

ESTIMATION DES CORRÉLATIONS GÉNÉTIQUES

entre caractères laitiers et maternels chez les ovins laits



Mémoire de fin d'étude

Directeurs du mémoire :

TORTEREAU Flavie

Ingénieur de Recherche

RAOUL Jérôme

Ingénieur de Recherche

LANGLAIS Emma

Elève ingénieur Isara

Promotion 53

Tuteur pédagogique :

JOLY Thierry

Date de soutenance : 11.09.2025

Ce document ayant été réalisé par des Elèves-Ingénieurs de l'ISARA dans le cadre d'une convention avec....., toute mention, communication ou diffusion devra faire état du nom de l'auteur et de l'origine Isara.

Table des matières

REMERCIEMENTS	I
LISTE DES FIGURES.....	II
LISTE DES ABREVIATIONS	III
Introduction.....	1
1.1 Enjeux contemporains de l'élevage	2
1.2 La sélection génétique, moteur de l'innovation durable.....	3
1.3 Problématique	4
1 Présentation du commanditaire	5
1.1 INRAE	5
1.2 GenPhySE	5
1.3 Institut de l'élevage.....	6
1.4 GIS Avenir Elevage	6
2 Etat des connaissances sur la race Lacaune	7
2.1 Contexte génétique.....	7
2.2 Paramètres génétiques des principaux caractères ovins.....	9
2.3 Comparaison avec les races bovines.....	10
2.4 Conclusion.....	10
3 Matériel et méthodes.....	11
3.1 Présentation du système d'élevage	11
3.2 Etude phénotypique	11
3.3 Estimation des paramètres génétiques	13
3.3.1 Univarié.....	13
3.3.2 Multivarié	14
4 Résultats.....	17
4.1 Analyse statistique	17
4.2 Composante de variance	18
4.2.1 Mesures à la lactation.....	18
4.2.2 Contrôles laitiers.....	19
4.3 Estimation des corrélations entre caractères	21
4.3.1 Corrélations phénotypiques	21
4.3.2 Corrélations génétiques	22
5 Discussion et analyse.....	24
5.1 Analyse des héritabilités	24
5.2 Analyse des corrélations génétiques et implications.....	24
5.2.1 Proliféricité.....	24
5.2.2 Caractères laitiers	25

5.2.3	Caractères de croissance	26
5.2.4	Corrélations entre composantes directe et maternelle	28
5.3	Perspectives d’approfondissement et critères complémentaires	28
5.3.1	Autres caractères à étudier	28
5.3.2	Différence de richesse du lait entre ovins laitiers et allaitants	28
5.3.3	Limites de l’étude	29
5.4	Recommandations	29
6	Qualité de Vie au Travail	31
7	Conclusion	32
7.1	Réponse à la problématique	32
7.2	Bilan personnel	32
8	Bibliographie.....	34

REMERCIEMENTS

Je tiens à exprimer ma profonde gratitude et mes sincères remerciements à toutes les personnes qui ont contribué à la réussite de mon stage au sein d'INRAE. Leur soutien et leur expertise ont grandement enrichi mon expérience professionnelle. Je tiens tout particulièrement à remercier Flavie Tortereau et Jérôme Raoul qui m'ont épaulé durant ces 6 mois.

Je voudrai aussi remercier Thierry Joly a su m'encadrer durant ce stage, notamment grâce à ces conseils.

Enfin, je souhaiterai adresser une mention particulière à l'ensemble des stagiaires présents sans qui ce stage n'aurait pas été le même.

LISTE DES FIGURES

<i>Figure 1 : Historique de la sélection des Lacaune Lait.....</i>	<i>7</i>
<i>Figure 2 : Historique de la sélection des Lacaune Viande.....</i>	<i>8</i>
<i>Figure 3 : Schéma du système d'élevage Ovins laitiers</i>	<i>11</i>
<i>Figure 4 : Représentation des composantes de variance pour la production laitière</i>	<i>19</i>
<i>Figure 5 : Représentation des composantes de variance pour le taux butyreux</i>	<i>20</i>
<i>Figure 6 : Représentation des composantes de variance pour le taux protéique</i>	<i>20</i>
<i>Tableau 1 : Objectifs de sélection pour les filières lait et viande</i>	<i>9</i>
<i>Tableau 2 : Etat des lieux des corrélations génétiques connues</i>	<i>10</i>
<i>Tableau 3 : Présentation des facteurs de variation</i>	<i>12</i>
<i>Tableau 4 : Description des phénotypes et niveaux de significativité des facteurs de variation testés</i>	<i>17</i>
<i>Tableau 5 : Résumé des composantes de variance et des estimations des héritabilités</i>	<i>18</i>
<i>Tableau 7 : Estimations des corrélations phénotypiques</i>	<i>21</i>
<i>Tableau 8 : Estimations des corrélations génétiques</i>	<i>22</i>

LISTE DES ABREVIATIONS

AOP = Appellation d'Origine Protégée

CV = Coefficient de variabilité

h^2 = Héritabilité

IA = Insémination Animale

r = Répétabilité

TB = Taux butyreux

TP = Taux protéique

σ_p^2 = Variance Phénotypique

σ_a^2 = Variance génétique additive directe

σ_m^2 = Variance génétique additive maternelle

σ_{pe}^2 = Variance de l'environnement permanent

σ_e^2 = Variance résiduelle

Introduction

L'élevage ovin laitier occupe une position essentielle, notamment pour l'économie agricole française et européenne, en particulier dans les régions montagneuses et à forte tradition fromagère. La filière génère près de 20 emplois équivalents temps-plein regroupant éleveurs, transformateurs et acteurs de la commercialisation (FBL, 2024). En 2023, la France comptait 1,5 millions de brebis laitières et 3,36 millions de brebis allaitantes, pour 3,2 millions d'agneaux abattus avec une majorité issue des troupeaux allaitants (IDELE, CNE, 2024). Même si le cheptel a connu une baisse de 4,8% en un an, la France maintient une place clé dans la filière ovine laitière européenne classée 12^{ème} mondiale et 5^{ème} européenne (Journal Officiel de la République Française, 2023). Notons que quatre pays assurent plus de 90% du volume européen : Grèce, Espagne, Italie et Roumanie, la France, représentant 6% du cheptel européen et jouant ainsi un rôle central dans une filière à haute valeur ajoutée. Par ailleurs, en 2023, la France ne comptait plus que 34 500 exploitations ovines (dont moins de 5 000 en lait), soit une chute de 65% en 20 ans corrélée à une vieillissement du métier : 35% du cheptel détenu par des éleveurs de plus de 55 ans (CerFrance, 2023).

Cette filière particulièrement dynamique dans certaines régions françaises – Occitanie (notamment l'Aveyron), Nouvelle-Aquitaine (le Pays-basque) et Corse – est intrinsèquement liée à la production de fromages sous AOP tels que le roquefort, l'Ossau-Iraty et les fromages corses (Duflot *et al.*, 2024). En 2024, 8 000 producteurs d'ovins laitiers étaient répertoriés dont plus de 80% livrent leur lait à l'industrie et le reste est transformé directement à la ferme (FBL, 2024). La collecte industrielle a atteint 290,6 millions de litres de lait de brebis, dont 11% en bio. L'Occitanie concentre 75% de cette collecte (DRAAF Occitanie, 2025). Près de 90% de lait collecté est transformé en fromages pur brebis avec une prédominance de produits sous signes officiels de qualité (AOP, IGP).

En élevage ovin laitier, le lait constitue la principale source de revenus, représentant en moyenne plus de 80% du chiffre d'affaires des exploitations spécialisées. Cependant, la production laitière est intrinsèquement liée à la reproduction et à la production des agneaux. Face à la volatilité des prix du lait, à la hausse des coûts et aux enjeux environnementaux, la valorisation des agneaux issus des troupeaux laitiers apparaît comme un levier stratégique essentiel pour sécuriser les revenus des éleveurs.

Traditionnellement, la sélection ovine est spécialisée avec des schémas distincts les races laitières et pour les races allaitantes, chacun orienté vers des objectifs propres : qualité et quantité du lait, caractères fonctionnels pour les laitiers ; prolificité, croissance et conformation pour les allaitants. La production ovine laitière contribue de façon significative à la filière viande : les agneaux issus de troupeaux laitiers représentent 23% de la production nationale en têtes et 15% des abattages, mais la sélection ne prend pas pleinement en compte la valorisation bouchère (Barillet *et al.*, 2016).

Deux grandes stratégies sont employées pour améliorer la qualité des agneaux issus des troupeaux laitiers :

- Le croisement terminal entre brebis laitières et béliers de races à viande permet d'obtenir des agneaux plus homogènes, avec une meilleure croissance et un rendement carcasse supérieur (Astruc, Faradji, 2021).
- L'amélioration génétique intra-race des aptitudes bouchères chez les animaux laitiers permet une autonomie de renouvellement mais demande des outils d'évaluation génétique adaptés et rigoureux.

Une race domine dans le secteur ovin lait : la Lacaune avec près de 1,3 millions de têtes. Depuis les années 70, la progression de la production laitière des brebis Lacaune s'explique par la sélection génétique (y compris l'IA et la collecte systématique des données), mais aussi par de nombreux progrès techniques : amélioration de l'alimentation, gestion des bâtiments et de la santé animale. En 2023, la production moyenne en élevage de sélection a atteint 357 L sur 177 jours de lactation, et 312 L hors schéma de sélection, illustrant l'impact combiné de la génétique et des innovations sur les pratiques

d'élevage (UPRA LACAUNE, 2023). Hors du noyau, les niveaux de production ont également beaucoup augmenté depuis les années 1970 grâce à la diffusion efficace du progrès génétique et à l'évolution des conditions d'élevage.

Dès 1976, deux branches ont été différenciées au sein de la race Lacaune : la Lacaune lait et la Lacaune viande, chacune possédant des schémas de sélection bien distincts, avant d'être officiellement reconnues comme deux races en 2019 (Horriot, 2021). La branche allaitante de la Lacaune a été créée afin de valoriser les agneaux issus de croisement entre des brebis laitières croisés et des béliers Lacaune viande, visant une meilleure conformation carcasse et une croissance plus rapide tout en conservant de bonnes qualités maternelles (Lucas, Burg, 2024). Les résultats sont probants : 60% des agneaux issus de ces croisements sont classés R ou mieux en conformation contre seulement 18% pour les agneaux exclusivement issus de brebis de laitières.

Cependant, les élevages ovins laitiers doivent désormais allier productivité, rentabilité, adaptation aux évolutions climatiques et respect des exigences sociétales, notamment en matière de bien-être animal et de durabilité. La transition agroécologique encourage ainsi des systèmes plus résilients, axés sur l'autonomie alimentaire, la valorisation des ressources locales et la réduction des intrants. Parallèlement, le bien-être animal est devenu une priorité forte avec le développement d'outils d'évaluation et de bonnes pratiques adaptées à l'élevage (Thenard *et al.*, 2019; Astruc *et al.*, 2016; De Cremoux *et al.*, 2023; Sagot, 2020)

1.1 Enjeux contemporains de l'élevage

D'un point de vue économique, la valorisation de la viande d'agneaux issus des troupeaux laitiers est cruciale dans un contexte de baisse continue des effectifs ovins – 5,5 millions de brebis contre 10 millions en 1998 – qui réduit l'offre issue de la seule filière allaitante. La vente des agneaux représente aujourd'hui une part significative du revenu des élevages ovin lait. Un ajustement des systèmes devient dès lors indispensable pour conserver compétitivité, sécurité de revenu et efficacité des exploitations dans un marché ouvert à la concurrence et marqué par la volatilité des prix (CerFrance, 2023). Sur le plan environnemental, améliorer la qualité bouchère des ovins laitiers permet de répondre à la demande sans accroître le cheptel, limitant ainsi l'empreinte écologique et la pression sur les ressources naturelles (Throude *et al.*, 2024). Enfin, en matière de souveraineté alimentaire, la France ne couvre que 44% de ses besoins en viande ovine (CHAMBRES D'AGRICULTURE, 2025), tandis que les importations massives, accentuées par l'accord UE-Nouvelle-Zélande, fragilisent la filière. Ainsi, la valorisation du produit « viande » lié à la vente des agneaux issus des troupeaux laitiers est un enjeu de poids pour la pérennité économique de la filière (Kirsch, 2023).

Dans ce contexte, l'optimisation des élevages ovins laitiers via la génétique représente une réponse stratégique pour limiter la dépendance extérieure, renforcer l'autonomie alimentaire, réduire l'empreinte carbone liées aux importations et assurer la viabilité économique des exploitations (Ferial *et al.*, 2024). La sélection génétique apparaît ainsi comme un levier majeur d'innovation durable en permettant d'améliorer simultanément les performances de production et les aptitudes fonctionnelles des animaux.

Dans le cas des ovins laitiers, plusieurs limites renforcent l'importance d'une approche innovante. Les caractères viande ne figurent pas aujourd'hui dans les objectifs de sélection des races ovines laitières, mais leur introduction dans les schémas de sélection pourrait être proposée pour mieux valoriser l'agneau issu des troupeaux laitiers. Pour cela, il est nécessaire de connaître les liens génétiques entre caractères laitiers et bouchers, ce qui suppose d'enregistrer des données propres aux agneaux, jusqu'alors non enregistrées en filière laitière.

Pour envisager cette intégration de la valorisation bouchère aux objectifs de sélection ovine laitière, il est indispensable que les caractères bouchers présentent une héritabilité suffisante, garantissant ainsi la faisabilité d'un progrès génétique à court ou moyen terme. Par ailleurs, l'étude des corrélations

génétiques entre ces nouveaux caractères et ceux déjà présents est cruciale. En effet, des corrélations négatives ou antagonistes pourraient créer des conflits nécessitant un équilibre précis des objectifs de sélection, afin de préserver la performance globale des animaux.

1.2 La sélection génétique, moteur de l'innovation durable

La sélection génétique animale, historiquement fondée sur le choix empirique des reproducteurs les plus performants, s'est profondément modernisée au XX^{ème} siècle grâce aux statistiques, à l'enregistrement des pedigrees et aux contrôles de performances. Les avancées en génomique ont permis d'analyser directement l'ADN des animaux pour identifier les marqueurs génétiques associés aux caractères recherchés et améliorer la précision de l'estimation de leur potentiel génétique. Depuis 2015, la sélection génomique est intégrée au schéma Lacaune permettant d'estimer plus précocement la valeur génétique des animaux et d'accélérer le progrès génétique. Cette approche offre également une plus grande flexibilité pour envisager l'inclusion de nouveaux caractères dans les objectifs de sélection, tels que l'efficacité alimentaire, la robustesse et la résistance environnementale – adaptation au stress climatique et pratiques d'élevage moins intensives (INRAE, 2024a).

Aujourd'hui, la sélection dépasse les seuls critères productifs pour adopter une vision intégrée prenant en compte durabilité et bien-être animal. Le projet européen SMARTER (2018-2023), coordonné par INRAE, illustre cette évolution en intégrant des caractères de robustesse et de durabilité dans les objectifs de sélection des ruminants. Ces travaux de recherche ouvrent la voie à l'intégration prochaine de caractères tels que la rusticité – capacité à produire dans des environnements difficiles avec peu d'interventions – et la résilience, qui restent cependant à formaliser dans les schémas de sélection (Smarter Project, 2018).

- Objectifs multiples

Les axes prioritaires de sélection ont évolué. Si la productivité à longterms prévalu (plus de lait, de viande, de rendement), l'accent se porte désormais sur d'autres caractères tels que les caractères fonctionnels, la santé et la longévité. D'autres caractères sont à l'étude pour être intégrés à l'avenir, comme l'efficacité alimentaire – quantité de produit par unité d'aliment consommé, la robustesse – capacité à résister aux maladies infectieuses, au stress thermique, et la fertilité – un troupeau durable passe par des animaux en bonne santé sur le long terme.

- Outils et méthodes

L'amélioration génétique mobilise aujourd'hui une palette de méthodes évolutives, guidées par des objectifs de sélection clairement définis. Ces objectifs sont établis en fonction des besoins économiques, environnementaux et sociétaux,

Les méthodologies mises en œuvre se distinguent ainsi :

- La définition des objectifs de sélection, qui précise quels caractères seront sélectionnés et la priorité donnée à chacun
- L'évaluation génétique qui repose sur la collecte de données de performance, conditions de milieu, caractéristiques des animaux, pedigree et informations génomiques. A partir de ces données sont calculés des index synthétiques, combinant plusieurs caractères selon les pondérations fixées. Les corrélations génétiques jouent un rôle clé, intervenant soit en amont (évaluation multi-caractères) soit en aval (évaluation uni-caractère).
- La mise en œuvre du programme de sélection, incluant le tri des reproducteurs sur la base des index et la gestion de la variabilité génétique, notamment la limitation de la consanguinité pour préserver la diversité génétique.

Parmi les principales méthodes utilisées, on retrouve notamment l'évaluation des performances individuelles et collectives via le contrôle de performance, la sélection génomique qui analyse des milliers de marqueurs ADN pour cibler plus tôt et plus précisément les meilleurs reproducteurs, ainsi

que l'estimation des corrélations génétiques permettant d'anticiper les impacts indirects des choix de sélection et d'éviter les effets indésirables.

La sélection génétique dépasse aujourd'hui le simple objectif d'amélioration de la productivité. Elle est devenue un levier essentiel pour garantir la durabilité des élevages, en favorisant leur adaptation rapide aux enjeux environnementaux, sanitaires et sociétaux.

1.3 Problématique

Malgré les avancées significatives dans la compréhension de la génétique des caractères laitiers chez les ovins Lacaune, peu d'études approfondies ont jusqu'à présent évalué simultanément les relations génétiques entre caractères laitiers et allaitants, tels que la croissance des agneaux et la production laitière. Cependant, quelques études ont étudiées la production laitière et la prolificité, démontrant des corrélations oscillant entre -0,20 et 0,11 (Baelden *et al.*, 2005). Néanmoins, la compréhension fine de la nature et de l'ampleur de ces corrélations, notamment pour certains caractères fonctionnels ou dans des contextes d'élevage variés, reste partielle et nécessite encore des recherches complémentaires. L'expérience acquise chez les bovins de races mixtes confirme qu'une stratégie de sélection équilibrée intégrant production, reproduction et santé permet d'améliorer simultanément plusieurs caractères sans compromettre la robustesse. Si les bases génétiques des compromis entre production et fonctions maternelles chez la Lacaune restent encore partiellement élucidées, leur gestion optimale dans les schémas de sélection et l'intégration de nouveaux outils biotechnologiques restent des axes de progrès et d'innovation pour la filière. Or, ces corrélations génétiques sont cruciales pour optimiser les schémas de sélection en assurant un progrès harmonieux à la fois sur la production de lait et sur les performances de reproduction et de croissance des agneaux. L'absence d'informations complètes et actualisées sur ces interdépendances limite la capacité des éleveurs et des sélectionneurs à anticiper les éventuels compromis ou synergies entre ces critères essentiels. C'est en réponse à cette lacune que s'inscrit ce travail de stage, visant à estimer précisément ces corrélations génétiques chez les ovins laitiers, afin de fournir des bases solides pour des stratégies de sélection intégrées et pleinement adaptées aux enjeux de la filière.

La problématique centrale de ce mémoire est de déterminer si une amélioration simultanée des caractères « laitiers » et « allaitants » est possible. Il n'est pas impossible de sélectionner des caractères pouvant être antagonistes, mais ce processus est généralement plus long et nécessite des compromis, notamment si les caractères sont corrélés négativement. Le choix de priorités entre caractères reste alors nécessaire pour orienter la sélection. Pour répondre à cette question, l'étude s'appuie sur les modèles mixtes BLUP appliqués à des brebis Lacaune suivie plus de vingt ans sur l'unité expérimentale INRAE de La Fage. L'objectif est d'évaluer la variabilité génétique des caractères « allaitants » et d'examiner les liens génétiques avec les caractères laitiers, prérequis indispensable pour envisager leur prise en compte en sélection. Cette étude vise ainsi à éclairer la faisabilité de concilier les productions de lait et de viande et à orienter les schémas de sélection vers une performance globale et durable.

Afin de répondre à cette problématique, ce mémoire s'organise en plusieurs étapes complémentaires. Dans un premier temps, une présentation du commanditaire et des partenaires du projet permet de situer le cadre institutionnel et scientifique de l'étude. La deuxième partie propose un état des connaissances sur la race Lacaune et sur les interactions génétiques entre caractères de production laitière, de reproduction et de croissance. La troisième partie décrit les données disponibles ainsi que les méthodes statistiques et génétiques mises en œuvre pour analyser les performances phénotypiques et estimer les paramètres génétiques. La quatrième partie présente les résultats obtenus, en distinguant les estimations de variance, les héritabilités et les corrélations génétiques. Enfin, une discussion met en perspective ces résultats avec la littérature existante, en soulignant les implications pour les schémas de sélection, leurs limites et les pistes de recherches futures, avant de conclure sur les enseignements majeurs de ce travail.

1 Présentation du commanditaire

Ce stage est porté par INRAE et financé par le GIS Avenir Elevage, qui accompagne la recherche et l'innovation dans les filières d'élevage. Le GIS soutient ainsi le développement de connaissances et d'outils pour répondre aux enjeux de durabilité, de compétitivité et d'adaptation des systèmes d'élevage.

1.1 INRAE

L'institut national de recherche pour l'agriculture, l'alimentation et l'environnement est né le 1^{er} janvier 2020 de la fusion entre l'INRA (Institut National de la Recherche Agronomique) et l'IRSTEA (Institut national de Recherche en Sciences et Technologies pour l'Environnement et l'Agriculture) (Agriculture Gouv, 2020). C'est un établissement public à caractère scientifique et technologique sous la tutelle du ministère de l'Enseignement supérieur et de la Recherche et du ministère de l'Agriculture et de la Souveraineté Alimentaire.

INRAE est le premier organisme de recherche spécialisé en agriculture, alimentation et environnement au niveau mondial (INRAE, 2024b). L'institut ambitionne de devenir l'un des leaders mondiaux de la recherche pour répondre à des enjeux sociétaux majeurs tels que : la sécurité alimentaire et nutritionnelle, la transition agroécologique, la gestion des ressources naturelles et des écosystèmes, l'érosion de la biodiversité, l'économie circulaire ou encore les risques naturels.

L'institut a pour mission de réaliser, organiser et coordonner tous travaux de recherche scientifique et technologique dans les domaines de l'agriculture, de l'alimentation, de la forêt, de l'environnement, de l'eau, de la biodiversité, de la bioéconomie, de l'économie circulaire, de la gestion durable des territoires et des risques associés. L'institut structure ses activités autour de huit actions principales, allant de la production et diffusion de connaissances scientifiques jusqu'à la participation aux débats sur la place de la science dans la société.

L'organisation territoriale d'INRAE comprend 18 centres de recherche répartis sur le territoire français, regroupant plus de 10 000 agents dans 14 départements scientifiques spécialisés (INRAE, SD). L'institut dispose également d'une forte dimension internationale avec plus de 300 projets européens, dont 94 en coordination et des collaborations scientifiques avec 150 pays (INRAE, 2024b).

INRAE a défini sa stratégie scientifique à horizon 2030 autour de cinq orientations principales : répondre aux enjeux environnementaux et gérer les risques associés, accélérer les transitions agroécologique et alimentaire, développer une bioéconomie sobre et circulaire, favoriser une approche globale de la santé et mobiliser les sciences des données et technologies numériques (INRAE, 2024b).

1.2 GenPhySE

L'unité mixte de recherche Génétique, Physiologie et Systèmes d'Élevage est rattachée à trois établissements : INRAE, l'Institut National Polytechnique de Toulouse (INP Toulouse) et l'Ecole Nationale Vétérinaire de Toulouse (ENVT). Les travaux de l'UMR GenPhySE s'inscrivent dans deux départements scientifiques d'INRAE : les départements GA (Génétique Animale) et PHASE (Physiologie Animale et Systèmes d'Elevage).

L'unité GenPhySE a pour objectif de développer des innovations en génétique, nutrition et gestion des systèmes d'élevage afin d'assurer la diversification et la durabilité des systèmes de production futurs. Ses recherches couvrent plusieurs axes majeurs tels que la variabilité génétique des caractères d'intérêt, la sélection génomique ou encore l'évolution et la gestion des populations. Les espèces étudiées incluent principalement les ovins, les caprins, les lapins, les palmipèdes, les porcins, les abeilles et les cailles.

Cette unité regroupe cinq pôles de recherche dans lesquels s'inscrivent dix équipes scientifiques, ainsi que plusieurs plateformes technologiques et collectives. J'appartiens à l'équipe MAGE (Multi performance Animale et Génétique) dont les activités s'insèrent dans les thématiques du pôle Multi performance Animale. Ce pôle structure ses recherches autour de la diversité des génomes, de l'architecture génétique des phénotypes et de la gestion durable des populations animales avec pour objectif de répondre aux grands enjeux de l'élevage – transition agroécologique et bien-être animal. L'équipe MAGE développe des approches innovantes en analyse génétique des caractères.

L'UMR GenPhySE est membre de l'Unité Mixte Technologique Sélection Génétique pour la transition agroécologique des Petits Ruminants (UMT STAR). Cette UMT réunit INRAE et, l'Institut de l'élevage (Idele) pour développer des outils et des connaissances en génétique et phénotypage des ovins et caprins. L'objectif est d'accompagner l'innovation et l'amélioration des petits ruminants, en lien direct avec les besoins des professionnels et les enjeux de durabilité de l'élevage.

1.3 Institut de l'élevage

L'Institut de l'Élevage (IDELE) est l'organisme technique national de référence pour l'élevage de ruminants en France. Il a pour mission d'accompagner les filières bovine, ovine et caprine dans leur développement, en apportant expertise, innovation et transfert de connaissances. Ses travaux couvrent un large champ thématique, incluant la génétique, la reproduction, l'alimentation, la santé animale, le bien-être, l'environnement, ainsi que les aspects économiques et organisationnels des exploitations. L'IDELE collabore étroitement avec les éleveurs, les organisations professionnelles et les acteurs de la recherche pour concevoir et diffuser des solutions adaptées aux enjeux techniques, économiques et sociétaux auxquels l'élevage doit répondre.

1.4 GIS Avenir Elevage

Le Groupement d'Intérêt Scientifique Avenir Elevages a été créé en février 2018 lors du Salon International de l'Agriculture (Hiboust, 2018; INTERBEV, 2018). Il est issu de la fusion des anciens GIS AGENAE (recherche génétique) et Elevages Demain (pratiques d'élevage et attentes sociétales). Cette création s'inscrit dans une démarche de structuration du partenariat agricole français pour répondre aux défis actuels de l'élevage. Ce groupement fédère des partenaires de la recherche, la formation, du développement et des filières du secteur de l'élevage (WEBMASTER, 2023a). Son objectif principal est de produire et diffuser de nouvelles connaissances et innovations pour un élevage durable et créateur de valeur ajoutée (INTERBEV, 2018). Le groupement agit comme une « task force » à l'échelle française, visant à promouvoir la recherche dans les productions animales au niveau national et européen. Les missions du GIS s'articulent autour de plusieurs axes stratégiques comme imaginer le futur de l'élevage en France, développer une vision partagée et prospective des enjeux de l'élevage, fédérer l'ensemble des acteurs français de la recherche et du développement et rendre lisible le dispositif de recherche français à l'international (WEBMASTER, 2023b). Le GIS Avenir Elevage concentre ses travaux sur la définition de l'animal de demain, repenser l'élevage dans un cadre durable et numérisé et enfin sur l'identification des services rendus par l'élevage. Ces thématiques de recherche sont interdisciplinaires et permettent d'explorer tant les évolutions génétiques, physiologiques qu'une intégration des innovations technologiques.

INRAE participe activement au GIS dans le cadre de sa stratégie de développement de partenariats pour l'agroécologie. Cette collaboration s'inscrit dans l'ambition d'INRAE de promouvoir de nouvelles formes d'élevage à haute performance économique et environnementale. Le GIS contribue également à inscrire la recherche et la vision française des systèmes d'élevage au sein de la recherche européenne, en étroite relation avec l'Animal Task Force (Peyraud *et al.*, 2020). La synergie entre INRAE et le GIS illustre la volonté française de structurer la recherche en élevage pour répondre aux défis de la transition agroécologique et alimentaire, tout en maintenant la compétitivité des filières animales françaises dans un contexte européen et international.

2 Etat des connaissances sur la race Lacaune

La race Lacaune est issue de plusieurs races locales (Camarés, Larzac, Lauragaise), elle a subi une homogénéisation et des infusions de sang mérinos et Southdown à la fin du XIX^{ème} siècle (Races Montagnes, SD). Son standard a été définitivement fixé par arrêté ministériel en 1902. Par ailleurs, elle représente la quasi-totalité de la production de lait de brebis destinée à la fabrication du roquefort et d'autres fromages AOP pour l'Occitanie (Astruc, Faradji, 2020).

2.1 Contexte génétique

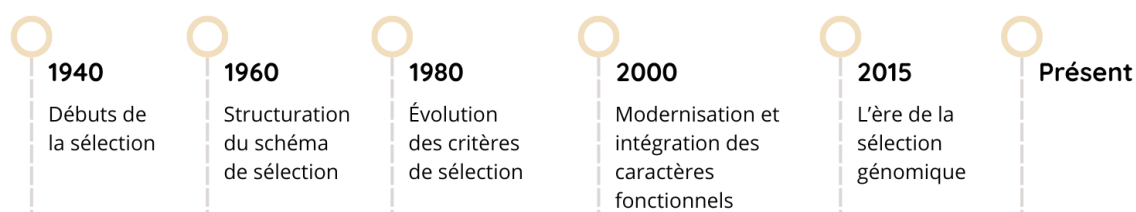


Figure 1 : Historique de la sélection des Lacaune Lait

L'historique de la sélection de la Lacaune lait (Figure 1) illustre une progression structurée depuis les années 1950. Face au faible potentiel laitier des races françaises les acteurs de la filière ont engagé dès le début du XX^{ème} siècle des études pour instaurer un contrôle laitier, réorganisé en 1957, suivi de la création du premier centre de béliers en 1959 (Barillet *et al.*, 2016).

Dans les années 1960-70, deux approches génétiques ont été explorées simultanément : le croisement synthétique et la sélection en race pure, appuyées par des innovations telles que la généralisation de l'IA et la traite mécanique (Agro Paris Tech, SD). Jusqu'en 1972, la gestion du schéma de sélection reposait entièrement sur la Confédération de Roquefort. Cette année-là, une scission du schéma a mené à la création de la coopérative OVI-TEST par un groupe d'éleveurs. L'ensemble des actions est coordonné à partir de 1974 par l'UPRA Lacaune. Le régime de croisière pour la sélection sur la quantité de lait a été atteint à la fin des années 1970 (Lagriffoul *et al.*, 2019), avec un critère initial centré uniquement sur le volume de produit (Astruc, Faradji, 2021).

En 1987, la composition du lait – teneur en matière grasse et protéique – a été intégrée aux critères de sélection, répondant ainsi aux attentes des éleveurs et des industriels (UPRA LACAUNE, SD). L'introduction en 2003 de la résistance à la tremblante, basée sur le typage du gène PrP a marqué un tournant sanitaire majeur, soutenu par des financements publics (Astruc, Faradji, 2021). Enfin en 2006, les caractères fonctionnels tels que les cellules somatiques et la morphologie mammaire ont été intégrés dans l'Index Synthétique Ovin Lait (ISOL), équilibrant ainsi production et robustesse avec un poids équivalent dans l'index (50% production, 50% fonctionnels) (UPRA LACAUNE, SD).

La sélection génomique mise en place en 2015 a fait de cette race la première race ovine en Europe et l'une des premières au monde à l'adopter. Grâce au génotypage, l'ADN des animaux est analysé sur une puce comprenant jusqu'à 54 000 marqueurs SNP (Single Nucleotide Polymorphism), en identifiant les allèles – par exemple AA, AT ou TT. Cette méthode permet de prédire la valeur génétique des béliers via un génotypage dès leur plus jeune âge, sans attendre de connaître les performances de leurs filles. Tous les agneaux en centre d'élevage sont ainsi génotypés, ce qui a amélioré l'efficacité du schéma de sélection d'environ 30% (Astruc *et al.*, 2016).

- Structure de la population et objectifs de sélection

L'ISOL actuel intègre environ 50% de caractères de production – quantité de lait, TB, TP – et 50% de caractères fonctionnels – cellules somatiques, morphologie de la mamelle – permettant d'obtenir des gains équilibrés sur ces différents critères. Cependant, la croissance des agneaux n'est pas incluse dans

cet index. Ces deux programmes de sélection laitiers, gérés par OVI-TEST et la Confédération Générale de Roquefort, ciblent principalement :

- Production laitière : 357 kg/lactation standardisée sur 177 jours
- Composition du lait : 56 g/L de protéines, 75 g/L de matières grasses
- Qualité sanitaire du lait : maîtrise de la teneur en cellules somatiques
- Conformation de la mamelle : solidité d'attache et orientation des trayons

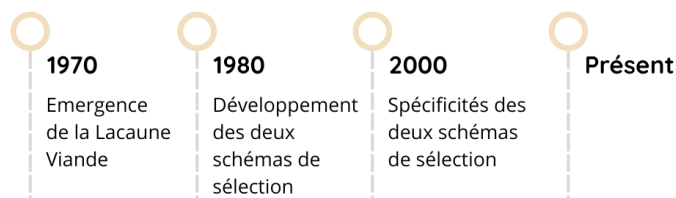


Figure 2 : Historique de la sélection des Lacaune Viande

Dans les années 70, une branche de la race Lacaune a été spécifiquement orientée vers la production de viande, aboutissant à la spécialisation progressive de la Lacaune viande (*Figure 2*). Cette évolution s'est concrétisée par la mise en place de deux programmes de sélection distincts aux objectifs différents.

Le schéma OVI-TEST, créé en 1976, met l'accent sur l'amélioration des caractères maternels, avec une sélection importante sur la prolificité. Le gène de prolificité *FecL* a été mis en évidence dans les brebis Lacaune du schéma OVITEST, qui gère cette mutation. La mutation *FecL* favorise des portées nombreuses et renforce ainsi la productivité maternelle des brebis.

Le schéma GID Lacaune créé en 1980, vise prioritairement les aptitudes bouchères et la conformation des agneaux. Il s'est récemment enrichi par l'introduction du gène d'hypermuscularité du Texel belge, améliorant la qualité des carcasses.

Ces deux schémas ont orienté la race vers différents systèmes de production d'agneaux sous la mère : d'une part un type génétique à haute prolificité (OVI-TEST) et d'autre part un type génétique à qualité bouchères (GID Lacaune), tout en maintenant dans les deux cas les aptitudes d'élevage et la robustesse des brebis.

La Lacaune lait et la Lacaune viande sont liées génétiquement et fonctionnellement. La filière viande travaille souvent en croisement avec la filière lait, notamment par l'IA de brebis Lacaune laitières avec des béliers issus du schéma Lacaune viande. Cette pratique optimise les performances globales des élevages, en réduisant le temps de croissance des agneaux tout en améliorant leur rendements et la qualité des carcasses.

La collaboration entre les deux filières vise à conjuguer les atouts respectifs de chaque type : la Lacaune lait excelle dans la production laitière, indispensable à la fabrication de fromages renommés, tandis que la Lacaune viande est spécialisée pour la production d'agneaux de boucherie sous la mère, avec des qualités bouchères. Cette complémentarité génétique et fonctionnelle permet aux éleveurs de mieux répondre aux attentes du marché et d'optimiser la rentabilité de leurs élevages.

Ainsi, les deux filières travaillent ensemble dans une logique d'amélioration durable et différenciée valorisant à la fois la production laitière et la qualité bouchères des agneaux produits.

Filière	Objectifs principaux	Caractères sélectionnés
<i>Ovin laitier</i>	Production laitière	Quantité de lait, TB, TP
	Qualités fonctionnelles	Cellules somatiques, morphologie de la mamelle
<i>Ovin viande</i>	Aptitudes maternelles	Prolificité, valeur laitière, comportement maternel
	Aptitudes bouchères	Croissance, conformation de la carcasse, rendement carcasse, état d'engraissement, dimensions et qualité de la carcasse
<i>Commune</i>	Santé	Résistance à la tremblante

Tableau 1 : Objectifs de sélection pour les filières lait et viande

2.2 Paramètres génétiques des principaux caractères ovins

Une étude menée par l'INRA sur des brebis laitières de races Lacaune et Manech Tête Rousse a montré que les corrélations génétiques entre la production laitière et la prolificité oscillent entre -0,20 et +0,11 avec des erreurs-standards variant de 0,02 à 0,09. Autrement dit, les relations génétiques entre la prolificité et la production laitière sont proches de zéro (Baelden *et al.*, 2005). Cette étude a été réalisée sur les races Lacaune et Manech Tête Rousse, en considérant les prolificités exprimées après œstrus induit ou après œstrus naturel comme deux caractères différents. L'estimation des paramètres génétiques montre que ces deux caractères de prolificité sont très faiblement héritables (0,04 à 0,08 en Lacaune et 0,02 à 0,07 en Manech Tête Rousse) et sont fortement corrélés entre eux (0,75 en Lacaune et 0,99 en Manech Tête Rousse) (Baelden *et al.*, 2005).

- Production laitière et fertilité

Plusieurs études ont mis en évidence des corrélations génétiques négatives, mais généralement modérées, entre la production laitière standardisée (SMY_T) et la fertilité des brebis adultes après insémination ($r_g = -0,23$) (David *et al.*, 2008). Cela signifie qu'une sélection intensive sur la production laitière peut, à terme, altérer la capacité de reproduction, notamment dans les systèmes intensifs. Cependant, il est important de noter qu'aucune baisse phénotypique majeure de la fertilité n'a été observée dans les élevages Lacaune laitiers, probablement grâce à l'amélioration des pratiques de gestion, de nutrition et de suivi sanitaire, qui contribuent à compenser les effets génétiques moins favorables (David *et al.*, 2008).

Des résultats similaires ont été observés chez d'autres races ovines laitières, comme la Sicilienne, où un antagonisme génétique entre production laitière et reproduction a également été mis en évidence (Meraï *et al.*, 2014). Ces observations confirment que ce compromis est une caractéristique générale des ruminants laitiers soumis à une forte pression de sélection sur le lait.

- Prolificité, capacité maternelle et croissance des agneaux

Selon la méta-analyse de (Safari *et al.*, 2005) portant sur 165 études, l'héritabilité moyenne de la prolificité est faible, estimée à $0,10 \pm 0,01$, toutes races confondues – incluant aussi bien des races laitières ou allaitantes. Concernant la croissance des agneaux, l'héritabilité directe du poids à la naissance est de $0,190 \pm 0,004$. Pour le poids au sevrage les héritabilités directe et maternelle sont respectivement de l'ordre de $0,264 \pm 0,010$ et $0,085 \pm 0,003$ (Abasi-Mousa *et al.*, 2023).

- Production laitière et santé de la mamelle

La sélection pour une meilleure production laitière peut avoir des effets secondaires négatifs sur la santé des mamelles. Des corrélations génétiques défavorables ont été observées entre la quantité de lait produite et certains caractères morphologiques de la mamelle, notamment une corrélation négative d'environ -0,40 entre la production laitière et la distance plancher-jarret (Astruc, Faradji, 2020). Cela souligne la nécessité d'inclure des caractères fonctionnels (santé mammaire, résistance aux maladies) dans les objectifs de sélection pour éviter une dégradation du bien-être animal et de la longévité productive.

- Synthèse des corrélations génétiques

Les corrélations génétiques entre les différents caractères chez la Lacaune lait :

Caractères comparés	Corrélation génétique	Source
<i>Production laitière ~ Fertilité</i>	-0,3 à -0,5	(Ricordeau <i>et al.</i> , 1992)
<i>Rendement laitier ~ TP</i>	-0,5	(Ricordeau <i>et al.</i> , 1992)
<i>Lait ~ Morphologie de la mamelle</i>	-0,40	(Astruc, Faradji, 2020)
<i>Lait ~ Croissance des agneaux avant sevrage</i>	0,6 à 0,8	(Ricordeau <i>et al.</i> , 1961)
<i>Lait ~ Prolificté</i>	-0,20 à +0,11	(Baelden <i>et al.</i> , 2005)

Tableau 2 : Etat des lieux des corrélations génétiques connues

2.3 Comparaison avec les races bovines

Les races bovines mixtes, telles que la Simmental ou la Montbéliarde illustrent bien les compromis entre production laitière et aptitude maternelle. Chez la Simmental, les corrélations génétiques entre production laitière et poids au sevrage du veau sont généralement faibles ou nulles, ce qui indique qu'une sélection sur la quantité de lait produite n'affecte pas directement la croissance du veau (BOICHARD, 2012). Cependant, des antagonismes existent entre la sélection sur la production laitière et la longévité ou la fertilité, comme cela a également été observé chez la brebis Lacaune (Barillet *et al.*, 2016).

Chez les races laitières spécialisées comme la Holstein, les corrélations négatives entre production et fertilité sont plus marquées, pouvant atteindre -0,62, ce qui a conduit à une dégradation de la robustesse et de la longévité dans certains schémas de sélection intensifs (Berry *et al.*, 2014; Miglior *et al.*, 2017). A l'inverse, les races mixtes bénéficient d'index de sélection plus équilibrés, intégrant non seulement la production laitière mais aussi des caractères fonctionnels tels que la fertilité, la santé, la longévité. Cette approche permet de limiter les antagonismes génétiques et d'assurer une amélioration plus harmonieuse des performances, tout en maintenant le potentiel reproductif et sanitaire du troupeau. Ainsi, la sélection dans les races mixtes vise à concilier productivité et aptitudes maternelles.

2.4 Conclusion

L'étude de la race Lacaune met en évidence un long processus d'amélioration génétique ayant permis de concilier productivité et robustesse. Ses origines locales, consolidées par une standardisation ancienne, ont évolué vers deux branches spécialisées (lait et viande) dont la complémentarité constitue aujourd'hui un atout stratégique pour la filière. Les corrélations génétiques entre caractères de production, de reproduction et de croissance révèlent des antagonismes parfois modérés mais gérables dans le cadre de schémas de sélection équilibrés. Les comparaisons avec les bovins confirment la pertinence d'approches intégrées, combinant productivité et fonctions maternelles, afin d'éviter les dérives liées à une spécialisation excessive. La sélection génomique renforce encore ces perspectives, en permettant une prise en compte plus fine et plus rapide des caractères d'intérêt. Ainsi, l'ensemble de ces connaissances fournit des bases solides pour aborder la question centrale de ce mémoire.

3 Matériel et méthodes

3.1 Présentation du système d'élevage

Le système d'élevage ovin laitier de l'unité expérimentale de la Fage repose sur un troupeau de 550 brebis laitières de race Lacaune. Ces brebis sont destinées à la production de lait pour l'AOC Roquefort.

Le troupeau compte environ 20% de renouvellement. La production laitière s'étend en moyenne sur 220 jours de traite par campagne avec une production individuelle d'environ 300L de lait par brebis.

La figure 3 présente le système d'élevage du troupeau laitier de l'unité expérimentale de la Fage.

Les agnelles de renouvellement sont inséminées artificiellement au mois d'août avec des béliers Lacaune viande issus de la Confédération ou d'OVI-TEST. Les mises-bas ont lieu en janvier, suivies d'un sevrage des agneaux en février. Les agnelles sont inséminées avec des doses en mélange c'est-à-dire que le père n'est pas connu.

Les multipares sont inséminées en juillet avec des béliers Lacaune lait. Les agnelages ont lieu en décembre, permettant un sevrage des agneaux en janvier puis la phase allaitement-traite sur 30 jours pour finir uniquement par la traite. Comme pour les primipares, la mise à l'herbe s'effectue en avril, ce qui permet de valoriser au mieux les ressources fourragères naturelles et limiter les coûts.

La mise à l'herbe, tant pour les primipares que pour les multipares a lieu en avril, période correspondant à la reprise de la croissance de l'herbe sur le causse. Ce calendrier permet de valoriser au mieux les ressources fourragères naturelles tout en limitant les coûts alimentaires du troupeau.

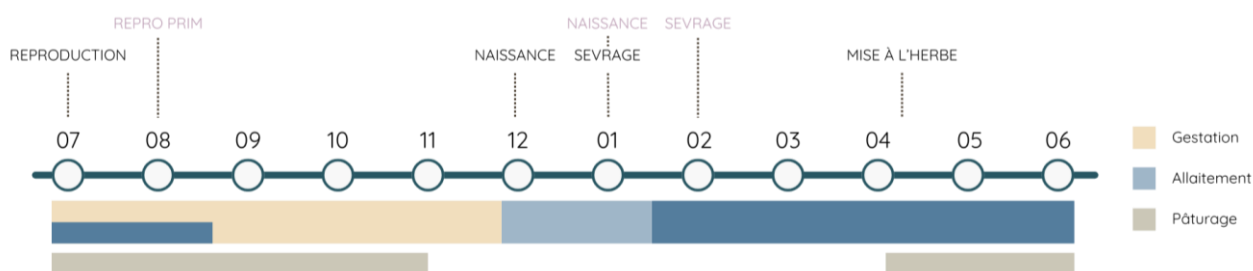


Figure 3 : Schéma du système d'élevage Ovins laitiers

Les intitulés en noir indiquent la conduite d'élevage des multipares. Les intitulés en violet indiquent la conduite d'élevage des primipares

L'ensemble des données utilisées a été mesuré sur l'unité expérimentale de La Fage sur 23 années (2002-2024). Chaque agneau né a été pesé à la naissance et au sevrage jusqu'en 2016. Par la suite uniquement les agnelles destinées au renouvellement ont continué à être pesées à la naissance et au sevrage. Sachant que l'âge au sevrage peut différer pour chacun des animaux, nous avons choisi d'utiliser la donnée du poids à 30 jours, calculée grâce au GMQ calculé entre la naissance et le sevrage ($GMQ0_sevr$) : $p30 = \text{poids naissance} + GMQ0_sevr * 30$. Par ailleurs, le poids à 30 jours est utilisé dans la filière allaitante, il est le critère utilisé pour évaluer la capacité des brebis à allaiter leurs agneaux. Il inclut leur propre valeur laitière, et le potentiel de croissance de leurs agneaux.

3.2 Etude phénotypique

Les performances zootechniques analysées ont été sélectionnées sur la base d'une revue de littérature, permettant d'identifier les caractères d'intérêt.

Les données phénotypiques utilisées rassemblent des mesures précises sur différents caractères d'intérêts, relatifs à la production laitière, la reproduction et à la croissance des agneaux. La production

laitière corrigée correspond à une estimation standardisée de la production à la traite (PTR) sur la lactation, ajustée principalement sur la durée de traite (DUREE). La formule utilisée est la suivante :

$$PL_{corrigée} = PTR * \left(\frac{220}{DUREE + 60} * 1,3 \right) * 10$$

Les taux soient le TB et le TP annuels (TBAN et TPAN, respectivement) indiquent la richesse du lait en matières grasses et en protéines, deux critères importants pour la valorisation fromagère.

Par ailleurs, nous avons aussi étudié les données au contrôle laitier. En effet, sur une lactation plusieurs mesures sont effectuées pour la production laitière, le TB et le TP, ces mesures élémentaires permettent le calcul des phénotypes à l'échelle de la lactation entière. Les primipares ont au maximum 7 contrôles alors que les multipares peuvent avoir jusqu'à 9 contrôles. Nous avons utilisé ces données pour étudier l'évolution des corrélations génétiques au cours de lactation. Concernant, les caractères de croissance, le poids à 30 jours et le poids naissance des agneaux sont des indicateurs essentiels pour estimer la croissance. La prolificité a également été intégrée dans les analyses en raison de son importance dans la productivité et le renouvellement du troupeau.

Parallèlement, différents facteurs de variation (effets fixes et covariables – *tableau 3*), ont été pris en compte. La durée de traite correspond au nombre de jours pendant lesquels une brebis produit du lait après le sevrage de l'agneau, cette variable permet de corriger la production laitière pour la durée de traite. On retrouve aussi le millésime qui représente l'année de naissance de l'animal. Ainsi que le rang de lactation, soit la position dans la carrière reproductive de l'animal. Enfin la taille de portée et la taille de portée précédente, respectivement le nombre total d'agneaux de la portée à la naissance (impacte la croissance individuelle des agneaux) et le nombre d'agneaux de la portée précédente. Le sexe de l'agneau est également pris en compte car les mâles et les femelles peuvent avoir des croissances différentes.

Variable	Nature	Type	Moyenne ± sd	Modalités
<i>Durée de traite (jours)</i>	quantitative	continue	169,7 ± 34,3	
<i>Millésime (année)</i>	qualitative	ordinaire		2002-2025
<i>Nombre d'agneaux allaités</i>	quantitative	discrète	1,7 ± 0,5	1-2
<i>Numéro officiel de la mère</i>	qualitative	identifiant		
<i>Numéro officiel de l'animal</i>	qualitative	identifiant		
<i>Rang de lactation</i>	quantitative	discrète	2,6 ± 1,6	1-6
<i>Sexe</i>	qualitative	binaire		1-2
<i>Taille de portée</i>	quantitative	discrète	1,65 ± 0,7	0-3
<i>Taille de portée précédente</i>	quantitative	discrète	1,62 ± 0,7	0-3

Tableau 3 : Présentation des facteurs de variation

La préparation des données est indispensable pour garantir la qualité et la fiabilité des analyses de variance et l'estimation des paramètres génétiques.

Dans un premier temps, nous avons exploré et examiné la distribution des caractères quantitatifs. Afin de limiter l'influence des outliers sur les résultats et de garantir la validité des analyses, nous avons appliqué une règle d'élimination : toutes les valeurs situées à ± 3,5 écarts-types de la moyenne ont été supprimées.

Concernant les variables discrètes, telles que la taille de portée ou le rang de lactation, la répartition des effectifs par modalité a été étudiée. Lorsque certains niveaux présentaient des effectifs trop faibles, nous avons procédé à un regroupement des modalités consécutives.

- Modèle statistique

L'analyse des performances a été conduite en utilisant des modèles statistiques appropriés pour étudier les facteurs influençant la variabilité des caractères d'intérêt.

Une analyse de variance de type III a été réalisée pour identifier les variables explicatives (effets fixes et covariables) ayant un effet significatif sur les performances étudiées. Cette approche statistique permet de tester l'hypothèse nulle d'absence d'effet pour chaque facteur, en tenant compte de la présence des autres facteurs dans le modèle. L'ANOVA de type III présente l'avantage de fournir des tests d'hypothèses robustes même en présence de déséquilibres dans les données (Delignette-Muller, 2024)..

Différents effets fixes (*tableau 4*) sont pris en compte dans les modèles. Les effets fixes correspondent à des facteurs non génétiques qui peuvent influencer les performances mesurées. Chaque facteur de variation sera considéré comme ayant un effet significatif sur un caractère si sa p-value est inférieure à 0.05.

Ces variables ont été décrites et analysées avec le logiciel Rstudio, version 4.2.1. (packages *tidyverse* et *car*).

3.3 Estimation des paramètres génétiques

3.3.1 Univarié

Pour estimer les paramètres génétiques, nous avons utilisé le logiciel de génétique WOMBAT. Ce logiciel les modèles linéaires mixtes animaux et la méthode par maximum de vraisemblance restreint (REML) pour estimer les paramètres génétiques (Meyer, 2007).

Dans un premier temps, nous avons appliqué un modèle univarié à chacun des caractères étudiés permettant de calculer leur héritabilité

- Caractères mesurés sur la brebis : prolificité, quantité de lait, taux butyreux et protéique

Pour les caractères exprimés par les brebis, nous avons appliqué le modèle suivant :

$$y = X\beta + Za + Wpe_b + e$$

y : vecteur des performances

X, Z, W : matrices d'incidence

β : vecteur des effets fixes

a : vecteurs des effets aléatoires génétiques directs qui suivent une loi Normale $\mathcal{N}(0, A\sigma_a^2)$ avec A la matrice de parenté génétique et σ_a^2 la variance génétique additive

pe_b : vecteurs des effets aléatoires de l'environnement permanent de la brebis qui suivent une loi Normale $\mathcal{N}(0, I\sigma_{pe}^2)$ avec I la matrice identité et σ_{pe}^2 la variance de l'environnement permanent de la brebis

e : vecteurs des effets aléatoires résiduels qui suivent une loi Normale $\mathcal{N}(0, I\sigma_e^2)$ avec I la matrice d'identité et σ_e^2 la variance résiduelle

- Caractères mesurés sur l'agneaux : poids à la naissance et à 30 jours

Pour les caractères exprimés par les agneaux, nous avons ajouté au modèle **l'effet génétique maternelle de la mère** sur la performance de l'agneau ainsi, nous avons utilisé le modèle suivant :

$$y = X\beta + Z_1a + Z_2m + Wpe_m + e$$

y : vecteur des performances

X, Z_1, Z_2, W : matrices d'incidence

β : vecteur des effets fixes

a : vecteur des effets aléatoires génétiques directs qui suivent une loi Normale $\mathcal{N}(0, A\sigma_a^2)$ avec A la matrice de parenté génétique et σ_a^2 la variance génétique additive directe

m : vecteur des effets aléatoires génétiques maternels qui suivent une loi Normale $\mathcal{N}(0, A\sigma_m^2)$ avec A la matrice de parenté génétique et σ_m^2 la variance génétique maternelle

pe_m : vecteur des effets aléatoires de l'environnement permanent de la mère

e : vecteur des effets aléatoires résiduels

Les effets aléatoires génétiques directs et maternels sont distribués selon la matrice de variance-covariance suivante :

$$A \otimes \begin{bmatrix} \sigma_a^2 & \sigma_{am} \\ \sigma_{am} & \sigma_m^2 \end{bmatrix}$$

avec σ_{am} la covariance entre les effets génétiques directs et maternels

Pour les caractères à effet génétique direct (caractère de production et de reproduction) nous avons estimé l'**héritabilité** avec l'équation suivante :

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_p^2}$$

σ_a^2 : estimation de la variance génétique additive directe

σ_p^2 : estimation de la variance phénotypique totale, comprenant les variances génétique, environnementale et résiduelle

Pour les caractères à effets génétiques directs et maternels (caractère de croissance), nous avons estimé l'**héritabilité directe**, décrite par l'équation suivante

$$h_{dir}^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_p^2}$$

et l'**héritabilité maternelle**,

$$h_{mat}^2 = \frac{\sigma_m^2}{\sigma_p^2} \text{ où } \sigma_p^2 = \sigma_a^2 + \sigma_m^2 + \sigma_{a,m} + \sigma_{pe}^2 + \sigma_e^2$$

σ_p^2 : estimation de la variance phénotypique

σ_a^2 : estimation de la variance génétique

σ_m^2 : estimation de la variance génétique maternelle

σ_e^2 : estimation de la variance résiduelle

$\sigma_{a,m}$: estimation de la covariance entre les effets génétiques directs de l'agneau et maternels de la mère

σ_{pe}^2 : estimation de la variance d'environnement permanent de la mère

3.3.2 Multivarié

Après l'application de modèles univariés pour l'estimation de l'héritabilité de chaque caractère, nous avons utilisé des modèles multivariés afin d'estimer les corrélations génétiques entre plusieurs caractères.

- Modèle bivarié brebis

L'objectif de ce modèle est d'étudier la corrélation entre les effets génétiques directs de deux caractères mesurés sur les brebis.

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_1 & 0 \\ 0 & W_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} pe_1 \\ pe_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

y_1, y_2 : vecteur des performances pour les deux caractères

X_1, X_2 : matrices d'incidences pour les effets fixes

β_1, β_2 : vecteur des effets fixes

Z_1, Z_2 : matrices d'incidences pour les effets génétiques directs

a_1, a_2 : vecteur des effets aléatoires génétiques directs, suivent une loi normale :

$$\begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} \sim N(0, G \otimes A), \quad G = \begin{bmatrix} \sigma_{a_1}^2 & \sigma_{a_1 a_2} \\ \sigma_{a_1 a_2} & \sigma_{a_2}^2 \end{bmatrix}$$

Où A est la matrice de parenté et $\sigma_{a_1 a_2}$ est la covariance génétique entre les deux caractères

W_1, W_2 : matrices d'incidences pour les effets d'environnement permanent

pe_1, pe_2 : vecteurs des effets de l'environnement permanent, suivent une loi normale :

$$\begin{bmatrix} pe_1 \\ pe_2 \end{bmatrix} \sim N(0, P \otimes I), \quad P = \begin{bmatrix} \sigma_{pe_1}^2 & \sigma_{pe_1 pe_2} \\ \sigma_{pe_1 pe_2} & \sigma_{pe_2}^2 \end{bmatrix}$$

Où I est la matrice identité et $\sigma_{pe_1 pe_2}$ est la covariance entre les deux effets d'environnement permanent

e_1, e_2 : vecteurs des résidus, suivent une loi normale :

$$\begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} \sim N(0, R \otimes I), \quad R = \begin{bmatrix} \sigma_{e_1}^2 & \sigma_{e_1 e_2} \\ \sigma_{e_1 e_2} & \sigma_{e_2}^2 \end{bmatrix}$$

Où I est la matrice identité et $\sigma_{e_1 e_2}$ est la covariance résiduelle

- Modèle bivarié brebis ~ agneaux

L'objectif de ce modèle est d'étudier la corrélation entre le caractère 1, soumis à un effet génétique direct (caractère brebis) et le caractère 2 (caractère agneau), soumis à des effets génétiques direct et maternel. Ce modèle permet d'estimer les corrélations génétiques entre les différents effets génétiques.

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_{1,1} & 0 \\ 0 & Z_{2,2} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & Z_{m,2} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 0 \\ m_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_1 & 0 \\ 0 & W_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} pe_1 \\ pe_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

y_1, y_2 : vecteur des performances pour les deux caractères

X_1, X_2 : matrices d'incidences pour les effets fixes

β_1, β_2 : vecteur des effets fixes

$Z_{1,1}, Z_{2,2}$: matrices d'incidence pour les effets génétiques directs

a_1, a_2 : vecteurs des effets génétiques directs

$Z_{m,2}$: matrice d'incidence pour l'effet génétique maternel

m_2 : vecteur des effets génétiques maternels

L'ensemble des effets aléatoires génétiques est distribués selon la matrice de variance-covariance suivante :

$$\begin{bmatrix} \mathbf{a}_1 \\ \mathbf{a}_2 \\ \mathbf{m}_2 \end{bmatrix} \sim N(0, \mathbf{G} \otimes \mathbf{A}), \quad \mathbf{G} = \begin{bmatrix} \sigma_{a_1}^2 & \sigma_{a_1 a_2} & \sigma_{a_1 m_2} \\ & \sigma_{a_2}^2 & \sigma_{a_2 m_2} \\ & & \sigma_{m_2}^2 \end{bmatrix}$$

Où $\sigma_{a_i m_2}$ est la covariance génétique entre l'effet direct pour le caractère i ($i = 1, 2$) et l'effet maternel pour le caractère 2.

$\mathbf{W}_1, \mathbf{W}_2$: matrices d'incidences pour les effets d'environnement permanent

\mathbf{p}_{e1} : effet d'environnement permanent lié à la brebis qui exprime le caractère

\mathbf{p}_{e2} : effet d'environnement permanent de la mère de l'agneau qui exprime le caractère

$$\begin{bmatrix} \mathbf{p}_{e1} \\ \mathbf{p}_{e2} \end{bmatrix} \sim N(0, \mathbf{P} \otimes \mathbf{I}), \quad \mathbf{P} = \begin{bmatrix} \sigma_{pe_1}^2 & \sigma_{pe_1 pe_2} \\ \sigma_{pe_1 pe_2} & \sigma_{pe_2}^2 \end{bmatrix}$$

e_1, e_2 : vecteurs des résidus, suivent une loi normale :

$$\begin{bmatrix} \mathbf{e}_1 \\ \mathbf{e}_2 \end{bmatrix} \sim N(0, \mathbf{R} \otimes \mathbf{I}), \quad \mathbf{R} = \begin{bmatrix} \sigma_{e_1}^2 & 0 \\ 0 & \sigma_{e_2}^2 \end{bmatrix}$$

4 Résultats

4.1 Analyse statistique

Caractère	Proliféricité	Pnais (kg)	P30 (kg)	PL (L)	TBAN	TPAN
Nb obs.	13 073	10 126	10 126	11 288	11 288	11 288
Moyenne \pm sd	1,65 \pm 0,7	4,20 \pm 0,8	14,20 \pm 2,2	297,70 \pm 97,8	70,1 \pm 7,1	53,6 \pm 3,9
Min	0	1,8	7	1,98	44,6	39,8
Max	3	6,5	22,1	683,2	95,8	67,5
Coefficient de Variation (%)	40,61	19,05	15,49	32,85	10,13	7,28
P value -Durée de traite				$< 2*10^{-16}$	$< 2*10^{-16}$	$< 2*10^{-16}$
-Millésime	0,05	$< 2*10^{-16}$	$< 2*10^{-16}$	$< 2*10^{-16}$	$< 2*10^{-16}$	$< 2*10^{-16}$
-Rang de lactation	$< 2,2*10^{-16}$	$< 2*10^{-16}$	$< 2*10^{-16}$	$< 2*10^{-16}$	$< 2*10^{-16}$	$< 2*10^{-16}$
-Sexe		$< 2*10^{-16}$	$< 2*10^{-16}$			
-Taille de portée		$< 2*10^{-16}$	0,03			
-Taille de portée précédente	1,61*10 ⁻¹⁵					

Tableau 4 : Description des phénotypes et niveaux de significativité des facteurs de variation testés

Pnais : poids à la naissance ; P30 : poids à 30 jours ; PL : production laitière ; TBAN : taux butyreux annuel ; TPAN : taux protéique annuel. Les valeurs présentées dans ce tableau représentent les p-value des effets fixes du modèle.

L'analyse statistique des données collectées sur les ovins laitiers (Tableau 4) met en évidence une grande variabilité pour les caractères majeurs de production et de reproduction. La prolificité, mesurée sur 13 073 brebis présente une moyenne de 1,65 \pm 0,7 agneau par mise-bas. Le poids à la naissance et à 30 jours, obtenus sur 10 126 animaux, affichent respectivement des moyennes de 4,20 \pm 0,8 kg et 14,20 \pm 2,2 kg. En ce qui concerne la production laitière, la moyenne atteint 297,7 \pm 97,8 litres sur 11 288 individus, avec une large amplitude observée (de 9,8 à 683,2 litres).

Dans les données fournies, les CV vont de 7,28% pour le TP à 40,61% pour la prolificité, montrant que la prolificité est le caractère avec la plus grande variabilité relative tandis que les taux sont plus stables. Il est important de noter que la prolificité est une variable discrète suivant typiquement une loi de Poisson avec une moyenne relativement faible qui a un CV naturellement plus élevé. Ceci reflète sa distribution spécifique et non une anomalie dans les données.

Les valeurs de p-value, très faibles pour la plupart ($< 0,05$), attestent de la significativité des facteurs pris en compte dans les modèles. Toutefois, il est important de noter que la p-value renseigne avant tout sur la significativité statistique d'un effet, laquelle dépend non seulement de sa magnitude mais également de la puissance de l'échantillon. Dans ce cadre, avec un grand nombre de données, même des effets de faible amplitude peuvent être significatifs.

Ainsi, le millésime s'avère hautement significatif pour la prolificité, le poids à la naissance, le poids à 30 jours et la production laitière. Le nombre d'allaités à la portée précédente joue un rôle notable sur la prolificité ($p = 5,6*10^{-8}$), tandis que le rang de lactation influence de manière significative les caractères de croissance et la production laitière ($p < 2*10^{-16}$). En effet, la production laitière augmente du rang 1 jusqu'au rang 3-4, où elle atteint un maximum, ensuite, on observe une stabilisation, puis, une diminution marquée à partir du rang 7. Pour le poids à 30 jours, il est plus faible en première lactation puis augmente progressivement avec une stabilisation à partir du rang 3-4. Concernant le poids à la naissance, l'effet est plus modéré avec des jeunes un peu plus légers au rang 1, suivi d'une légère augmentation et d'une stabilisation dès les rangs 2-3. Le sexe de l'agneau impacte significativement le poids à la naissance et à 30 jours ($p < 2*10^{-16}$), les mâles sont généralement plus lourds que les femelles que ce soit pour le poids à la naissance et pour le poids à 30 jours. Enfin, la taille de la portée précédente influence la prolificité ($p = 1,6*10^{-15}$). L'ensemble de ces résultats

indique que la prise en compte de ces effets fixes dans les modèles d'analyse génétique est indispensable pour corriger les analyses et obtenir des estimations génétiques robustes et non biaisées.

La grande hétérogénéité observée pour chacun des caractères étudiés est le reflet non seulement de la diversité génétique mais aussi de l'influence forte de l'environnement et de la conduite d'élevage. Prendre en compte ces effets fixes dans les modèles statistiques est donc indispensable pour éviter les biais, neutraliser les influences extérieures et isoler la part proprement génétique des caractères étudiés. En effet, ne pas corriger ces effets augmenterait la variance résiduelle du modèle, ce qui tend à sous-évaluer les paramètres génétiques (héritabilité et corrélation). Cette correction garantit donc que l'estimation des paramètres génétiques soit plus fidèle au réel potentiel transmissible des animaux, évitant une sous-estimation liée à des facteurs externes non pris en compte.

4.2 Composante de variance

4.2.1 Mesures à la lactation

Caractère	σ_p^2	σ_a^2	σ_m^2	σ_{pe}^2	σ_e^2	r	h_{dir}^2	h_{mat}^2
Production laitière (L)	3537,73	884,51		737,04	1916,18	0,46	0,25 ± 0,02	
PL_corrigée (dL)	572081	158563		116889	296629	0,48	0,28 ± 0,004	
TBAN	41,88	23,20		6,60	12,07	0,71	0,56 ± 0,03	
TPAN	10,89	7,11		1,55	2,23	0,80	0,65 ± 0,03	
Poids naissance (kg)	0,46	0,14	0,09	0,09	0,21	0,56	0,27 ± 0,03	0,22 ± 0,03
Poids à 30 jours (kg)	4,01	0,95	1,54	0,41	1,90	0,42	0,26 ± 0,03	0,08 ± 0,02
Prolificité	0,44	0,04		0,006	0,40	0,10	0,09 ± 0,01	

Tableau 5 : Résumé des composantes de variance et des estimations des héritabilités

σ_p^2 : variance phénotypique ; σ_a^2 : variance génétique ; σ_m^2 : variance génétique maternelle ; σ_{pe}^2 : variance d'environnement permanent ; σ_e^2 : variance résiduelle ; r : répétabilité ; h_{dir}^2 : héritabilité directe ; h_{mat}^2 : héritabilité maternelle

Les estimations des composantes de variance pour l'ensemble des caractères étudiés sont présentées dans le *tableau 5*. La variance phénotypique totale σ_p^2 varie considérablement entre les caractères, reflétant les différences d'unités de mesure et de variabilité naturelle de chaque trait.

Dans les résultats présentés, la répétabilité varie de 0,10 pour la prolificité à 0,80 pour le TP, ce qui indique que la composition du lait est plus stable d'une mesure à l'autre alors que la prolificité est plutôt faible en constance chez un même animal.

Pour les caractères de production laitière l'écart-type phénotypique est de 59,5L pour la production laitière et 756,4 dL pour la production laitière corrigée. Cette différence est principalement due aux différentes unités de mesures utilisées ainsi qu'aux corrections appliquées (facteur multiplicatif d'environ 13 entre les deux) à la production brute. Les caractères de composition du lait présentent des écart-type phénotypiques de 6,4 g/L pour TBAN et 3,3 g/L pour TPAN. . Les caractères de production laitière présentent des héritabilités modérées, avec une valeur de 0,25 ± 0,02 pour la production laitière brute et de 0,28 ± 0,004 pour la production laitière corrigée. Les taux butyreux et protéique affichent des héritabilités élevées, respectivement 0,56 ± 0,025 et 0,65 ± 0,025, traduisant une forte composante génétique pour ces caractères.

Les caractères de reproduction montrent des variances phénotypiques plus faibles. La prolificité affiche un écart-type de 0,67 agneaux par mise-bas, ce qui est relativement important. Bien que modérée, la variance génétique associée à la prolificité se traduit par une héritabilité faible mais non négligeable, évaluée à environ 10%

Les poids à la naissance et à 30 jours présentent des écart-types phénotypiques de 0,7 et 2,0 kg respectivement. Les écarts-types génétiques sont de 0,14 pour le poids à la naissance et de 0,95 pour le poids à 30 jours pour les effets génétiques directs. Concernant les effets génétiques maternels, les écarts-types génétiques sont de 0,09 pour le poids à la naissance et de 1,54 pour le poids à 30 jours. Le poids naissance a une héritabilité directe de $0,27 \pm 0,03$ et une héritabilité maternelle de $0,2 \pm 0,02$. Le poids à 30 jours a une héritabilité directe de $0,26 \pm 0,03$ et une héritabilité maternelle de $0,08 \pm 0,02$.

- Corrélations entre composantes directe et maternelle

Par la suite, nous avons étudié les corrélations entre la composante directe et maternelle des caractères de croissance. On observe une corrélation directe-maternelle de $-0,28 \pm 0,07$ pour le poids à la naissance et de $-0,12 \pm 0,11$ pour le poids à 30 jours. Les analyses mettent donc en évidence une corrélation génétique marquée entre composante directe et maternelle pour le poids à la naissance et une corrélation faible à nulle pour le poids à 30 jours.

4.2.2 Contrôles laitiers

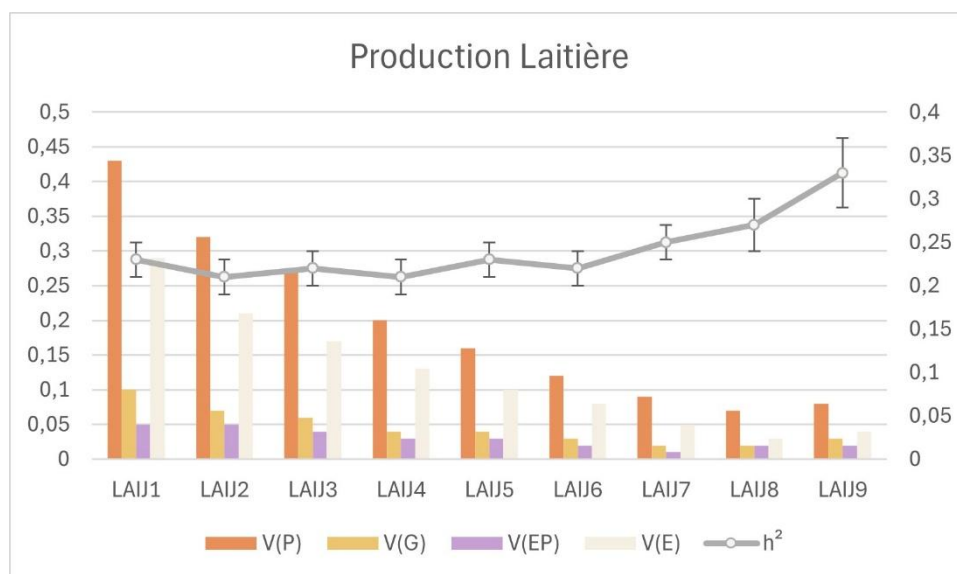


Figure 4 : Représentation des composantes de variance pour la production laitière

V(P) : variance phénotypique ; V(G) : variance génétique ; V(EP) : variance d'environnement permanent ; V(E) : variance résiduelle ; h^2 : héritabilité

Pour les caractères de production laitière, on observe que les composantes de variance varient selon les contrôles et donc dans le temps, reflétant l'évolution de la production et la contribution respective de chaque source de variation au cours de la durée de traite. Par exemple, pour le premier contrôle (LAIJ1), la composante additive est relativement élevée avec une héritabilité de 0,23 et tend à diminuer pour les contrôles ultérieurs.

Pour la production laitière, les héritabilités restent relativement modérées et stables oscillant entre 0,21 et 0,33. On observe une tendance à l'augmentation progressive au cours de la lactation, l'héritabilité passant de 0,23 à lors du premier contrôle (LAIJ1) à 0,33 pour le dernier contrôle (LAIJ9). Cela suggère une expression génétique plus marquée en fin de lactation lorsque les effets environnementaux transitoires s'estompent.

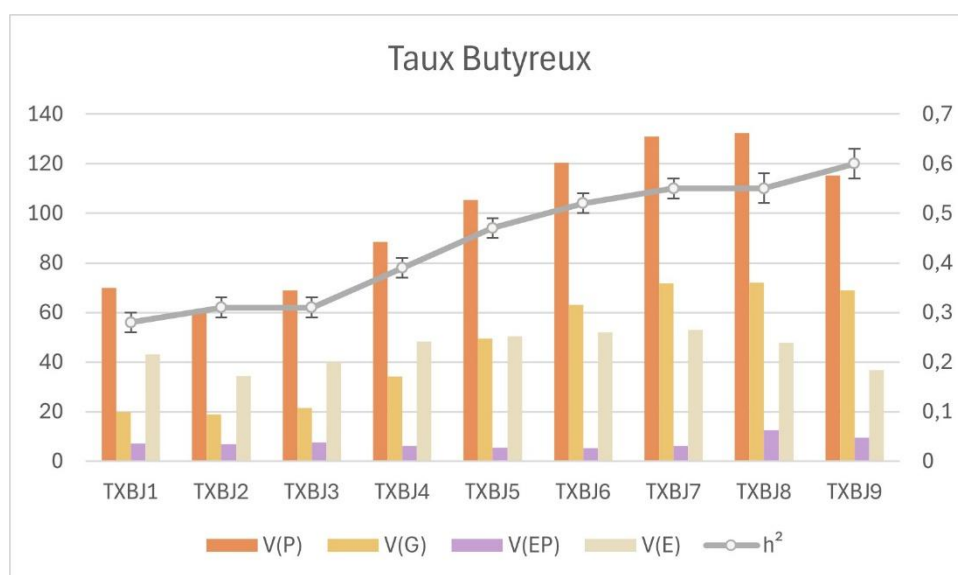


Figure 5 : Représentation des composantes de variance pour le taux butyreux

V(P) : variance phénotypique ; V(G) : variance génétique ; V(EP) : variance d'environnement permanent ; V(E) : variance résiduelle ; h^2 : héritabilité

Concernant le TB, on observe une importante variabilité des composantes de variance selon les différents contrôles. Plus précisément, les valeurs des composantes génétiques additives, ainsi que celles liées à l'environnement qu'il soit permanent ou résiduel, varient tout au long de la lactation. Par exemple, lors du 6^{ème} contrôle laitier (TXBJ6), la variance génétique additive atteint un pic significatif de 120,44 ce qui témoigne d'une forte diversité génétique du TB au sein du troupeau. Cette variabilité génétique reste élevée à plusieurs stades, ce qui se traduit par une héritabilité croissante au cours de la lactation, atteignant 0,60 au dernier contrôle. Cela suggère une variabilité génétique importante pour ce caractère entre les brebis à différents stades de la durée de traite.

Le TB présente un profil d'héritabilité différent avec une augmentation notable au cours de la durée de traite. Les valeurs passent de $0,26 \pm 0,02$ pour TXBJ1 à $0,60 \pm 0,034$ pour TXBJ9, soit plus du double. Cette évolution progressive indique que le déterminisme génétique du TB devient de plus en plus prépondérant à mesure que la lactation avance.

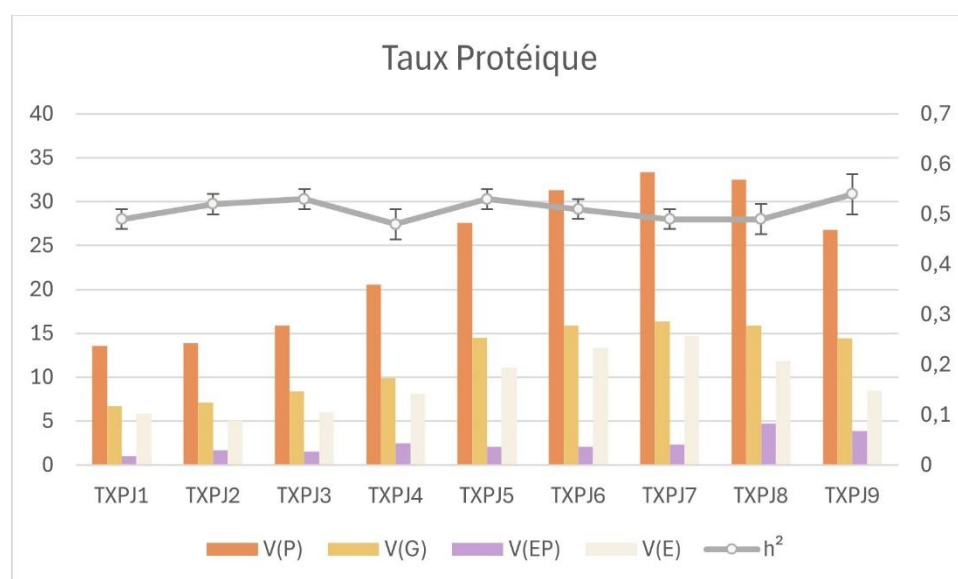


Figure 6 : Représentation des composantes de variance pour le taux protéique

V(P) : variance phénotypique ; V(G) : variance génétique ; V(EP) : variance d'environnement permanent ; V(E) : variance résiduelle ; h^2 : héritabilité

Pour le TP, les mêmes tendances se dégagent : la composante additive génétique est variable, atteignant des valeurs maximales lors de certains contrôles (16,34 pour TXPJ7), tandis que la composante résiduelle reste toujours prépondérante indiquant une variabilité importante non expliquée par les autres facteurs.

Le TP affiche des héritabilités élevées et stables tout au long de la durée de traite, variant de $0,48 \pm 0,03$ à $0,54 \pm 0,04$. Cette constance suggère que le déterminisme génétique de la synthèse protéique mammaire s'exprime de manière homogène.

4.3 Estimation des corrélations entre caractères

4.3.1 Corrélations phénotypiques

	Prolificité	Poids naissance	Poids à 30 jours
<i>PL</i>	$-0,00 \pm 0,01$	$0,09 \pm 0,02$	$0,12 \pm 0,02$
<i>LAIJ1</i>	$0,05 \pm 0,009$	$0,09 \pm 0,02$	$0,08 \pm 0,02$
<i>LAIJ2</i>	$0,03 \pm 0,009$	$0,10 \pm 0,02$	
<i>LAIJ3</i>	$0,008 \pm 0,009$	$0,09 \pm 0,02$	$0,09 \pm 0,02$
<i>LAIJ5</i>	$-0,02 \pm 0,009$	$0,10 \pm 0,02$	$0,10 \pm 0,02$
<i>LAIJ7</i>	$-0,01 \pm 0,009$	$0,06 \pm 0,02$	$0,07 \pm 0,02$
<i>TB</i>	$-0,05 \pm 0,01$	$-0,03 \pm 0,02$	$-0,07 \pm 0,02$
<i>TXBJ1</i>	$-0,04 \pm 0,009$	$-0,04 \pm 0,02$	$-0,06 \pm 0,02$
<i>TXBJ2</i>	$-0,05 \pm 0,009$	$-0,02 \pm 0,02$	$-0,04 \pm 0,02$
<i>TXBJ3</i>	$-0,05 \pm 0,009$	$-0,03 \pm 0,02$	$-0,04 \pm 0,02$
<i>TXBJ5</i>	$-0,005 \pm 0,01$	$-0,04 \pm 0,01$	$-0,05 \pm 0,02$
<i>TXBJ7</i>	$0,003 \pm 0,01$	$-0,06 \pm 0,02$	$-0,02 \pm 0,02$
<i>TP</i>	$0,05 \pm 0,01$	$-0,12 \pm 0,02$	$-0,07 \pm 0,02$
<i>TXPJ1</i>	$0,009 \pm 0,01$	$-0,05 \pm 0,02$	$-0,05 \pm 0,02$
<i>TXPJ2</i>	$0,03 \pm 0,01$	$-0,04 \pm 0,02$	$-0,03 \pm 0,02$
<i>TXPJ3</i>	$0,05 \pm 0,01$	$-0,05 \pm 0,02$	$-0,03 \pm 0,02$
<i>TXPJ5</i>	$0,08 \pm 0,01$	$-0,04 \pm 0,02$	$-0,02 \pm 0,02$
<i>TXPJ7</i>	$0,07 \pm 0,01$	$-0,03 \pm 0,02$	$-0,03 \pm 0,02$

Tableau 6 : Estimations des corrélations phénotypiques

PL : production laitière ; LAIJ1-9 : contrôles de la production laitière ponctuels ; TB : taux butyreux ; TXBJ1-9 : contrôles ponctuels du taux butyreux ; TP : taux protéique ; TXPJ1-9 : contrôles ponctuels du taux protéique

Les corrélations phénotypiques de notre étude sont présentées dans le *tableau 7*. De manière générale, la prolificité montre des corrélations proches de zéro avec la production laitière et les autres caractères, ce qui suggère une faible liaison phénotypique entre le nombre d'agneaux produits et les quantités de lait ou les poids des agneaux.

Les poids à la naissance et à 30 jours affichent des corrélations phénotypiques positives mais faibles avec la production laitière et les contrôles laitiers, la corrélation maximale étant de $0,12 \pm 0,02$. Ces corrélations restent assez stables au cours des différents contrôles lactés. En ce qui concerne la composition du lait, le TB présente des corrélations globalement négatives ou nulles avec les caractères de croissance, avec des valeurs oscillant entre $-0,05 \pm 0,01$ à presque zéro, notamment sur les contrôles laitiers intermédiaires. Le TP montre quant à lui une faible corrélation négative avec les poids à la naissance et à 30 jours allant jusqu'à $-0,12 \pm 0,02$.

Ces résultats montrent une indépendance phénotypique entre les caractères laitiers étudiés et les caractères « allaitants » étudiés.

4.3.2 Corrélations génétiques

	<i>Prolificté</i>	<i>Pnais direct</i>	<i>Pnais maternel</i>	<i>P30 direct</i>	<i>P30 maternel</i>
<i>Production laitière</i>	-0,06 ± 0,08	0,22 ± 0,07	0,26 ± 0,06	0,32 ± 0,07	0,44 ± 0,09
<i>LAIJ1</i>	0,09 ± 0,08	0,19 ± 0,08	0,34 ± 0,06	0,10 ± 0,08	0,62 ± 0,09
<i>LAIJ2</i>	0,01 ± 0,08	0,24 ± 0,08	0,31 ± 0,06		
<i>LAIJ3</i>	-0,04 ± 0,08	0,21 ± 0,09	0,29 ± 0,07	0,24 ± 0,08	0,31 ± 0,06
<i>LAIJ5</i>	-0,09 ± 0,08	0,36 ± 0,09	0,11 ± 0,07	0,36 ± 0,09	0,17 ± 0,01
<i>LAIJ7</i>	-0,10 ± 0,08	0,19 ± 0,09	0,11 ± 0,07	0,20 ± 0,08	0,24 ± 0,1
<i>Taux butyreux</i>	-0,05 ± 0,07	-0,08 ± 0,06	0,01 ± 0,06	-0,19 ± 0,05	0,03 ± 0,07
<i>TXBJ1</i>	-0,14 ± 0,07	-0,18 ± 0,06	0,11 ± 0,06	-0,24 ± 0,06	0,10 ± 0,08
<i>TXBJ2</i>	-0,14 ± 0,07	-0,09 ± 0,06	0,02 ± 0,06	-0,15 ± 0,06	-0,001 ± 0,08
<i>TXBJ3</i>	-0,16 ± 0,07	-0,18 ± 0,08	0,05 ± 0,05	-0,1 ± 0,06	-0,09 ± 0,08
<i>TXBJ5</i>	0,08 ± 0,07	-0,13 ± 0,06	-0,01 ± 0,05	-0,13 ± 0,06	0,009 ± 0,07
<i>TXBJ7</i>	-0,02 ± 0,06	-0,14 ± 0,05	-0,03 ± 0,04	-0,06 ± 0,06	0,03 ± 0,07
<i>Taux protéique</i>	0,04 ± 0,07	-0,36 ± 0,05	0,19 ± 0,04	-0,19 ± 0,05	0,08 ± 0,07
<i>TXPJ1</i>	0,03 ± 0,07	-0,19 ± 0,05	0,10 ± 0,05	-0,13 ± 0,06	-0,02 ± 0,07
<i>TXPJ2</i>	0,02 ± 0,06	-0,13 ± 0,05	0,07 ± 0,05	-0,08 ± 0,06	-0,02 ± 0,07
<i>TXPJ3</i>	0,04 ± 0,07	-0,19 ± 0,05	0,12 ± 0,05	-0,08 ± 0,06	0,02 ± 0,07
<i>TXPJ5</i>	0,17 ± 0,06	-0,12 ± 0,05	0,06 ± 0,05	-0,08 ± 0,06	0,07 ± 0,07
<i>TXPJ7</i>	0,11 ± 0,07	-0,18 ± 0,08	0,05 ± 0,05	-0,11 ± 0,06	0,11 ± 0,07

Tableau 7 : Estimations des corrélations génétiques

Pnais direct : effet direct du poids à la naissance ; Pnais maternel : effet maternel du poids à la naissance ; P30 direct : effet direct du poids à 30 jours ; P30 maternel : effet maternel du poids à 30 jours ; LAIJ1-9 : contrôles de la production laitière ponctuels ; TXBJ1-9 : contrôles ponctuels du taux butyreux ; TXPJ1-9 : contrôles ponctuels du taux protéique

Les estimations des corrélations génétiques entre les principaux caractères sont résumées dans le *tableau 8*. Les corrélations entre la prolificité et les caractères laitiers sont faibles et proches de zéro, oscillant entre -0,16 (avec TXBJ3) et 0,17 (avec TXPJ5) selon les contrôles et le caractère. Ces valeurs indiquent une quasi-indépendance génétique entre la prolificité et les caractéristiques laitieres.

Concernant les corrélations génétiques entre les poids des agneaux et les caractères laitiers, les estimations sont plus variables, selon qu'elles impliquent les composantes génétiques directes ou maternelles, et selon les caractères laitiers avec lesquelles elles sont estimées.

Dans un premier temps, avec la production laitière, on remarque des corrélations entre effets directs positives allant de 0,22 à 0,36. Cette tendance est aussi visible pour les contrôles laitiers. La corrélation génétique est plus marquée avec l'effet génétique maternel sur le poids à 30 jours (0,44). Il est également intéressant de noter que les corrélations génétiques entre composantes maternelles et les quantités de lait diminuent progressivement au cours de la lactation. Nous avons aussi estimé des corrélations génétiques négatives entre quantité et qualité du lait, on retrouve une corrélation de -0,29 avec le TB et de -0,43 avec le TP.

Concernant les effets maternels, on remarque des corrélations plus élevées que les corrélations directes, notamment pour le LAIJ1 et le poids à 30 jours ($rg_mat = 0,62$ face à $rg_dir = 0,10$).

Les corrélations génétiques impliquant le TP montrent des liens différents selon la composante génétique directe ou maternelle. Pour les composantes directes des poids, les corrélations sont négatives et significatives, étant de -0,36 pour le poids à la naissance et -0,19 pour le poids à 30 jours.

En revanche, les corrélations avec les composantes maternelles sont faibles et parfois positives ou faiblement négatives.

Enfin pour le taux butyreux, les corrélations génétiques directes avec les caractères de croissance sont négatives ou proches de zéro allant de -0,24 à -0,06. On peut donc observer un léger antagonisme génétique entre la richesse lipidique du lait et la croissance des agneaux.

Par ailleurs, on peut observer des variations selon le contrôle considéré, notamment pour la production laitière et la prolificité avec une oscillation entre valeurs positives (LAIJ1 = 0,09) et négatives (LAIJ7 = -0,09). En prenant en compte les erreurs standards ces corrélations sont nulles.

Nous avons aussi étudié les entre la production laitière et les taux butyreux et protéique, celles-ci sont négatives et modérées, avec des valeurs de $-0,29 \pm 0,054$ (PL~TB) et $-0,43 \pm 0,048$ (PL~TP).

5 Discussion et analyse

La sélection multi-caractère optimise-t-elle à la fois les caractères laitiers et allaitants ?

5.1 Analyse des héritabilités

Les valeurs d'héritabilités que nous avons obtenues sont globalement dans les intervalles rapportés dans la littérature pour l'espèce ovine.

- Prolificité

Cette faible héritabilité ($0,09 \pm 0,01$) est cohérente avec les résultats de (Hanford *et al.*, 2005) qui rapporte des valeurs basses ($0,06$ à $0,09$) pour ce caractère sur la race ovine Rambouillet. Cette faible héritabilité peut refléter une forte dépendance aux facteurs environnementaux. Par ailleurs, une méta-analyse sur 33 estimations a mis en évidence une héritabilité de $0,09 \pm 0,02$ (Mucha *et al.*, 2022)

- Caractères de croissance

Les héritabilités directes estimées sont comparables à celles de (Hanford *et al.*, 2005) soit $0,27 \pm 0,02$ pour le poids à la naissance et $0,20 \pm 0,01$ pour le poids à 30 jours, même si notre estimation pour le poids à 30 jours est légèrement plus élevée ($0,26 \pm 0,03$). Ces différences peuvent résulter de plusieurs facteurs dont la conduite d'élevage, la génétique de la race ou encore la structure du modèle statistique utilisé.

Les héritabilités maternelles que nous avons estimées pour le poids à la naissance ($0,2 \pm 0,02$) et le poids à 30 jours ($0,08 \pm 0,02$) sont cohérentes avec ce qu'on retrouve dans la littérature. En effet, (Hanford *et al.*, 2005) rapporte des héritabilités de $0,19 \pm 0,01$ pour le poids naissance et $0,10 \pm 0,01$ pour le poids à 30 jours. Nos résultats confirment l'importance des effets maternels dans la détermination de la variation de ces caractères allaitants. On peut toutefois noter que notre estimation pour le poids à la naissance est légèrement plus élevée, ce qui pourrait refléter des différences de race par exemple. En revanche, pour le poids à 30 jours on remarque l'inverse. Ces résultats soulignent l'importance de prendre en compte les effets maternels lors de l'estimation des paramètres génétiques.

- Caractères laitiers

Les estimations de nos héritabilités concordent avec celles observées dans la littérature, notamment par (Barillet *et al.*, 2016). L'héritabilité du taux protéique est légèrement supérieure aux résultats rapportés. Ceci peut s'expliquer par la qualité et la fréquence des mesures de lait analysées. Par ailleurs, la race Lacaune lait affiche généralement des valeurs élevées, du fait d'une forte composante génétique.

5.2 Analyse des corrélations génétiques et implications

5.2.1 Prolificité

- Prolificité et production laitière

La quasi-indépendance génétique entre la prolificité et les traits laitiers ($r_g \sim 0$) corrobore les travaux de (Baelden *et al.*, 2005) montrant des corrélations allant de $-0,20$ à $0,11$ en Lacaune et Manech. Cela implique que l'on peut sélectionner efficacement sur la production laitière tout en améliorant parallèlement la prolificité sans qu'une progression dans l'un des caractères entraîne une détérioration significative de l'autre.

Chez les bovins laitiers, l'antagonisme génétique entre production et critères de reproduction, principalement la fertilité est bien documentée. Les corrélations génétiques varient entre $-0,3$ et $-0,6$ selon les études (Cuyabano, 2024; Leblanc, 2010; Vinet *et al.*, 2023). Cet antagonisme s'est accentué

avec l'intensification de la sélection sur la production laitière depuis les années 80. En revanche, des travaux récents nuancent cette relation, montrant que dans de bonnes conditions de conduite l'antagonisme peut être réduit (Leblanc, 2010).

Chez les petits ruminants, les études convergent vers une absence d'antagonisme significatif. En caprins, les corrélations génétiques entre production laitière et fertilité sont généralement proches de zéro (Clément *et al.*, 1997; Manfredi, Ådnøy, 2012).

- Prolificté et composition du lait

Les résultats obtenus montrent des corrélations génétiques très faibles entre la prolificté et la composition du lait : $-0,05 \pm 0,07$ avec le TB et $0,04 \pm 0,07$ avec le TP. Ces valeurs, proches de zéro, indiquent une indépendance génétique e entre ces caractères.

Chez les caprins, les données sont également limitées mais les résultats convergent vers une absence de relation génétique significative entre la taille de portée et la composition du lait (Clément *et al.*, 1997). Cette situation semble donc commune aux trois espèces de ruminant laitiers.

L'indépendance génétique retrouvée entre la prolificté et les caractères de production est cohérente avec le fait que la prolificté et la capacité de synthèse lactée impliquent des voies métaboliques et hormonales distinctes, l'une principalement dépendante des gonadotropiques et l'autre du complexe prolactine-hormone de croissance.

5.2.2 Caractères laitiers

- Production laitière et composition du lait

Les corrélations génétiques négatives entre production laitière et qualité du lait ($r_g = -0,29$ entre TB et quantité de lait et $-0,43$ entre TP et quantité de lait) traduisent l'allocation différentielle des ressources nutritionnelles : lorsque la production de lait augmente, cela peut s'accompagner d'une légère diminution de la concentration en solides (MG, protéines) dans chaque litre de lait. Chez la brebis produire plus de lait implique souvent que ce lait soit un peu moins riche, car ses ressources ne sont pas illimitées et doivent être partagées entre volume et qualité. Historiquement, la teneur en matière grasse et en protéines avait tendance à diminuer avec l'augmentation de la production laitière. Depuis leur intégration dans les objectifs de sélection et l'ISOL, la production laitière a continué de croître tout en maintenant, voire en augmentant, les taux. Cela montre qu'il est possible de sélectionner efficacement des caractères génétiquement corrélés négativement grâce à une gestion équilibrée des objectifs.

Par ailleurs, la corrélation positive entre les TB et TP facilite la sélection simultanée sur ces deux caractères. La valeur estimée dans notre étude (0,54) est cohérente avec celles rapportées dans la littérature scientifique. Chez les brebis, les études antérieures rapportent des corrélations génétiques entre TB et TP variant de 0,61 à 0,79 (Bocquier *et al.*, 1993), valeurs légèrement supérieures à nos résultats. Cette variation peut s'expliquer par plusieurs facteurs. Premièrement, la différence de race peut influencer la composition du lait et ses aspects génétiques, certaines races présentent des profils laitiers différents et donc des corrélations spécifiques. Deuxièmement, les systèmes d'élevage peuvent impacter la variabilité phénotypique des caractères et modifier les paramètres génétiques. Enfin, la méthodologie d'analyse incluant la structure des modèles, ainsi que la taille et la qualité des données joue un rôle important dans la variation des résultats entre études.

Chez les bovins laitiers, cet antagonisme génétique entre taux et production laitière est également observé avec des corrélations similaires. Les études montrent des corrélations génétiques négatives ($-0,32$) entre la production laitière et le TB chez la race Holstein au Maroc. Pour le TP, les corrélations sont généralement de l'ordre de $-0,28$ à $-0,30$ (Boujenane, 2002; Leblanc, 2010) avec la quantité de lait. Ces valeurs sont donc cohérentes avec celles observées chez les ovins laitiers, suggérant un mécanisme physiologique similaire entre espèces de ruminants laitiers. Concernant la corrélation

entre le TB et le TP, (BARILLET, BONAÏTI, 1992) ont estimé une corrélation de 0,6 donc du même ordre de grandeur que celle observée dans notre étude. D'autres études confirment cette gamme de valeurs, avec des corrélations variant de 0,45 à 0,76 selon les races bovines (Boichard *et al.*, 2014; IDELE, GENEVAL, 2019).

Chez les caprins, les corrélations génétiques sont du même ordre de grandeur. Une étude sur les races Alpine et Saanen révèle des corrélations entre production laitière et TP proches de zéro, mais significativement négatives avec le TB (Manfredi, Ådnøy, 2012). Par ailleurs, les corrélations entre TB et TP sont généralement de l'ordre de 0,35 à 0,50 (Barbieri *et al.*, 1995; Manfredi, Ådnøy, 2012), légèrement inférieures à celles observées chez les ovins et bovins.

La relation entre la quantité de lait et sa composition peut s'expliquer par la compétition pour les précurseurs métaboliques au niveau de la glande mammaire. Les voies de synthèse des protéines et des lipides, bien que distinctes, partagent certains substrats et interagissent dans le réticulum endoplasmique, où commencent la formation des micelles de caséines et des globules gras (Chanat *et al.*, 2006; Cuvelier *et al.*, 2015; Decoopman *et al.*, 2022).

La corrélation entre teneur en matière grasse et protéines s'explique par des mécanismes biologiques communs. Les voies métaboliques partagent des précurseurs et sont régulées par des hormones similaires, et la capacité sécrétoire globale de la glande mammaire favorise la synthèse simultanée des deux composants (Chanat *et al.*, 2006).

5.2.3 Caractères de croissance

- Croissance et production laitière :

Les corrélations positives modérées observées entre la production laitière et les poids des agneaux, oscillent entre 0,10 à 0,36 pour la composante génétique directe et 0,11 à 0,62 pour la composante génétique maternelle.

Dans la littérature, des estimations de corrélations génétiques entre la production laitière et la croissance des agneaux ont été réalisées. En effet, pour le poids naissance on peut retrouver une valeur de $0,27 \pm 0,19$ pour le poids à la naissance est de $-0,02 \pm 0,018$ pour le poids à 30 jours (Mavrogenis, 1988) . La valeur rapportée pour le poids à la naissance est cohérente avec nos estimations, en effet, la corrélation moyenne pour le poids à la naissance direct est de 0,24. En revanche, pour le poids à 30 jours direct notre estimation moyenne est plus élevée ($r_g = 0,23$).

Chez les bovins Azawak, des corrélations génétiques plus faibles ($r_g = -0,26$ à $-0,08$) ont été rapportées entre production laitière et poids de naissance, suggérant des variations selon les races et les contextes d'élevage (Adamou Karimou, 2024). Les corrélations que nous avons estimées reflètent la capacité commune de mobilisation des ressources nutritionnelles. Les femelles génétiquement supérieures pour la synthèse lactée peuvent simultanément optimiser l'allocation nutritionnelle vers leur descendance via des mécanismes hormonaux partagés (ANSES, 2012).

L'effet génétique maternel apparait systématiquement plus fort que l'effet génétique direct pour la corrélation avec la production laitière ($r_{g_mat} = 0,44$ face à $r_{g_dir} = 0,32$ pour le poids à 30 jours). Cette prédominance de l'effet maternel peut s'expliquer par la transmission de facteurs de croissance via le lait maternel, qui stimulent directement la croissance tissulaire des jeunes. Pendant la phase d'allaitement la variabilité des poids est davantage expliquée par le potentiel génétique laitier de la mère que par le propre potentiel génétique de croissance de l'agneau, même si ce dernier reste non négligeable.

- Croissance et composition du lait :

Les corrélations négatives observées (-0,36 à -0,06) entre les taux et la composante directe du poids des agneaux révèlent un antagonisme génétique, notamment avec la richesse protéique du lait. Par ailleurs, nous pouvons remarquer que cet antagonisme est plus prononcé pour le poids naissance que pour le poids à 30 jours. Cet antagonisme suggère que les gènes favorisant la concentration élevée en protéine peuvent défavoriser la croissance. Cependant, pour la composante maternelle, les corrélations sont généralement positives ou nulles (-0,09 à 0,19).

L'analyse des résultats issus de l'étude de (Ptáček *et al.*, 2019) montre que la croissance précoce des agneaux Wallachiens est étroitement liée à la composition du lait. Les auteurs rapportent que chaque gramme supplémentaire de protéines ou de lactose dans le lait est associé à un gain respectif de 0,13 kg et 0,11 kg du poids vif des agneaux jusqu'au sevrage. En revanche, la teneur en matières grasses du lait n'a pas montré d'effet significatif sur la croissance des agneaux. Ces résultats indiquent que la croissance à la naissance et au cours des premières semaines dépend non seulement de la quantité de lait produite mais aussi de sa qualité, en particulier sa teneur en protéines et lactose.

- Diminution des corrélations avec les composantes génétiques maternelles

La diminution progressive des corrélations avec les composantes génétiques maternelles au cours de la lactation peut s'expliquer par la réduction de la dépendance des agneaux vis-à-vis du lait maternel et leur transition vers une alimentation solide. Cette évolution temporelle reflète la croissance des agneaux, où l'influence de la production laitière maternelle devient graduellement moins déterminante au profit d'autres facteurs (Benyoucef, Ayachi, 1991; Poivey *et al.*, 1982). Cependant, cette explication vaut surtout pour les ovins allaitants sevrés entre 70 et 120 jours. En ovins laitiers, le sevrage est beaucoup plus précoce, vers 30 jours ce qui fait que les agneaux ne reçoivent plus de lait maternel.

Cette évolution est également observée chez les bovins où les corrélations aussi bien génétiques que phénotypiques, entre production laitière maternelle et croissance des veaux diminuent après 90 jours. Cette diminution reflète la maturation progressive du système digestif des jeunes et le développement de leur capacité à valoriser efficacement les aliments solides, réduisant leur dépendance aux nutriments et facteurs bioactifs du lait maternel (Adamou Karimou, 2024).

Une analyse plus fine des corrélations génétiques entre les caractères de croissance et la production laitière révèle des tendances opposées selon la composante génétique considérée. En effet, les corrélations génétiques entre les effets directs et la production laitière tendent à augmenter au fur et à mesure des contrôles laitiers, passant de $0,19 \pm 0,08$ à $0,36 \pm 0,09$ pour le poids à 30 jours. En revanche, les corrélations génétiques maternelles et la production laitière diminuent progressivement au fil des contrôles, tombant de $0,62 \pm 0,09$ à $0,17 \pm 0,01$. Cette différence montre que le potentiel génétique de la production laitière au contrôle 1 est plus corrélé au potentiel génétique maternel sur le poids à 30 jours que le potentiel génétique de la production laitière au contrôle 7. Ainsi, la production laitière initiale est plus étroitement liée au potentiel génétique maternel influant sur la croissance précoce.

- Variabilité temporelle des corrélations

Nous pouvons observer des variations selon les contrôles. Cependant, il faut prendre en compte que les premiers contrôles (LAIJ1, TXBJ1, TXPJ1) sont réalisés près de la date de sevrage. De même les contrôles numéro 7 représentent les dernières mesures pour les primipares, tandis que les multipares peuvent avoir deux contrôles supplémentaires. Le sevrage induit des modifications hormonales majeures (chute de prolactine, réajustement du cortisol) qui perturbent temporairement l'expression des gènes lactogènes et peuvent masquer les relations génétiques sous-jacentes (Poutous, Mocquot, 1975).

5.2.4 Corrélations entre composantes directe et maternelle

Les corrélations génétiques estimées entre les composante directe et maternelle du poids à la naissance sont globalement négatives et significatives, avec des valeurs comprises entre -0,19 et -0,36 selon les caractères considérés. Ces résultats concordent avec les estimations obtenues en modèle uni-caractère ($-0,28 \pm 0,07$) et sont en accord avec de nombreux travaux antérieurs. Chez les ovins, plusieurs études rapportent des corrélations négatives modérées entre effets direct et maternel pour le poids à la naissance. Par exemple, (Safari *et al.*, 2005), dans leur revue des paramètres génétiques rapportent une corrélation pour le poids à la naissance de $-0,31 \pm 0,06$ ce qui est cohérent avec nos estimations. Cependant, pour le poids à 30 jours ils rapportent un corrélation de $0,35 \pm 0,11$, valeur différente de nos résultats.

D'un point de vue pratique, la présence de corrélations négatives au poids à la naissance souligne la nécessité de prendre en compte simultanément les composantes directe et maternelle, afin d'éviter une dégradation de la capacité maternelle lors de l'amélioration de la croissance des agneaux. A l'inverse, l'absence de corrélation significative au poids à 30 jours suggère que la sélection pour une meilleure croissance précoce pourrait se faire sans impact marqué sur la capacité maternelle, ce qui constitue un levier intéressant pour l'amélioration conjointe des caractères laitiers et allaitants.

5.3 Perspectives d'approfondissement et critères complémentaires

5.3.1 Autres caractères à étudier

Dans le cadre de l'amélioration des agneaux issus de races laitières, il semble pertinent d'élargir l'étude à plusieurs caractères complémentaires qui influencent leur valorisation en filière viande.

Dans notre étude nous avons étudié le poids au sevrage, cependant, il pourrait aussi être intéressant d'étudier le poids à 70 jours car il reflète le potentiel de finition de l'agneau qui est un paramètre recherché par la filière viande. De plus, le rendement carcasse et les critères de qualité de la viande sont des éléments déterminants pour augmenter la valeur ajoutée des agneaux.

En complément, il serait également essentiel d'intégrer dans l'analyse des caractères liés à la santé, à la vigueur et à la survie des agneaux. Ces traits jouent un rôle crucial dans la performance globale des élevages, car la mortalité et la morbidité des jeunes agneaux peuvent fortement impacter la productivité et la rentabilité. La vigueur néonatale, reflétant la capacité de l'agneau à s'adapter rapidement après la naissance, est un indicateur important de son potentiel de survie et de croissance. De même, étudier les facteurs génétiques et environnementaux influençant la résistance aux maladies permettrait de mieux cibler des stratégies de sélection favorisant des animaux plus robustes et moins dépendants des interventions sanitaires. L'analyse et l'intégration de ces caractères permettrait d'optimiser la durabilité sanitaire des troupeaux, contribuant à une amélioration plus complète et durable de la filière ovine laitière.

5.3.2 Différence de richesse du lait entre ovins laitiers et allaitants

Dans la littérature, on observe une légère différence entre la richesse du lait des brebis laitières et des brebis allaitantes notamment due aux objectifs de sélection qui divergent. En effet, la filière laitière vise à améliorer la production quantitative et qualitative du lait. Tandis que, la filière allaitante cherche à optimiser la croissance de la descendance.

D'une part, les brebis laitières comme les Lacaune ou Manech, produisent généralement du lait en plus grande quantité avec une teneur en matières grasses et protéines modérée. Ces taux sont souvent standardisés pour optimiser la transformation fromagère. En effet, la concentration en matières grasses moyenne est de 70 g/L. Pour le taux protéique, on retrouve des valeurs moyennes comprises entre 50-65 g/L (Albert, Lagriffoul, 2021).

D'autre part, les brebis allaitantes ont pour priorité de couvrir les besoins de nutritionnels des agneaux et de contribuer à leur croissance. Ainsi, elles produisent un lait moins volumineux mais plus concentré en matières grasses et protéines. Par exemple, la concentration en matières grasses dans le lait des brebis allaitantes oscille entre 66,9 et 81,8 g/L. Concernant, le taux protéique on retrouve des valeurs autour de 61 g/L (Zouaghi *et al.*, 2022).

5.3.3 Limites de l'étude

La taille et la composition de l'échantillon peuvent influencer la précision des estimations : bien que la base de données issue de l'UE La Fage soit riche et suivie sur plus de vingt ans, elle reste spécifique à un seul contexte d'élevage et à une race donnée ce qui peut limiter la portée externe des résultats. Par ailleurs, une partie des caractères n'a pas été mesurée sur l'ensemble des animaux comme le poids naissance des mâles après 2016.

Ensuite, la variabilité temporelle des contrôles peut introduire des fluctuations non génétiques dans les estimations. Les premiers contrôles sont réalisés à une période proche du sevrage où les changements hormonaux et comportementaux sont importants, ce qui peut influencer les mesures de production. De même, certains contrôles en fin de durée de lactation – comme LAIJ7 pour les primipares – ne correspondent pas au même stade physiologique que pour les multipares, créant des contextes différents susceptibles d'influencer les valeurs observées. Cependant un effet du rang de lactation a été inclus dans le modèle afin tenir compte de ces différences. Ces variations peuvent aussi refléter des interactions génétique-environnement, notamment liées à l'alimentation, qui évolue entre les premiers et derniers contrôles. En effet, au début de la lactation, les brebis sont essentiellement en bergerie avec une alimentation contrôlée. Tandis qu'en fin de lactation, elles ont accès au pâturage ce qui modifie les conditions environnementales et alimentaires et peut impacter l'expression du potentiel génétique.

Sur le plan méthodologique, même si l'effet maternel a été intégré pour les caractères de croissance, il peut exister d'autres sources de variation. Toutefois, il est important de noter que la composante génétique maternelle peut inclure une part de la variabilité liée au comportement de la mère, tandis que l'effet d'environnement permanent associé à la mère capture une partie de la variabilité non génétique, notamment les influences liées à son état sanitaire passé et présent.

De plus, les analyses se sont limitées à un ensemble restreint de caractères, l'absence de variables telles la conformation bouchère empêche d'appréhender pleinement les compromis potentiels dans un schéma de sélection multi-objectifs.

5.4 Recommandations

Les résultats de cette étude mettent en évidence l'importance majeure de l'effet génétique maternel dans la croissance précoce des agneaux, soulignant que l'amélioration du potentiel laitier des brebis peut avoir un impact direct et bénéfique sur la performance de leur descendance. Cela suggère que la sélection actuelle n'a pas d'effet défavorable sur l'aptitude des brebis à avoir des agneaux plus lourds au sevrage.

Ensuite, les corrélations modérées entre production laitière et caractères de croissance direct indiquent qu'une amélioration simultanée de ces deux aspects est possible, réduisant ainsi les risques d'antagonisme génétique qui pourraient limiter les progrès.

Enfin, l'intégration de caractères complémentaires tels que la conformation bouchère dans les programmes de sélection est indispensable pour appréhender les compromis multifactoriels de la production ovine laitière et assurer la durabilité des filières.

Je recommanderais donc aux organismes de sélection de :

- Enregistrer le poids à 30 jours des agneaux afin d'améliorer la croissance
- Valoriser la composante génétique maternelle dans l'évaluation génétique afin d'améliorer la croissance des agneaux via le potentiel laitier des mères
- Développer des indices multi-traits qui équilibrent production laitière et croissance des agneaux avec prise en compte spécifique des phases de lactation et du rang de lactation
- Renforcer la collecte de données sur des traits complémentaires, notamment la qualité bouchère pour une sélection plus complète
- Prendre en compte les interactions génotype-environnement, en particulier les variations liés aux pratiques d'élevage et aux conditions d'alimentation pour optimiser l'expression génétique réelle dans les systèmes d'exploitation

Ces démarches permettront d'orienter efficacement la sélection pour une amélioration durable et équilibrée de la filière ovine laitière, conciliant production laitière performante et croissance optimale des agneaux.

6 Qualité de Vie au Travail

Au cours de mon stage à l'INRAE, j'ai eu l'opportunité de développer une compétence essentielle en ingénierie de projet qui intègre de manière profonde la qualité de vie au travail (QVT) et le travail réel des acteurs en élevage. Cette compétence s'est construite progressivement, en partant d'une base de données déjà collectée, puis en réalisant un tri méthodique des données, une revue bibliographique, des analyses statistiques et génétiques poussées, et en participant activement à des présentations des résultats auprès des différents acteurs impliqués, à savoir chercheurs, techniciens, et éleveurs.

Cette expérience m'a sensibilisée à l'importance de concevoir les projets non seulement sous un angle technique ou scientifique, mais aussi en tenant compte des situations concrètes de travail sur le terrain. Le travail réel en élevage est rythmé par des contraintes saisonnières fortes, des exigences de disponibilité, et des pratiques évolutives inhérentes à la gestion d'animaux vivants. Dès lors, l'ingénierie de projet centrée sur le travail effectif vise à concilier innovation, efficacité collective et bien-être professionnel.

Le projet a ainsi favorisé un dialogue transversal entre métiers divers — chercheurs, ingénieurs, éleveurs, techniciens — et a valorisé les compétences spécifiques de chacun. Reconnaître l'expertise pratique des éleveurs, leurs savoir-faire et leurs contraintes, a non seulement renforcé la confiance, mais aussi accru la motivation collective. La prise en compte des rythmes biologiques des animaux, des contraintes organisationnelles et humaines a permis d'optimiser l'organisation du travail, réduisant la charge mentale et la pénibilité.

Cette fluidité des échanges a eu pour effet d'améliorer notablement la qualité de vie au travail. Les acteurs se sont sentis écoutés, impliqués et respectés, ce qui a dynamisé leur engagement et leur sentiment d'appartenance. En prenant en considération la réalité terrain, le projet a minimisé les tensions liées aux injonctions trop rigides ou aux plannings décalés, contribuant à une collaboration plus harmonieuse et pérenne.

Par ailleurs, cette expérience m'a permis de développer des compétences managériales concrètes, telles que l'animation de groupes, la gestion des conflits, l'organisation de réunions participatives, et la communication claire des résultats vers des publics variés. Ces compétences transversales sont aujourd'hui indispensables pour piloter des projets complexes mêlant dimensions scientifique, technique et humaine.

Enfin, cette approche intégrée ouvre des perspectives importantes pour transformer les modes de management dans les filières agricoles. Elle propose un modèle participatif et collaboratif, capable de renforcer la résilience des collectifs face aux changements réglementaires, aux crises sanitaires ou aux innovations technologiques. En valorisant l'apprentissage mutuel et l'écoute active, elle permet de bâtir une culture d'entreprise fondée sur la reconnaissance des compétences terrain et l'adaptation continue aux réalités du travail.

En conclusion, la compétence acquise autour de la conception d'une ingénierie de projet prenant en compte le travail réel en élevage dépasse l'amélioration des résultats scientifiques : elle agit profondément sur la dynamique humaine, organisationnelle et la durabilité des équipes. Cette approche est un levier stratégique pour tout ingénieur agronome souhaitant accompagner les transitions, innover dans les pratiques et renforcer la qualité de vie au travail au sein des filières agricoles.

7 Conclusion

7.1 Réponse à la problématique

Ce mémoire a permis d'analyser en profondeur la possibilité d'une amélioration simultanée des caractères laitiers et allaitants chez la brebis Lacaune, en s'appuyant sur une population suivie expérimentalement pendant plus de vingt ans. Les résultats obtenus mettent en évidence que les caractères de production laitière et de croissance des agneaux présentent des corrélations génétiques modérées à positives, notamment via l'effet maternel du lait sur la croissance précoce, tandis que la prolificité apparaît presque indépendante des caractères laitiers. Il existe en revanche des antagonismes génétiques entre la productivité laitière et certains aspects de la reproduction ou de la composition du lait, mais ceux-ci ne constituent pas des freins insurmontables à une sélection conjointe, à condition de définir des objectifs équilibrés. Les héritabilités observées pour les différents caractères confirment la possibilité d'un progrès génétique durable : la prise en compte des contraintes et corrélations génétiques, ainsi que des effets fixes liés au travail réel en élevage, garantit la robustesse et la pertinence des estimations.

En confrontant ces éléments au projet initial, il apparaît que la sélection multi-caractère, conciliant productivité et aptitude maternelle, est non seulement réalisable, mais aussi souhaitable pour pérenniser la filière ovine laitière dans un contexte économique et sociétal mouvant. Ce travail confirme l'intérêt d'intégrer les caractères de croissance des agneaux dans les schémas de sélection laitière et d'ajuster les outils méthodologiques pour mieux valoriser la performance globale des animaux. Les perspectives ouvertes encouragent la poursuite de recherches sur des caractères complémentaires (qualité bouchère, robustesse sanitaire), et sur la gestion fine des compromis génétiques à l'échelle des populations ovines. L'ouverture se situe donc dans le prolongement de cette démarche : inscrire l'amélioration génétique dans une logique de performance globale, durable et adaptée aux évolutions du secteur, tout en élargissant le champ d'investigation à de nouveaux traits d'intérêt pour la filière.

Au-delà de l'intérêt scientifique, ce travail contribue à alimenter la réflexion des filières ovines sur la valorisation des agneaux issus de troupeaux laitiers. Dans un contexte de réduction des cheptels et de concurrence accrue des importations, améliorer la qualité bouchère et les performances de croissance des agneaux constitue un levier de durabilité économique et environnementale.

7.2 Bilan personnel

La réalisation de ce mémoire et de ce stage a été guidée par les valeurs fondamentales de la Charte d'éthique de l'Ingénieur, qui ont accompagné chaque étape de la mission :

- **Responsabilité et rigueur scientifique** : La méthodologie employée et l'attention portée à la validité des résultats illustrent une recherche constante de la fiabilité, de l'objectivité et du respect des protocoles. Cela implique aussi un devoir de transparence dans la présentation des limites et incertitudes du travail accompli.
- **Respect des personnes et des savoirs** : Tout au long du projet, l'écoute active et la prise en compte des compétences des acteurs terrain m'ont permis de construire une démarche collaborative basée sur la confiance et la reconnaissance mutuelle.
- **Engagement pour la durabilité** : Les choix méthodologiques et l'orientation du projet (valorisation des caractères d'adaptation, prise en compte de l'autonomie alimentaire, réflexion sur le bien-être animal) témoignent d'une volonté d'inscrire l'action de l'ingénieur dans une perspective de développement durable, au service de l'intérêt général et de l'évolution responsable des filières agricoles.

- **Ouverture à l'innovation et à la critique** : Les différentes analyses et interprétations réalisées au cours du stage reposent sur un dialogue continu avec la communauté scientifique et les acteurs du monde agricole, favorisant la remise en question, l'apprentissage et l'amélioration continue.

Ce stage constitue ainsi une expérience profondément formatrice : il m'a permis de développer une compétence avérée en ingénierie de projet prenant en compte le travail réel, mais aussi une posture éthique marquée par la lucidité, l'humilité et l'engagement envers le collectif. La capacité à mobiliser les valeurs de l'ingénieur dans l'action concrète, à questionner les impacts des choix scientifiques et à assumer la responsabilité des décisions prises a été renforcée tout au long de cette mission. Ce bilan personnel, nourri par la confrontation aux attentes de la filière et par la richesse du travail collaboratif, oriente désormais la pratique professionnelle vers un équilibre entre expertise, service et ouverture.

8 Bibliographie

ABASI-MOUSA, S., VARKOOHI, S., JOEZY, S., SALARY, N. et KHANSEFID, M., 2023. Meta-analysis of genetic parameters for growth traits in meat, wool and dual-purpose sheep breeds in the world using a random-effects model. *Veterinary Medicine and Science*. janvier 2023. Vol. 9, n° 1, pp. 380-390. DOI 10.1002/vms3.1038.

ADAMOU KARIMOU, I., 2024. Relations phénotypiques et génétiques entre les caractères de production laitière et le poids du veau à la naissance chez la vache Azawak du Niger. *Revue d'élevage et de médecine vétérinaire des pays tropicaux*. 31 décembre 2024. Vol. 77, pp.1-7. DOI 10.19182/remvt.37555.

AGRICULTURE GOUV, 2020. INRAE, l'Institut national de recherche pour l'agriculture, l'alimentation et l'environnement. *Ministère de l'Agriculture et de la Souveraineté alimentaire* [en ligne]. 22 septembre 2020. [Consulté le 17 juin 2025]. Disponible à l'adresse : <https://agriculture.gouv.fr/inrae-linstitut-national-de-recherche-pour-lagriculture-lalimentation-et-lenvironnement>

AGRO PARIS TECH, SD. race ovine Lacaune lait. [en ligne]. SD. [Consulté le 17 juin 2025]. Disponible à l'adresse : <https://svs.agroparistech.fr/especes/ovins/lacaulai.htm>

ALBERT, Fanny et LAGRIFFOUL, Gilles, 2021. *Qualité nutritionnelle et spécificités du lait et produits laitiers de brebis*. 2021.

ANSES, 2012. *Étude des liens entre facteurs de croissance, consommation de lait et de produits laitiers et cancers*.

ASTRUC, J.M., BALOCHE, G., BUISSON, D., LABATUT, J., LAGRIFFOUL, G., LARROQUE, H., ROBERT-GRANIE, C., LEGARRA, A. et BARILLET, F., 2016. La sélection génomique des ovins laitiers en France. *INRA Productions Animales*. 13 avril 2016. Vol. 29, n° 1, pp. 41-56. DOI 10.20870/productions-animales.2016.29.1.2515.

ASTRUC, J.M. et FARADJI, D., 2020. Sélection et progrès génétique sur les caractères fonctionnels en race ovine laitière Lacaune. *Institut de l'Élevage* [en ligne]. 8 juillet 2020. [Consulté le 14 mai 2025]. Disponible à l'adresse : <https://idele.fr/detail-article/selection-et-progres-genetique-sur-les-caracteres-fonctionnels-en-race-ovine-laitiere-lacaune>

ASTRUC, J.M. et FARADJI, D., 2021. Ovins laitiers : des critères de sélection en évolution et adaptés à chaque race. *Institut de l'Élevage* [en ligne]. 15 juillet 2021. [Consulté le 17 juin 2025]. Disponible à l'adresse : <https://idele.fr/detail-article/ovins-laitiers-des-criteres-de-selection-en-evolution-et-adaptes-a-chaque-race-1>

BAELDEN, M., ASTRUC, J.M., POIVEY, J.P., ROBERT-GRANIE, C., BODIN, L., BOUIX, J. et BARILLET, F., 2005. Etude de la relation génétique entre la prolificité et la production laitière en ovins laitiers. *Renc. Rech. Ruminants*. 2005. Vol. 12, pp. 153-156.

BARBIERI, ME, MANFREDI, E, ELSEN, JM, RICORDEAU, G, BOUILLON, J, GROSCLAUDE, F, MAHÉ, MF et BIBÉ, B, 1995. Influence du locus de la caséine *Salp1ha*; sur les performances laitières et les paramètres génétiques des chèvres de race Alpine. . 1995.

BARILLET, F. et BONAÏTI, B., 1992. Les objectifs et les critères de sélection : La production laitière des ruminants traits. *INRAE Productions Animales*. 30 décembre 1992. Vol. 5, n° HS, pp. 117-121. DOI 10.20870/productions-animales.1992.5.HS.4273.

BARILLET, F., LAGRIFFOUL, G., RUPP, R., PORTES, D., BOCQUIER, F. et ASTRUC, J.M., 2016. Objectifs de sélection et stratégie raisonnée de mise en œuvre à l'échelle des populations de brebis laitières françaises. *INRAE Productions Animales* [en ligne]. 13 avril 2016. Vol. 29, n° 1. [Consulté le 12 mai 2025]. DOI <https://doi.org/10.20870/productions-animales.2016.29.1.2514>. Disponible à l'adresse : <https://productions-animales.org/article/view/2514#>

BENYOUCEF, M.T. et AYACHI, A., 1991. Mesure de la production laitière de brebis Hamra durant les phases d'allaitement et de traite. *Ann. Zootech.* 1991. Vol. 40, pp. 1-7.

BERRY, D.P., WALL, E. et PRYCE, J.E., 2014. Genetics and genomics of reproductive performance in dairy and beef cattle. *Animal*. 2014. Vol. 8, pp. 105-121. DOI 10.1017/s1751731114000743.

BOCQUIER, F., BARILLET, F., GUILLOUET, P. et JACQUIN, M., 1993. Prévision de l'énergie du lait de brebis à partir de différents résultats d'analyses : proposition de lait standard pour les brebis laitières. *Annales de Zootechnie*. 1993. Vol. 42, n° 1, pp. 57-66. DOI 10.1051/animres:19930106.

BOICHARD, D. et BOICHARD, M., 2012. New phenotypes for new breeding goals in dairy cattle. *Animal*. 2012. Vol. 6, n° 4, pp. 544-550. DOI 10.1017/s1751731112000018.

BOICHARD, D., GOVIGNON-GION, A., LARROQUE, H., MAROTEAU, C., PALHIÈRE, I., TOSSER-KLOPP, G., RUPP, R., SANCHEZ, M.P. et BROCHARD, M., 2014. Déterminisme génétique de la composition en acides gras et protéines du lait des ruminants, et potentialités de sélection. *INRAE Productions Animales*. 21 octobre 2014. Vol. 27, n° 4, pp. 283-298. DOI 10.20870/productions-animales.2014.27.4.3074.

BOUJENANE, I., 2002. Estimates of Genetic and Phenotypic Parameters for Milk Production in Moroccan Holstein-Friesian Cows. . 2002.

CERFRANCE, 2023. La filière ovine : lait et viande, les chiffres clés 2023. *Cerfrance* [en ligne]. 30 août 2023. [Consulté le 11 avril 2025]. Disponible à l'adresse : <https://www.cerfrance.fr/actualites/la-filiere-ovine-lait-et-viande>

CHANAT, E., AUJEAN, E., BALTEANU, A., CHAT, S., COANT, N., FONTAINE, M.L., HUE-BEAUVAIS, C., PÉCHOUX, C., BAGHER MONTAZER TORBATI, M., PAULOIN, A., PETITBARAT, M. et DEVINOY, E., 2006. Organisation nucléaire et expression des gènes des protéines du lait. *Journal de la Société de Biologie*. 2006. Vol. 200, n° 2, pp. 181-192. DOI 10.1051/jbio:2006020.

CLÉMENT, V., POIVEY, J.P., FOUGÈRE, O., TILLARD, E., LANCELOT, R., GUEYE, A., RICHARD, D. et BIBÉ, B., 1997. Etude de la variabilité des caractères de reproduction chez les petits ruminants en milieu d'élevage traditionnel au Sénégal. *Revue d'élevage et de médecine vétérinaire des pays tropicaux*. 1 mars 1997. Vol. 50, n° 3, pp. 235-249. DOI 10.19182/remvt.9576.

CUVELIER, C., HORNICK, J.L., BECKERS, Y., FROIDMONT, E., ISTASSE, L. et DUFRASNE, I., 2015. *L'alimentation de la vache laitière - Physiologie et Besoins*. 2015.

CUYABANO, B., 2024. Corrélations génétiques : paramètre ou phénotype latent dans les évaluations génétiques ? *Institut de l'Élevage* [en ligne]. 9 décembre 2024. [Consulté le 3 août 2025]. Disponible à l'adresse : <https://idele.fr/detail-article/correlations-genetiques-parametre-ou-phenotype-latent-dans-les-evaluations-genetiques>

DAVID, I., ASTRUC, J.M., LAGRIFFOUL, G., MANFREDI, E., ROBERT-GRANIE, C. et BODIN, L., 2008. Genetic Correlation Between Female Fertility and Milk Yield in Lacaune Sheep. *Journal of Dairy Science*. octobre 2008. Vol. 91, n° 10, pp. 4047-4052. DOI 10.3168/jds.2008-1113.

DE CREMOUX, R., SAGOT, L. et AUPIAIS, A., 2023. *Évaluer et gérer le bien-être des ovins et des caprins en élevage* [en ligne]. 23 mars 2023. [Consulté le 22 avril 2025]. Disponible à l'adresse : <https://idele.fr/detail-article/cmoubiene-evaluer-et-gerer-le-bien-etre-des-ovins-et-des-caprins-en-elevage>

DECOOPMAN, N., GUINARD-FLAMENT, J. et RESMOND, R., 2022. Lactose sanguin et lactose du lait : caractérisation de leurs facteurs de variation chez la vache laitière. *Bulletin de l'Académie Vétérinaire de France*. 2022. Vol. 175, pp. 387-394. DOI 10.3406/bavf.2022.70978.

DELIGNETTE-MULLER, M.L., 2024. *Introduction aux modèles linéaires mixtes et à leur implémentation à l'aide de la fonction lmer du package lme4*. 18 janvier 2024.

DRAAF OCCITANIE, 2025. Conjoncture Lait - Février 2025 : Lait de vache, de brebis et de chèvre - Baisse des volumes entre 2023 et 2024. *DRAAF Occitanie | Direction régionale de l'alimentation, de l'agriculture et de la forêt* [en ligne]. 14 février 2025. [Consulté le 18 avril 2025]. Disponible à l'adresse : <https://draaf.occitanie.agriculture.gouv.fr/conjoncture-lait-fevrier-2025-lait-de-vache-de-brebis-et-de-chevre-baisse-des-a9446.html>

DUFLOT, B., BELLET, V., MATRAS, C. et MORIN, E., 2024. 549 : *Economie de l'élevage*.

FBL, 2024. La filière française du lait de brebis. *France Brebis Laitière* [en ligne]. 30 septembre 2024. [Consulté le 11 avril 2025]. Disponible à l'adresse : <https://france-brebis-laitiere.fr/la-filiere/>

FERIAL, J., DUFLOT, B., MONNIOT, C. et DOCKES, A.C., 2024. *L'élevage des ruminants et la souveraineté alimentaire française* [en ligne]. 11 septembre 2024. [Consulté le 7 juillet 2025]. Disponible à l'adresse : <https://idele.fr/detail-article/lelevage-de-ruminants-et-la-souverainete-alimentaire-francaise>

HANFORD, K.J., VAN VLECK, L.D. et SNOWDER, G.D., 2005. Estimates of genetic parameters and genetic change for reproduction, weight, and wool characteristics of Rambouillet sheep. *Small Ruminant Research*. mars 2005. Vol. 57, n° 2-3, pp. 175-186. DOI 10.1016/j.smallrumres.2004.07.003.

HIBOUST, 2018. Une « Animal Task Force » française : le GIS Avenir Élevage. *IFIP* [en ligne]. 8 mars 2018. [Consulté le 17 juin 2025]. Disponible à l'adresse : <https://ifip.asso.fr/actualites/une-animal-task-force-francaise-le-gis-avenir-elevage/>

HORRIOT, R., 2021. Les quatre programmes de sélection de l'Upa Lacaune | Réussir Pâtre. [en ligne]. 28 avril 2021. [Consulté le 17 juin 2025]. Disponible à l'adresse : <https://www.reussir.fr/patre/les-quatre-programmes-de-selection-de-lupra-lacaune>

IDELE et CNE, 2024. *Chiffres clés Ovins 2024* [en ligne]. 2 septembre 2024. [Consulté le 11 avril 2025]. Disponible à l'adresse : <https://idele.fr/detail-article/chiffres-cles-ovins-2024-productions-lait-et-viande>

IDELE et GENEVAL, 2019. *Évaluation génétique des taureaux prim'holstein et pie-rouges production laitière - morphologie - caractères fonctionnels*. 15 avril 2019.

INRAE, SD. Organisation INRAE : centres de recherche, départements et gouvernance. [en ligne]. SD. [Consulté le 17 juin 2025]. Disponible à l'adresse : <https://www.inrae.fr/nous-connaître/organigramme>

INRAE, 2024a. La sélection génétique : un levier pour un élevage ovin à moindre impact environnemental. [en ligne]. 28 août 2024. [Consulté le 30 avril 2025]. Disponible à l'adresse :

<https://www.inrae.fr/actualites/selection-genetique-levier-elevage-ovin-moindre-impact-environnemental>

INRAE, 2024b. *INRAE - Missions et organisation*. 2024.

INTERBEV, 2018. Le nouveau GIS Avenir Élevages : une « animal task force » française. *Interbev* [en ligne]. 27 novembre 2018. [Consulté le 17 juin 2025]. Disponible à l'adresse : <https://www.interbev.fr/fiche/le-nouveau-gis-avenir-elevages-une-animal-task-force-francaise/>

JOURNAL OFFICIEL DE LA RÉPUBLIQUE FRANÇAISE, 2023. *Situation économique de la filière du lait de brebis* [en ligne]. 19 octobre 2023. [Consulté le 30 avril 2025]. Disponible à l'adresse : <https://www.senat.fr/questions/base/2023/qSEQ230707745.html>

KIRSCH, A., 2023. *Accord de libres échanges UE-Nouvelle-Zélande* [en ligne]. 19 décembre 2023. [Consulté le 7 juillet 2025]. Disponible à l'adresse : <https://www.agriculture-strategies.eu/2023/12/accord-de-libre-echange-ue-nz-quel-impact-sur-les-filieres-animales-europeennes/>

LAGRIFFOUL, G., MORIN, E., ASTRUC, J.M., BOCQUIER, F., DE BOISSIEU, C., HASSOUN, P., LEGARTO, J., MARNET, P.G., POULET, J.L. et BARILLET, F., 2019. Panorama de la production de lait de brebis en France et son évolution depuis 50 ans. *INRA Productions Animales* [en ligne]. 5 juillet 2019. Vol. 29, n° 1. [Consulté le 17 juin 2025]. DOI 10.20870/productions-animales.2016.29.1.2512. Disponible à l'adresse : <https://productions-animales.org/article/view/2512>

LEBLANC, S., 2010. Est-ce qu'un niveau élevé de production laitière est compatible avec une bonne performance en reproduction? . 2010.

MANFREDI, E. et ÅDNØY, T., 2012. Génétique des caprins laitiers. *INRAE Productions Animales*. 25 août 2012. Vol. 25, n° 3, pp. 233-244. DOI 10.20870/productions-animales.2012.25.3.3212.

MAVROGENIS, A.P., 1988. Genetic and phenotypic relationships among early measures of growth and milk production in sheep and goats. . 1988.

MERAÏ, A., GENGLER, N., HAMMAMI, H., REKIK, M. et BASTIN, C., 2014. Non-genetic sources of variation of milk production and reproduction and interactions between both classes of traits in Sicilo-Sarde dairy sheep. *Animal*. 2014. Vol. 8, n° 9, pp. 1534-1539. DOI 10.1017/S1751731114001347.

MEYER, K., 2007. A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by REML Wombat -. . 2007.

MIGLIOR, F., FLEMING, A., MALCHIODI, F., BRITO, L.F., MARTIN, P. et BAES, C.F., 2017. A 100-Year Review: Identification and genetic selection of economically important traits in dairy cattle. *Journal of Dairy Science*. décembre 2017. Vol. 100, n° 12, pp. 10251-10271. DOI 10.3168/jds.2017-12968.

MUCHA, S., TORTEREAU, F., DOESCHL-WILSON, A., RUPP, R. et CONINGTON, J., 2022. Animal The international journal of animal biosciences. *Animal*. 2022. Vol. 16, n° 3. DOI 10.1016/j.animal.2022.100456.

PEYRAUD, J. L., AUBIN, J., BARBIER, M., BAUMONT, R., BERRI, C., BIDANEL, J.P., CITTI, Ch., COTINOT, C., DUCROT, C., DUPRAZ, P., FAVERDIN, P., FRIGGENS, N., HOUOT, S., NOZIERES-PETIT, M.O., ROGEL-GAILLARD, C. et SANTE-LHOUELIER, V., 2020. Réflexion prospective interdisciplinaire Science pour les élevages de demain. Rapport de synthèse. 53 pp. [en ligne]. 2020. [Consulté le 17 juin 2025]. DOI 10.15454/X83C-0674. Disponible à l'adresse : <https://hal.inrae.fr/hal-02899978>

POIVEY, J.P., LANDAIS, E. et BERGER, Y., 1982. Etude et amélioration génétique de la croissance des agneaux Djallonké. Résultats obtenus au Centre de Recherches Zootechniques de Bouaké (Côte d'Ivoire). *Rev. Elev. Méd. vét. Pays trop.* 1982. Vol. 35, n° 4, pp. 421-433.

POUTOUS, M. et MOCQUOT, J.C., 1975. Relation entre critères de production, durée de lactation et intervalle entre le 1er et le 2e vêlage. *Ann. Génét. Sél. anim.* juin 1975. Vol. 7, n° 2, pp. 181-189.

PTÁČEK, M., MILERSKI, M., STÁDNÍK, L., DUCHÁČEK, J., TANČIN, V., SCHMIDOVÁ, J., UHRINČAŤ, M., MICHLOVÁ, T. et NOHEJLOVÁ, L., 2019. Effect of Milk Intake, Its Composition, and Fatty Acid Profile Distribution on Live Weight of Suckling Wallachian Lambs until Their Weaning. *Animals*. 24 septembre 2019. Vol. 9, n° 10, pp. 718. DOI 10.3390/ani9100718.

RACES MONTAGNES, SD. Ovin Lacaune. [en ligne]. SD. [Consulté le 17 juin 2025]. Disponible à l'adresse : <https://www.races-montagnes.com/fr/races/lacaune.php>

RICORDEAU, G., BARILLET, F., BIDANEL, J.P., BOUIX, J., DUCROCQ, V., MENISSIER, F. et DE ROCHAMBEAU, H., 1992. Les objectifs et les critères de sélection : Synthèse des estimations de la variabilité génétique et des liaisons entre caractères dans les différentes espèces. *INRAE Productions Animales*. 29 décembre 1992. Vol. 5, n° HS, pp. 107-116. DOI 10.20870/productions-animales.1992.5.hs.4272.

RICORDEAU, G., BOCCARD, R., DAMIANI, C. et VAN WILLIGEN, A., 1961. Relations entre la quantité de lait consommé par les agneaux et leur croissance. *Annales de Zootechnie*. 1961. Vol. 10, n° 2, pp. 113-125. DOI 10.1051/animres:19610205.

SAFARI, E., FOGARTY, N.M. et GILMOUR, A.R., 2005. A review of genetic parameter estimates for wool, growth, meat and reproduction traits in sheep. *Livestock Production Science*. mars 2005. Vol. 92, n° 3, pp. 271-289. DOI 10.1016/j.livprodsci.2004.09.003.

SAGOT, L., 2020. *Guide des Bonnes Pratiques Ovines* [en ligne]. 18 novembre 2020. [Consulté le 22 avril 2025]. Disponible à l'adresse : <https://idele.fr/detail-article/guide-des-bonnes-pratiques-ovines-1>

SMARTER PROJECT, 2018. SMALL RuminanTs breeding for Efficiency and Resilience. [en ligne]. 2023 2018. [Consulté le 30 avril 2025]. Disponible à l'adresse : <https://smarterproject.eu/>

THENARD, V., DE BOISSIEU, C. et MORIN, E., 2019. *Quatre leviers agroécologiques à activer pour renforcer l'autonomie alimentaire des systèmes ovins laitiers*. mars 2019.

THROUDE, S., ROUILLE, B. et DOLLE, J.B., 2024. Carbon footprint of sheep farms in FR. [en ligne]. 2024. Disponible à l'adresse : <https://idele.fr/detail-article/empreinte-carbone-des-elevages-ovins-francais-les-resultats-finaux-du-projet-life-green-sheep>

UPRA LACAUNE, SD. Outils de la sélection Lacaune Lait. *UPRA Lacaune* [en ligne]. SD. [Consulté le 17 juin 2025]. Disponible à l'adresse : <https://www.race-lacaune.fr/les-races-lacaune/lacaune-lait/outils-de-la-selection-lacaune-lait/>

UPRA LACAUNE, 2023. Les Races Lacaune - Lacaune Lait - Aptitudes et performances. *UPRA Lacaune* [en ligne]. 2023. [Consulté le 18 avril 2025]. Disponible à l'adresse : <https://www.race-lacaune.fr/les-races-lacaune/lacaune-lait/aptitudes-et-performances/>

VINET, A., MATTALIA, S., VALLEE, R., BARBAT, A., BERTRAND, C., CUYABANO, B. et BOICHARD, D., 2023. Trade-off between fertility and production in French dairy cattle in the context of climate change. *EAAP + WAAP + Interbull Congress 2023*. Lyon. 2023.

WEBMASTER, 2023a. Le nouveau GIS Avenir Élevages : Une « animal task force » française. [en ligne]. 7 novembre 2023. [Consulté le 17 juin 2025]. Disponible à l'adresse : <https://www.gis-avenir-elevages.org/le-nouveau-gis-avenir-elevages-une-animal-task-force-francaise>

WEBMASTER, 2023b. Missions du GIS. [en ligne]. 29 août 2023. [Consulté le 17 juin 2025]. Disponible à l'adresse : <https://www.gis-avenir-elevages.org/presentation-du-gis/missions-du-gis>

ZOUAGHI, O., HAMMAMI, M., JOUNAIDI, A., AMRAOUI, M. et ROUISSI, H., 2022. Étude comparative de la production laitière et de la composition du lait des brebis Sicilo-Sarde dans la région de Mateur et Béja (Tunisie). *Revue Marocaine des Sciences Agronomiques et Vétérinaires*. 2022.

La sélection multi-caractère permet-elle d'optimiser caractères laitiers et allaitants ?
Estimation des corrélations génétiques entre caractères laitiers et maternels chez les ovins
lait

Does multi-trait selection enable the optimisation of both dairy and maternal traits ?
Estimation of genetic correlations between dairy and maternal traits in dairy sheep

Mots-clés : ovins laitiers, sélection génétique, héritabilité, corrélations génétiques, sélection multi-caractère
Key-words : dairy sheep, genetic selection, heritability, genetic correlations, multi-trait selection

Résumé :

Ce mémoire examine les relations génétiques entre les caractères de production laitière et les caractères de croissance et de reproduction chez la brebis Lacaune, une race majeure de l'élevage ovin laitier français. L'étude repose sur l'analyse de paramètres génétiques (héritabilités, corrélations génétiques) issus de données recueillies sur plus de vingt ans dans un troupeau expérimental. Les résultats montrent que l'héritabilité directe de la production laitière (0,25-0,28) et des taux (0,56-0,65) est modérée à élevée, tandis que celle de la prolificité est faible (0,09). Les corrélations génétiques indiquent qu'il existe peu d'antagonisme entre prolificité et production laitière, permettant une amélioration conjointe. Néanmoins, un antagonisme modéré est observé entre quantité du lait et composition (TB / TP), ainsi qu'entre taux protéique et croissance directe des agneaux. L'effet génétique maternel joue un rôle clé dans la croissance précoce des descendants. Ces résultats soutiennent la faisabilité d'une sélection multi-caractère, combinant productivité et fonctions maternelles, à condition d'adopter des index équilibrés et de renforcer la collecte de données de croissance et de conformation bouchère.

Abstract :

This report investigates the genetic relationship between dairy production traits and growth and reproductive traits in the Lacaune breed, the leading dairy sheep in France. Genetic parameters (heritability, genetic correlations) were estimated using data collected over twenty years from an experimental flock. Results show moderate to high direct heritabilities for milk yield (0.25-0.28) and milk content traits (0.56-0.65), and low heritability for prolificacy (0.09). Genetic correlations reveal a little antagonism between prolificacy and milk yield, allowing simultaneous improvement. A moderate antagonism is found between milk quantity and composition (fat / protein), and between milk protein rate and lamb direct growth. The maternal genetic effect has a major impact on early lamb growth. These findings support the feasibility of multi-trait selection combining productivity and maternal functions, provided balanced indexes are used and recording of growth and carcass traits is strengthened

Nombre de pages du document final : 39

<p><u>Demandeur (entreprise, organisme...) :</u> CENTRE INRAE OCCITANIE-TOULOUSE</p>
--