

Effet du taux d'insémination animal sur le gain génétique des programmes de sélection ovins allaitants

RAOUL J. (1,2) & ELSEN JM. (2)

(1) Institut de l'Élevage, BP 42118, 31321 Castanet-Tolosan, France

(2) GenPhySE, INRA, 31326 Castanet-Tolosan, France

RESUME - De nombreux programmes de sélection des ovins en France utilisent l'insémination animale (IA). Grâce à l'IA, moins de pères sont nécessaires et le calcul de leur valeur génétique estimée (index) peut être réalisé sur la base d'un nombre plus important de performances de filles. Comparée à la monte naturelle, l'IA permet donc de réaliser une différentielle de sélection plus importante. De plus, l'utilisation de pères d'IA dans plusieurs troupeaux crée des connexions génétiques entre ces troupeaux. En France, l'IA est principalement réalisée en semence fraîche et nécessite la synchronisation de l'ovulation des brebis par un traitement hormonal. Une limitation de l'utilisation des hormones pourrait affecter le nombre d'IA réalisées dans les programmes de sélection et ainsi potentiellement décroître la connexion génétique et les gains génétiques. L'objectif de cette étude était d'évaluer les conséquences d'une utilisation réduite de l'IA sur le gain génétique pour un caractère maternel répété. À l'aide d'une modélisation stochastique, nous avons simulé un noyau de sélection de 7 500 brebis. Pour l'ensemble des scénarios évalués, les jeunes mâles étaient sélectionnés sur ascendance (index parentaux) et les mâles d'IA sélectionnés prioritairement à ceux utilisés par monte naturelle. Plusieurs niveaux du taux d'IA (pourcentage de brebis inséminées annuellement) ont été considérés pour trois organisations de programmes de sélection : 1) avec testage sur descendance des mâles d'IA, 2) renouvellement rapide des mâles d'IA et sans testage sur descendance, 3) aucun mâle n'était utilisé par IA. Les phénotypes des femelles ont été simulés en fonction de leur valeur génétique vraie, un effet aléatoire d'environnement permanent, un effet aléatoire troupeau*année et un effet aléatoire résiduel. Les index ont été calculés par un BLUP modèle animal à l'aide du logiciel BLUPF90 et le gain génétique a été calculé pour une période de 15 années. Les résultats indiquent un gain génétique de +15 à +50% pour un programme IA sans testage et de +57 à + 84% pour programme IA avec testage par rapport à un programme basé uniquement sur la monte naturelle. Les filiations incomplètes (pères des filles de monte naturelle non identifiés) induisent une diminution importante du gain génétique pour les programmes exclusivement basés sur la monte naturelle. Cet effet des filiations incomplètes sur le gain génétique est largement réduit en présence d'IA.

Effect of the rate of artificial insemination on the genetic gain for meat sheep breeding programs

RAOUL J. (1,2) & ELSEN JM. (2)

(1) Institut de l'Élevage, BP 42118, 31321 Castanet-Tolosan, France

SUMMARY – Numerous French sheep breeding programs use artificial insemination (AI). With AI, a lower number of sires are needed and the computation of their estimated breeding value (EBV) can be done based on a larger number of daughter' records. Compared to natural mating, AI allows a higher selection differential. In addition, the use of AI sires in several flocks leads to create a genetic connectedness across flocks. In France, fresh semen is used for AI and the synchronization of sheep ovulation based on hormones is needed. Future regulations on hormones could affect the number of AI achieved in breeding programs and thus potentially decrease genetic gains and genetic connectedness. The objective of this study was to assess the consequences of a reduced use of AI on genetic gain for a repeated maternal trait. Using stochastic modeling, we simulated a breeding program of 7,500 ewes. Young males were selected on average parental EBVs: AI males were first selected prior to those used as natural mating sires. Several levels of AI (% of inseminated females per year) were assessed for three breeding program designs: 1) with a progeny testing of AI males, 2) short reproductive lifetime of AI males and no progeny testing, 3) no AI. The phenotypes of the females were simulated according to their true breeding value, a permanent environmental effect, a flock x year effect and a residual effect. EBVs were computed based on a BLUP animal model using the BLUPF90 software and the genetic gain was computed for a time horizon of 15 years. Additional gains from +15 to + 50% was obtained for the AI based design without progeny testing and from +57 to + 84% for the AI based design with progeny testing compared to the natural mating based design. Incomplete pedigree (no information of natural mating sires) induce a significant decrease in genetic gain for natural mating based breeding programs. This effect of incomplete pedigree is reduced for AI based breeding programs.

INTRODUCTION

L'insémination animale (IA) joue un rôle central dans de nombreux programmes de sélection ovins allaitants. Les intérêts de l'IA sont multiples notamment sanitaires et organisationnel (Fatet *et al.*, 2008). Sur le plan génétique ce mode de reproduction permet, par rapport à la monte naturelle, l'utilisation d'un plus petit nombre de mâles et l'obtention d'un nombre de descendants par reproducteur plus élevé. Ces deux éléments offrent la possibilité d'une intensité de sélection des mâles plus élevée et d'une meilleure précision de l'estimation de leurs valeurs génétiques (index). L'IA améliore également la connexion entre troupeaux, la réalisation des accouplements raisonnés, du testage ou encore de la diffusion du progrès génétique vers la population commerciale.

En France, un peu plus de 300 000 doses sont produites annuellement par des béliers de races allaitantes dont la moitié est utilisée sur brebis laitières (Loywyck et Lagriffoul, 2016). Parmi les 150 000 doses utilisées sur brebis allaitantes, environ un tiers est utilisé à des fins génétiques (accouplements raisonnés, testage) dans les programmes de sélection. Le taux de brebis inséminées ou taux d'IA est très variable avec un continuum entre des programmes de sélection basés exclusivement sur la Monte naturelle et une situation où le taux d'IA avoisine les 80%.

L'IA est principalement réalisée en semence fraîche et nécessite la synchronisation hormonale de l'ovulation des brebis (Fatet *et al.*, 2008). L'utilisation d'hormones pour le contrôle de l'œstrus est de plus en plus contestée et leur interdiction pourrait affecter le nombre d'IA réalisées dans les programmes de sélection et ainsi potentiellement décroître le progrès génétique.

Peu d'études ont quantifié les conséquences d'une diminution du taux d'IA sur le progrès génétique. Barillet et Elsen (1979), à l'aide de modélisations déterministes basées sur l'équation du sélectionneur (gain annuel = intensité*précision*variabilité génétique/intervalle de génération) ont étudié l'intérêt de l'IA pour le programme de sélection Lacaune lait. Pour cette population de taille importante dont les pedigrees sont complets et dont la sélection repose sur le testage d'un grand nombre de mâles, leurs résultats indiquent un gain annuel de +30% pour un programme basé sur l'IA par rapport à un programme basé exclusivement sur la monte naturelle.

L'objectif de notre étude était d'évaluer les conséquences d'une réduction de l'utilisation de l'IA sur le gain génétique pour un caractère maternel répété (e.g. la taille de portée) dans le cadre d'un schéma ovin allaitant. Le schéma de sélection dépend de paramètres (nombre de mâles d'IA, nombre de mâles testés/sélectionnés) qui peuvent être optimisés pour maximiser le progrès génétique, y compris sous contrainte d'un accroissement maximal de la consanguinité. Nous avons comparé les gains génétiques associés à ces schémas optimisés pour différents taux d'IA et d'accroissement de la consanguinité. Nous avons également étudié la capacité de l'IA à compenser les situations pour lesquelles une partie des brebis issues de monte naturelle n'ont pas de paternité identifiée (filiations partielles).

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. Organisation de la population femelle

Des programmes de sélection ovins allaitants, avec ou sans testage sur descendance des mâles d'IA, ont été modélisés à

l'aide de simulations stochastiques sur une période de 20 années. La population en sélection contenait 7500 femelles distribuées dans 15 élevages de tailles variables (petits, moyen et grands troupeaux de tailles respectives avoisinant les 150, 500 et 850 femelles). La structure démographique de la population femelle (% d'individus par classe d'âge) est celle observée dans les programmes de sélection ovins allaitants en France. Le taux de renouvellement et les taux de sorties par classes d'âge ont été établies pour que la taille de la population soit constante au cours du temps. Par simplification un rythme de reproduction annuel a été considéré. La probabilité d'être fertile, dépendait, pour chaque femelle, de son âge et du type d'œstrus.

1.2. Simulation des valeurs génétiques, phénotypes et index

Un caractère maternel ($h^2 = 0.25, rep = 0.5$), enregistré une fois par an pour les femelles fertiles, était l'unique critère de sélection. Le nombre maximum d'évènements de reproduction était de 7. Les valeurs génétiques vraies pour le critère de sélection (VGV) des individus fondateurs (génération 0) étaient tirées dans une distribution normale $N(0, \sigma_G^2)$ avec $\sigma_G=1$ l'écart-type génétique additif. La VGV_i d'un individu i d'une génération suivante était simulée selon les VGV et les coefficients de consanguinité (F) de ses père (indice p) et mère (indice m) et d'un échantillonnage Mendélien (EM_i) tiré dans une distribution normale $N(0, \sigma_g^2)$:

$$VGV_i = \frac{1}{2} VGV_m + \frac{1}{2} VGV_p + \sqrt{\frac{1}{2} \left(1 - \frac{F_m + F_p}{2}\right)} EM_i$$

Le phénotype de la femelle i en année j P_{ij} était simulé en ajoutant à sa VGV un effet d'environnement permanent, tiré dans une distribution normale $N(0, \frac{rep-h^2}{h^2})$, un effet troupeau*année, ETA_j , tiré dans une distribution normale $N(0, \sigma_{ETA}^2)$, et un effet résiduel, RES_{ij} , tiré dans une distribution normale $N(0, \frac{1-rep}{h^2} - \sigma_{ETA}^2)$. Les index étaient calculés par un modèle BLUP animal à l'aide du logiciel BLUPf90 (Misztal *et al.*, 1999).

1.3. Sélection des individus

Plusieurs situations ont été évaluées variant par l'organisation de la sélection des mâles et le taux de femelles inséminées. Quelle que soit la situation, les agnelles de renouvellement étaient aléatoirement choisies parmi les nouvelles-nées issues d'IA (dans la limite de 60% de femelles nées d'IA) puis (si l'effectif de renouvellement n'était pas atteint par ce choix prioritaire) parmi les femelles nées de monte naturelle. Leur index n'était pas pris en compte dans ce choix. De même la probabilité de réforme d'une femelle dépendait uniquement de son âge (aucune réforme sur index).

Seule une partie des mâles (50% des nouveaux nés) étaient candidats à la sélection afin de tenir compte de la réforme effectuée pour d'autres raisons (e.g. caractères fonctionnels). Les jeunes mâles pour l'insémination étaient sélectionnés sur la base de leur index sur ascendance (moyenne des index parentaux). Pour les programmes de sélection incluant un testage sur descendance par IA les jeunes mâles d'IA étaient utilisés pour la première fois dans leur deuxième année. Les mâles d'IA améliorateurs étaient sélectionnés sur la base de leur index (modèle animal incluant les performances de leurs descendantes) parmi les mâles ayant fini leur évaluation sur descendance et les mâles d'IA améliorateurs encore vivants (le nombre de mâles testés annuellement peut donc être inférieur au nombre d'améliérateurs). Pour les programmes

de sélection sans testage sur descendance les mâles d'IA étaient utilisés dans leur deuxième et troisième année puis réformés. Les jeunes mâles de monte naturelle étaient sélectionnés sur index sur ascendance parmi les candidats non retenus pour l'IA puis utilisés au maximum 4 années dans un seul élevage. Le nombre de mâles sélectionnés par an et par élevage dépendait du nombre de femelles de l'élevage et de la réforme observée des mâles. Que ce soit par monte naturelle ou par insémination les mâles n'étaient pas utilisés dans leur élevage de naissance (aucun autorenouvellement).

Les taux de femelles inséminées étudiés étaient pour les programmes de sélection avec testage par IA de 50 et 80% et pour les programmes sans testage de et 0, 5, 10, 20, 50 et 80%.

1.4. Détermination du nombre optimal de mâles d'IA et statistiques calculées

Quelle que soient le type de programme de sélection évalué (avec ou sans testage) et le taux d'IA considéré, la majeure partie des variables d'entrée du modèle sont identiques (e.g. taux de mortalité par classe d'âge, taux de nouveau-nés disponibles pour la sélection). Cependant le nombre de mâles d'IA sélectionnés (mis en testage, améliorateurs, utilisés sans testage préalable) est différent selon le type de programme de sélection et le taux d'IA considéré. Pour les programmes sans testage, plus le nombre de mâles sélectionnés pour l'IA est faible plus le gain génétique est élevé mais aussi plus rapide est l'accroissement de la consanguinité. Pour les programmes avec testage chacune des combinaisons entre le nombre de mâles mis en testage et le nombre d'améliérateurs est associée à un progrès génétique et à un taux d'accroissement de la consanguinité. Afin de comparer au plus juste les situations (caractérisées par un programme de sélection et un taux d'IA), nous avons déterminé le nombre de mâles, pour un accroissement maximal donné de la consanguinité, qui maximise le progrès génétique. La valeur optimale a été recherchée dans un intervalle contraint par un nombre minimum de mâles d'insémination de 3 et un nombre moyen de doses annuelles pour les mâles « adultes » (deuxième utilisation et suivantes) compris entre 100 et 400 (maximum de 500 doses pour un mâle donné). Le nombre moyen de dose des mâles en première utilisation était de 120 doses (150 max pour un mâle donné). Par exemple, pour un schéma réalisant 3500 IA et sélectionnant 4 améliorateurs par an, il est nécessaire de tester au minimum 18 mâles pour que la moyenne des doses par améliorateurs soit en deçà de 400.

Les gains génétiques annuels (et l'accroissement annuel de la consanguinité) présentés dans cet article correspondent à la moyenne sur 50 réplifications de la pente de la régression des valeurs génétiques vraies (et du coefficient de consanguinité moyen) des femelles de 1 an sur le temps (années 5 à 20). La qualité d'estimation des effets troupeau*année est appréciée par la moyenne sur 50 réplifications des corrélations de Pearson entre effets simulés et estimés par un BLUP modèle animal. Afin de caractériser un éventuel biais d'estimation, l'écart quadratique moyen entre les effets estimés et simulés a été calculé pour les valeurs génétiques et les effets troupeaux.

2. RESULTATS

2.1. Recherche du nombre optimal de mâles d'insémination pour chaque situation

A titre d'exemple, la figure 1a représente les gains génétiques annuels en fonction du nombre de mâles mis en testage et du nombre d'améliérateurs sélectionnés annuellement (am) dans une situation où 50% des femelles sont inséminées. Ce graphique confirme que, pour un nombre donné de mâles mis en testage, plus le nombre de mâles améliorateurs est faible plus le gain génétique annuel est important. Pour un nombre donné de mâles améliorateurs sélectionnés annuellement, l'augmentation du nombre de mâles testés a d'abord un effet bénéfique sur le gain génétique puis pour des nombres élevés de mâles mis en testage, le gain diminue. Pour chacun des taux d'IA évalués, nous avons déterminé la combinaison du nombre de mâles mis en testage et du nombre d'améliérateurs qui maximise le progrès génétique. Par exemple, pour un taux d'IA de 50% et 8 améliorateurs sélectionnés annuellement, le gain génétique maximal est obtenu pour 19 mâles mis en testage.

La figure 1b représente l'accroissement annuel de la consanguinité en fonction du nombre de mâles mis en testage et du nombre d'améliérateurs sélectionnés annuellement dans la même situation où 50% des femelles sont inséminées. Ce graphique confirme que, pour un nombre donné de mâles mis en testage, plus le nombre de mâles améliorateurs est petit plus la vitesse d'accroissement de la consanguinité est rapide. De même augmenter le nombre de mâles mis en testage tend à diminuer la vitesse d'accroissement de la consanguinité et ce d'autant plus que le nombre d'améliérateurs est restreint.

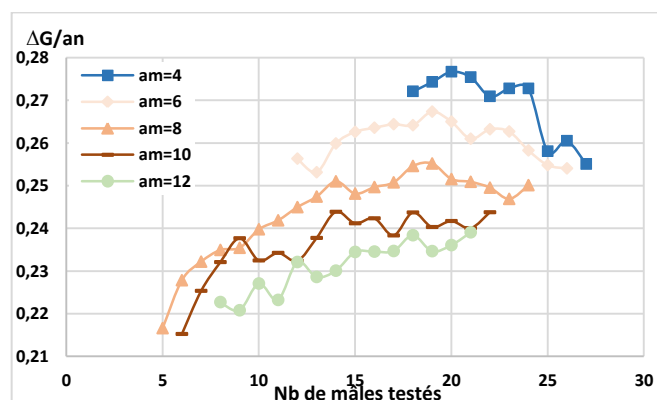


Figure 1a : gain génétique en fonction du nombre de mâles testés et d'améliérateurs.

Les graphiques 1a et 1b montrent que l'écart entre estimations du gain génétique d'une situation donnée (ici 50% de femelles inséminées) atteint jusqu'à 30% entre extrêmes tandis que cet écart atteint les 80% en termes de vitesse d'accroissement de la consanguinité.

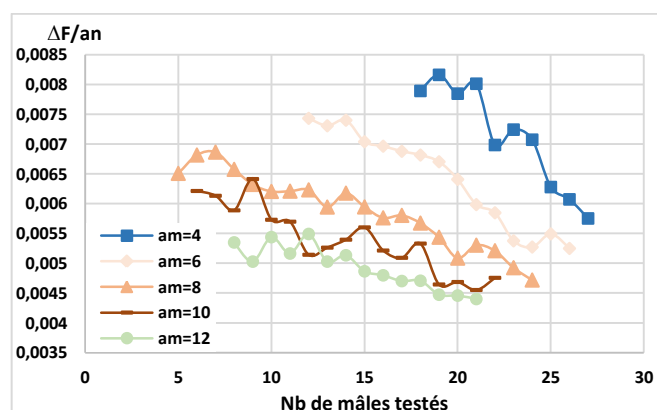


Figure 1b : vitesse d'accroissement de la consanguinité en fonction du nombre de mâles testés et d'améliérateurs.

2.2. Effet du taux d'IA sur le gain génétique

Le graphique 2 représente les gains génétiques annuels en fonction de la vitesse d'accroissement maximal de la consanguinité pour les situations évaluées : programme avec testage sur descendance par IA (taux d'IA= 50, 80%), programme sans testage (taux d'IA=5, 10, 25, 50, 80%) et programme sans IA (taux de femelles avec père identifié = 20, 100%). Le ratio entre le nombre de mâles de monte naturelle sélectionnés et le nombre de femelles mises à la reproduction en monte naturelle était identique pour l'ensemble des simulations. La vitesse d'accroissement de la consanguinité était donc similaire pour l'ensemble des schémas basés uniquement sur la monte naturelle.

Pour l'accroissement minimal de consanguinité ($\Delta F=0.002$) les programmes avec IA et sans testage permettent un gain génétique supplémentaire de +17% (taux d'IA=5%) à +34% (taux d'IA=50%) par rapport aux programmes basés exclusivement sur la monte naturelle et en paternité complète. En acceptant un accroissement supérieur de la consanguinité pour ces schémas avec IA, ce gain supplémentaire est compris entre +25% (taux d'IA=5%) et +49% (taux d'IA=50 et 80%). A classe de consanguinité équivalente le testage sur descendance permet un gain supplémentaire de +10% (taux d'IA=50%) à +17% (taux d'IA=80%).

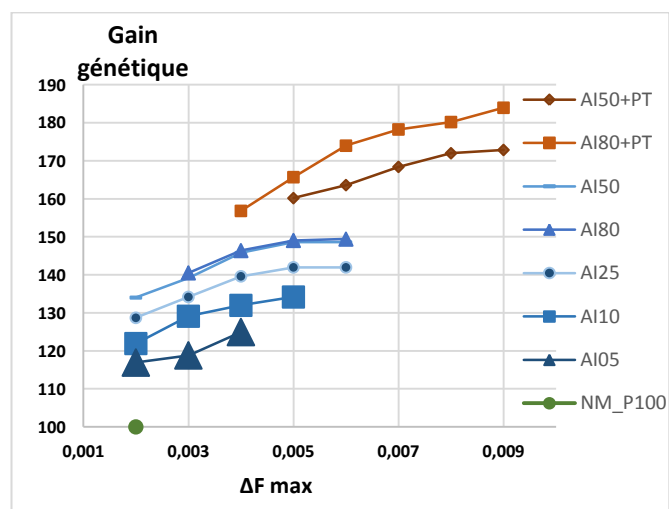


Figure 2 : Gain génétique selon le type de programme et le taux d'IA par classe d'accroissement de la consanguinité – paternités complètes (référence = 100, gain d'un schéma basé exclusivement sur la monte naturelle).

2.3. Effet du taux d'IA sur la qualité d'estimation des effets génétiques et effets troupeaux

Des indicateurs de qualité d'estimation des effets troupeau*saïson et des index sont reportés dans le tableau 1 pour des taux d'IA variables (programmes sans testage). On observe, hormis pour le gain génétique, qu'il n'y a pas de différence entre ces programmes de sélection basés sur l'IA et un programme basé sur la Monte Naturelle.

Tableau 1 Comparaison de programme selon le taux d'IA. Référence = MN, paternité complète (¹Ecart quadratique moyen)

%ia	Index	Effets troupeau* année		Gain génétique annuel
	EQ ¹	Précision	EQ ¹	
80	0.4	1.00	0.01	148
50	0.5	1.00	0.01	147
25	0.5	1.00	0.01	143
10	0.5	1.00	0.01	134
5	0.5	1.00	0.01	125
0	0.5	1.00	0.01	100

2.4. Effet combiné du taux d'IA et du taux de filiations paternelles connues des femelles sur la qualité d'estimation des effets génétiques et effets troupeaux

Des indicateurs de qualité d'estimation des effets troupeau*saïson et des index sont reportés dans le tableau 2 pour des taux d'IA et des taux de filiations paternelles connues variables (programmes sans testage). On observe une détérioration de la qualité des estimations des effets troupeau*année et une augmentation du biais des index en présence de paternités incomplètes, quel que soit le taux d'IA. En absence d'IA le gain génétique est notablement affecté (e.g. -23% pour 50% de paternités incomplètes). En présence d'IA, les répercussions sur le gain génétique varient selon le taux d'IA : de -14.4% pour un taux d'IA de 5% à -5.6% pour un taux d'IA de 25% (cas où le taux de paternité des femelles issues de monte naturelle est nul).

En cas de pedigree incomplets l'utilisation de l'IA ne permet donc pas d'améliorer la qualité d'estimation des effets troupeaux et index mais conserve sa capacité à accroître le gain génétique par rapport à une situation de monte naturelle exclusive. Le gain additionnel est toutefois plus faible par rapport à la situation où toutes les femelles issues de monte naturelle ont un père identifié et ce d'autant plus que le taux d'IA est faible.

Tableau 2 Comparaison de programmes selon le taux d'IA et le taux de paternité Référence = MN, paternité complète (¹Ecart quadratique moyen)

% IA	% de paternité des ♀ issues MN	EQ ¹ - Index ♀ de père connu.	EQ ¹ - Index ♀ de père inconnu.	Corrélation effets troupeau*année (simulés/estimés)	Gain génétique annuel
0	100	0.5		1.00	100
0	50	1.6	2.8	0.96	77
	5	2.1	2.9	0.93	70
25	50	2.5	5.1	0.93	138
	0	3.7	6.0	0.87	135
10	50	2.6	5.0	0.92	125
	0	3.8	5.7	0.87	121
5	50	2.4	4.5	0.93	114
	0	3.2	4.9	0.88	107

3. DISCUSSION

La comparaison des gains génétiques attendus par des plans de sélection nécessite de prendre en compte l'évolution du taux de consanguinité dans chacune des situations. Un gain génétique supérieur peut s'accompagner d'un accroissement plus rapide du taux de consanguinité et il est donc nécessaire de comparer ces plans à une augmentation similaire de la consanguinité (Quinton *et al.*, 1992). Dans une première étape nous avons cherché pour chaque type de programme de sélection (absence/présence d'un testage sur descendance des mâles d'IA) et taux d'IA, le nombre de mâles sélectionnés qui maximisait le progrès génétique pour une valeur limite du taux de consanguinité. Le nombre de mâles sélectionnés a des conséquences importantes en termes de gain génétique (jusqu'à 30% de différences entre extrêmes) et accroissement du taux de consanguinité (jusqu'à 80% de différences entre extrêmes). Nos résultats confirment la nécessité de comparer le gain génétique de programmes optimisés et similaires en termes d'accroissement du taux de consanguinité.

Nos résultats montrent que lorsque les filiations sont complètes, le taux d'IA a un effet fort sur le progrès génétique à un taux de consanguinité voisin : un taux d'IA de 50%, sans testage des mâles d'IA, permet d'accroître le gain génétique de +28 % par rapport à la monte naturelle. En acceptant une augmentation du taux de consanguinité (qui reste inférieur à 2% par génération), le gain apporté par le testage sur descendance des mâles (taux d'IA de 50%) est de +60% par rapport à l'utilisation exclusive de la monte naturelle. Cet écart est plus important que le gain additionnel de +30% reporté par Barillet et Elsen (1979). Dans cette dernière étude, la valeur des paramètres étaient adaptées à la situation Lacaune lait et le plan de sélection « Monte Naturelle » incluait une sélection sur descendance des mâles qui pouvaient être utilisées jusqu'à 8 ans. Dans la présente étude, les mâles ont une durée d'utilisation plus réduite, en conformité avec les pratiques observées dans les élevages ovins allaitants en contrôle de performances.

Les gains obtenus pour des taux d'IA de 50 et 80% sont similaires pour les programmes sans testage. Un taux d'IA de 50% est en effet suffisant pour assurer le renouvellement mâle et femelle du noyau et le taux d'IA a peu d'effet sur la précision des index sur ascendance (limite biologique dû à l'utilisation de l'IA en semence fraîche). Par contre le niveau génétique des animaux nés dans le noyau et diffusés dans la population commerciale sera supérieur pour un taux d'IA de 80%. Pour les schémas avec testage, il existe une différence significative entre les taux d'IA de 50 et 80%. Pour ces types de schémas, l'augmentation des doses d'IA se traduit par un nombre de mâles testés supérieurs et donc une hausse de l'intensité de sélection après testage.

Par rapport aux schémas avec IA, la qualité des connexions n'est pas détériorée pour le plan de sélection basé uniquement sur la monte naturelle et sans auto-renouvellement des mâles dans les élevages tant que les filiations paternelles des femelles sont totalement identifiées. En cas de filiations incomplètes, les effets troupeau année sont moins bien estimés, les index sont biaisés et le gain génétique baisse. La diminution de gain génétique obtenue dans cette étude (-23% lorsque seule la moitié des femelles ont un père identifié) est supérieure à celle reportée dans Raoul *et al.* (2017), étude dans laquelle les progrès génétiques étaient estimés à partir d'un modèle déterministe ne prenant pas en compte les éventuels problèmes de connexion entre troupeaux ou biais d'estimation des index.

La modélisation réalisée pour cette étude peut être adaptée à l'ensemble des situations ovines incluant les programmes de sélection ovin lait sans sélection génomique. En cas de sélection génomique il est nécessaire de modéliser le génome des individus tel que dans Raoul *et al.* (2017) ou bien d'utiliser un modèle pseudo-stochastique (Dekkers, 2007), à condition de connaître a priori la précision des index génomiques.

CONCLUSION

Dans cette étude nous avons obtenu, par rapport à un programme basé exclusivement sur la monte naturelle, un gain génétique de +15 à +50% pour un programme avec IA sans testage et de +57 à +84% pour un programme avec IA et testage. Lorsque les pères des filles de monte naturelle ne sont pas connus, l'IA ne permet pas de rétablir la qualité des estimations des effets troupeaux et des index mais une partie du gain additionnel par rapport au programme exclusivement basé sur la monte naturelle est conservée.

Barillet F., Elsen JM., 1979. 5ème Jou. Rec. Ovi. et Cap. 186–204.

Dekkers J. C. M., 2007. J. Ani. Bre. Gen. 124. 331–341

Fatet A., Leboeuf B., Freret S., Druart X., Bodin L., Caillat H., David I., Palhière I., Boué P., Lagriffoul G., 2008. 15^{ème} jour. Rec. Ren. Rum.

Loywyck V., Lagriffoul G., 2017. Coll. Res. Idele

Misztal I., 1999. Interbull Bull. 20:33–42.

Quinton M., Smith C., Goddard M. E., 1992. J. of Ani. Sci., 70, 1060–1067

Raoul J. Palhière I. Astruc JM. Elsen JM., 2016. J. of Ani. Sci. 94(9), 3663-3683.

Raoul J., Swan A.A., Elsen JM, 2017. Gen. Sel; Evo. 49

