



Evaluation génomique des femelles laitières croisées : comprendre la méthode pour accompagner les éleveurs à son utilisation

Audrey Martin (Eliance), Manon Guillerm (Idele)



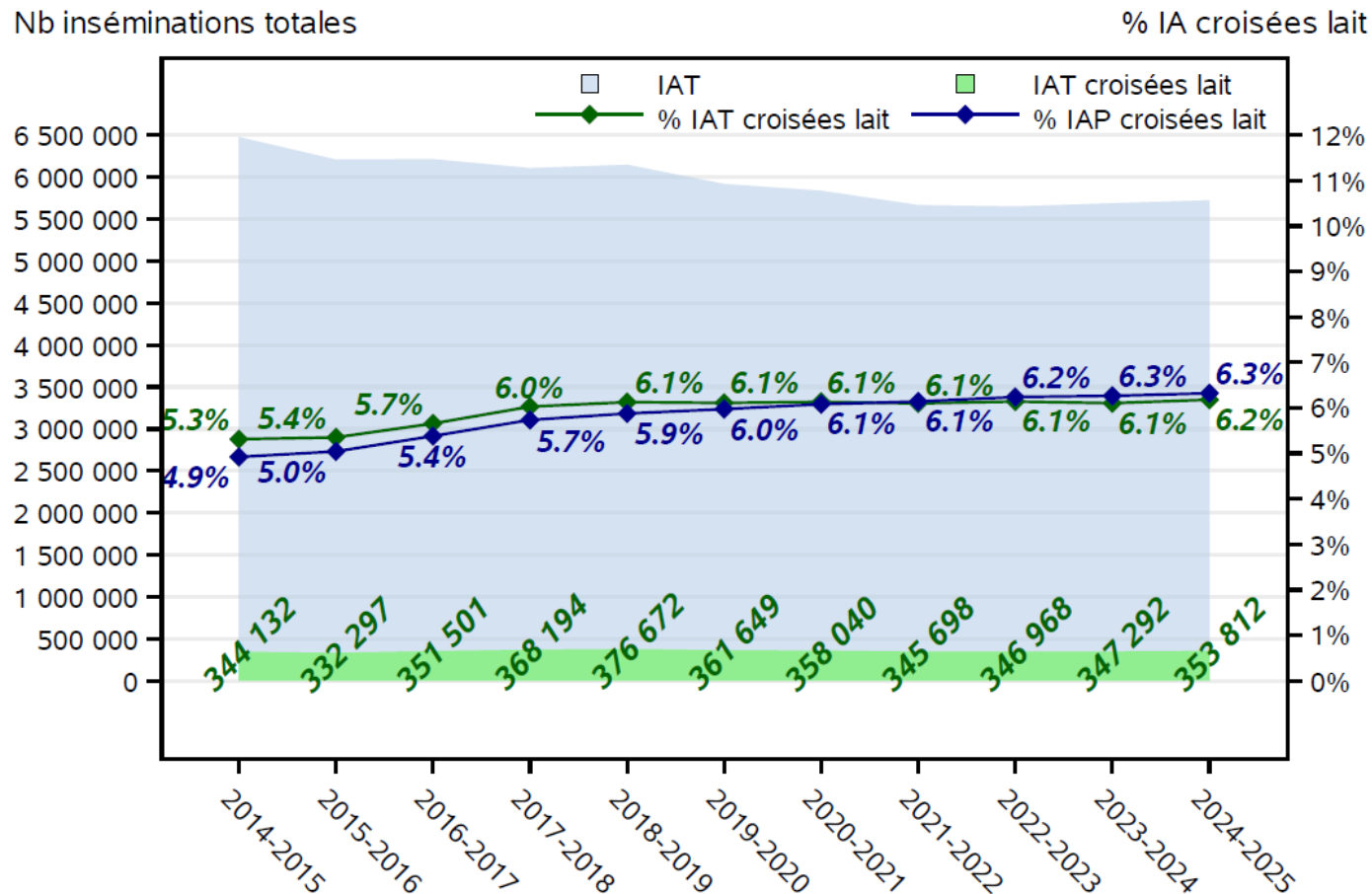
Les chiffres du croisement laitier en France

En 2025

- 6,6% des IAP sur vaches laitières et 5,2% des IAP sur génisses
- 6% des IAT sur femelles laitières

→ Sans outil génétique disponible !

Evolution du nombre et de la proportion d'inséminations en croisement laitier



IAP : Première IA

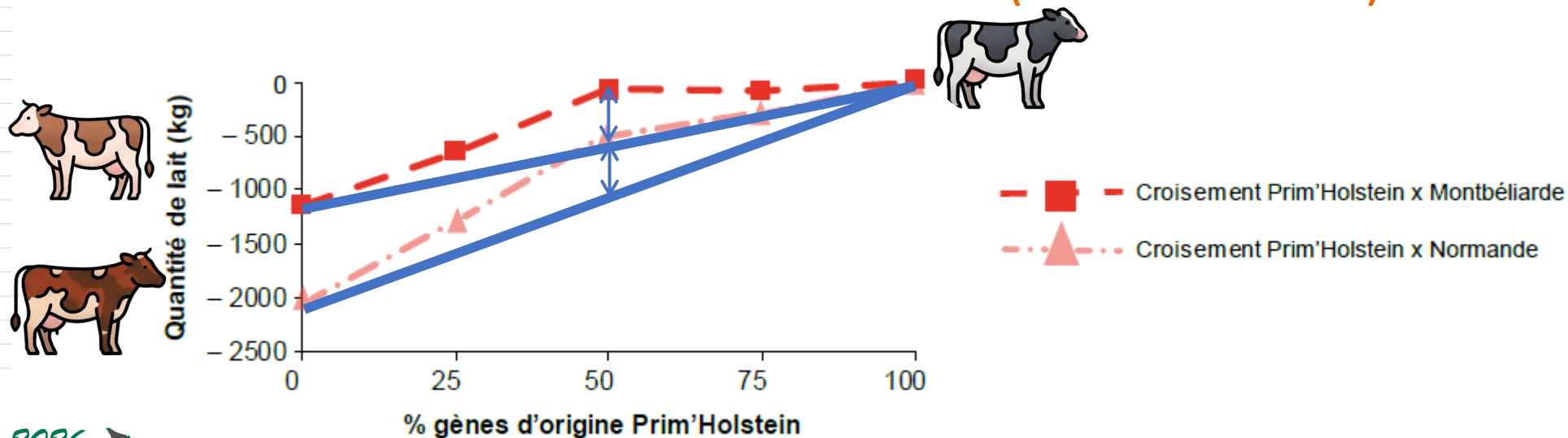
IAT : IA totale

Source : IDELE

Concept de l'hétérosis

Le croisement entre races bénéficie d'un effet d'hétérosis :

- “Bonus” des croisés par rapport à la moyenne des races parentales
- Observé sur le croisement de races génétiquement éloignées, il est dû à une plus grande diversité génétique
- Effet variable selon les caractères (++ robustesse)



Que penser du croisement ?

“Le croisement, c’est la
fin des races pures”

Le croisement se base sur les **apports des races pures**

Pas d'intérêt pour les éleveurs attachés à une race particulière

→ **Nécessite de conserver les races pures et continuer à les sélectionner**

“En 1^{er} croisement OK, mais
après j’en fais quoi ?”

Diminution de l'**effet d'hétérosis** si accouplement de la croisée de 1^{ère} génération (F1) avec un taureau d'une des deux races d'origine

→ **Encore maximum en croisant les F1 avec une nouvelle race**

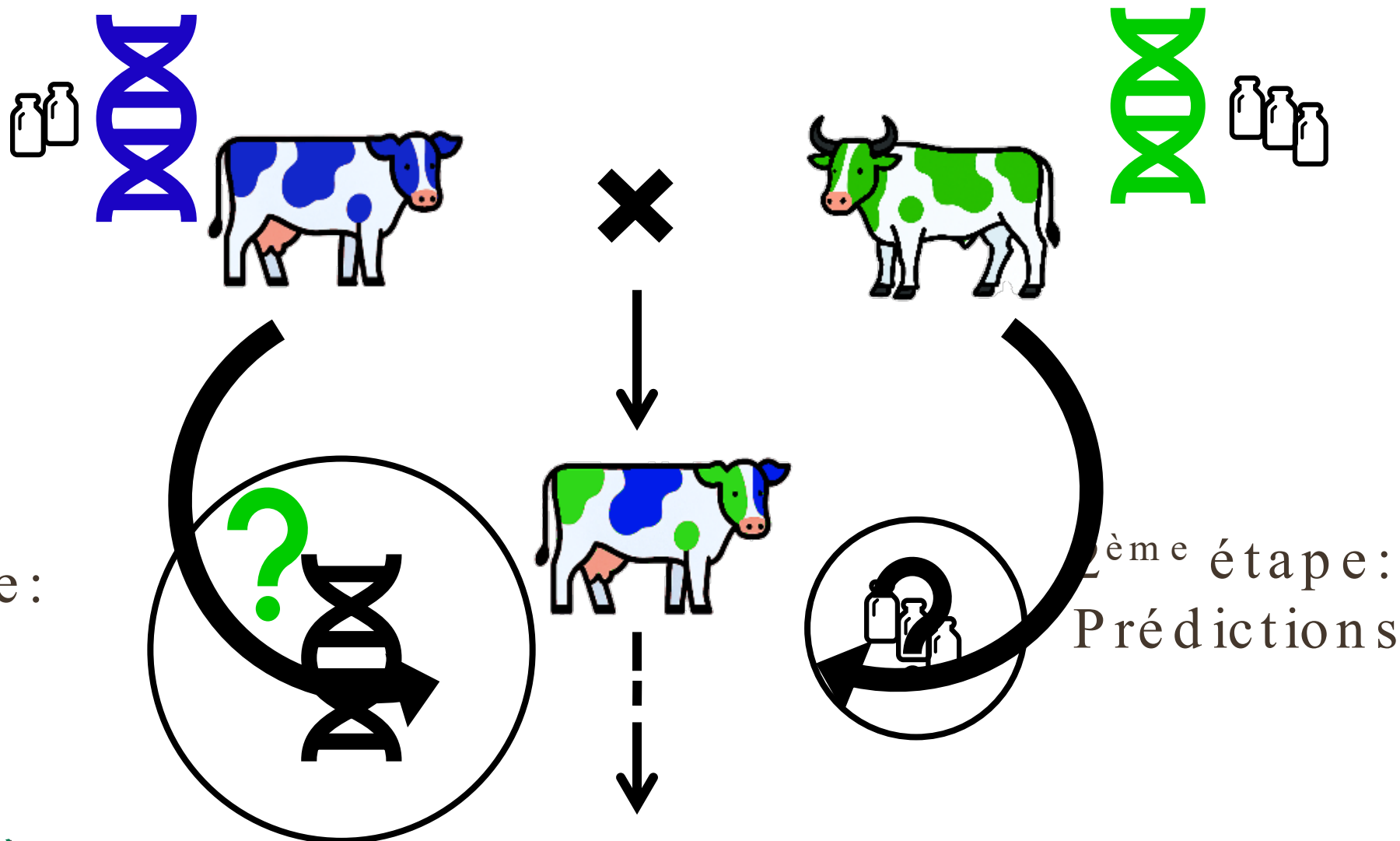
Croisement rotatif possible pour maintenir l'effet d'hétérosis (ex: dans PROCROSS, se stabilise à 86% d'hétérosis)

**=> Evaluations génomiques sur croisement, pour connaître le
potentiel des animaux croisés et optimiser les plans d'accouplement!**

Un sujet avec une histoire

- Repères et impacts technico-économiques du croisement laitier en France
 - Présentation au SPACE 2016 par Charlotte Dezetter et Pascale Le Mezec
- 2018 à 2023 – Projet EVAGENOC 
 - Objectif : Développement d'un **outil de calcul des valeurs génomiques** pour les femelles croisées laitières
 - 6258 animaux croisés génotypés
- Depuis fin 2023 – Projet TransEvagenoc 
 - Objectif : **Tests et déploiement des évaluations génomiques** pour le croisement laitier

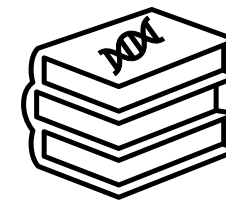
Comment évaluer les croisés laitiers ?



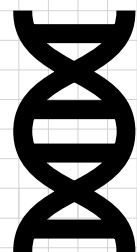
Données utilisées

- Croisés issus de 3 races laitières : Holstein, Montbéliarde, Normande
 - Données disponibles :
 - Géotypages
 - Performances en 1^{ère} lactation pour
 - Quantité de lait (LAIT)
 - Quantité de matière grasse (QMG)
 - Quantité de matière protéique (QMP)
 - Score de cellules somatiques (SCS)
 - Intervalle entre le vêlage et la première insémination (IVIA1)
- 4 004 croisés

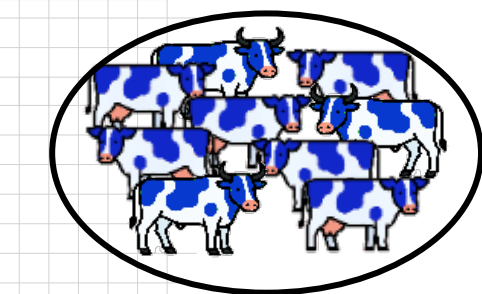
Parler génétique comme dans les livres



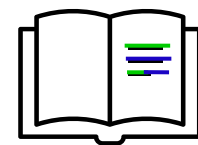
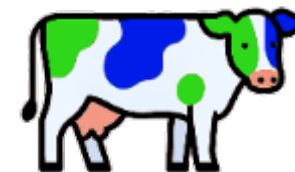
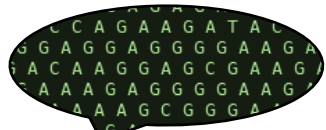
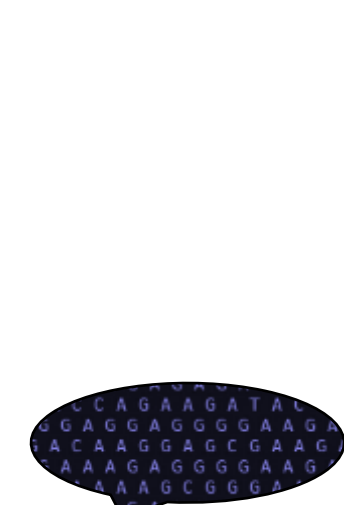
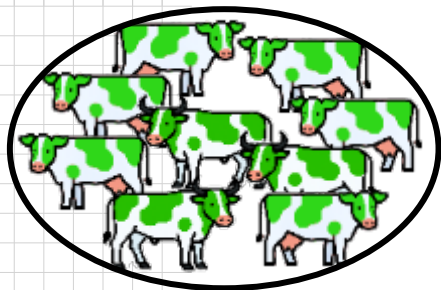
- Un génotypage peut être comparé à un livre :
 - Génome complet = Livre
 - Gène = Phrase
 - Marqueur (ou SNP) = Mot
 - Génotypage = Échantillon de mots permettant de reconstituer l'histoire
- L'histoire se ressemble en général mais les variations sont importantes :
 - “Elle produit beaucoup de lait” VS “Elle produit énormément de lait”
 - “Le vêlage a été très difficile” VS “Le vêlage a été sans aide”
- Chaque race a sa façon de raconter son histoire
 - Présence et fréquence des mots (=marqueurs)



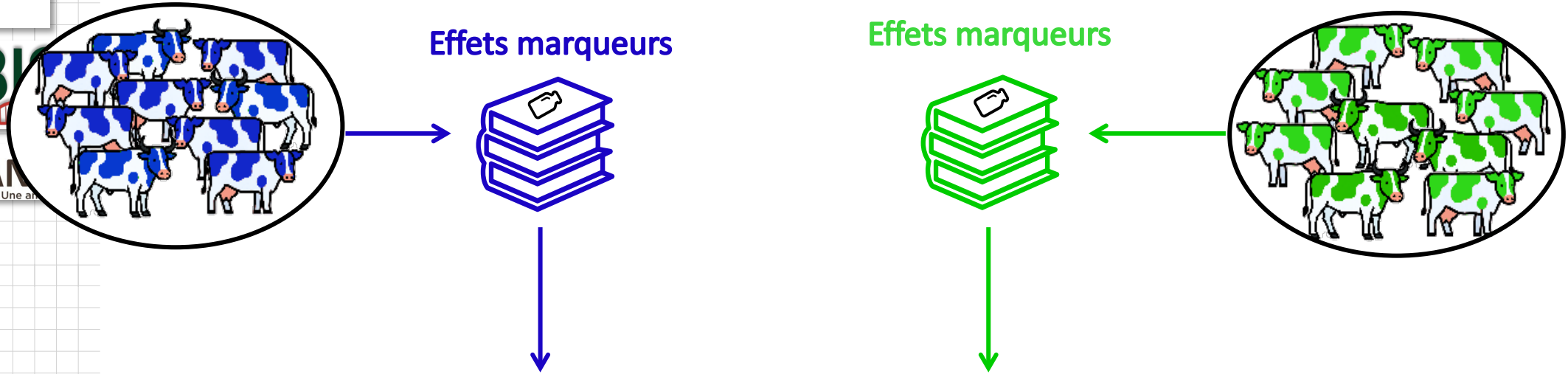
Origine raciale des marqueurs



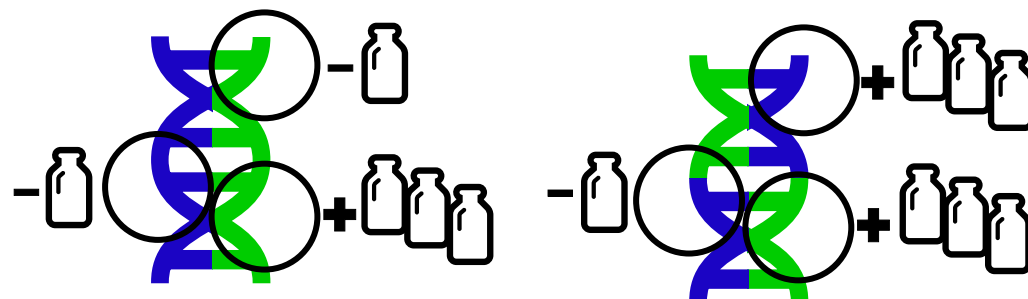
5000 animaux par race



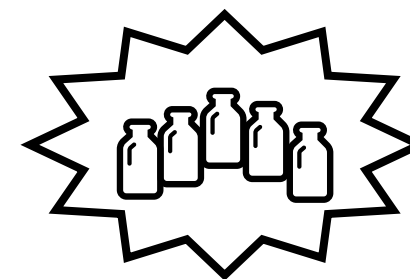
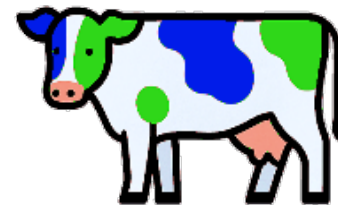
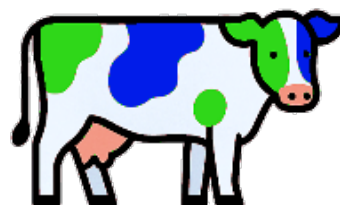
Évaluations génomiques classiques



Évaluations génomiques des croisés



Hétérosis +



+ Hétérosis

Méthode IPVGeno

Programme : CrossSG (Pascal Croiseau)

Quelle expression des index en croisement est souhaitable ?

1

Groupe d'échange avec les professionnels de la filière

2

Etablissement de scénarios et priorisation des caractères à étudier

1

Expression des index par **rapport à toutes les croisées lait** (ou d'un **type de croisement choisi**)

2

Envoi de valeur brutes aux OES qui se chargent du choix du mode d'expression

3

Expression des index **par rapport à une/des races pures choisies**, dont cas particulier de l'absorption : en fonction de la race d'arrivée

4

Expression des index en fonction d'une **base 0 arbitraire**

3

8 éleveurs enquêtés

Expression des index par rapport aux femelles croisées d'un croisement type

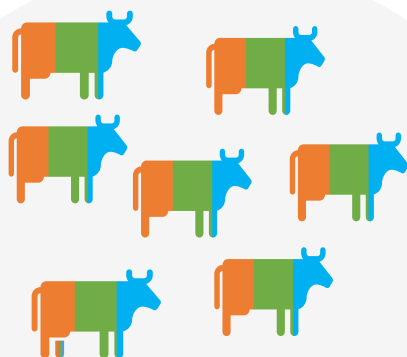
-  Pour troupeau 100% croisé
-   Troupeau schéma rotatif
-  Autres stratégies



Valeur génétique
= Σ effets SNP race pure



Je positionne ma femelle en fonction de :



**Croisées
schéma rotatif
3 races**

Base expression

Performances

Lait
Taux
Cellules
Santé mamelle
Repro, ...

Moyenne population
croisée = base 0

Exemple :

moyenne LAIT base croisée
= +8 500 kg

Valeur génétique en sortie
d'évaluation

Vache 1 : +9 500 kg

Vache 2 : +5 000 kg

Vache 3 : - 400 kg

→ Index exprimé (unité index)

Vache 1 : +1 000

Vache 2 : - 3 500

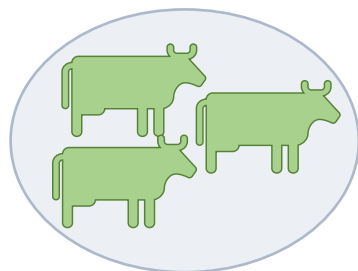
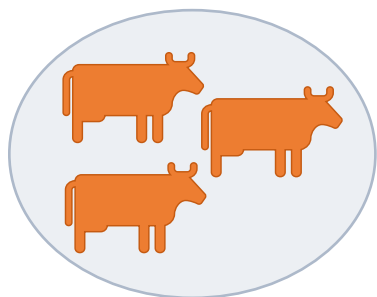
Vache 3 : - 8 900



Comparaison à une population
d'animaux qui me ressemble

Expression des index par rapport à une/des races pures choisies

**Race pure calcul
= Race pure expression**



**Race pure calcul
≠ Race pure expression**



Mise en œuvre simple car
disponibilité directe en sortie
d'évaluation



Complexifie l'indexation/diffusion
si plusieurs races pures sont
choisies

**Possibilité de conversion
vers une autre race**



**Création de tables de
correspondances pour
toutes les autres races**

*Différence raciale / race
Hétérosis / race*



Comparaison de toutes les femelles par rapport à une race pure
Base de comparaison avec race unique



Dépendance des choix de l'OS de la race d'expression (sélection,
politique, etc.)
Promotion d'une race
Amplitude d'index extrême



Accord entre OS sur le choix de la race de référence et donc du 0

Côté éleveurs, quelle expression des index en croisement est souhaitable ?

1

Expression des index par **rapport à toutes les croisées lait** (ou d'un **type de croisement choisi**)



Le **plus adapté** au croisement rotatif



A adapter selon les croisements majoritaires en France

3

Expression des index **par rapport à une/des races pures choisies**, dont cas particulier de l'absorption : en fonction de la race d'arrivée



Connaissance des références en race pure, facilité de **comparaison** même si valeurs extrêmes



? Quelle(s) race(s) choisir ?

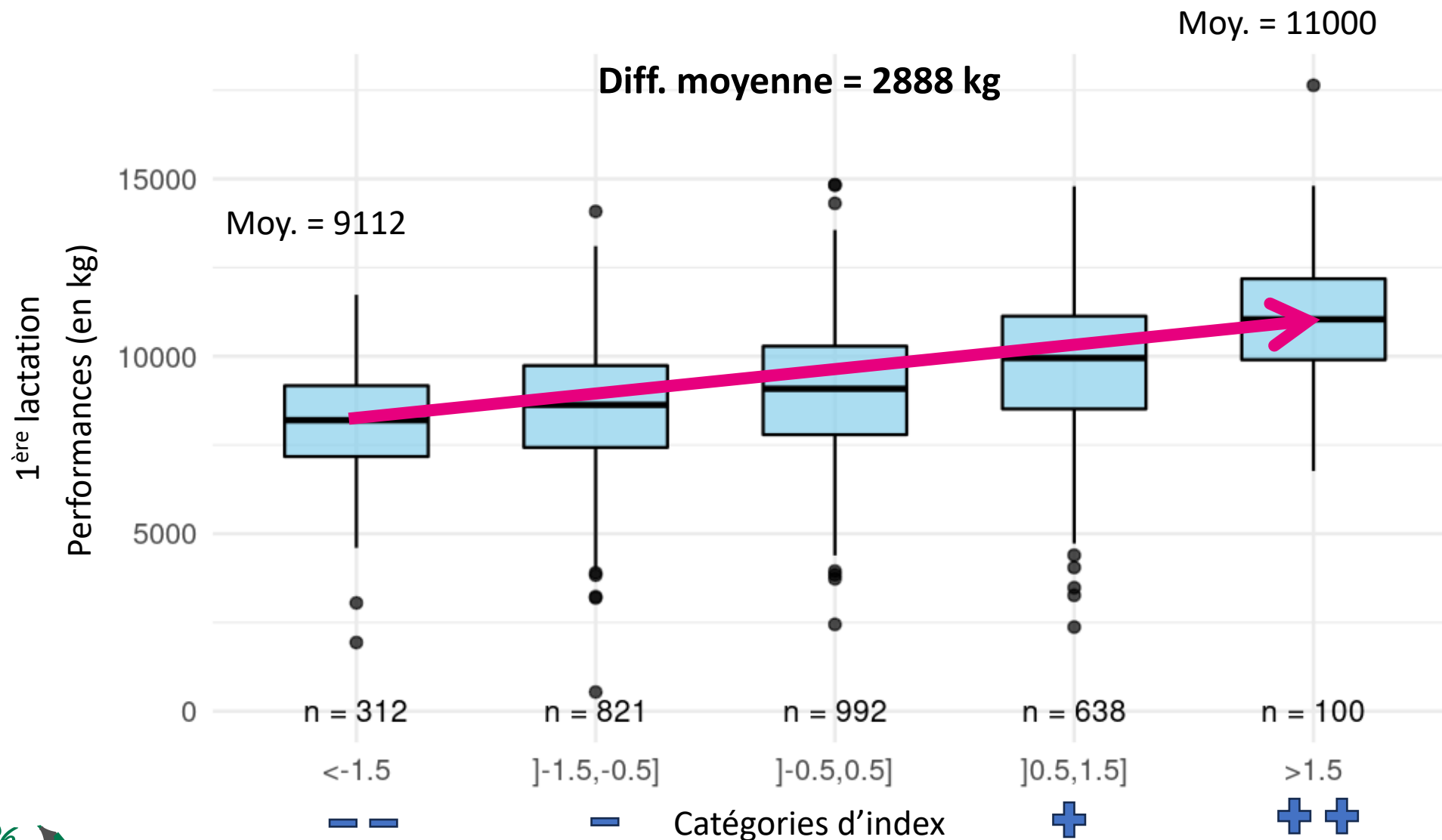
4

Expression des index en fonction d'une **base 0 arbitraire**

2

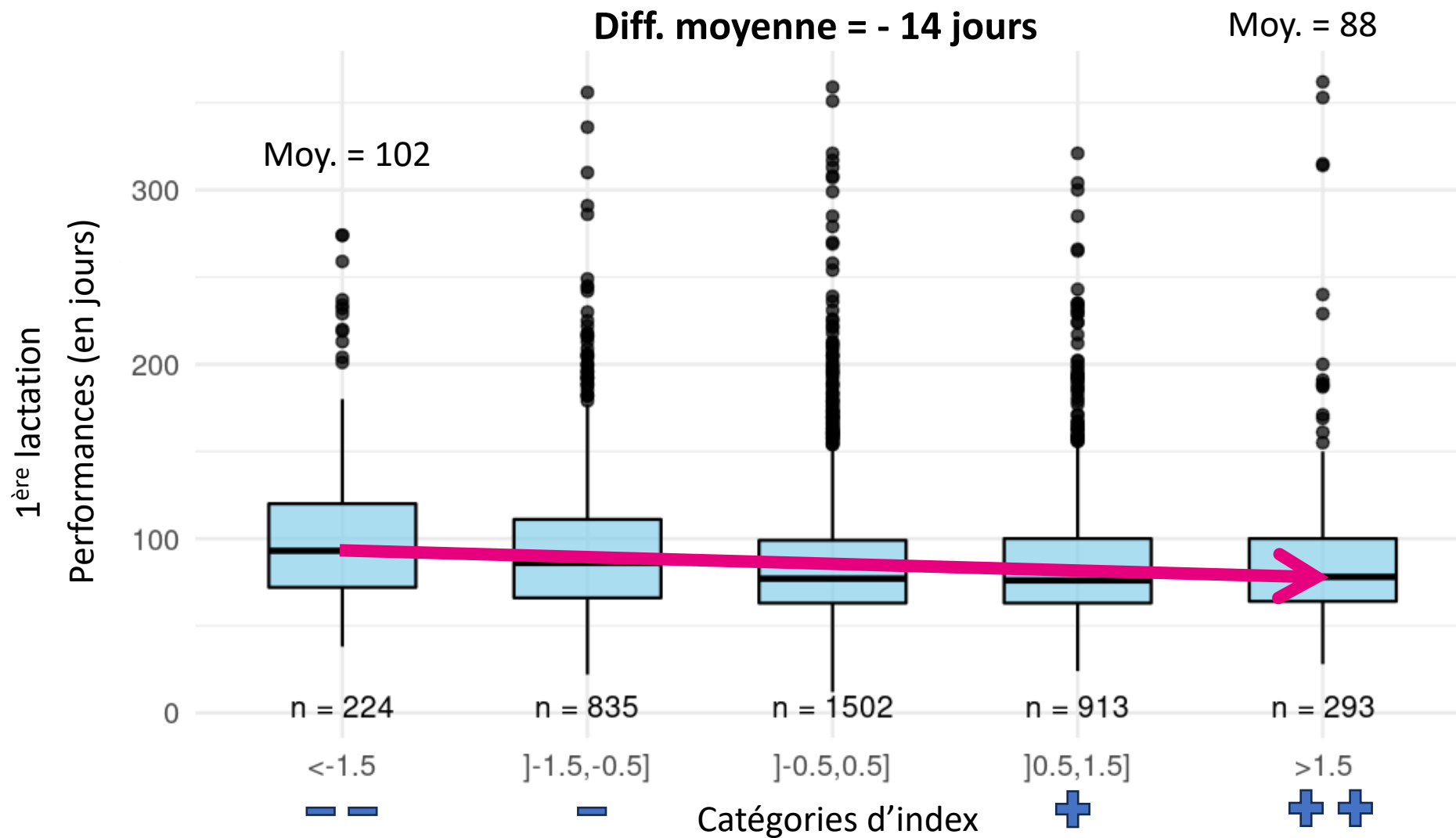
Envoi de valeur brutes aux OES qui se chargent du choix du mode d'expression

Travailler avec les index génomiques LAIT



Travailler avec les index génomiques

intervalle vêlage – 1^{ère} IA (IVIA1)



Pour les premières évaluations

- Quels caractères évalués ?
 - Caractères dont la mesure est commune à toutes les races pures
 - Production laitière et certains fonctionnels:
 - Quantité de lait
 - Quantité et taux de matière grasse
 - Quantité et taux de matière protéique
 - Score de cellules somatiques
 - Intervalle entre le vêlage et la première insémination
- Quel mode d'expression ?
 - Choix du scénario 1 : Expression basée sur la population croisée
 - Pour les animaux génotypés, index représentatifs de tous les types de croisement Français

A retenir

- Des outils ont été développés pour une indexation génomique des croisés laitiers !
 - Transmission des résultats du pilote aux OS/ES en décembre 2025
 - Travail sur croisées génotypées descendantes de 6 races laitières :
 - Holstein
 - Montbéliarde
 - Normande
 - Brune
 - Jersiaise
 - Rouge Scandinave (pour PROCROSS)

→ Soutenir l'effort de collecte de données des croisés laitiers



Merci de votre attention

Retrouvez les diaporamas de nos conférences
sur **idele.fr**



Venez échanger avec nos ingénieurs
sur notre
stand B08 (Hall 6)

