedlot cattle. *J. Anim. Sci.* 76, 371-377.
- Mandell, I.B., Gullett, E.A., Wilton, J.W., Allen, O.B., Kemp, R.A., 1998. Effects of breed and dietary energy content within breed on growth performance, carcass and chemical composition and beef quality in the Hereford and Simmental steers. *Can. J. Anim. Sci.* 78, 533-541.
- Meyer, K., 2007. Multivariate analyses of carcass traits for Angus cattle fitting reduced rank and factor analytic model. *J. Anim. Breed. Genet.* 124, 50-64.
- Moloney, A.P., Allen, P., Ross, D.B., Olson, G., Convey, E.M., 1990. Growth, feed efficiency and carcass composition of finishing Friesian steers fed the beta-adrenergic agonist. *J. Anim. Sci.* 68, 1269-1277.
- Morris, C.A., Cullen, N.G., McGall, D.G., 1999. Genetic and phenotypic relationships among carcass measurements in beef cattle. *N. Z. J. Agric. Res.* 42, 415-421.
- Nieuwhof, G.J., van Arendonk, J.A.M., Vos, H., Korver, S., 1992. Genetic relationship between feed intake, efficiency and production traits in growing bulls, growing heifers and lactating heifers. *Livest. Prod. Sci.* 32, 189-202.
- Nkrumah, J.D., Basarab, J.A., Wang, Z., Li, C., Price, M.A., Okine, E.K., Crews, D.H., Moore, S.S., 2007. Genetic and phenotypic relationships of feed intake and measures of efficiency with growth and carcass meat of beef cattle. *J. Anim. Sci.* 85, 2711-2720.

- Oldenbroek, J.K., Laurijsen, H.A.J., ten Napel, J., 1987. Relationship between performance test and progeny test for veal and beef production in Black and White dairy cattle. In: Korver, S., Averdunk, G., Andersen, B.B. (Eds.), Performance testing of AI bulls for efficiency and beef production in dairy and dual-purpose breeds, EAAP Publication, 34, Pudoc, Wageningen, The Netherlands, 1987, pp. 45-51
- Pariacote, F., Van Vleck, L.D., Hunsley, R.E., 1998. Genetic and phenotypic parameters for carcass traits of American shorthorn beef cattle. *J. Anim. Sci.* 76, 2584-2588.
- Phocas, F., Laloë, D., 2004. Genetic parameters for birth and weaning traits in French specialized beef cattle breeds. *Livest. Prod. Sci.* 89, 121-128.
- Phocas, F., 2009. Genetic analysis of breeding traits in a Charolais cattle population segregating an inactive myostatin allele. *J. Anim. Sci.* 87, 1865-1871.
- Renand, G., Gaillard, J., Ménessier, F., 1986. Genetic parameters for growth and slaughter traits of purebred Blonde d'Aquitaine young bulls, 37th Annual Meeting of the EAAP, Budapest, Hungary.
- Renand, G., Fouilloux, M.-N., Ménessier, F., 1998. Genetic improvement of beef production traits by performance testing beef bulls in France. *Proc. 6th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod.*, Armidale, Australia, pp. 77-80.
- Renand, G., Krauss, D., 2002. Genetic relationship between fattening and slaughter traits in pure bred Charolais young bulls. *Proc. 7th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod.*, Montpellier, France, pp. 225-228.
- Rios-Utrera, A., Van Vleck, L.D., 2004. Heritability estimates for carcass traits of cattle: a review. *Genet. Mol. Res.* 3, 380-394.
- Rios-Utrera, A., Cundiff, L.V., Gregory, K., Koch, R., Dikeman, M., Koohmariae, M., Van Vleck, L.D., 2005. Genetic analyses of carcass traits of steers adjusted to age, weight or fat thickness slaughter end points. *J. Anim. Sci.* 83, 764-776.
- Robinson, D.L., Hammond, K., MacDonald, C.A., 1993. Live animal measurement of carcass traits: estimation of genetic parameters for beef cattle. *J. Anim. Sci.* 71, 1128-1135.
- Robinson, D.L., Oddy, V.H., 2004. Genetic parameters for feed efficiency, fatness, muscle area and feeding behaviour of feedlot finished beef cattle. *Livest. Prod. Sci.* 90, 255-270.
- Schenkel, F.S., Miller, S.P., Wilton, J.W., 2004. Genetic parameters and breed differences for feed efficiency, growth and body composition traits of young beef bulls. *Can. J. Anim. Sci.* 84, 177-185.
- Scholtz, M.M., Jürgens, T., Bergh, L., van der Westhuizen, J., Bosman, D.J., 1998. The importance of feed efficiency in the selection of beef cattle in South Africa. In: *Proc. 6th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod.*, Armidale, NSW, Australia, pp. 89-92.
- Splan, R.K., Cundiff, L.V., Dikeman, M.E., Van Vleck, L.D., 2002. Estimates of parameters between direct and maternal genetic effects for weaning weight and direct genetic effects for carcass traits in crossbred cattle. *J. Anim. Sci.* 80, 3107-3111.
- Vinet, A., Krauss, D., Andre, C., Renand, G., 2008. Relations génétiques entre les capacités d'ingestion de taurillons, bœufs, génisses et vaches. *Proc. 15th Renc. Rech. Ruminants*, Institut de l'Élevage - INRA, Paris, pp. 267-270.

ANNEXE XII – Description des postes de pointage morphologique et des scores de développements musculaire et squelettique

Tableau 1. Récapitulatif des combinaisons de postes de pointage pour la définition des développements musculaires et squelettiques au sevrage, en station de CI et de CD

Environnement	Développement Musculaire	Développement Squelettique
Ferme (Toutes races)	Dessus d'épaule (/10 pts) + Largeur du dos (/10 pts) + Arrondi de culotte (/10 pts) + Largeur de culotte (/10 pts) + 2 * Epaisseur du dessus (/10 pts) <hr/> = Score (/ 60 pts) DM sevrage = Score * 100 / 60	Grosueur des canons (/10 pts) + Longueur du dessus (/10 pts) + Longueur du bassin (/10 pts) + Largeur aux hanches (/10 pts) + 2 * Développement (/10 pts) <hr/> = Score (/ 60 pts) DS sevrage = Score * 100 / 60
Station CI (Blonde d'Aquitaine)	Dessus d'épaule (/10 pts) + Largeur du dos (/10 pts) + Arrondi de culotte (/10 pts) + Largeur de culotte (/10 pts) + 2 * Epaisseur du dessus (/10 pts) + Longueur de culotte (/10 pts) <hr/> = Score (/ 70 pts) DM en CI = Score * 100 / 70	Longueur du dessus (/10 pts) + Longueur du bassin (/10 pts) + Largeur aux hanches (/10 pts) + 2 * Développement (/10 pts) + Longueur de corps (/ 10 pts) + Largeur aux trochanters (/ 10 pts) <hr/> = Score (/ 70 pts) DS en CI = Score * 100 / 70
Station CI (Limousine)	Dessus d'épaule (/10 pts) + Largeur du dos (/10 pts) + Arrondi de culotte (/10 pts) + Largeur de culotte (/10 pts) + 2 * Epaisseur du dessus (/10 pts) + Longueur de culotte (/10 pts) <hr/> = Score (/ 70 pts) DM en CI = Score * 100 / 70	Longueur du dessus (/10 pts) + Longueur du bassin (/10 pts) + Largeur aux hanches (/10 pts) + 2 * Développement (/10 pts) <hr/> = Score (/ 50 pts) DS en CI = Score * 100 / 50
Station CD (Blonde d'Aquitaine et Limousine)	Dessus d'épaule (/10 pts) + Largeur du dos (/10 pts) + Arrondi de culotte (/10 pts) + Largeur de culotte (/10 pts) + 2 * Epaisseur du dessus (/10 pts) <hr/> = DS en CD (/ 60 pts)	Grosueur des canons (/10 pts) + Longueur du dessus (/10 pts) + Longueur du bassin (/10 pts) + Largeur aux hanches (/10 pts) + 2 * Développement (/10 pts) <hr/> = DS en CD (/ 60 pts)

ANNEXE XIII - Effet de l'élevage d'origine des mâles sur leurs performances en station de CI.

A l'entrée des stations de CI, une période d'adaptation est prévue pour gommer les différences de performances entre les jeunes mâles, différences dues en partie aux conditions environnementales différentes entre leurs élevages d'origine. A partir des données disponibles, nous avons voulu vérifier quelle était l'efficacité de la période d'adaptation sur les performances des mâles contrôlés en sortie de CI parce que le modèle d'évaluation en CI ne peut pas considérer l'effet de l'élevage d'origine.

1. Données

L'étude a été réalisée en race Blonde d'Aquitaine. Pour estimer l'effet du cheptel de naissance des mâles sur leurs performances en station CI, nous avons échantillonné 124 élevages ayant fourni au moins 3 mâles mâles au programme de sélection des taureaux d'IA depuis 1980. Dans ces élevages, 50 182 individus ont été contrôlés au sevrage et 744 mâles ont été contrôlés en station depuis 1980.

2. Modèles

Un effet fixe de l'élevage de naissance des mâles a été inclus dans les modèles d'évaluation génétique en CI UniCI et BiCI (cf. Chapitre 4 § 2.4.1). Etant donné la faible quantité de reproducteurs par élevage naisseur, l'effet de l'élevage n'a pas été estimé intra année de naissance des mâles.

Les deux modèles unicaractères sans et avec l'effet cheptel de naissance sont notés respectivement Uni et UniChep. Les deux modèles bivariés sans et avec l'effet cheptel de naissance sont notés respectivement Bi et BiChep.

Le modèle BiChep est considéré comme le modèle de référence : il comporte toutes les données au sevrage et en CI disponibles dans ces élevages et il tient compte de l'effet du cheptel de naissance sur les performances en CI. Le modèle Bi est un modèle approché : il n'est pas corrigé pour l'effet du cheptel de naissance mais l'effet du groupe de contemporains défini pour la performance au sevrage permet de corriger indirectement les effets du cheptel de naissance. Un cinquième modèle, analogue au modèle BiChep mais dans lequel l'effet cheptel de naissance est aléatoire, a été également testé. Dans ce 5^{ème} modèle, les variances associées à l'effet cheptel de naissance ont été estimées à des valeurs faibles et non significativement différentes de 0, ce qui revenait à considérer qu'il n'y avait pas d'effet élevage. Ce modèle n'a donc pas été analysé par la suite.

Les modèles ont été successivement appliqués aux trois caractères étudiés : DM, DS et croissance en CI (DM15, DS15 et P450). Les modèles d'évaluation génétique sans et avec effet cheptel de naissance ont été comparés à paramètres constants en utilisant les composantes de la variance estimées dans le modèle de référence.

3. Résultats

Les trois performances en CI ont d'abord été analysées à l'aide d'une analyse de variance (ANOVA), dont le modèle était identique au modèle UniChep dans lequel les relations de parenté entre animaux n'étaient pas considérées.

Les probabilités critiques de l'effet « cheptel de naissance » sur les DM15, DS15 et la croissance étaient respectivement de 0,76, 0,02 et 0,07. Nous pouvons donc conclure que l'effet « cheptel de naissance » est non significatif sur le DM15 : **la période d'adaptation en stations de CI permet bien de gommer les écarts de DM à l'entrée en CI dus aux mode de conduite dans les élevages naisseurs.**

En revanche, l'ajout de cet effet au modèle permet d'augmenter nettement la part de variance expliquée par le modèle de 0,65 à 0,78 pour le DS15 et de 0,72 à 0,81 pour le P450.

La période d'adaptation ne permet pas de gommer tous les écarts de performances de croissance et de DS observés à l'entrée des mâles en CI. Il existe bien un effet du cheptel de naissance qui peut être de nature environnementale ou génétique.

Pour déterminer la nature de l'effet « cheptel de naissance » sur le DSci et le P450, nous avons étudié les quatre modèles d'analyse : Uni, UniChep, Bi et BiChep. Les variances génétiques et résiduelles estimées sur les caractères au sevrage sont très stables entre les modèles Bi et BiChep. Par contre, les variances estimées pour les caractères en CI sont soumises à des variations non négligeables, et ce sur les trois caractères. Les tableaux 1 et 2 présentent l'estimation des composantes de variance sur les caractères de DS respectivement d'une part pour les modèles Uni et UniChep et, d'autre part, pour les modèles Bi et BiChep. Les tableaux 3 et 4 présentent l'estimation des composantes de variance sur le P210 et le P450 d'une part pour les modèles Uni et UniChep, et d'autre part, pour les modèles Bi et BiChep. **Les variances, les héritabilités ainsi que les corrélations estimées entre les caractères mesurés au sevrage et en CI ne sont pas significativement différentes entre les quatre modèles.**

Tableau 1. Paramètres génétiques estimés dans les modèles Uni et UniChep sur le DS15 et leur écart-type d'erreur (entre parenthèses)

Modèle	Uni	UniChep
	DS15	DS15
Héritabilité	0,69 (0,16)	0,62 (0,22)
Variance phénotypique	66,7 (5,4)	63,2 (6,0)

Tableau 2. Paramètres génétiques estimés dans les modèles Bi et BiChep sur le DS7 et le DS15 (héritabilités en gras, corrélations génétiques au dessus de la diagonale, corrélations environnementales au dessous de la diagonale) et leur écart-type d'erreur (entre parenthèses)

Modèle	Bi		BiChep	
	DS7	DS15	DS7	DS15
DS7	0,26 (0,02)	0,94 (0,08)	0,26 (0,02)	0,92 (0,09)
DS15	0,14	0,57 (0,10)	0,21	0,63 (0,15)
C ²	0,07 (0,01)		0,07 (0,01)	
Variance phénotypique	49,9 (0,5)	66,5 (4,8)	49,9 (0,5)	66,5 (5,8)

C² : Ratio de la variance d'environnement permanent de la mère sur la variance phénotypique

Tableau 3. Paramètres génétiques estimés dans les modèles Uni et UniChep sur le P450 et leur écart-type d'erreur (entre parenthèses)

	Uni	UniChep
	P450	P450
Héritabilité	0,50 (0,17)	0,42 (0,19)
Variance phénotypique	1663 (130)	1636 (135)

Tableau 4. Paramètres génétiques estimés dans les modèles Bi et BiChep sur le P210 et le P450 (héritabilités en gras, corrélations génétiques au dessus de la diagonale, corrélations environnementales au dessous de la diagonale) et leur écart-type d'erreur (entre parenthèses)

	Sans effet cheptel		Avec effet cheptel	
	P210	P450	P210	P450
P210	0,24 (0,02)	0,64 (0,13)	0,24 (0,02)	0,77 (0,13)
P450	0,18 (0,10)	0,52 (0,17)	0,16 (0,10)	0,55 (0,15)
C ²	0,09 (0,09)		0,09 (0,02)	
Variance phénotypique	1347 (14)	1709 (134)	1347 (14)	1661 (151)

C² : Ratio de la variance d'environnement permanent de la mère sur la variance phénotypique

Pour évaluer l'impact de l'effet « cheptel » sur les valeurs génétiques prédites dans chacun des quatre modèles, nous avons réalisé un BLUP en fixant les variances et covariances aux valeurs estimées pour le modèle de référence (BiChep). Les corrélations estimées entre les valeurs génétiques prédites avec les quatre modèles d'évaluation génétique Uni, UniChep, Bi et BiChep sont présentées dans le tableau 5.

Tableau 5. Corrélations estimées entre les valeurs génétiques prédites pour le développement squelettique en CI (DSci) et le poids en CI (P450) selon 4 modèles d'évaluation génétique

Caractère	DS15			P450		
	UniChep	Bi	BiChep	UniChep	Bi	BiChep
Uni	0,866	0,925	0,823	0,849	0,942	0,789
UniChep		0,788	0,873		0,805	0,893
Bi			0,923			0,887

D'après les corrélations entre le modèle Uni et BiChep, les effets de la sélection et du cheptel de naissance ont un fort impact sur la prédiction des valeurs génétiques. La comparaison des corrélations entre les modèles Uni et Bi et les modèles UniChep et BiChep montre que les effets de la sélection et les effets du cheptel de naissance sont d'ampleur comparable. Les corrélations entre les modèles Bi et BiChep sont plus élevées qu'entre les modèles Uni et UniChep. Cela montre que l'effet du cheptel de naissance est partiellement pris en compte dans le modèle Bi bien qu'il ne contienne pas d'effet cheptel de naissance. **L'effet cheptel de naissance est pris en compte indirectement par le biais de l'effet groupe de contemporains du modèle d'analyse de la performance au sevrage.**

Tableau 6. Corrélations estimées entre les valeurs génétiques prédites pour le développement squelettique en CI (DS15) et le poids en CI (P450) selon 4 modèles d'évaluation génétique uni ou bicaractères, avec ou sans effet fixe « Cheptel de naissance » pour le TOP50% sur index Uni

Caractère	DS15			P450		
	UniChep	Bi	BiChep	UniChep	Bi	BiChep
Uni	0,717	0,835	0,687	0,756	0,894	0,680
UniChep		0,589	0,772		0,718	0,869
Bi			0,886			0,845

Les corrélations calculées pour le TOP50% des mâles sur l'index Uni sont plus faibles que sur l'ensemble des mâles. Les valeurs génétiques des 50% meilleurs mâles sont donc plus affectées que l'ensemble des index mais la hiérarchie entre corrélations obtenues pour les différents modèles est conservée (Tableau 6).

En conclusion, nous pouvons dire que le développement squelettique et la croissance en CI sont affectés par un effet du cheptel de naissance du mâle, malgré la période d'adaptation. Cet effet du cheptel de naissance n'est absolument pas pris en compte dans le modèle actuel d'évaluation. La prise en compte d'un effet élevage ne peut être effective sur l'ensemble de la population car 30 % des mâles proviennent d'un cheptel ayant fourni un seul mâle. Leur effet « cheptel de naissance » n'est donc pas estimable. **Le modèle bicaractère sans effet cheptel (Bi) permet de prendre en compte les effets de la sélection et de corriger une partie des effets liés aux conditions environnementales rencontrées différentes dans les élevages de naissance des mâles. C'est donc le meilleur modèle d'un point de vue opérationnel pour l'évaluation en CI.**

ANNEXE XIV – Evolution des niveaux génétiques des trois caractères homologues de DM et de croissance estimés dans le modèle tricaractère

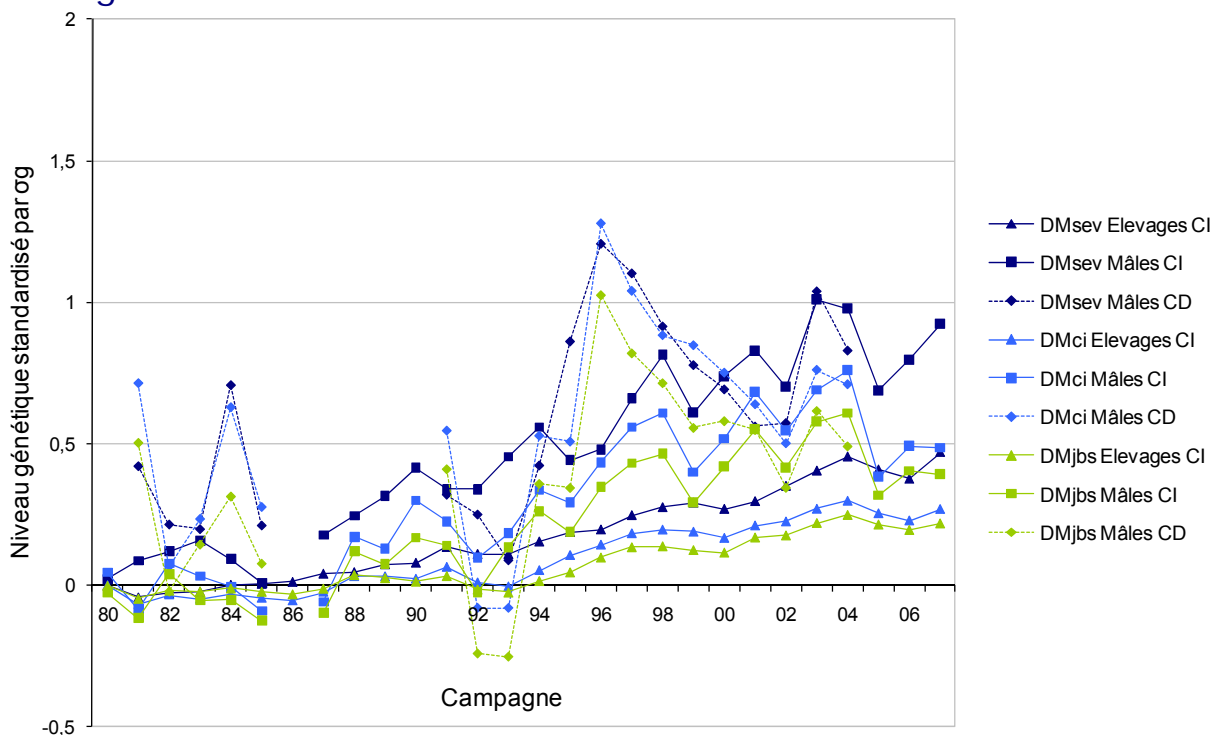


Figure 1. Evolution des niveaux génétiques (standardisés par écart-type génétique) des DM au sevrage (DM7), en CI (DM15) et en CD (DMjbs) selon l'année de naissance des individus des élevages alimentant le CI, des mâles évalués en CI et en CD de race Blonde d'Aquitaine

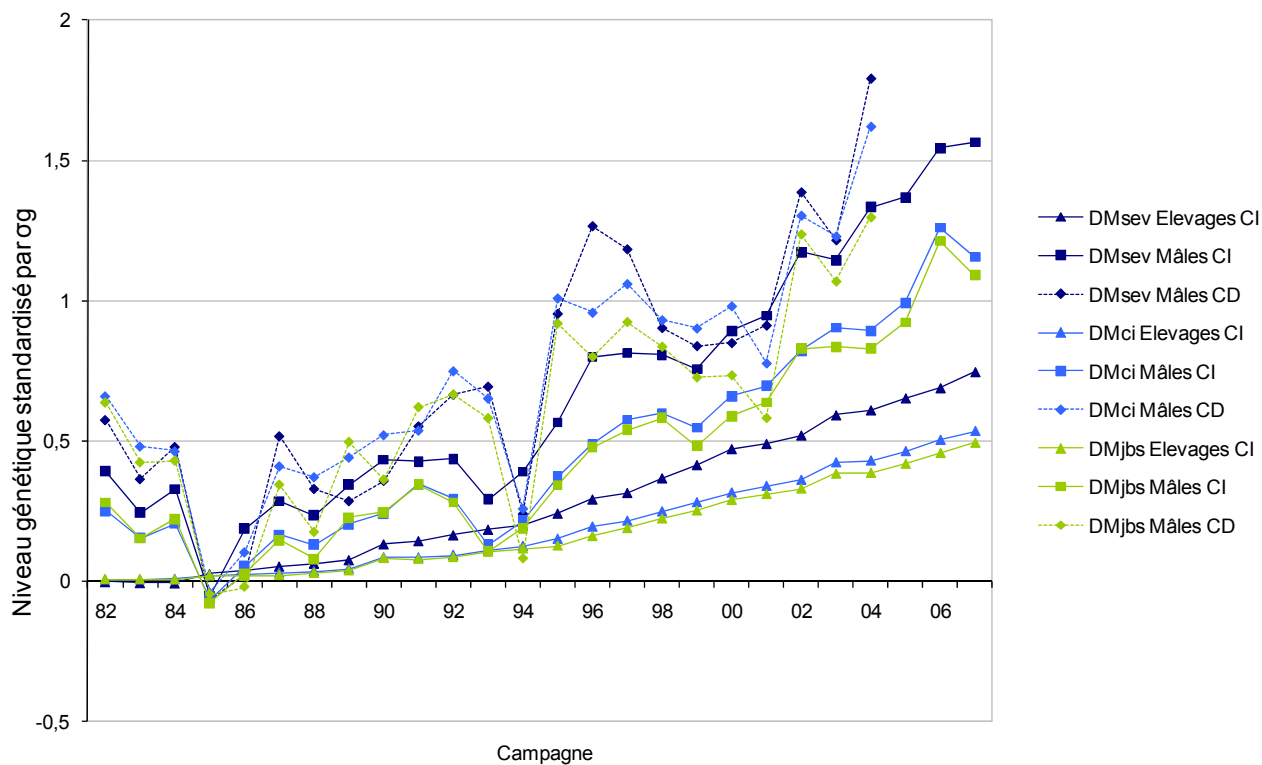


Figure 2. Evolution des niveaux génétiques (standardisés par écart-type génétique) des DM au sevrage (DM7), en CI (DM15) et en CD (DMjbs) selon l'année de naissance des individus des élevages alimentant le CI, des mâles évalués en CI et en CD de race Limousine

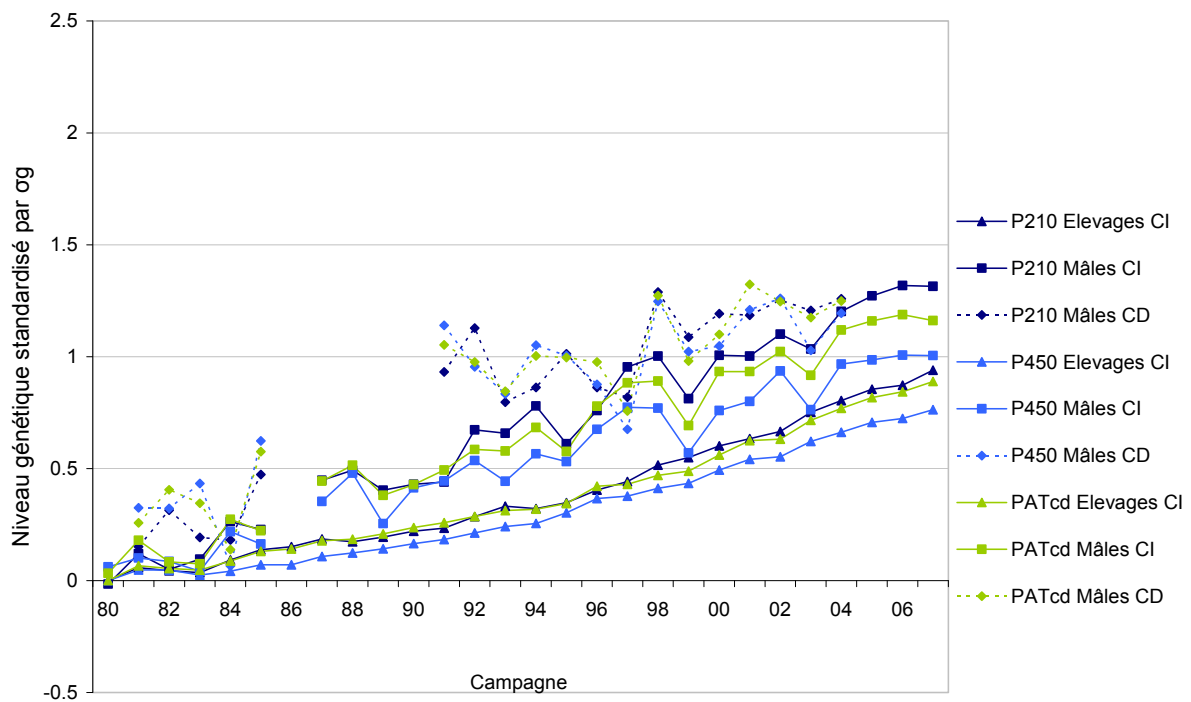


Figure 3. Evolution des niveaux génétiques (standardisés par écart-type génétique) des poids au sevrage (P210), en CI (P450) et en CD (PATcd) selon l'année de naissance des individus des élevages alimentant le CI, des mâles évalués en CI et en CD de race Blonde d'Aquitaine

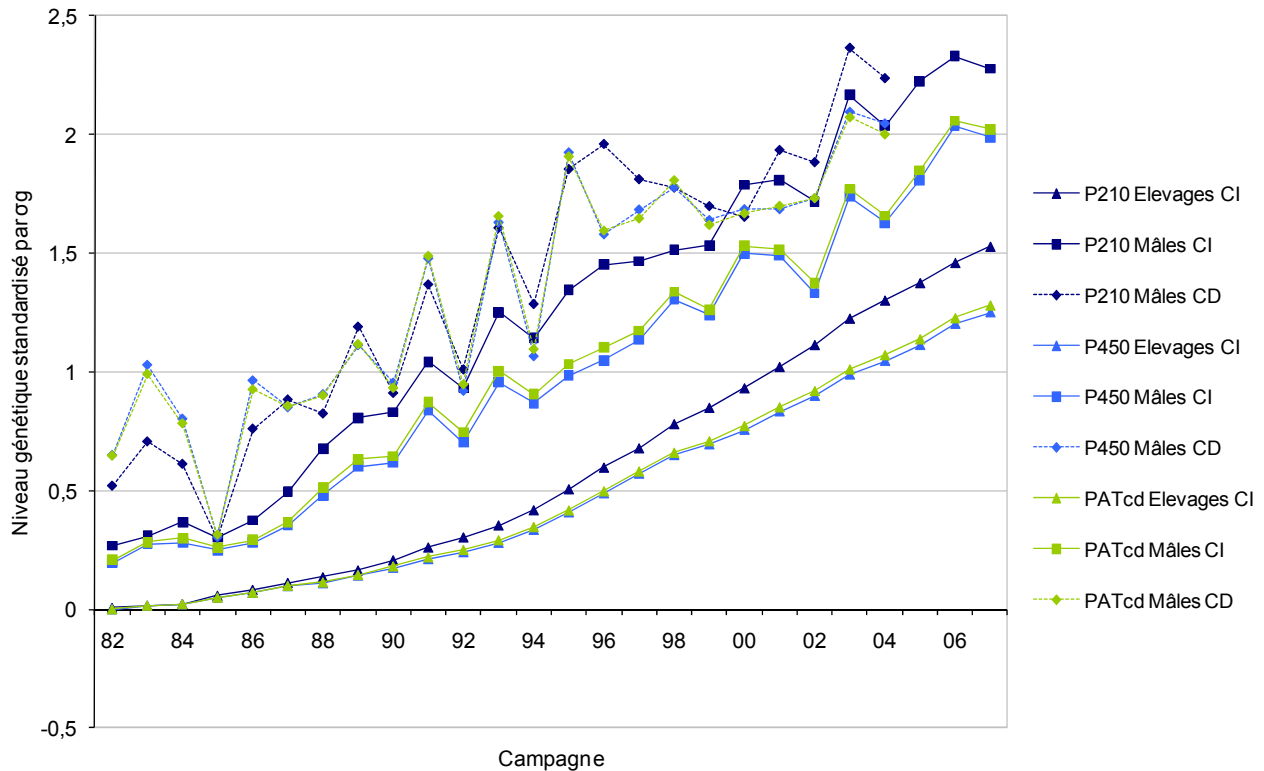


Figure 4. Evolution des niveaux génétiques (standardisés par écart-type génétique) des poids au sevrage (P210), en CI (P450) et en CD (PATcd) selon l'année de naissance des individus des élevages alimentant le CI, des mâles évalués en CI et en CD de race Limousine

Formations suivies

Approfondissements scientifiques et techniques, connaissance du milieu professionnel

Mai 2007	New insights in mixed model methodology, La Londe-les-Maures (J.-L. Foulley, F. Jaffrézic)	5 jours
Décembre 2007	Formation SAS, « Production d'états ». Institut de l'Elevage, Paris (T. Brun)	2 jours
Décembre 2007	Rédaction de l'article scientifique en anglais « Wright right », Paris, Ecole doctorale ABIES (D. White)	3 jours
Janvier 2008	Formation « Présentation orale en anglais », Paris, Ecole doctorale ABIES (D. White)	3 jours
Avril 2008	– Formation Projet professionnel, INRA, Centre de Jouy-en-Josas (I. Tchernia)	10 jours
Avril 2009		
Août 2008	Satellite « Writing & Presenting papers » en marge de l'EAAP (B. Malmfors)	1 jour
Avril 2009	Formation Initiation au langage PERL, INRA, Centre de Jouy-en-Josas (P. Nicolas)	2 jours

Ouverture scientifique et culturelle

Octobre 2006	Après la Loi d'Orientation Agricole, quelle organisation et quelle réglementation pour la sélection animale ? Agroparistech/CSAGAD.	1 jour 2 jours
Mars 2007	Journées ABIES, Agroparistech, Paris.	2 jours
Avril 2007	9 ^{ème} séminaire des thésards du département de Génétique Animale de l'INRA. Jouy-en-Josas	2 jours
Mars 2008	Journées ABIES, Agroparistech, Paris.	2 jours
Mars 2008	10 ^{ème} séminaire des thésards du département de génétique animale de l'INRA. Toulouse	2 jours
Août 2008	59 ^{ème} congrès européen de zootechnie (59th EAAP), Vilnius, Communication orale.	4 jours
Mars 2009	11 ^{ème} séminaire des thésards du département de génétique animale de l'INRA., Jouy-en-Josas.	2 jours
Août 2009	Congrès Interbull, Barcelone, Août 2009, communication orale.	3 jours
Août 2009	60 ^{ème} congrès européen de zootechnie (60th EAAP), Barcelone, communication orale	4 jours