

Bilan de la sélection génomique bovine en France

INRAE Prod. Anim.,
2026, 39(2), 9986

Didier BOICHARD¹, Pascal CROISEAU¹, Florence PHOCAS¹, Romain SAINTILAN^{2,5}, François GUILLAUME^{1,3}, Sébastien TAUSSAT^{1,2}, Chris HOZÉ^{1,2}, Anne BARBAT¹, Aurélia BAUR², Hélène LECLERC^{2,3}, Carine CAPEL⁷, Mathieu DIRIBARNE⁷, Christine BERTRAND⁶, Philippe BOULESTEIX³, Mekki BOUSSAHA¹, Aurélien CAPITAN^{1,2}, Iola CROUE^{1,2,3,5}, Marine BARBAT⁵, Romain DASSONNEVILLE^{1,3}, André EGGEN^{1,8}, Clémentine ESCOUFLAIRE², Armelle GOVIGNON^{1,3}, Cécile GROHS¹, Manon GUILLERM³, Amandine LAUNAY³, Marc LAVAL⁶, Rachel LEFEBVRE¹, Laure-Hélène MAUGAN^{1,3}, Alexis MICHENET^{1,2}, Stéphanie MINERY^{3,5}, Marie-Pierre SANCHEZ¹, Aurélie VINET¹, Sophie MATTALIA³, Éric VENOT¹, Clotilde PATRY^{1,2,4}, Thierry TRIBOUT¹, Vincent DUCROCQ¹, Sébastien FRITZ²

¹Université Paris-Saclay, INRAE, AgroParisTech, GABI, 78350, Jouy-en-Josas, France

²Eliance, 75012, Paris, France

³Institut de l'Élevage – Idele, 75012, Paris, France

⁴Valogene, 75012, Paris, France

⁵Geneval, 78350, Jouy-en-Josas, France

⁶INRAE, CTIG, 78350, Jouy-en-Josas, France

⁷Apis-Gene, 75012, Paris, France

⁸Illumina, San Diego, USA

Courriel : didier.boichard@inrae.fr

■ Depuis 2009, la sélection génomique a profondément transformé les méthodes de sélection chez les bovins laitiers puis allaitants. Cet article présente cette évolution de rupture, en rappelle les principes, expose les raisons des choix réalisés ainsi que les principaux résultats acquis¹.

Introduction

La sélection génomique, proposée par Meuwissen *et al.* (2001), consiste à sélectionner des reproducteurs sur la base de leur valeur génétique prédite à partir de marqueurs génétiques répartis sur tout le génome. Son principe est relativement simple : une grande population dite de référence^{*2}, c'est-à-dire phénotypée et génotypée pour des marqueurs génétiques couvrant tout le génome, permet d'établir les relations statistiques entre génotypes et phénotypes. Autrement dit, à partir de ces données, cette méthode estime les effets des marqueurs génotypés sur le phénotype. À noter que les marqueurs

n'étant généralement pas les variants causaux, ces effets sont statistiques et non biologiques. Il est supposé qu'il existe une association entre les allèles du marqueur et les allèles des variants causaux sur le segment génomique qui entoure le marqueur. Cette association est dite déséquilibre de liaison (DL). Les effets statistiques des marqueurs reflètent donc l'effet global du segment génomique entourant chacun d'entre eux. Une fois estimés, ces effets de marqueurs sont appliqués à des candidats génotypés et leur somme constitue une prédiction des valeurs génétiques des candidats à la sélection (figure 1). Ceci suppose que les effets estimés dans la référence soient conservés chez les candidats et donc que les candidats

soient proches de la référence. À noter que seul le génotype des candidats est nécessaire, il n'est pas nécessaire qu'ils soient phénotypés.

Au début des années 2000, cette approche de sélection génomique est restée d'abord sans application, faute de disposer des outils génomiques adéquats. Elle nécessite en effet de pouvoir génotyper les individus pour un grand nombre de marqueurs couvrant l'intégralité du génome. Mais des progrès technologiques considérables ont été réalisés dans ce domaine. Le génome d'un nombre croissant d'espèces d'élevage a été séquencé, donnant accès à des dizaines de millions de variants génétiques, potentiels marqueurs

1 Les travaux de Didier Boichard et coll. sur la sélection génomique bovine ont été reconnus par le Laurier de l'INRA, prix collectif « Impact de la recherche » en 2016 et primés par l'Académie des sciences en 2024. <https://www.inrae.fr/actualites/lacademie-sciences-recompense-didier-boichard-ses-travaux-genetique-bovine>

2 Les concepts suivis d'un astérisque à leur première occurrence dans le texte sont définis dans l'encadré 1.

Encadré 1. Quelques concepts génétiques.

SNP ou **single nucleotide polymorphism** : polymorphisme de l'ADN résultant de la substitution d'une base par une autre. Les SNP sont les polymorphismes (ou variants) les plus nombreux sur le génome (plus de 150 millions sont décrits chez les bovins). Si l'évènement mutationnel est unique, le SNP n'a que deux allèles, l'allèle ancestral qui préexistait à la mutation, et l'allèle dérivé issu de la mutation. Il existe également des SNP à trois ou quatre allèles, mais ils sont beaucoup moins nombreux.

Puce à SNP : dispositif miniaturisé permettant, à partir d'un échantillon d'ADN, de génotyper plusieurs dizaines de milliers de variants bialléliques pour plusieurs dizaines d'individus simultanément. Deux entreprises produisent ce type de puce, Illumina et ThermoFisher.

Déséquilibre de liaison (DL) : association non aléatoire entre les allèles de deux variants génétiques à l'échelle d'une population. On le mesure souvent par le carré de la corrélation entre génotypes. Plusieurs sources peuvent créer du DL entre variants : la mutation, la sélection, la migration, ou la dérive. Une fois créé, le DL tend à être détruit progressivement au cours des générations par les recombinaisons successives. Le DL est généralement très fort entre marqueurs proches (car il y a peu de recombinaisons entre eux) et décroît lorsque la distance entre variants augmente.

Population de référence : ensemble de taille suffisante d'individus génotypés et phénotypés utilisé pour estimer les effets statistiques des variants génétiques sur les phénotypes. C'est le carburant de la sélection génomique.

Effectif génétique (Ne) d'une population : indicateur de diversité génétique d'une population, égal à la taille d'une population théorique non sélectionnée, reproduite au hasard et qui présente la même évolution de consanguinité que la population étudiée. Le DL présent sur le génome augmente lorsque Ne diminue. Les races bovines laitières ont des Ne compris entre 50 et 100, les races allaitantes entre 100 et 300.

Nombre de segments indépendants (Me) d'une population : le nombre de segments indépendants Me est le nombre maximum de QTL indépendants que l'on peut trouver sur le génome et détermine donc le nombre d'effets indépendants à estimer. Me est d'autant plus faible que le DL s'étend sur de grandes distances et donc que Ne est faible. Différentes formules ont été proposées pour estimer Me, basées sur des hypothèses différentes. Les modèles les plus aboutis reposent sur la variance des termes de la différence entre les parentés génomiques et pedigree dans la population de référence. Plus cette variance est forte, plus Me est faible.

Coefficient de détermination (CD) : le CD est le carré de la corrélation entre valeur génétique vraie et valeur génétique prédite. Il est compris entre 0 (absence d'information) et 1 (la valeur prédite est égale à la valeur génétique vraie). La valeur vraie étant inconnue, on ne peut pas mesurer le CD mais seulement l'estimer. Il existe plusieurs façons de l'estimer, par exemple : *i)* un CD empirique est obtenu en comparant les index prédits aux performances futures ; *ii)* un CD théorique en mesurant la quantité d'information disponible pour estimer l'index. Le CD génomique dans la population de référence peut s'exprimer comme $CD_g = \frac{q\theta}{1 + \theta - CD_g q h^2}$ (formule [1])

(Dekkers et al., 2021), avec q la fraction de la variance génétique expliquée par les marqueurs, h^2 l'héritabilité du prédictor phénotypique, $\theta = Nh^2/Me$, N l'effectif de la population de référence et Me le nombre de segments indépendants dans le génome.

Évaluation génomique de type « Single Step » : il s'agit d'une évaluation génomique en une seule étape de tous les animaux, qu'ils soient génotypés ou non, combinant les informations de phénotypes, pedigree et génotypes. Pour cela, la méthode calcule l'espérance des génotypes des animaux non génotypés, conditionnellement aux génotypes des animaux typés et du pedigree de la population. Ou, de façon équivalente, la méthode calcule et utilise la matrice d'apparentement (notée **H**) entre tous les animaux, génotypés ou non, en combinant les informations des génotypes et du pedigree. Cette méthode est considérée comme optimale en termes de précision et de réduction des biais.

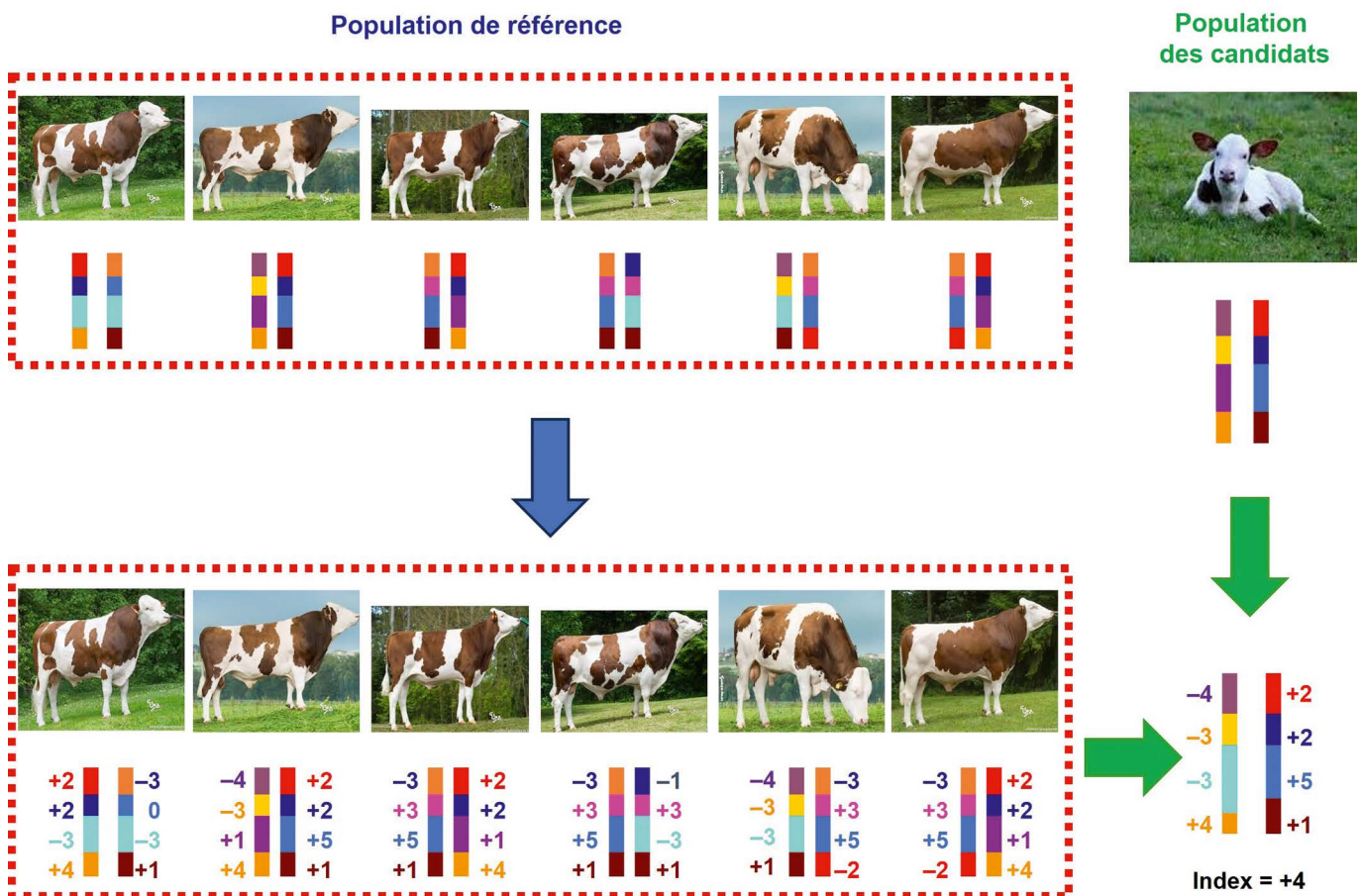
« Run of homozygosity » (ROH) : un individu a une probabilité égale à son coefficient de consanguinité d'être homozygote pour un allèle de variant issu d'un ancêtre commun à son père et sa mère. Dans ce cas, ce qui est transmis n'est pas un variant isolé mais un bloc haplotypique d'autant plus long que l'ancêtre est proche, les recombinaisons réduisant le segment ancestral au cours des générations. Un ROH est un segment homozygote d'une longueur suffisante (pour garantir l'identité par descendance) traduisant l'existence de consanguinité. La longueur cumulée des ROH rapportée à la longueur totale du génome couverte par les marqueurs est une estimation du taux de consanguinité d'un individu.

Variance gamétique et variance d'aléa de méiose : la variance gamétique est la variance génétique présente entre les gamètes d'un individu, résultant de la ségrégation des chromosomes et des recombinaisons. C'est aussi la variance génétique des descendants d'un reproducteur. La variance d'aléa de méiose est la variabilité génétique des descendants d'un couple de parents. Si les effets des gènes sont additifs, la variance d'aléa de méiose est la somme des variances gamétiques des deux parents. Dans le modèle polygénique, la variance gamétique et la variance d'aléa de méiose sont égales respectivement à un quart et la moitié de la variance génétique, si les parents sont non consanguins. Ce modèle ne prédit donc pas d'hétérogénéité de ces variances (hors consanguinité). Or en pratique, on observe des différences de variance entre parents, que l'on attribue à leur plus ou moins grande hétérozygotie aux QTL et à leurs associations positives ou négatives entre allèles de QTL. Si ces variances sont plus élevées, on trouve des individus plus extrêmes dans la descendance, donc de meilleurs descendants élite.

à inclure dans des outils de génotypage. Les plus fréquents sont les SNP* (*Single Nucleotide Polymorphism* ou polymorphisme mononucléotidique) qui résultent de la substitution d'un nucléotide de la séquence d'ADN par

un autre. Des dispositifs dénommés « puces à SNP »* ont été élaborés et commercialisés par deux compagnies principales, Illumina et Affymetrix (aujourd'hui ThermoFisher). Ces puces permettent de génotyper des individus

pour un grand nombre de SNP simultanément. L'ADN est extrait à partir d'un tissu de l'individu (sang, cartilage, bulbes de poil, muqueuse buccale ou nasale, sperme...) et hybridé de manière spécifique sur la puce. Pour un

Figure 1. Principe de l'évaluation génomique.

Les effets des SNP sont estimés dans une population de référence avec performances et sont appliqués aux génotypes des candidats à la sélection.

marqueur donné, l'hybridation est associée à un signal de fluorescence spécifique de l'allèle et permet de déduire le génotype de l'individu. Des puces à SNP sont disponibles pour un grand nombre d'espèces d'élevage. Chez le bovin, la première puce de référence commercialisée en 2008, dite 50k ou moyenne densité (MD), permettait de tester environ 54 000 SNP simultanément. Elle a été complétée ensuite par deux puces à haute (HD, 777 000 SNP) et basse densités (LD, 7 000 SNP). De nombreuses autres puces, de densités variables, ont été créées depuis. Toutes ces puces sont majoritairement constituées de variants très polymorphes dans de nombreuses races, ce qui permet de les utiliser dans toutes les populations.

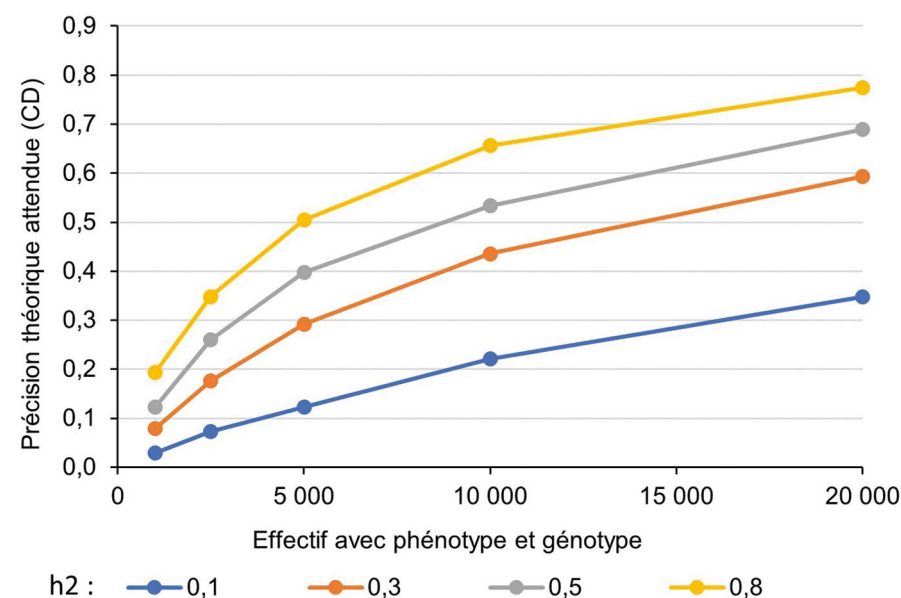
Un paramètre central de l'efficacité de la sélection est la précision des index qui, en génomique, dépend des caractéristiques de la population de référence. Les trois critères essentiels sont i) sa taille, ii) l'héritabilité ou, de

façon plus générale, l'informativité des phénotypes, et iii) la diversité génétique de la population sélectionnée. Plusieurs formules ont été proposées pour prédire la précision théorique (Coefficient de détermination* ou CD) de l'évaluation génomique. Ces formules, reposant sur des hypothèses différentes, ne donnent pas les mêmes résultats (Brard & Ricard, 2015) mais elles fournissent des ordres de grandeur raisonnables pour raisonner et optimiser la sélection. La figure 2 montre la précision de l'évaluation génomique en fonction de la taille de la population de référence et de l'héritabilité du phénotype avec la formule de Goddard (2009). Cette figure montre que pour obtenir une précision élevée, il faut plusieurs milliers d'individus si le phénotype est très héritable, et plus généralement plusieurs dizaines de milliers pour des héritabilités modérées. Un autre paramètre important est la diversité génétique de la population. On mesure cette diversité par l'effectif génétique N_e^* . La figure 2 correspond à

un effectif génétique de 100, une valeur typiquement rencontrée pour les races bovines. Plus l'effectif génétique est grand, plus le DL décroît rapidement avec la distance sur le génome, et donc plus petit est le segment génomique associé à un marqueur. Dans sa définition la plus intuitive, le nombre de segments indépendants Me^* est le nombre maximum de QTL indépendants que l'on peut trouver sur le génome et détermine donc le nombre d'effets indépendants à estimer. Me est d'autant plus faible que N_e est faible. En termes de précision de l'évaluation, une faible diversité génétique est donc plutôt un avantage, car le nombre d'effets à estimer est moindre. À dispositif équivalent, la précision de l'évaluation peut donc varier entre races.

Enfin, notons que si l'héritabilité d'un caractère est une donnée biologique, le prédictor utilisé peut combiner plusieurs mesures et donc avoir une héritabilité apparente plus élevée. C'est le

Figure 2. Précision (coefficient de détermination) de l'évaluation génomique en fonction de la taille de population de référence et de l'héritabilité du prédicteur.



Source : Goddard (2009).

cas par exemple d'une moyenne de performances sur plusieurs lactations d'un individu, ou d'une moyenne de performances de descendants pour un parent. Boichard *et al.* (2015) montrent par exemple qu'un index sur descendance assez précis (CD = 0,7 par exemple) apporte autant d'information que 2,5 ou 9 individus avec une performance propre lorsque l'héritabilité est respectivement de 0,5 et 0,2. Et ce nombre est beaucoup plus élevé si l'héritabilité est faible.

Les bovins laitiers ont joué un rôle pionnier en sélection génomique. Plusieurs raisons expliquent cette situation. D'une part, la sélection phénotypique avait des caractéristiques très défavorables, nécessitant un testage sur descendance des taureaux, et le gain apporté par la sélection génomique était donc très important. D'autre part, la structure de population était très favorable à sa mise en place initiale, l'ensemble des taureaux testés par le passé constituant une excellente population de référence qu'il suffisait de génotyper. Schaeffer (2006) a montré que dans cette filière les conditions étaient réunies pour que la sélection génomique soit beaucoup plus efficace et sans doute moins chère que la sélection sur descendance utilisée jusque-là. En effet, la sélection génomique permet

de sélectionner dès le jeune âge avec une précision satisfaisante, supprime le besoin de testage sur descendance des taureaux et réduit fortement l'intervalle de génération. Un paramètre essentiel est le coût du génotypage et un objectif constant a été de le réduire. En effet, si ce coût est attractif, la constitution de grandes populations de référence est possible en génotypant les animaux avec information phénotypique, souvent disponibles en grand nombre, et la précision des index est élevée pour les mâles comme pour les femelles. De même, un coût réduit permet de génotyper beaucoup de candidats pour n'en retenir qu'un petit nombre, et l'intensité de sélection est forte. Toutes ces conditions favorables expliquent le développement précoce et rapide de la sélection génomique chez les bovins laitiers.

Dans cet article, nous présentons l'histoire de la sélection génomique bovine en France. Ce travail rétrospectif a été réalisé dans le cadre du projet *Obgeno* financé par Apis-Gene (encadré 2) et dont l'objectif était de faire un bilan des 15 années de sélection génomique chez les bovins. Les changements ont été très profonds dans tous les domaines de la sélection : fin du testage sur descendance, constitution de grandes populations

de référence, généralisation du génotypage à grande échelle, extension à un nombre croissant de populations, évolution des objectifs de sélection permise par les nouvelles conditions de sélection, prise en compte de nouveaux caractères, gestion de la diversité et des anomalies génétiques, changements organisationnels. Cet article aborde ces différents aspects.

1. Historique de la sélection génomique

Depuis les années 1950, la sélection bovine a évolué dans ses objectifs et ses méthodes mais a toujours gardé les mêmes principes. En bovins laitiers, la sélection s'est opérée principalement sur les taureaux d'insémination artificielle évalués à l'aide d'un testage sur descendance. Ce procédé a été efficace mais il avait plusieurs inconvénients : sa lenteur puisqu'un taureau n'obtenait son index qu'à l'âge de cinq à six ans, son coût très élevé limitant le nombre de taureaux mis en testage (quelques centaines par an) puis de ceux diffusés largement (quelques dizaines par an), une efficacité limitée pour les caractères fonctionnels peu héritables et les caractères observés tardivement (donc après l'étape de sélection), et un décalage de près de dix ans entre une décision de sélection et l'impact observé dans la population. En bovins allaitants, la monte naturelle étant prédominante, les conditions étaient un peu différentes, mais tout aussi limitantes sur l'organisation de la sélection et sur son efficacité, en particulier pour les caractères maternels et fonctionnels. L'arrivée de la génomique a donc profondément modifié la sélection bovine.

■ 1.1. Les débuts dans trois races laitières

La sélection génomique a débuté en France en 2009 dans trois races laitières : Holstein, Montbéliarde et Normande. Elle s'est basée initialement sur des populations de référence de taureaux testés sur descendance. Cette option est particulièrement efficace car un index sur descendance précis est équivalent à une performance propre du

Encadré 2. Organismes cités.

Apis-Gene est une société anonyme simplifiée créée en 2003 par cinq organismes professionnels nationaux des filières de ruminants (CNE, Cniel, Eliance, Interbev et Idele). Elle a pour objet d'investir dans la recherche en génomique animale et, quand les résultats le permettent, de les valoriser. Elle a financé entre autres un grand nombre de projets de recherche et une douzaine de thèses Cifre pour le développement de la sélection génomique et ses applications. <https://apis-gene.com/>

VALOGENE est une société anonyme simplifiée créée en 2009 par six entreprises de sélection bovine pour organiser le génotypage des animaux et le calcul et la diffusion des évaluations génomiques laitières. Elle réalise aussi une partie de ces mêmes activités en bovins allaitants pour le compte des organismes de sélection. Elle achète les puces de génotypage pour l'ensemble du consortium Eurogenomics.

GenEval est une association créée en 2018 par Eliance et Races de France pour réaliser les évaluations génétiques pour le compte des organismes de sélection, à partir des données de la Base nationale de données zootechniques maintenue au CTIG (INRAE). Depuis cette date et la mise en place du Règlement zootechnique européen, elle remplace INRAE qui réalisait cette mission auparavant. <https://geneval.fr/>

UMT eBIS est une unité mixte technologique rassemblant INRAE, Idele et Eliance localisée à Jouy-en-Josas (78) et qui a réalisé l'essentiel des travaux de recherche et développement présentés dans cet article. <https://idele.fr/umt-ebis/>

taureau avec une héritabilité égale à la précision de cet index, donc très élevée par rapport à l'héritabilité du caractère mesuré sur chaque fille. Ainsi, même avec une population de référence de quelques milliers de taureaux, les index génomiques sont relativement précis pour tous les caractères disposant d'un index sur descendance. Par ailleurs, grâce à une banque de sperme constituée depuis 1992 à INRAE avec les entreprises de sélection, l'ADN de tous ces taureaux était disponible, permettant leur génotypage dans le cadre du projet ANR – Apis-Gene *CartoFine*. La précision étant d'emblée satisfaisante, la mise en testage des jeunes taureaux a été stoppée en 2009 et les index génomiques ont été officialisés en 2010, ouvrant la voie à l'utilisation de la semence de jeunes taureaux évalués uniquement sur information génomique. Les séries de taureaux mis en testage les années précédentes ont reçu leurs index sur descendance entre 2010 et 2013 et ont permis de valider l'approche et de convaincre définitivement les acteurs de la sélection.

À l'échelle internationale, les grands pays laitiers d'Europe et d'Amérique du Nord ont profité des mêmes outils génomiques pour réaliser cette transition. Rapidement, il est apparu que le consortium Holstein nord-américain (USA et Canada) disposait d'une très grande population de référence de taureaux et donc d'une précision des index

génomiques plus élevée qu'en Europe. Dès 2009, six pays européens (France, Allemagne, Pays-Bas, Danemark, Suède, Finlande), précédemment concurrents, bientôt suivis par l'Espagne et la Pologne, ont décidé de partager leurs populations de référence dans le cadre d'un nouveau consortium dénommé EuroGenomics qui marquera durablement l'organisation de la sélection en Europe. Cette action a clairement démontré l'importance de la taille de la population de référence pour gagner en précision (Lund *et al.*, 2011) tout en partageant l'investissement entre partenaires. Cette démonstration a également creusé l'écart entre races à grands et plus petits effectifs, écart qu'il fallait impérativement combler pour assurer l'avenir de toutes les races.

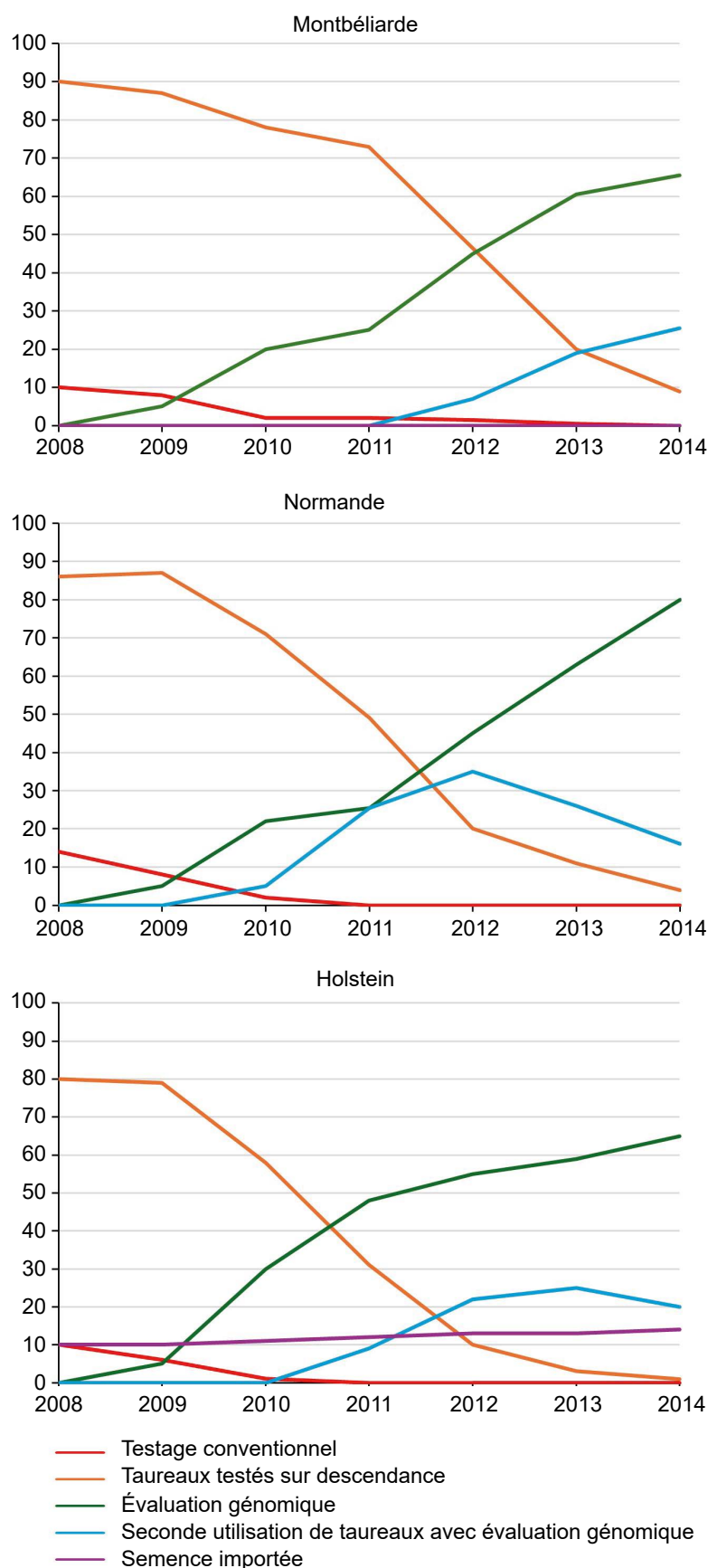
Les taureaux évalués en génomique, plus jeunes que les taureaux testés sur descendance bénéficient davantage du progrès génétique. Ils sont aussi sélectionnés plus intensément que les taureaux après testage, inévitablement beaucoup moins nombreux, de sorte que le haut du classement a été monopolisé par les jeunes taureaux. Ce constat, visible de tous les éleveurs, a favorisé un changement très rapide du type d'utilisation des taureaux d'insémination : en moins de trois ans, les taureaux testés qui assuraient plus de 80 % des inséminations jusqu'en 2009 ont été remplacés par de jeunes taureaux (figure 3).

■ 1.2. La stratégie de massification

Les premières puces étaient chères, leur usage était donc limité aux besoins des schémas de sélection, pour le génotypage des jeunes candidats mâles et éventuellement leurs mères, soit environ 20 000 typages par an. Le génotypage a été ouvert aux éleveurs dès 2011 mais il est resté relativement limité les premières années, même s'il faut mentionner la politique volontariste de la race Montbéliarde. Or, à l'échelle de la race, une extension du génotypage de masse des femelles était indispensable à moyen terme pour renouveler la population de référence, le nombre de nouveaux mâles étant insuffisant pour le permettre. La stratégie a été de développer un cercle vertueux, une réduction du coût unitaire engendrant une hausse des volumes, elle-même entraînant une baisse du coût. Pour cela, le génotypage a été proposé aux éleveurs pour la sélection intratroupeau à partir d'index précis pour tous les caractères. Les éleveurs ont donc financé les génotypages pour optimiser leur sélection et leur conduite de troupeau, et les animaux génotypés puis phénotypés ont ensuite contribué à accroître et renouveler la population de référence. Ceci est une spécificité de l'espèce bovine car dans la très grande majorité des autres espèces animales et végétales, la constitution et le renouvellement de la population de référence constituent un coût pour le programme de sélection. Elle explique aussi le grand nombre de génotypages réalisés et son accroissement constant. Le scénario le plus profitable pour l'éleveur consiste à combiner le génotypage avec l'utilisation de semence sexée de race pure et du croisement industriel. Dans ce scénario, les meilleures femelles sont sélectionnées sur la base de leurs index génomiques et inséminées avec de la semence sexée pour couvrir le besoin de renouvellement. Les autres femelles peuvent alors être inséminées par un taureau de race à viande afin de maximiser le revenu viande (Bérodier *et al.*, 2019, 2021 ; Boichard *et al.*, 2024).

L'outil de base pour diminuer les coûts a été la puce « basse densité » dite LD, avec initialement 7 000 marqueurs

Figure 3. Évolution relative (%) des inséminations selon le type de taureaux dans trois races laitières après la mise en œuvre de la sélection génomique.

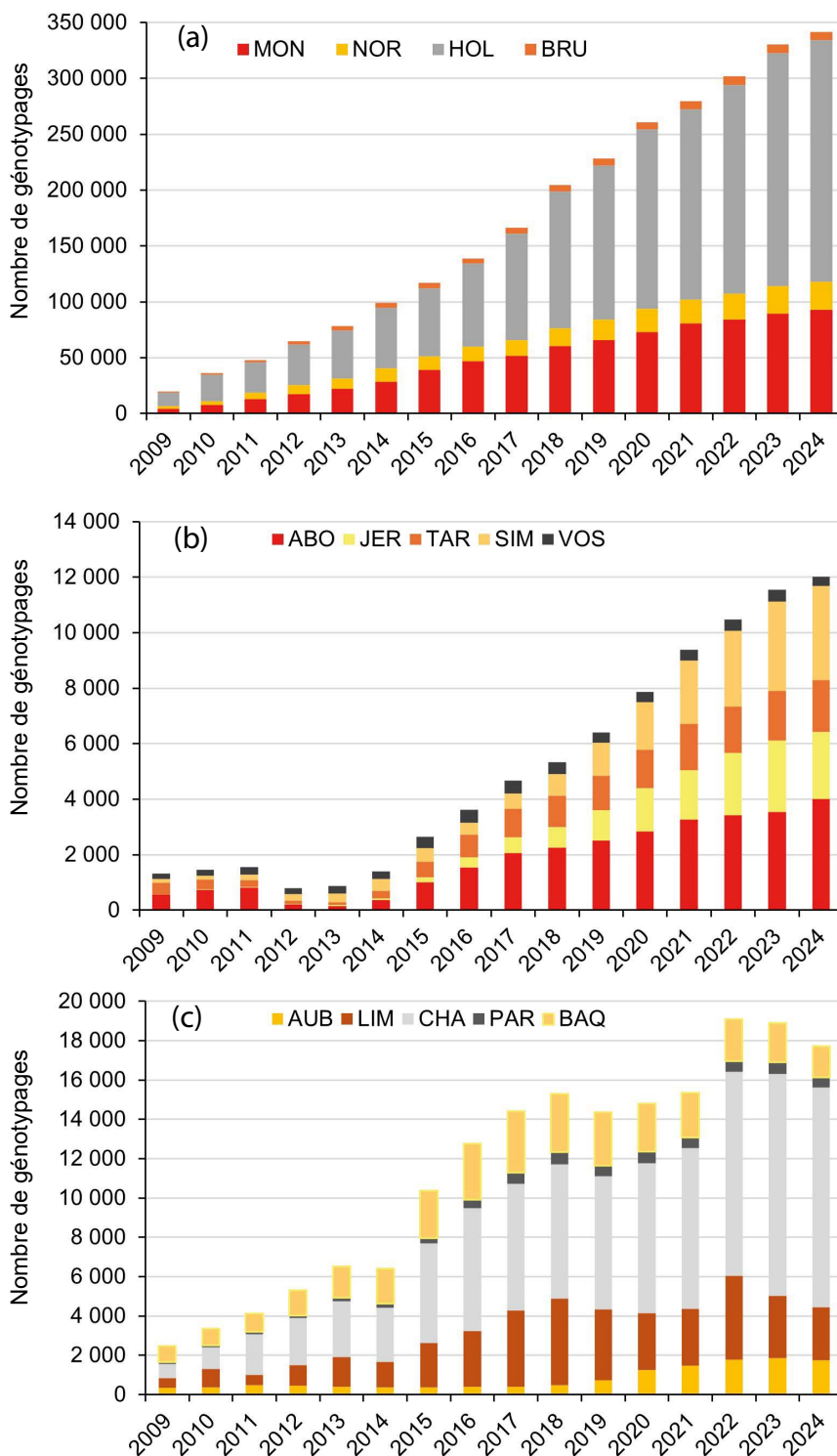


Source : Idele (2016).

(Boichard *et al.*, 2012b) et jusqu'à 20 000 dans ses versions successives. Elle n'a pu être utilisable qu'avec le développement de l'imputation, c'est-à-dire une procédure statistique permettant de reconstituer l'information manquante des marqueurs de la puce de référence, avec une haute précision et un temps de calcul limité. Diffusée à partir de 2012 et nettement moins chère, la puce LD a réalisé l'essentiel du volume de génotypage jusqu'en 2019 et a pu faire décoller le nombre d'animaux génotypés. À noter que pour une imputation très précise, tous les taureaux mis en marché étaient re-génotypés avec la puce 50 k.

Pour que le génotypage soit attractif, il fallait des retours aux utilisateurs dans des délais très brefs. Ainsi, des évaluations rapides réalisées chaque week-end et distribuées toutes les semaines ont été mises en place dès 2013, accompagnées d'un contrôle de filiation intégré et d'une éventuelle assignation de parenté pour rechercher des parents inconnus. Le service s'est progressivement développé pour inclure des tests sur des gènes d'intérêt et des anomalies génétiques, ainsi que des indicateurs d'originalité génétique. Ce rôle a été assuré par Valogene (*encadré 2*), société créée en 2011 par six entreprises de sélection et disposant de la licence du procédé de prédiction génomique pour vendre les index génomiques. Valogene commandait les puces à Illumina, organisait le travail de génotypage avec les laboratoires, transmettait les génotypes à INRAE, récupérait les index génomiques calculés en retour et les distribuait à ses clients. À partir de 2019, les volumes, négociés par Valogene pour le consortium EuroGenomics, sont devenus suffisants pour revenir à une puce moyenne densité dite EuroGMD sans surcoût. Parmi les 3,2 millions de génotypes disponibles dans la base de données nationale SIGENO fin 2025, 26 % ont été obtenus à partir de puces LD (essentiellement entre 2012 et 2019), 74 % à partir de puces moyennes densité (MD), et une toute petite fraction (0,3 %) de puces à haute densité HD. La *figure 4* montre l'augmentation annuelle du nombre de génotypes dans la base SIGENO.

Figure 4. Évolution du nombre de génotypes ajoutés chaque année dans la base SIGENO. (a) Montbéliarde, Normande, Holstein, Brune ; (b) Abondance, Jersiaise, Tarentaise, Simmental, Vosgienne ; (c) Aubrac, Limousine, Charolaise, Parthenaise, Blonde d'Aquitaine.



Source : Idele (2016).

■ 1.3. L'extension aux autres races

La stratégie des races laitières à grand effectif, basée initialement sur les taureaux testés, n'était pas généralisable

aux autres races faute d'effectifs suffisants. Différentes stratégies ont été utilisées pour constituer les populations de référence adaptées. La race Pie Rouge des Plaines, proche génétiquement de la Holstein, a bénéficié d'une évaluation

commune aux deux races. Néanmoins, cet exemple est malheureusement le seul cas d'évaluation conjointe entre races, malgré les efforts massifs consacrés à ce sujet dans le cadre du projet ANR – Apis-Gene *Gembal* (Hozé *et al.*, 2014). En effet, en dépit de l'utilisation de puces HD, les informations d'une race n'amélioraient pas les prédictions dans une autre race. Cela signifie que les variants causaux ne sont pas (ou pas intégralement) conservés d'une race à l'autre ou, plus vraisemblablement, que leur association avec les marqueurs utilisés n'est pas conservée entre races. Une seconde stratégie a consisté à partager des populations de référence entre pays pour une même race. Cette option, mise en place dès 2009 en race Holstein dans le cadre du consortium Eurogenomics, s'est révélée très efficace pour la race Brune qui bénéficie d'une grande population de référence de taureaux dans le cadre du consortium Intergenomics depuis 2013. Nettement plus tardivement, une approche similaire mais bilatérale a été mise en place en race Simmental en 2019 avec l'Allemagne, tandis que la race Jersiaise a choisi de rejoindre l'évaluation danoise en 2021. Pour les races laitières présentes quasi exclusivement en France comme l'Abondance, la Tarentaise ou la Vosgienne, des populations de référence mixtes composées de l'ensemble des taureaux d'insémination mais surtout de plusieurs milliers de femelles ont été construites en 2016, avec un effort de génotypage substantiel comparé aux effectifs de ces races. La précision obtenue est bien sûr plus basse que dans les races à grands effectifs, mais suffisante pour disposer d'index utilisables et éviter, pour les taureaux, le recours au testage sur descendance.

Depuis 2016 également, les races Montbéliarde et Normande ont intégré les vaches génotypées avec performances dans leurs populations de référence. Ceci a permis un gain très sensible de précision, car leurs populations de mâles d'IA (environ 3 000 animaux) étaient limitées et vieillissantes. Très rapidement, les femelles en grand nombre ont apporté plus de précision que les mâles. En Holstein, le contexte était un peu différent car la population de référence de taureaux était déjà très

conséquence (35 000), constituée des taureaux français mais aussi européens grâce aux échanges. Les génotypes sont échangés au niveau du consortium Eurogenomics, et les phénotypes des taureaux étrangers ont été déduits des index calculés par Interbull (Schaeffer, 1994). Les vaches n'ont été intégrées dans la population de référence Holstein que plus tardivement avec l'utilisation de la méthodologie du *Single Step** (voir section 2.3).

Dans les races allaitantes, des premières initiatives privées ont vu le jour en races Limousine (IngenomiX) et Charolaise (Gènes Diffusion) pour la diffusion de premiers indicateurs génomiques s'inspirant de la réussite du modèle laitier. En parallèle, le projet *Gembal* d'évaluation multiraciale combinant les populations de référence des différentes races, n'a pas atteint les objectifs de précision suffisante. En conséquence, en 2015 des évaluations intrarace ont été mises en œuvre, se basant sur des populations de référence combinant différents types d'animaux, mâles d'IA et de monte naturelle, vaches, et jeunes bovins. Du fait de l'héritabilité et d'une information disponible variables, les précisions des valeurs génomiques sont assez différentes entre caractères. Ainsi, tous les animaux mâles et femelles ont une information précoce de poids de naissance, les données de croissance présevrage et de développement sont également très nombreuses. Les informations maternelles (facilité de vêlage, allaitement...), limitées aux femelles reproductrices et plus tardives, sont beaucoup moins complètes. La précision des index maternels est plus faible que pour les caractères directs mais reste suffisante pour une sélection

précoce, alors que les index maternels polygéniques étaient trop tardifs pour une sélection majoritairement réalisée sur les caractères directs.

Dans toutes les races, la méthodologie utilisée au cours des premières années était une évaluation génomique en deux étapes, la première étant une évaluation sur pedigree (comme auparavant) de tous les animaux et la seconde une évaluation génomique des seuls animaux génotypés. La seconde étape, génomique, ne pouvait fonctionner qu'avec une population de référence de taille suffisante. Cette taille minimale constituait un obstacle difficile à surmonter dans certaines races, en particulier les autres races allaitantes qui n'ont pas pu adopter la sélection génomique en même temps. Cette difficulté a été supprimée par l'utilisation d'une évaluation génomique en une seule étape ou « *Single Step* » (voir section 2.3). Dans cette approche, toutes les données sont analysées simultanément, que les animaux soient génotypés ou non. En conséquence, tous les génotypes sont utilisés, sans nombre minimal. Bien sûr, la précision est faible initialement mais elle augmente progressivement avec le nombre de génotypes ajoutés. Aujourd'hui, avec le *Single Step*, toutes les races françaises sont entrées dans l'ère de la génomique, même si certaines n'en sont qu'à leur début.

■ 1.4. Évolution des objectifs de sélection

Principalement par la diminution de l'intervalle de génération, mais aussi par une précision élevée et une forte intensité de sélection, la sélection génomique apporte un progrès génétique potentiel au moins doublé par rapport à la sélection généalogique. Par ailleurs,

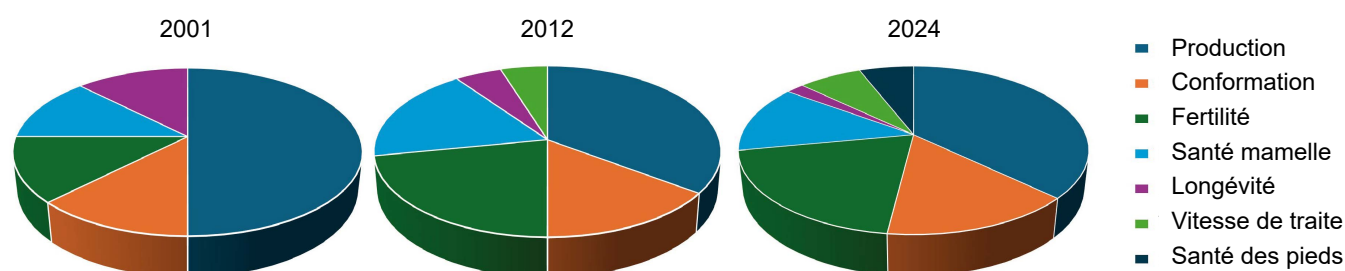
la précision est identique entre mâles et femelles et plus homogène entre caractères qu'auparavant, permettant enfin une sélection efficace sur les caractères fonctionnels comme la fertilité et la santé de la mamelle, alors que la sélection antérieure, par manque d'efficacité sur ces caractères fonctionnels, avait induit leur dégradation. Tout ceci a rapidement conduit à redéfinir l'objectif de sélection vers un meilleur équilibre entre caractères, tout en conservant le même progrès génétique sur la production laitière. Ainsi, à partir de 2012, les organismes de sélection ont redéfini leurs index de synthèse pour donner un poids élevé à la fertilité et à la résistance aux mammites et réduire le poids de la production laitière, tout en maintenant le poids sur la morphologie, en particulier de la mamelle. La figure 5 montre l'évolution de l'index de synthèse en race Holstein entre 2001 et 2024.

L'intervalle de génération étant raccourci, le temps nécessaire pour observer les résultats de la sélection est moins long. Cette plus grande flexibilité autorise aussi une remise à jour plus régulière de l'index de synthèse, en particulier pour inclure un nombre croissant de caractères.

■ 1.5. Augmentation du nombre de caractères évalués

En sélection génomique, un caractère devient sélectionnable dès lors qu'une population de référence de taille suffisante peut être constituée. Ce constat a encouragé les sélectionneurs à augmenter sensiblement le nombre de caractères évalués, en particulier les caractères fonctionnels (dont la santé), la qualité des produits et tout récemment les émissions de

Figure 5. Poids des différents groupes de caractères dans l'index de synthèse en race Holstein.



Source : Prim'Holstein France.

méthane. Les femelles étant génotypées en masse, la question était d'obtenir des phénotypes en nombre suffisant pour ces femelles. À noter qu'en général, on cherche à maximiser le nombre de caractères phénotypés par animal pour rentabiliser le génotypage, mais le grand nombre de génotypages disponibles dans les grandes races permet souvent de s'abstraire de cette contrainte. Pour une large gamme de caractères, la taille minimum souhaitable de la population de référence est de quelques dizaines de milliers d'animaux, ce qui correspond à environ 10 000 nouveaux animaux par an. Plusieurs approches ont été utilisées, plus ou moins coûteuses pour atteindre, voire largement dépasser, cette recommandation.

Une stratégie très efficace est l'utilisation de bases de données déjà existantes et créées à des fins non génétiques, une fois les conditions d'accès négociées avec leurs propriétaires. Nous en citons quelques exemples. La base Normabev apporte l'information des données de carcasse de l'ensemble des bovins abattus en France (Croué & Ducrocq, 2017). Les données d'identification bovine apportent l'information des mortalités, en particulier dans le jeune âge (Chapard *et al.*, 2026). Les données des sérologies réalisées dans le cadre des plans de maîtrise de la maladie dans les élevages atteints apportent les phénotypes pour caractériser la résistance à la paratuberculose (Sanchez *et al.*, 2022a). Les données des carnets sanitaires des éleveurs apportent l'information sur des troubles très divers comme les métrites, les rétentions placentaires, les fièvres vitulaires ou les retournements de caillette (Leclerc *et al.*, 2022). Toutes ces données donnent lieu à des évaluations génomiques, existantes ou en cours de mise en œuvre. D'autres caractéristiques peuvent être dérivées d'informations déjà existantes dans les bases de données comme la persistance laitière à partir des contrôles laitiers, la précocité de développement à partir des pesées successives, ou la précocité sexuelle à partir de l'âge au premier vêlage ou à la première insémination.

Une autre source d'information très riche est la spectrométrie moyen infrarouge (MIR) du lait. Si le grand projet ANR – Apis-Gene *PhenoFinLait* n'a pas

débouché sur des valorisations pratiques en sélection malgré des résultats techniques très probants sur la prédiction des acides gras et des protéines individuels, il a été à l'origine du stockage systématique des spectres, aujourd'hui utilisables à d'autres fins. Une sortie majeure du projet européen *Optimir* est la standardisation des spectres entre spectromètres et dans le temps (Grelet *et al.*, 2015), ce qui rend leur utilisation beaucoup plus aisée lorsqu'une nouvelle équation de prédiction est disponible. Au-delà des composants usuels comme les taux butyreux et protéique, des équations de prédiction ont été développées pour la teneur en corps cétoniques dans le sang (prédicteurs de cétose), pour les aptitudes fromagères du lait (Sanchez *et al.*, 2022b) ou pour les émissions de méthane (Fresco *et al.*, 2024), autant de caractères faisant maintenant l'objet d'une évaluation génomique. Le potentiel est encore vaste et divers caractères peuvent être prédits avec une bonne précision, comme la lipolyse ou les minéraux, par exemple.

Les troubles des pieds et des sabots sont la deuxième pathologie la plus responsable de réformes involontaires chez les bovins laitiers. Le phénotypage est réalisé par les pareurs qui soignent régulièrement les sabots des vaches. Les observations sont standardisées selon une table homogène définie à l'échelle européenne, permettant de noter jusqu'à 14 troubles différents d'origine infectieuse ou mécanique. Les volumes réalisés permettent de constituer des populations de référence dans les trois grandes races laitières et des évaluations génomiques nationales sont disponibles depuis 2023 (Croué *et al.*, 2019). L'index de synthèse intègre ces caractères depuis 2024 en race Holstein.

2. Grandes évolutions techniques et méthodologiques

■ 2.1. L'évolution des outils de génotypage

La première puce développée contenait environ 54 000 variants génétiques couvrant tout le génome. Elle

était générique, avait un contenu fixe et connu, et était disponible commercialement à tout acheteur. Plusieurs évolutions ont permis de réduire les coûts : d'une part la création d'une puce générique à plus faible densité (7 000 marqueurs très variables et régulièrement répartis choisis parmi les 54 000), puis l'augmentation du nombre d'individus analysés simultanément par lame. En parallèle des puces génériques, des puces personnalisées (« customisées ») ont été proposées sous réserve de volumes suffisants. Ainsi la puce LD a pu être complétée par des marqueurs choisis par l'utilisateur (EuroG10k), et il en a été de même pour la puce EuroGMD. Grâce au volume acheté, la mise à jour pouvait être annuelle, ce qui a permis d'intégrer des variants issus des avancées de la recherche. Les variants ajoutés sur la puce peuvent être des marqueurs sans signification biologique ou des variants candidats causaux. De très nombreux travaux de recherche ont débouché sur l'identification de variants candidats responsables de la variabilité des caractères qui ont été ajoutés à la puce de génotypage : variants détectés par analyse d'association, ou responsables d'anomalies, ou disposant d'une annotation fonctionnelle forte (Boichard *et al.*, 2018). Ces variants peuvent améliorer la précision des évaluations ou sont utilisables individuellement, comme les variants responsables d'anomalies.

Au final, les typages de près de 50 versions de puces sont présents dans la base de données SIGENO. Deux fabricants proposent des puces de génotypage, mais la France comme EuroGenomics ont travaillé jusqu'à présent avec des puces Illumina. Des progrès sont encore attendus sur le nombre de variants, le nombre d'individus génotypés simultanément par lame, et en termes de simplification des processus de laboratoire. Dans un futur encore indéfini, il est probable que le génotypage soit réalisé par séquençage d'ADN plutôt que par puce (ce qui est déjà le cas dans certaines espèces, en particulier quand les puces n'existent pas ou sont chères), mais ce changement de rupture n'est pas encore programmé chez les bovins, les puces donnant toute satisfaction techniquement en

termes de fiabilité et de simplicité, tout en étant bon marché compte tenu des grands volumes.

■ 2.2. Un outil de standardisation, l'imputation

La diversité des puces est un inconvénient qu'il faut corriger dans le processus de traitement des données. Pour cela, on applique une procédure d'imputation qui consiste à inférer les génotypes manquants à partir des variants proches connus. En effet, les variants proches sur un segment chromosomique donné ne sont pas indépendants entre eux et leur DL tend à constituer des haplotypes (ou séries alléliques de marqueurs proches) conservés qui permettent d'estimer les génotypes manquants en s'appuyant sur des individus avec information complète. Les logiciels utilisés en génétique humaine, très en avance dans le domaine, n'étaient pas adaptés à la structure de familles des populations bovines ni au volume important à traiter en routine dans un temps court. D'importants travaux de recherche ont donc été conduits jusqu'en 2015 pour améliorer les procédures d'imputation tant en vitesse qu'en précision (Phocas, 2022). Depuis cette date, le système français utilise le logiciel FImpute (Sargolzaei *et al.*, 2014).

■ 2.3. Les méthodes d'évaluation génomique

Les méthodes adoptées ont beaucoup évolué au cours des 15 dernières années, tant en termes théoriques que pratiques. La méthode utilisée initialement combinait à la fois l'information de QTL (*quantitative trait locus*, ou petite région du génome identifiée comme affectant un caractère) connus et de SNP individuels couvrant tout le génome (Boichard *et al.*, 2012a). Cette approche, attractive en théorie mais relativement complexe à mettre en œuvre car dépendante de la population et du caractère, a été abandonnée progressivement à partir de 2016 pour les nouveaux caractères et définitivement en 2022. À partir de 2015, les performances des vaches ont été prises en compte directement (et pas seulement au travers de leur père), ce qui s'est traduit par une

augmentation considérable de la quantité de données analysées. Un effort continu a été consenti pour adapter les logiciels aux évolutions de méthodes et aux changements d'échelle de l'activité. Nous avons intégré des approches pour prendre en compte l'information étrangère, un point crucial pour tirer profit des échanges Eurogenomics et Intergenomics. Cette intégration repose sur une étape de définition d'un phénotype par dérégression des index Interbull, associé à un poids représentant sa précision, puis l'intégration de ce phénotype dans l'évaluation, avec un modèle spécifique puisque ce phénotype ne dépend pas des effets du modèle des performances françaises.

Jusqu'en 2022, l'évaluation était en deux étapes. Ce pipeline a été remplacé par une évaluation en une seule étape, dite « *Single Step* »*, proposée dès 2010 par Aguilar *et al.* (2010). Le *Single Step* correspond à l'état de l'art actuel. Pour cela, le logiciel spécifique HSSGBLUP a été développé par INRAE, adapté à de très grandes populations génotypées et phénotypées (Tribout *et al.*, 2020).

Enfin, comme mentionné précédemment, à partir de 2013, les traitements hebdomadaires ont été proposés en complément des indexations officielles réalisées trois fois par an, permettant aux clients de disposer d'évaluations très précoces juste après le génotypage, ainsi que d'informations complémentaires comme le contrôle de filiation et le statut pour diverses anomalies.

■ 2.4. Les autres informations apportées par la sélection génomique

Le génotypage à grande échelle permet de créer de nouvelles applications. Ainsi, quand un ou les deux parents d'un animal génotypé le sont aussi, on peut valider les parentés déclarées. Le principe est simple : les parents sont compatibles si, pour chaque marqueur analysé, ils ont pu transmettre un allèle à leur produit. Ainsi, par exemple, si les deux parents sont A-A et le produit A-B, aucun parent n'a pu transmettre B et au moins un des deux parents est incompatible. Avec un nombre suffisant de marqueurs (200 SNP bi-alléliques requis

par ICAR, 500 dans la chaîne d'analyse française), ce test est très précis et un faux parent est détecté incompatible avec une puissance proche de 1. En cas d'incompatibilité, les vrais parents peuvent être recherchés dans la base de données et on parle d'assignation de parenté. Avec 500 SNP, les vrais parents sont facilement retrouvés et la probabilité de détecter un parent incorrect mais cependant compatible est très faible.

On peut également vérifier le sexe de l'animal, ce qui est un contrôle qualité très utile. Les mâles n'ont qu'un chromosome X et n'ont donc qu'un seul allèle pour les marqueurs de ce chromosome, si on exclut la région pseudo-autosomale, et ils ont un chromosome Y et donc un allèle pour les marqueurs du Y. À l'inverse les femelles, ont plusieurs marqueurs à l'état hétérozygote sur le X (sauf consanguinité extrême), et n'ont pas de signal sur les marqueurs du Y. Ce test fonctionne dans la très grande majorité des cas. Compte tenu du grand nombre d'analyses réalisées, on trouve cependant des exceptions qui correspondent à des anomalies des chromosomes sexuels, de type XO (un seul chromosome X et pas de Y, un cas pour 2 600 femelles déclarées), ou XXY (deux chromosomes X et un Y, un cas pour 1 130 mâles déclarés). Le système détecte également les femelles avec un jumeau mâle, présentant un risque de free-martinisme (un cas pour 1 000 femelles déclarées). Ces animaux sont généralement stériles et le propriétaire est informé de ce diagnostic. Enfin, grâce à un test spécifique du gène SRY, responsable de la détermination du sexe mâle chez les mammifères, on détecte quelques cas rares d'animaux de génotype XY, mais phénotypiquement femelle, du fait d'une délétion totale de SRY (un animal sur 20 000, plusieurs observations dans trois races).

La puce permet de tester les variants causaux de gènes d'intérêt ou d'anomalies. Ainsi, chaque fois qu'une mutation nouvelle est découverte, elle est ajoutée sur la puce de sorte que les populations des différentes races sont ensuite génotypées à grande échelle pour ce variant. Cette information est essentielle à la fois en sélection pour réduire ou augmenter la fréquence des

variants ciblés, mais aussi pour orienter les accouplements et éviter la naissance de produits atteints d'anomalies. Un bilan sera présenté en section 3.5. À noter qu'aucun brevet n'est pris sur les tests d'anomalies mises en évidence en France qui sont rendues publiques au fur et à mesure des publications scientifiques, mais une petite redevance est perçue sur l'utilisation de la puce de génotypage pour assurer un modèle économique aux recherches correspondantes. Lorsque l'anomalie est localisée mais que le variant causal n'est pas encore caractérisé avec certitude, un test sur haplotype est fourni, en tirant profit des génotypes phasés. Le variant causal étant issu d'un événement de mutation unique et localisé sur un chromosome particulier transmis entre générations, il est entouré de marqueurs dont la série allélique (ou haplotype) définit une association forte et permet de réaliser un diagnostic. Ce test comporte un petit taux d'erreur et doit être utilisé avec précaution par le client, mais sa précision est connue et généralement suffisante pour prendre des décisions de sélection, tant que le variant causal n'est pas encore connu et son test diffusé.

Les génotypages permettent aussi de caractériser l'originalité génétique d'un individu. Ainsi, s'il porte surtout des allèles fréquents, son originalité sera faible. On peut ainsi calculer une distance entre l'animal et le reste de la population. Cette distance est d'autant plus forte que l'animal est peu apparenté avec la population. Pour les mâles, trois critères dénommés ORI sont calculés en routine, définis selon la population de comparaison : l'ensemble des mâles utilisés lors des années précédentes, les autres candidats mâles contemporains, et l'ensemble des femelles susceptibles d'être accouplées avec ce mâle.

Les génotypages permettent également d'estimer très précisément les coefficients d'apparentement entre individus ou le coefficient de consanguinité d'un individu. Le coefficient d'apparentement génomique est très utile pour optimiser les plans d'accouplements (Bérodier *et al.*, 2021). Le coefficient de consanguinité est estimé par la proportion du génome couverte

par des « *Run of Homozygosity* »* (ROH) (Purfield *et al.*, 2012 ; Curik *et al.*, 2014). Ces critères ne sont pas fournis en routine mais uniquement sur demande.

Une autre application est utilisée en sélection. La probabilité de procréer un candidat élite (au-delà d'un certain seuil d'index) dépend d'une part de la valeur des parents, d'autre part de la variabilité des descendants des parents. Cette variabilité intra-parent est dite variance gamétique*, celle intra-couple de parents variance d'aléa de méiose*. On peut estimer les variances gamétiques ou d'aléa de méiose soit par simulation de descendants, soit de façon déterministe, à partir des effets de SNP estimés dans l'évaluation génomique et des génotypes phasés des parents. Dans un programme de sélection, cette information est utile pour maximiser la probabilité d'obtenir un produit élite, ou pour estimer une corrélation entre caractères intrafamille. Les entreprises de sélection ont accès à cette application sur demande auprès de GenEval (encadré 2). Si cette application est particulièrement appréciée des sélectionneurs, son impact sur le progrès génétique reste encore discuté (Elsen *et al.*, 2025). Par contre, les études de Hozé *et al.* (2022) montrent que cette variabilité est insuffisante pour modifier significativement la variabilité phénotypique d'un troupeau.

3. Bilan de 15 années de sélection génomique

■ 3.1. Pratique de génotypage

Depuis l'ouverture du génotypage aux éleveurs en 2011, le nombre de femelles laitières génotypées n'a cessé de croître pour atteindre plus de 93 % des analyses actuellement. Elles sont principalement génotypées avant l'âge d'un an, et plus de la moitié l'est avant trois mois. Après une période de génotypage sélectif intratroupeau, les pratiques ont évolué et, chez les éleveurs utilisant cette technique, la grande majorité des génisses est génotypée. Le taux de pénétration actuel du génotypage est d'environ 40 % chez les génisses des élevages en contrôle de

performances. Les mâles candidats sont génotypés par les entreprises de sélection en grande majorité avant l'âge d'un mois et sont sélectionnés à ce stade très précoce.

Certaines entreprises de sélection préfèrent limiter le nombre de naissances de mâles. Le tri sur génotypage n'est plus réalisé après la naissance mais sur l'embryon au stade de huit jours. Une biopsie de 5 à 10 cellules est prélevée sur l'embryon, son ADN est amplifié et le génotypage est réalisé comme pour les autres échantillons. Même si la qualité des résultats est un peu moins bonne, elle est largement suffisante pour déterminer le sexe et estimer la valeur génomique lors des traitements hebdomadaires. Parmi les embryons préalablement congelés, ceux sélectionnés sur la base de cette information sont remis en place chez des receveuses. Compte tenu du taux de réussite et du sex-ratio, il faut produire et génotyper environ cinq fois plus d'embryons de bonne qualité que de mâles après la naissance pour un même taux de sélection, le procédé est donc assez coûteux. Le choix de cette technique dépend des conditions propres à chaque entreprise. Il est privilégié lorsque l'accès aux mères porteuses est restreint ou coûteux ou lorsque l'entreprise ne souhaite procréer que les mâles élites dont elle a besoin. Le nombre maximal d'embryons génotypés a atteint 2 000 en 2019 et a représenté de l'ordre de 4 % de l'approvisionnement en taureaux d'insémination. Depuis cette date, ce nombre tend à baisser.

La filière bovine allaitante a énormément profité de la baisse du coût de la puce du fait de l'utilisation massive en races laitières. Les effectifs génotypés sont beaucoup plus faibles qu'en laitier, reflétant un démarrage plus tardif en 2015, un pourcentage plus bas de la population au contrôle de performances et même à l'état civil (c'est-à-dire avec certification des parentés), mais aussi une pénétration de la technique encore assez faible intratroupeau. Aujourd'hui, l'utilisation du génotypage est courante chez les candidats mâles dans les schémas de sélection, que ce soit pour les taureaux d'insémination ou les stations de reproducteurs jeunes.

Le génotypage des femelles est moins répandu, même si certains éleveurs sélectionneurs les génotypent pour réaliser un tri précoce et une optimisation des accouplements sur la base d'index plus précis (en particulier concernant les aptitudes au vêlage et à l'allaitement). Les nombres de mâles et de femelles génotypés sont à peu près équivalents. Le génotypage est plus tardif qu'en laitier du fait de l'allaitement, en moyenne à un an d'âge, un peu plus précoce chez les mâles que chez les femelles. Dans les races à plus petit effectif, le génotypage sur puce est désormais utilisé pour confirmer les filiations selon les règles du Herd-Book avec un coût assez similaire à l'ancienne méthode basée sur un nombre réduit de marqueurs. Ces typages contribuent à construire les premières populations de référence qui sont intégrées dans l'évaluation « *Single Step* ».

Ces résultats montrent clairement une différence de stratégie entre les bovins laitiers et allaitants. En effet, alors que les animaux laitiers sont génotypés en masse et de plus en plus jeunes et que les femelles constituent 90 % des analyses, les professionnels de la filière allaitante génotypent globalement moins, autant de femelles que de mâles et autour d'un an d'âge. Dans les deux filières, le testage sur descendance a disparu et la sélection des mâles d'insémination est intense (1/50 environ) et très précoce. En conséquence, l'intervalle de génération sur les voies père-fils et père-fille a fortement diminué en laitier. En allaitant, la tendance est moins nette du fait de la monte naturelle majoritaire et de l'intervalle qui était déjà assez court. En laitier, les mères à taureaux sont de plus en plus jeunes, triées précocement et très fortement sur la base d'index précis. Dans les deux filières, l'intervalle sur la voie mère-fille a peu évolué.

■ 3.2. Description des populations de référence

La précision des index dépend de la population de référence. Mais le CD dans la population de référence n'est pas un indicateur suffisant, car les sélectionneurs sont surtout intéressés par les candidats à la sélection, généralement

jeunes et sans performance. Leur CD génomique n'est pas aussi élevé que celui des animaux de la population de référence, en raison d'une perte d'information entre générations liée au fait que les marqueurs utilisés ne sont pas les variants causaux (Boichard et al., 2025). Cette perte, dite érosion, est d'autant plus importante que les candidats sont éloignés de la population de référence, en nombre de générations, et donc moins apparentés avec elle. Même pour des candidats dont les parents font partie de la population de référence, la perte de CD est fréquemment de l'ordre de 20 %, ce qui doit être pris en compte dans la constitution de la population de référence.

Les chercheurs sont fréquemment interpellés sur la quantification du besoin de renouvellement de la population de référence. Le vieillissement de la population de référence par rapport aux candidats se traduit par une baisse de CD liée à l'érosion. Pour maintenir le CD à son niveau initial CD_i , il faut donc rajouter de nouveaux animaux plus récents dans la population de référence pour la garder aussi proche que possible des candidats. L'effectif nécessaire peut être estimé comme suit. Les CD ne s'ajoutent pas mais on a la relation suivante (Colleau & Poutous 1973 ; Harris & Johnson, 1998) :

$$CD_i = \frac{CD_{\text{érodé}} + CD_{\text{nouv}} - 2CD_{\text{érodé}}CD_{\text{nouv}}}{1 - CD_{\text{érodé}}CD_{\text{nouv}}}$$

Connaissant CD_i , le CD initial à restaurer, et $CD_{\text{érodé}}$, le CD érodé après une génération, on en déduit le CD_{nouv} que doit apporter la population ajoutée. La formule [1] donnée dans l'encadré 1, une fois inversée, permet de déduire l'effectif N_{nouv} à rajouter. Ce besoin de jouvence pour maintenir la précision de l'évaluation génomique correspond fréquemment à 20 % de la taille de la population de référence par génération. Il induit un coût fixe qui s'ajoute à celui de sa constitution initiale. S'il est en général facilement assumé dans les grandes populations, il rajoute une difficulté dans les populations plus petites.

Aux débuts de la sélection génomique, les taureaux testés sur descendance ont été privilégiés, car ils apportaient le maximum d'information

pour un coût de génotypage minimal. Parce que toutes les races n'avaient pas un grand nombre de taureaux d'insémination, ainsi que pour renouveler les populations de référence ou en créer pour des caractères nouveaux sans historique de données, un nombre croissant d'autres animaux, essentiellement des animaux avec performances propres, ont été génotypés. Il faut également noter qu'une partie des jeunes candidats génotypés réalisent ensuite des performances et intègrent donc la population de référence, ce qui permet de l'accroître et de la renouveler à coût modéré.

Le tableau 1 présente les effectifs par race et pour certains caractères. On peut en résumer l'information comme suit :

i) sans surprise, les populations les plus importantes correspondent aux races laitières Holstein, Montbéliarde et Normande, mais aussi Brune grâce aux échanges Intergenomics ;

ii) en races laitières, les effectifs sont les plus élevés pour les caractères « historiques » disponibles de longue date dans les bases de données ; ils sont généralement plus faibles pour les caractères de morphologie quand ils ne sont collectés que sur une partie de la population ; ils sont les plus faibles pour les caractères nouvellement évalués et pour lesquels il n'y a pas d'historique profond de collecte de phénotypes (cas des pathologies des pattes par exemple) ;

iii) en races allaitantes, les effectifs pour les caractères directs sont les plus élevés, et ce d'autant plus que le caractère est précoce, il est ainsi maximum pour le poids à la naissance ; il est nettement plus réduit pour les caractères maternels car seules les mères avec des produits mesurés (ou les pères de ces mères) contribuent à la population de référence, ce qui constitue une limitation importante.

■ 3.3. Évolution du progrès génétique

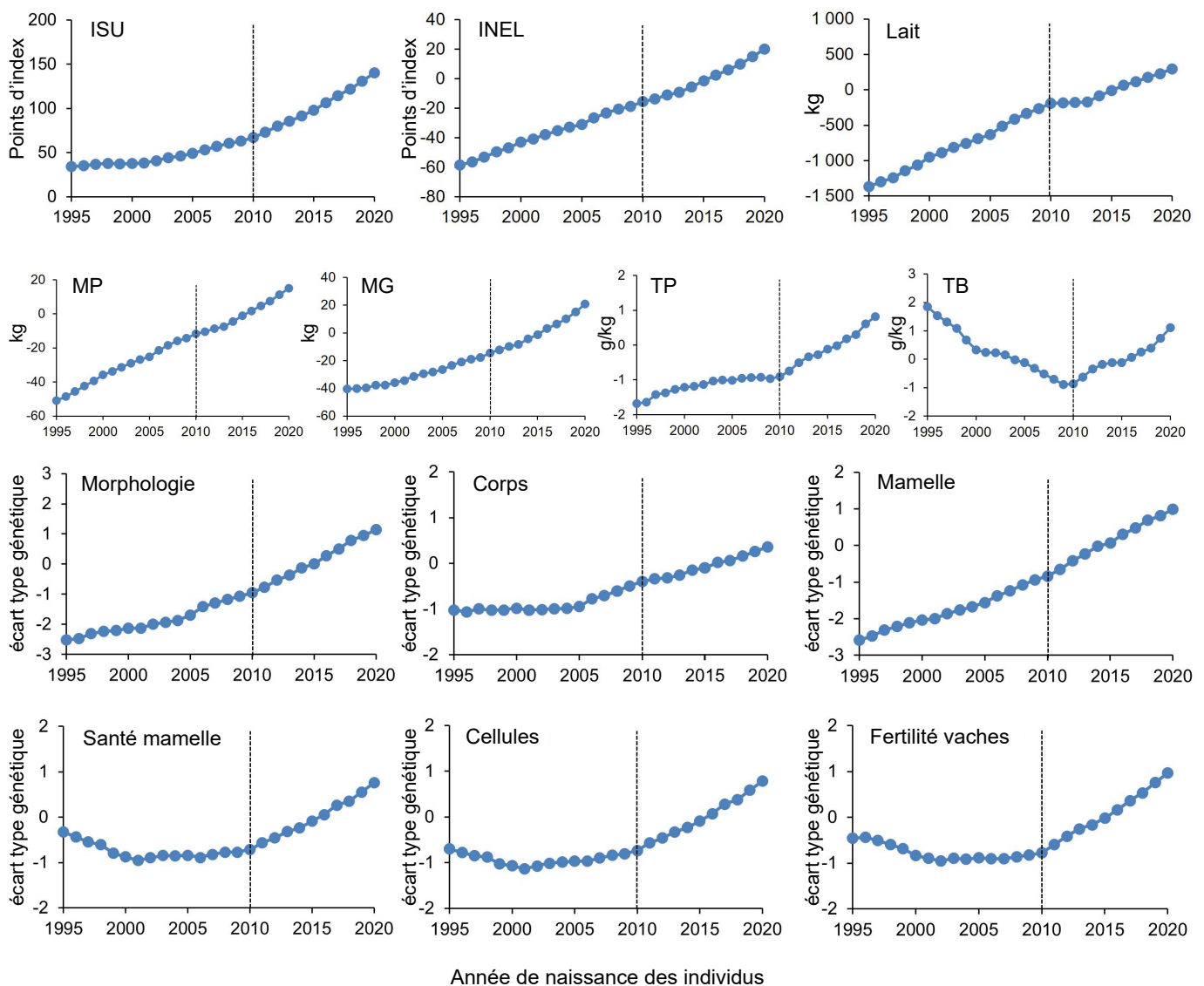
En races laitières, grâce à une efficacité très élevée de la sélection génomique et un rééquilibrage de l'effort de sélection entre les différents caractères, on observe en général un progrès sur

Tableau 1. Tailles des populations de référence fin 2025 dans les différentes races selon le caractère.

Race	Caractère	Nombre d'individus typés avec performances	Nombre de pères typés avec > 20 produits non typés avec performances
Abondance	Production laitière/cellules du lait/fertilité	16 326 à 16 645	560 à 595
	Morphologie	13 698	492
Brune	Production laitière/cellules du lait/fertilité	14 182 à 14 551	547 à 566 + 7 426 à 7 839 IGx*
	Morphologie	9 891	421 + 7 474 IGx
Tarine	Production laitière/cellules du lait/fertilité	8 290 à 8 435	456 à 468
	Morphologie	7 559	359
Simmental	Production laitière/cellules du lait/fertilité	8 145 à 8 334	579 à 613
	Morphologie	6 274	485
Montbéliarde	Production laitière/cellules du lait/fertilité	401 101 à 413 007	3 775 à 3 851
	Morphologie	252 172	3 620
Normande	Production laitière/cellules du lait/fertilité	129 679 à 135 419	3 024 à 3 098
	Morphologie	80 629	2 925
	Santé des pieds	18 027	406
	Paratuberculose	6 055	263
Vosgienne	Production laitière/cellules du lait/fertilité	3 683 à 3 749	65 à 76
	Morphologie	2 978	37
Holstein	Production laitière/cellules du lait/fertilité	796 005 à 859 382	11500 à 11 942 + 29 366 à 33 071 EGx*
	Morphologie	353 869	10 395 + 32 635 EGx*
	Santé des pieds	77 686	1 775
	Paratuberculose	6 178	503
Charolaise	Poids naissance	97 006	8 330
	Poids/morphologie sevrage	87 525 à 90 093	4 927 à 5 154
	Allaitement	21 750	1 693
	Comportement	56 812	2 631
Limousine	Poids naissance	43 707	8 196
	Poids/morphologie sevrage	38 465 à 38 720	5 972 à 6 062
	Allaitement	12 058	2 253
	Comportement	29 113	4 105
Blonde d'Aquitaine	Poids naissance	35 888	6 107
	Poids/morphologie sevrage	25 877 à 29 039	2 939 à 3 261
	Allaitement	13 292	1 069
	Comportement	18 716	2 517

Deux indicateurs complémentaires : nombre d'individus génotypés avec performances propres (éventuellement répétées comme les lactations ou les inséminations) ; nombre de pères génotypés avec des produits phénotypés.

*IGx : Taureaux étrangers faisant l'objet d'échange d'information dans le cadre d'InterGenomics en race Brune ; EGx : dans le cadre d'EuroGenomics en race Holstein.

Figure 6. Illustration de l'évolution génétique pour 13 caractères dans la population femelle Holstein.

tous les caractères de l'objectif. La **figure 6** présente l'évolution génétique en race Holstein pour différents caractères. Comme espéré, le progrès sur la production reste inchangé après changement des objectifs de sélection à l'introduction de la sélection génomique. Par ailleurs, pour les caractères qui avaient subi une dégradation comme la santé de la mamelle et la fertilité, la tendance a été clairement inversée. L'effort sur la morphologie a été particulièrement marqué, y compris sur le format des animaux. Cette évolution favorable de tous les caractères est due en partie à l'évolution des objectifs de sélection mais surtout à une homogénéisation des précisions des index à un niveau élevé, y compris pour les caractères

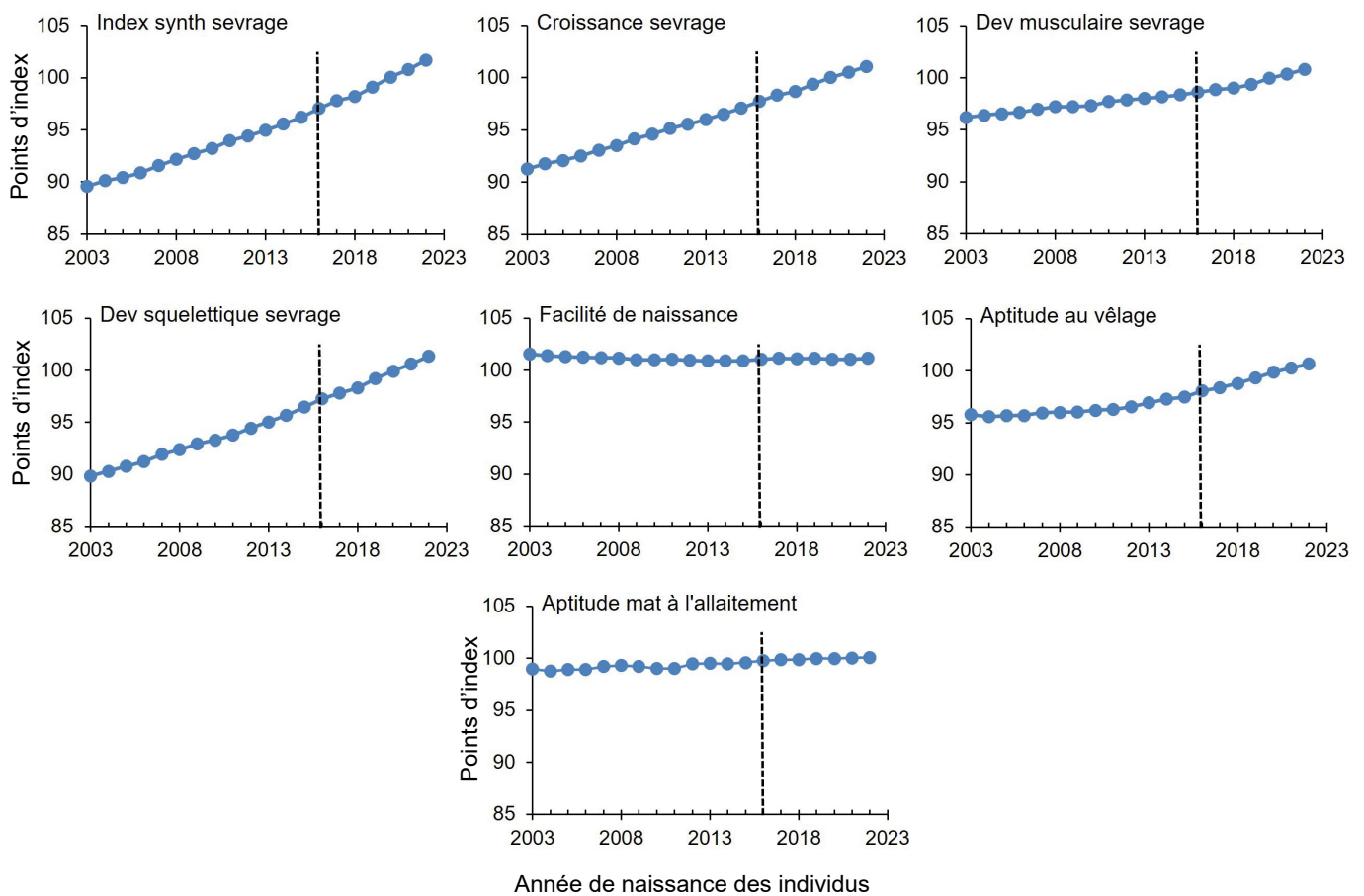
peu héréditaires, permettant d'obtenir des gains génétiques représentatifs des poids des index dans l'index de synthèse. Par ailleurs, ces forts progrès sont également rendus possibles par l'augmentation sensible des intensités de sélection et par la réduction nette des intervalles de génération sur les voies père-fils et père-fille.

En races allaitantes (**figure 7** pour la race Charolaise), la sélection génomique est plus récente et moins intense et les objectifs de sélection ont peu changé. La rupture est donc moins visible. On note une stabilité des caractères de facilité de naissance et d'aptitude à l'allaitement, et une accélération sensible de l'aptitude au vêlage et du

développement tant musculaire que squelettique.

■ 3.4. Évolution de la consanguinité

En sélection génomique, l'intervalle de génération est réduit, ce qui entraîne une rotation plus rapide entre générations et donc une forte élévation de consanguinité annuelle, en l'absence de mesures correctrices. Ceci doit être compensé par des mesures spécifiques pour la diversité, en particulier dans un contexte de forte utilisation de l'insémination. Colleau *et al.* (2015) ont proposé des scénarios de sélection apportant un progrès génétique quasi maximum tout en maintenant l'élévation de la

Figure 7. Illustration de l'évolution génétique pour sept caractères dans la population Charolaise.

consanguinité à son rythme antérieur, voire en la diminuant. Ces scénarios reposent sur un nombre suffisant de mâles reproducteurs et de pères à taureaux utilisés chacun durant une courte période.

La **figure 8** présente les résultats d'évaluation de consanguinité dans les différentes races avant et après la mise en place de la sélection génomique. À noter que l'historique de génotypage ne permet pas de faire ce bilan dans la majorité des races et nous présentons donc les estimations par pedigree. Les résultats sont contrastés entre races. En Holstein, du fait de la compétition internationale, l'utilisation des taureaux et surtout de quelques pères à taureaux est particulièrement concentrée. Doublet *et al.* (2019) ont montré une évolution forte et très défavorable de la hausse de consanguinité, qui atteint un niveau alarmant dans cette race. Dans les races nationales, les entreprises de sélection ont pratiqué une politique plus favorable à la diversité, avec plus de taureaux utilisés et

plus de pères à taureaux. Dans les races à plus petit effectif, alors que le testage sur descendance limitait très fortement le nombre de taureaux utilisés, la possibilité d'utiliser plus de taureaux a amélioré la situation antérieure.

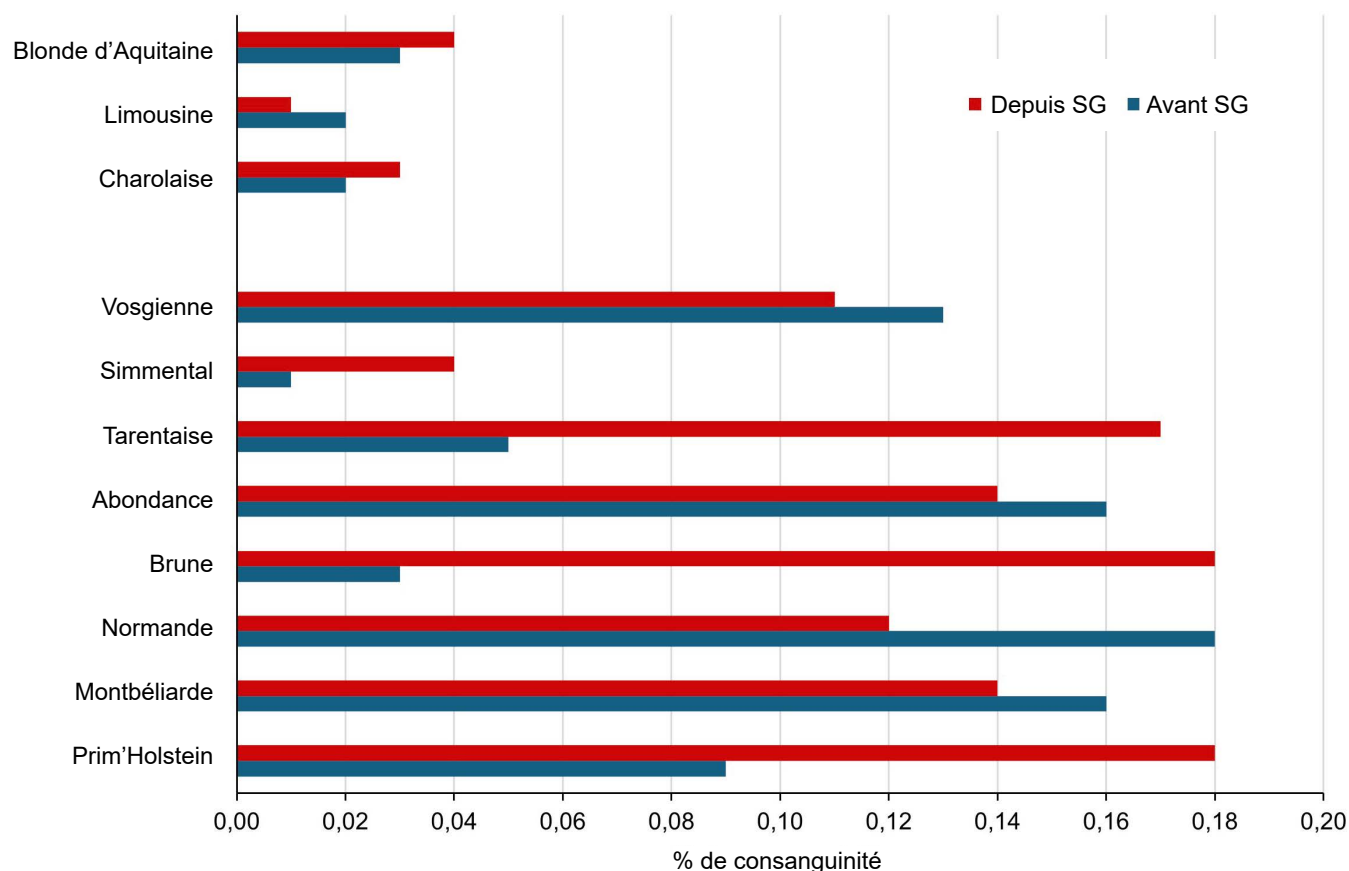
En bovins allaitants, l'évolution de consanguinité était faible avant la génomique (Bouquet *et al.*, 2009) et n'a pas changé depuis. Les races allaitantes sont des races à plus forte diversité, du fait d'une utilisation d'un bien plus grand nombre de reproducteurs principalement en monte naturelle.

■ 3.5. Évolution des fréquences alléliques des anomalies

Le génotypage permet d'accéder au statut des animaux pour un nombre croissant d'anomalies récessives. Toutefois, avec toujours davantage d'anomalies caractérisées, une élimination pure et simple des porteurs est une solution inenvisageable car trop coûteuse

économiquement et génétiquement. La sélection est donc progressive. Si la hausse de fréquence d'une anomalie est souvent due à l'utilisation importante d'une origine génétique unique, de même la baisse de fréquence est obtenue prioritairement par la sélection de taureaux qui transmettent l'allèle sauvage à l'ensemble de la population aux générations suivantes. En pratique, on constate une diminution plus ou moins rapide mais généralisée des allèles délétères. Ceci traduit donc une pression de sélection effective, en particulier dans le stade précoce du recrutement des taureaux. En effet, s'il est souvent difficile et non justifié de réformer un taureau améliorateur mais porteur d'anomalie(s), choisir des non-porteurs dans sa descendance comme futurs reproducteurs est une solution assez peu coûteuse et très efficace. Le **tableau 2** montre l'évolution relative de la fréquence de 23 anomalies. La baisse annuelle relative est en moyenne de 5,9 % de la fréquence observée en 2016. L'évolution n'est positive que pour trois anomalies dont deux sont très rares.

Figure 8. Évolution annuelle (en %) de la consanguinité estimée sur la base du pedigree avant et depuis la mise en œuvre de la sélection génomique (SG) dans les différentes races.



NB : les valeurs présélection génomique en races Brune et Tarentaise sont probablement sous-estimées, du fait d'un pedigree moins bien connu.

La baisse de la fréquence de cas est encore plus nette. En effet, la connaissance du génotype induit une orientation des accouplements pour éviter les risques de veaux homozygotes atteints. Cette politique est complémentaire de la précédente, car elle permet de gérer une anomalie tant qu'elle existe dans la population. On observe ainsi systématiquement beaucoup moins de cas que ce qu'on attendrait avec des accouplements aléatoires. Par exemple, pour l'anomalie CDH (déficit en cholestérol en race Holstein), on observe environ huit fois moins de cas qu'attendus avec des accouplements au hasard.

4. Activités de recherche en lien avec la sélection génomique

Les développements théoriques et les données générées par la sélection génomique ont considérablement

renouvelé les recherches dans ce domaine. En plus de leur rôle en sélection, les populations de référence sont des ressources exceptionnelles pour de nombreuses études. De multiples projets relatifs à de très nombreux caractères ont visé l'identification des QTL responsables de leur variabilité génétique (Boichard *et al.*, 2014 ; Michenet *et al.*, 2016 ; Ramayo-Caldas *et al.*, 2016 ; Sanchez *et al.*, 2020). Au-delà de la compréhension de l'architecture génétique des caractères, ces programmes ont permis l'ajout de milliers de SNP sur les puces de génotypage, améliorant la précision des prédictions génomiques. Pour les caractères complexes, l'approche de choix est l'analyse d'association à l'échelle de l'ensemble des variants du génome (GWAS), les variants de la séquence étant imputés à partir de génotypages. De même, plusieurs dizaines d'anomalies génétiques ont été caractérisées jusqu'aux variants causaux, ces variants étant également ajoutés sur la puce. Plusieurs approches sont

utilisées pour caractériser les variants causaux, du phénotype jusqu'au génotype à partir de cas d'anomalies observés et rapportés à l'ONAB³ (Grohs *et al.*, 2016), mais aussi en fouillant la base de données de génotypes, par exemple en recherchant des déficits en haplotypes (Fritz *et al.*, 2013 ; Boichard & Capitan, 2026) ou en sélectionnant des variants sur la base de leur annotation fonctionnelle (Michot *et al.*, 2016). Pour l'identification des variants causaux sous-jacents aux QTL ou gènes à effet majeur, l'apport des séquences de génome complet d'un grand nombre de bovins est essentiel, car ces variants ne sont pas présents sur les puces d'origine (Daetwyler *et al.*, 2014).

Les marqueurs seuls sont également très informatifs pour répondre à différentes questions. Les différences de fréquences alléliques entre populations

³ www.onab.fr

Tableau 2. Évolution de la fréquence de 23 anomalies récessives depuis 2016.

Race	Anomalie	Année de mise à disposition du test	Année début	Fréquence allélique à la date de mise à disposition du test	Fréquence allélique chez les animaux nés en 2023 (%)	Évolution sur la période début 2023	Évolution relative par an (%)
Abondance	ABH1	2018	2018	10,95	6,34	-4,61	-8,4
	MH1	2013*	2016	0,08	0,09	0,01	1,8
Holstein	HH1			1,34	2,36	1,02	10,9
	HH3			3,29	1,72	-1,57	-6,8
	HH4			3,5	1,95	-1,55	-6,3
	HH5			2,41	1,51	-0,9	-5,3
	HH6	2017	2017	1,23	0,48	-0,75	-10,2
	HH7			0,67	0,21	-0,46	-11,4
Normande	MH1	2013*	2016	6,3	5,18	-1,12	-2,5
	MH2			5,51	2,66	-2,85	-7,4
	NH2			2,86	1,89	-0,97	-4,8
Blonde d'Aquitaine	Axonopathie	2017	2017	3,74	3,28	-0,46	-2,0
	Paillasson			0,26	0,34	0,08	5,1
Charolaise	Ataxie	2016	2016	10,8	4,23	-6,57	-8,7
Holstein	BLAD	1991*		0,16	0,04	-0,12	-10,7
	BLIRD	2022	2022	4,38	3,42	-0,96	-21,9
	Brachyspina	2011*	2016	1,07	0,31	-0,76	-10,1
	CDH	2017	2017	2,62	0,97	-1,65	-10,5
	CVM	2000	2000	1,25	0,39	-0,85	-3,0
Montbéliarde	Milca	2017*	2016	4,07	3,43	-0,64	-2,2
	MTCP	2016		8,52	6,12	-2,4	-4,0
Normande	Alopécie des extrémités	2020	2020	5,17	3,37	-1,8	-11,6
	RP1	2016	2016	27,38	17,18	-10,2	-5,3
Moyenne							-5,9

La description des abréviations est disponible à <https://www.onab.fr/media/files/tableau-des-mutations-genetiques-identifiees-par-l-onab-au-01-01-2026>

* : la baisse est comptée à partir de l'année de mise à disposition du test quand elle est postérieure à 2016.

permettent de calculer la distance les séparant et de les comparer entre elles. Les pertes de variabilité génétique dans certaines régions du génome détectent les traces de sélection passée et donc informent sur l'histoire évolutive des populations. L'analyse du déséquilibre de liaison entre couples de marqueurs à différentes distances permet de déduire l'effectif génétique des populations. Comme indiqué ci-dessus, le déficit en

certaines haplotypes permet de détecter des variants létaux provoquant la mort de l'embryon ou du fœtus en cours de gestation ou des jeunes veaux. Le cumul de longueur des ROH est une estimation du taux de consanguinité. L'effet des ROH sur les caractères permet d'estimer la dépression locale de consanguinité, c'est-à-dire la dépression de consanguinité attribuable à une région particulière du génome. L'analyse des

transmissions entre générations permet d'identifier les événements de recombinaison et de les associer à la structure du génome.

Enfin, la sélection génomique a induit beaucoup de recherches méthodologiques sur les méthodes de gestion des populations, tant à INRAE qu'au niveau international. Parmi les thématiques, nous avons réalisé des travaux

sur l'évaluation génétique (Croiseau *et al.*, 2011 ; Legarra & Ducrocq, 2012 ; Tribout *et al.*, 2020 ; Maugan *et al.*, 2023 ; Boichard *et al.*, 2025), y compris pour des races régionales (Jónás *et al.*, 2017), sur la prise en compte de l'information biologique en évaluation (Van den Berg *et al.*, 2016 ; Liu *et al.*, 2020), sur les méthodes d'imputation des marqueurs (Dassonneville *et al.*, 2012, ; Hozé *et al.*, 2013), sur l'évaluation multiraciale (Hozé *et al.*, 2014), sur les méthodes de sélection combinant progrès génétique et maintien de la diversité (Colleau *et al.*, 2015 ; Boichard, 2019 ; Doublet *et al.*, 2019 ; Bonifazi *et al.*, 2026).

5. Des bouleversements dans l'organisation de la sélection

Le premier changement a été l'arrêt du testage des taureaux sur descendance. Cela a représenté une rupture majeure dans l'organisation des programmes de sélection, après plus de 50 ans d'une pratique centrale en sélection. Les taureaux utilisés sont maintenant jeunes et évalués uniquement sur information génomique, ils sont plus nombreux et ont chacun une utilisation plus limitée dans le temps et en nombre de doses. Le second changement correspond à la mise en place de populations de référence, qui n'existaient pas avant la sélection génomique : les phénotypes dans la population de référence ne servent plus à caractériser directement les candidats à la sélection, mais permettent d'estimer des effets de marqueurs que l'on applique au génotype de candidats non phénotypés. La population de référence correspond à un coût fixe qu'il faut assumer et rentabiliser au mieux. Ce coût est facilement couvert dans les grandes populations mais constitue un frein important dans les petites populations, même si le coût du génotypage a baissé. Les politiques autour de la constitution et de l'entretien des populations de référence ont considérablement façonné l'organisation de la sélection : les entreprises ont grandi et se sont parfois internationalisées, elles se sont associées dans des alliances pour partager les coûts ; en dehors de ces alliances, elles ont

protégé leurs investissements contre leurs concurrents, ce qui a conduit à un arrêt de la mutualisation systématique des données, en particulier pour les nouveaux caractères ; elles ont souvent cherché à se différencier avec des index ou des services exclusifs. Les entreprises de collecte de phénotypes se sont généralement rapprochées des entreprises de sélection et ont parfois fusionné. Les économies réalisées avec l'arrêt du testage ont été réinvesties dans la production de phénotypes, pour un nombre croissant de caractères et parfois dans l'aide au génotypage. En France (mais ce n'est pas forcément le cas ailleurs), certaines entreprises ont préféré maîtriser leur outil de génotypage en créant ou rachetant des laboratoires, ce qui a conduit à la dissolution du GIE Labogena en 2013 qui rassemblait INRAE et l'ensemble des filières de génétique animale. L'interprofession France Génétique Élevage (FGE) a progressivement perdu son rôle dans la gouvernance de la sélection au profit des organismes et entreprises de sélection qui conduisent leur politique propre, FGE ne conservant que le pilotage des systèmes d'information et l'assurance qualité. La mutualisation qui était la règle depuis la loi sur l'élevage⁴ en 1966 a commencé à se fissurer progressivement à partir de la loi de modernisation agricole⁵ de 2006. Le phénomène s'est fortement amplifié à partir de 2013 avec les premiers projets privés, et surtout depuis 2018 avec l'application du Règlement zootechnique européen. On peut supposer que cette évolution en route n'est pas encore terminée.

Conclusion

La sélection génomique a révolutionné la sélection des bovins, en modifiant les méthodes d'évaluation, la gestion des programmes de sélection, la définition des objectifs de sélection, la prise en compte de caractères nouveaux et la conduite des troupeaux. Cette approche s'est développée également dans d'autres espèces un peu plus

récemment, chez les animaux comme chez les plantes, et devient la norme dans le domaine de la sélection, même si les conditions techniques et économiques ne sont généralement pas aussi favorables qu'en bovins. Cette évolution n'est pas terminée, tant au niveau technique qu'organisationnel. Les perspectives d'évolution sont très nombreuses et concernent tous les aspects de la sélection. Les objectifs de sélection évolueront pour prendre en compte les contraintes futures liées aux changements globaux (Lagarde *et al.*, 2026) et de nouveaux caractères seront phénotypés et évalués, en particulier dans le domaine de la résilience, la santé et l'impact environnemental. Les nouvelles méthodes de phénotypage (robots, capteurs, imagerie...) aideront également à cette évolution. D'un point de vue théorique, les modèles génomiques savent prédire les interactions génotype × milieu avec, pour le même animal, des index adaptés à chaque milieu. La mise en œuvre de ces méthodes permettrait de diffuser la génétique la plus adaptée à chaque élevage pour tirer le meilleur parti des ressources génétiques existantes. Une évaluation génomique des animaux croisés est en préparation, elle apportera enfin des outils de gestion génétique pour ces animaux dont on peut prédire le développement à l'avenir. D'un point de vue technique, un nombre toujours croissant de variants causaux seront inclus dans les prédictions, pour plus de précision et surtout moins d'érosion et, à terme, pourquoi pas (même si c'est très ambitieux) une évaluation multiraciale qui permettrait une meilleure utilisation des investissements dans un cadre français de grande diversité raciale. Enfin, alors que les modèles d'évaluation utilisent actuellement l'information phénotypique, génomique et pedigree, d'autres sources de données émergent comme les marques épigénétiques ou le microbiote et contribueront à terme à prédire les phénotypes.

Contribution des auteurs

D. Bo., S. Fr., V. Du., P. Cr., F. Ph., T. Tr., R. Sa., F. Gu., C. Ho., E. Ve. ont contribué aux développements nécessaires à la mise en place et aux évolutions de

4 Loi n° 66-1005 du 28 décembre 1966.

5 Loi n° 2006-11 du 5 janvier 2006.

la sélection génomique ; R. Sa., R. Da., C. Ho. ont particulièrement investi dans l'imputation ; A. Bau., A. Bar., R. Sa., A. Go., L.-H. M. ont contribué aux tests successifs ; S. Ta., H. Le., I. Cr., A. Mi., M.-P. S., H. Ma., A. Vi., A. Bar., A. Go., R. Le. ont assuré les développements pour de nouveaux caractères ; C. Be., M. La., R. Sa., S. Mi., C. Pa., M. Ba. ont assuré la mise en place et le suivi de l'ensemble des chaînes de calculs ;

S. Fr., R. Sa., P. Bo., A. La., M. Gu., S. Mi., C. Pa., S. Ma. ont accompagné la diffusion auprès des utilisateurs ; M. Bo., A. Ca., C. Gr., C. Es., A. Eg., C. Pa., S. Fr. ont mis au point et assuré la disponibilité de puces de génotypage ; S. Ta. et S. Mi. ont conduit le projet *Obgeno* à l'origine de cet article ; C. Ca. et M. Di. ont accompagné financièrement les projets de recherche sur la sélection génomique ; D. Bo. a écrit la première

version de cet article ; tous les auteurs ont lu et approuvé le manuscrit.

Remerciements

Les auteurs remercient APIS-GENE pour le financement de cette étude rétrospective ainsi que de nombreuses autres dédiées à la sélection génomique.

Références

- Aguilar, I., Misztal, I., Johnson, D. L., Legarra, A., Tsuruta, S., & Lawlor, T. J. (2010). Hot topic: A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. *Journal of Dairy Science*, 93(2), 743-752. <https://doi.org/10.3168/jds.2009-2730>
- Bérodier, M., Brochard, M., Boichard, D., Dezetter, C., Bareille, N., & Ducrocq, V. (2019). Use of sexed semen and female genotyping affects genetic and economic outcomes of Montbéliarde dairy herds depending on the farming system considered. *Journal of Dairy Science*, 102(11), 10073-10087. <https://doi.org/10.3168/jds.2018-16041>
- Bérodier, M., Berg, P., Meuwissen, T. H. E., Boichard, D., Brochard, M., & Ducrocq, V. (2021). Improved dairy cattle mating plans at herd level using genomic information. *Animal*, 15(1), 100016. <https://doi.org/10.1016/j.animal.2020.100016>
- Boichard, D. (2019). Development of dairy breeding programmes. In J. van der Werf & J. Pryce (Eds.), *Advances of breeding in dairy cattle* (pp. 603-618). Burleigh Dodds Science Publishing. <https://doi.org/10.19103/as.2019.0058.28>
- Boichard, D., Guillaume, F., Baur, A., Croiseau, P., Rossignol, M. N., Boscher, M. Y., Druet, T., Genestout, L., Colleau, J. J., Journaux, L., Ducrocq, V., & Fritz, S. (2012a). Genomic selection in French dairy cattle. *Animal Production Science*, 52(3), 115-120. <https://doi.org/10.1071/AN11119>
- Boichard, D., Chung, H., Dassonneville, R., David, X., Eggen, A., Fritz, S., Gietzen, K. J., Hayes, B. J., Lawley, C. T., Sonstegard, T. S., Van Tassell, C. P., VanRaden, P. M., Vaiaud-Martinez, K. A., & Wiggins, G. R. (2012b). Design of a Bovine Low-Density SNP Array Optimized for Imputation. *PLoS ONE*, 7(3), e34130. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0034130>
- Boichard, D., Govignon-Gion, A., Larroque, H., Maroteau, C., Palhière, I., Tosser-Klopp, G., Rupp, R., Sanchez, M. P., & Brochard, M. (2014). Déterminisme génétique de la composition en acides gras et protéines du lait des ruminants, et potentialités de sélection. *INRA Productions Animales*, 27(4), 283-298. <https://doi.org/10.20870/productions-animales.2014.27.4.3074>
- Boichard, D., Ducrocq, V., & Fritz, S. (2015). Sustainable dairy cattle selection in the genomic era. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 132(2), 135-143. <https://doi.org/10.1111/jbg.12150>
- Boichard, D., Boussaha, M., Capitan, A., Rocha, D., Hozé, C., Sanchez, M. P., Tribout, T., Letaief, R., Croiseau, P., Grohs, C., Li, W., Harland, C., Charlier, C., Lund, M. S., Sahana, G., Georges, M., Barbier, S., Coppieters, W., Fritz, S., & Guldbrandtsen, B. (2018). *Experience from large scale use of the EuroGenomics custom SNP chip in cattle* [Communication]. 11th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production, Auckland, Nouvelle Zélande, 675.
- Boichard, D., Dominique, S., Bérodier, M., Fritz, S., Delaby, L., Fouéré, C., Boussaha, M., & Barbat, A. (2024). Utilisation de la semence sexée en production bovine. *INRAE Productions Animales*, 37(4), 8320. <https://doi.org/10.20870/productions-animales.2024.37.4.8320>
- Boichard, D., Fritz, S., Croiseau, P., Ducrocq, V., Tribout, T., & Cuyabano, B. C. D. (2025). Erosion of estimated genomic breeding values with generations is due to long distance associations between markers and QTL. *Genetics Selection Evolution*, 57, 14. <https://doi.org/10.1186/s12711-025-00963-5>
- Boichard, D., & Capitan, A. (2026). Advances in understanding, detection and management of genetic defects in dairy cattle. In D. Berry (Ed.), *Optimising breeding of dairy cows: Leveraging genetics for more sustainable production* (Ch. 10), Burleigh Dodds Science Publishing. <https://doi.org/10.19103/AS.2026.0173.12>
- Bonifazi, R., Meuwissen, T. H. E., Croiseau, P., Restoux, G., Minéry, S., Vandenplas, J., & Windig, J. J. (2026). Impact of genomic selection on genetic diversity in 5 local European cattle breeds. *Journal of Dairy Science*, 109(5), 5475-5498. <https://doi.org/10.3168/jds.2025-27562>
- Bouquet, A., Renand, G., & Phocas, F. (2009). Évolution de la diversité génétique des populations françaises de bovins allaitants spécialisés de 1979 à 2008. *INRA Productions Animales*, 22(4), 317-330. <https://doi.org/10.20870/productions-animales.2009.22.4.3357>
- Brard, S., & Ricard, A. (2015). Is the use of formulae a reliable way to predict the accuracy of genomic selection? *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 132(3), 207-217. <https://doi.org/10.1111/jbg.12123>
- Chapard, L., Besnard, F., Tribout, T., Aguerre, S., Escoufflaire, C., Lederer, H., Fritz, S., Mattalia, S., Capitan, A., & Croiseau, P. (2026). Genomic evaluation for juvenile mortality including causal variants in French Holstein and Montbéliarde cattle breeds. *Journal of Dairy Science*, 109(1), 527-541. <https://doi.org/10.3168/jds.2025-27072>
- Colleau, J.-J., & Poutous, M. (1973). Méthode de calcul des index de production laitière des femelles en France. *Annales de Génétique et de Sélection Animale*, 5(1), 73-82. <https://doi.org/10.1051/gse:19730105>
- Colleau, J.-J., Fritz, S., Guillaume, F., Baur, A., Dupassieux, D., Boscher, M.-Y., Journaux, L., Eggen, A., & Boichard, D. (2015). Simulation des potentialités de la sélection génomique chez les bovins laitiers. *INRA Productions Animales*, 28(3), 251-258. <https://doi.org/10.20870/productions-animales.2015.28.3.3030>
- Croiseau, P., Legarra, A., Guillaume, F., Fritz, S., Baur, A., Colombani, C., Robert-Granié, C., Boichard, D., & Ducrocq, V. (2011). Fine tuning genomic evaluations in dairy cattle through SNP pre-selection with the Elastic-Net algorithm. *Genetics Research*, 93(6), 409-417. <https://doi.org/10.1017/S0016672311000358>
- Croué, I., & Ducrocq, V. (2017). Genomic and single-step evaluations of carcass traits of young bulls in dual-purpose cattle. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 134(4), 300-307. <https://doi.org/10.1111/jbg.12261>
- Croué, I., Michenet, A., Leclerc, H., & Ducrocq, V. (2019). Genomic analysis of claw lesions in Holstein cows: Opportunities for genomic selection, quantitative trait locus detection, and gene identification. *Journal of Dairy Science*, 102(7), 6306-6318. <https://doi.org/10.3168/jds.2018-15979>
- Curik, I., Ferencaković, M., & Sölkner, J. (2014). Inbreeding and runs of homozygosity: A possible solution to an old problem. *Livestock Science*, 166, 26-34. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2014.05.034>
- Daetwyler, H. D., Capitan, A., Pausch, H., Stothard, P., van Binsbergen, R., Brøndum, R. F., Liao, X., Djari, A., Rodriguez, S. C., Grohs, C., Esquerré, D., Bouchez, O., Rossignol, M.-N., Klopp, C., Rocha, D., Fritz, S., Eggen, A., Bowman, P. J., Coote, D., ... Hayes, B. J. (2014). Whole-genome sequencing of 234 bulls facilitates mapping of monogenic and complex traits in cattle. *Nature Genetics*, 46(8), 858-865. <https://doi.org/10.1038/ng.3034>
- Dassonneville, R., Fritz, S., Ducrocq, V., & Boichard, D. (2012). Imputation performances of three low density marker panels in beef and dairy cattle. *Journal of Dairy Science*, 95(7), 4136-4140. <https://doi.org/10.3168/jds.2011-5133>
- Dekkers, J. C. M., Su, H., & Cheng, J. (2021). Predicting the accuracy of genomic predictions. *Genetics Selection Evolution*, 53, 55. [https://doi.org/10.1186/s1271](https://doi.org/10.1186/s12711-021-00647-w)

- Doublet, A.-C., Croiseau, P., Fritz, S., Michenet, A., Hozé, C., Danchin-Burge, C., Laloë, D., & Restoux, G. (2019). The impact of genomic selection on genetic diversity and genetic gain in three French dairy cattle breeds. *Genetics Selection Evolution*, 51, 52. <https://doi.org/10.1186/s12711-019-0495-1>
- Elsen, J.-M., Raoul, J., & Gilbert, H. (2025). Is there an advantage of using genomic information to estimate gametic variances and improve recurrent selection in animal populations? *Genetics Selection Evolution*, 57, 5. <https://doi.org/10.1186/s12711-025-00953-7>
- Fresco, S., Vanlierde, A., Boichard, D., Lefebvre, R., Gaborit, M., Boré, R., Fritz, S., Gengler, N., & Martin, P. (2024). Combining short-term breath measurements to develop methane prediction equations from cow milk mid-infrared spectra. *Animal*, 18(7), 101200. <https://doi.org/10.1016/j.animal.2024.101200>
- Fritz, S., Capitan, A., Djari, A., Rodriguez, S. C., Barbat, A., Baur, A., Grohs, C., Weiss, B., Boussaha, M., Esquerré, D., Klopp, C., Rocha, D., & Boichard, D. (2013). Detection of haplotypes associated with prenatal death in dairy cattle and identification of deleterious mutations in GART, SHBG, and SLC37A2. *Plos One*, 8(6), e65550. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0065550>
- Goddard, M. (2009). Genomic selection: prediction of accuracy and maximisation of long term response. *Genetica*, 136(2), 245-257. <https://doi.org/10.1007/s10709-008-9308-0>
- Grelet, C., Fernández Pierna, J. A., Dardenne, P., Baeten, V., & Dehareng, F. (2015). Standardization of milk mid-infrared spectra from a European dairy network. *Journal of Dairy Science*, 98(4), 2150-2160. <https://doi.org/10.3168/jds.2014-8764>
- Grohs, C., Duchesne, A., Floriot, S., Deloche, M. C., Boichard, D., Ducos, A., & Danchin-Burge, C. (2016). L'Observatoire National des Anomalies Bovines. *INRA Productions Animales*, 29(5), 307-318. <https://doi.org/10.20870/productions-animales.2016.29.5.2998>
- Harris, B., & Johnson, D. (1998). Approximate reliability of genetic evaluations under an animal model. *Journal of Dairy Science*, 81(10), 2723-2728. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(98\)75829-1](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(98)75829-1)
- Hozé, C., Baur, A., Fritz, S., & Boichard, D. (2022). Prediction of gametic variance and its use in bovine breeding programs [Communication]. 12th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Rotterdam, Pays-Bas. https://doi.org/10.3920/978-90-8686-940-4_441
- Hozé, C., Fouilloux, M.-N., Venot, E., Guillaume, F., Dassonneville, R., Fritz, S., Ducrocq, V., Phocas, F., Boichard, D., & Croiseau, P. (2013). High-density marker imputation accuracy in sixteen French cattle breeds. *Genetics Selection Evolution*, 45, 33. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-45-33>
- Hozé, C., Fritz, S., Phocas, F., Boichard, D., Ducrocq, V., & Croiseau, P. (2014). Efficiency of multi-breed genomic selection for dairy cattle breeds with different sizes of reference population. *Journal of Dairy Science*, 97(6), 3918-3929. <https://doi.org/10.3168/jds.2013-7761>
- Idele. (2016). *Statistiques IA races laitières 2015*. Idele. [https://idele.fr/cofit/publications/detail-article?tx_ato=idelecontenus_publicationdetail\[publication\]=9630](https://idele.fr/cofit/publications/detail-article?tx_ato=idelecontenus_publicationdetail[publication]=9630)
- Jónás, D., Ducrocq, V., Fritz, S., Baur, A., Sanchez, M. P., & Croiseau, P. (2017). Genomic evaluation of regional dairy cattle breeds in single-breed and multibreed contexts. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 134(1), 3-13. <https://doi.org/10.1111/jbg.12249>
- Lagarde, H., Martin, P., Barre, P., Baumont, R., Brochard, M., Coeugnet, P., Croiseau, P., Delaby, L., De La Torre, A., Friggens, N. C., Guatteo, R., Joly, F., Leclerc, H., Magne, M.-A., Novak, S., Perrot, C., Schibler, L., Veyssat, P., Aurélie Vinet, & Boichard, D. (2026). Enjeux et orientations de la sélection génétique bovine en France d'ici 2040 : propositions issues d'une réflexion collective. *INRAE Productions Animales*, 39(2), 9738. <https://doi.org/10.20870/productions-animales.2026.39.2.9738>
- Leclerc, H., Barbat, A., Vallée, R., Guillaume, F., Manciaux, L., Davière, J.-B., & Philippe, M. (2022). Development of a Single Step Genomic Evaluation of health traits and relationships with dairy traits in French Holsteins [Communication]. 12th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Rotterdam, Pays-Bas. <https://brill.com/edcollchap-oa/book/9789086869404/BP000009.xml>
- Legarra, A., & Ducrocq, V. (2012). Computational strategies for national integration of phenotypic, genomic, and pedigree data in a single-step best linear unbiased prediction. *Journal of Dairy Science*, 95(8), 4629-4645. <https://doi.org/10.3168/jds.2011-4982>
- Liu, A., Lund, M. S., Boichard, D., Karaman, E., Fritz, S., Aamand, G. P., Nielsen, U. S., Wang, Y., & Su, G. (2020). Improvement of genomic prediction by integrating additional single nucleotide polymorphisms selected from imputed whole genome sequencing data. *Heredity*, 124(1), 37-49. <https://doi.org/10.1038/s41437-019-0246-7>
- Lund, M. S., de Roos, A. P. W., de Vries, A. G., Druet, T., Ducrocq, V., Fritz, S., Guillaume, F., Guldbrandtsen, B., Liu, Z., Reents, R., Schrooten, C., Seefried, F., & Su, G. (2011). A common reference population from four European Holstein populations increases reliability of genomic predictions. *Genetics Selection Evolution*, 43, 43. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-43-43>
- Maugan, L.-H., Rostellato, R., Tribout, T., Mattalia, S., & Ducrocq, V. (2023). Combined single-step evaluation of functional longevity of dairy cows including correlated traits. *Genetics Selection Evolution*, 55, 75. <https://doi.org/10.1186/s12711-023-00839-6>
- Meuwissen, T. H. E., Hayes, B. J., & Goddard, M. E. (2001). Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics*, 157(4), 1819-1829. <https://doi.org/10.1093/genetics/157.4.1819>
- Michenet, A., Barbat, M., Saintilan, R., Venot, E., & Phocas, F. (2016). Detection of quantitative trait loci for maternal traits using high-density genotypes of Blonde d'Aquitaine beef cattle. *BMC Genetics*, 17, 88. <https://doi.org/10.1186/s12863-016-0397-y>
- Michot, P., Chahory, S., Marete, A., Grohs, C., Dagios, D., Donzel, E., Aboukadir, A., Deloche, M.-C., Allais-Bonnet, A., Chambrial, M., Barbey, S., Genestout, L., Boussaha, M., Danchin-Burge, C., Fritz, S., Boichard, D., & Capitan, A. (2016). A reverse genetic approach identifies an ancestral frameshift mutation in *RP1* causing recessive progressive retinal degeneration in European cattle breeds. *Genetics Selection Evolution*, 48, 56. <https://doi.org/10.1186/s12711-016-0232-y>
- Phocas, F. (2022). Genotyping, the usefulness of imputation to increase SNP density, and imputation methods and tools. In N. Ahmadi & J. Bartholomé (Eds.), *Genomic Prediction of Complex Traits: Methods and protocols* (pp. 113-138). Springer Protocols. <https://doi.org/10.1007/978-1-0716-2205-6>
- Purfield, D. C., Berry, D. P., McParland, S., & Bradley, D. G. (2012). Runs of homozygosity and population history in cattle. *BMC Genetics*, 13, 70. <https://doi.org/10.1186/1471-2156-13-70>
- Ramayo-Caldas, Y., Renand, G., Ballester, M., Saintilan, R., & Rocha, D. (2016). Multi-breed and multi-trait co-association analysis of meat tenderness and other meat quality traits in three French beef cattle breeds. *Genetics Selection Evolution*, 48, 37. <https://doi.org/10.1186/s12711-016-0216-y>
- Sanchez, M.-P., Guatteo, R., Davigne, A., Saout, J., Grohs, C., Deloche, M.-C., Taussat, S., Fritz, S., Boussaha, M., Blanqufort, P., Delafosse, A., Joly, A., Schibler, L., Fourichon, C., & Boichard, D. (2020). Identification of the ABC4, IER3 and CBA2T2 candidate genes for resistance to paratuberculosis from sequence-based GWAS in Holstein and Normande dairy cattle. *Genetics Selection Evolution*, 52, 14. <https://doi.org/10.1186/s12711-020-00535-9>
- Sanchez, M.-P., Tribout, T., Fritz, S., Guatteo, R., Fourichon, C., Schibler, L., Delafosse, A., & Boichard, D. (2022a). New insights into the genetic resistance to paratuberculosis in Holstein cattle via single-step genomic evaluation. *Genetics Selection Evolution*, 54, 67. <https://doi.org/10.1186/s12711-022-00757-z>
- Sanchez, M.-P., Tribout, T., Fritz, S., Wolf, V., Laithier, C., Brochard, M., & Boichard, D. (2022b). Opportunities for genomic selection of cheese-making traits in Montbéliarde cows. *Journal of Dairy Science*, 105(5), 5206-5220. <https://doi.org/10.3168/jds.2021-21558>
- Sargolzaei, M., Chesnais, J. P., & Schenkel, F. S. (2014). A

Résumé

Cet article présente l'histoire et le bilan de la sélection génomique bovine en France, avec ses étapes de démarrage dans les grandes races laitières, son extension progressive à toutes les races, le développement du génotypage permis par la diminution de son coût, l'intégration de nouveaux caractères et la redéfinition des objectifs de sélection avec davantage d'importance donnée aux caractères fonctionnels. Il présente les évolutions méthodologiques réalisées au cours du temps, concernant le génotypage, les populations de référence et les méthodes d'évaluation génomique. Les résultats acquis sont présentés, en termes d'évolution génétique sur les différents caractères – toujours favorable – d'évolution de la consanguinité – très variable entre races – et de maîtrise des anomalies génétiques. Une forte synergie a été construite entre recherche et sélection : toutes les évolutions ont été suscitées par la recherche, mais d'un autre côté, les données nouvelles engendrées par la sélection ont nourri la recherche. Enfin, l'article décrit succinctement les fortes évolutions organisationnelles qui ont été pour partie induites par la sélection génomique.

Mots clés : sélection génomique ; bovin ; objectif de sélection

Abstract

Review of bovine genomic selection in France

This article presents the history and results of bovine genomic selection in France, with its start-up stages in large dairy breeds, its gradual extension to all breeds, the development of genotyping made possible by the reduction of its cost, the extension to new traits and the redefinition of breeding goals with more importance given to functional traits. It presents the methodological changes made over time, regarding genotyping, reference populations and genomic evaluation methods. The results obtained are presented, in terms of genetic evolution on the different traits, always favorable, on the evolution of inbreeding which varies greatly between breeds, and on the control of genetic anomalies. A strong synergy has been built between research and selection: all developments have been driven by research, while the new data generated by selection have fed research. Finally, the article briefly describes the strong organizational changes that have been largely induced by genomic selection.

Keywords : Genomic Selection; Bovine; Breeding Objective

BOICHARD, D., CROISEAU, P., PHOCAS, F., SAINTILAN, R., GUILLAUME, F., TAUSSAT, S., HOZÉ, C., BARBAT, A., BAUR, A., LECLERC, H., CAPEL, C., DIRIBARNE, M., BERTRAND, C., BOULESTEIX, P., BOUSSAHA, M., CAPITAN, A., CROUÉ, I., BARBAT, M., DASSONNEVILLE, R., EGGEN, A., ESCOUFLAIRE, C., GOVIGNON, A., GROHS, C., GUILLERM, M., LAUNAY, A., LAVAL, M., LEFEBVRE, R., MAUGAN, L.-H., MICHENET, A., MINERY, S., SANCHEZ, M.-P., VINET, A., MATTALIA, S., VENOT, E., PATRY, C., TRIBOUT, T., DUCROCQ, V., & FRITZ, S. (2026). Bilan de la sélection génomique bovine en France. *INRAE Productions Animales*, 39(2), 9986.

<https://doi.org/10.20870/productions-animales.2026.39.2.9986>



Cet article est publié sous la licence Creative Commons (CC BY 4.0).

<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/deed.fr>

La citation comme l'utilisation de tout ou partie du contenu de cet article doit obligatoirement mentionner les auteurs, l'année de publication, le titre, le nom de la revue, le volume, les pages et le DOI en respectant les informations figurant ci-dessus.