

VERS UNE SÉLECTION GÉNÉTIQUE POUR RÉDUIRE LES ÉMISSIONS DE MÉTHANE ENTÉRIQUE DES BOVINS LAITIERS FRANÇAIS

Thèse de Solène **FRESCO** ¹

Analysée par Jean-Louis **PEYRAUD** ²

Directeur de thèse : Didier **BOICHARD**, Directeur de recherche INRAE, UMR GABI, Jouy-en-Josas, Université Paris-Saclay, INRAE, AgroParisTech

Co-encadrement de thèse : Pauline **MARTIN**, Chargée de recherche INRAE, UMR GABI, Jouy-en-Josas, Université Paris-Saclay, INRAE, AgroParisTech

Co-supervision : Sébastien **FRITZ**, responsable équipe génétique Eliance

1. Intérêts et objectifs de la thèse

La thèse porte sur la possibilité de réduire par la voie génétique les émissions de méthane des vaches laitières avec une question centrale : « peut-on sélectionner des vaches laitières émettant moins de méthane sans (trop) pénaliser les autres traits des animaux ? ». Ce sujet est d'importance au vu des défis auxquels l'élevage de ruminants doit faire face dans un contexte de réchauffement climatique.

La thèse s'inscrit comme un élément pivot du projet MethaBreed et du vaste programme Méthane 2030 financé dans le cadre de France 2030.

2. Démarche adoptée et acquis du travail

La thèse a permis d'approfondir les connaissances sur la génétique des émissions de méthane, estimer les paramètres génétiques sur de grands effectifs, estimer des paramètres génétiques pour comprendre l'évolution des caractères en cours de lactation, identifier de nouvelles régions du génome impliquées dans les émissions. Elle a aussi permis de produire de nouveaux outils en 1) proposant des équations de prédiction de la valeur génétique des individus, 2) fournissant des paramètres génétiques spécifiques aux populations de vaches françaises pour différentes races et 3) en proposant un index de synthèse pour l'indexation des animaux dans un objectif de réduction des émissions. Au final, les avancées sont déterminantes et l'ensemble des résultats est très convaincant.

Le travail a comporté trois étapes : recherche de phénotypes pertinents et mesurables à grande échelle (chapitres 3 et 4), évaluation génétique et génomique des caractères identifiés avec mise en évidence d'une possibilité de sélection (chapitre 5 et 6) et élaboration de

¹ Thèse de doctorat préparée au sein de l'École doctorale ABIES n° 581 : Agriculture, alimentation, biologie, environnement et santé de l'université Paris-Saclay. Spécialité : Génétique animale - Graduate School : Biosphera. Cette thèse a été financée, dans le cadre d'un contrat CIFRE avec l'entreprise Eliance, par APIS-GENE et l'Association Nationale de la Recherche et de la Technologie (ANRT). Elle a été réalisée au sein de l'Unité Mixte Technologique eBIS à Jouy-en-Josas, regroupant l'équipe Génétique et Génomique Bovines (G2B) d'INRAE (département Génétique Animale, Unité de Recherche Mixte Génétique Animale et Biologie Intégrative – GABI), Eliance, la fédération des entreprises de sélection et de conseil en élevage, et l'Institut de l'Élevage. Présentée et soutenue le 26 mars 2025.

² Membre titulaire de l'Académie d'agriculture de France, Section 3 « Élevage ».

stratégies de sélection réduisant les émissions de méthane tout en préservant au mieux les autres performances (chapitre 7). Ce dernier point a été réalisé en étroite collaboration avec Eliance et concerne les races Holstein et Montbéliarde.

Les choix méthodologiques pour le phénotypage, en particulier les mesures d'émissions de CH₄ par les Greenfeed (système commercial couplant la distribution d'aliments et l'analyse automatisée de l'air expiré par les animaux) pour un phénotypage direct des animaux et l'utilisation de spectres MIR (analyse dans le moyen infra-rouge) de caractérisation des composants du lait, pour un phénotypage indirect sont bien expliqués. Ils sont tout à fait pertinents, eu égard au grand nombre de données qu'il fallait obtenir pour un travail de génétique. Des précautions ont été prises (chapitre 3) pour compenser la faiblesse des mesures individuelles et instantanées opérées par les Greenfeed (choix de fenêtre de temps pour les mesures, nombre de mesures nécessaires). En ce qui concerne l'analyse des spectres MIR du lait (chapitre 4), l'auteure est allée chercher les compétences nécessaires dans le laboratoire européen le plus en pointe sur les méthodologies d'analyses spectrales dans le proche et moyen infra-rouge. La démarche utilisée est rigoureuse en appliquant les techniques de validation croisée.

Le travail, très solide scientifiquement, aboutit à de nouvelles connaissances et des résultats déterminants et utilisables en sélection :

- 1) Mise en évidence de différences inter-individuelles d'émissions de méthane avec des corrélations génétiques intra-lactations très élevées pour les trois races étudiées (Holstein, Normande, Montbéliarde).
- 2) Démonstration qu'une sélection sur les émissions de méthane est possible (chapitre 5) car il y a une forte similarité des paramètres génétiques entre races ; l'héritabilité des caractères est modérée et favorable à la mise en place d'une sélection génétique ; les corrélations génétiques entre les caractères Méthane et les caractères d'intérêt déjà intégrés dans les objectifs de sélection sont assez faibles à modérées (il n'y aura donc pas de contre sélection).
- 3) Etude GWA (genome-wide association) qui a permis d'identifier des QTL (80 à 100 selon les races, en fait 2 à 30/trait CH₄) et de nombreux gènes candidats dont certains sont impliqués dans la production et composition du lait et d'autres sont en lien avec le microbiote. Ces résultats montrent que les traits CH₄ sont très polygéniques.
- 4) Démonstration qu'il est possible de réaliser un gain de 1% par an sur les émissions de méthane (chapitre 7) en intégrant un trait CH₄ synthétique dans l'ISU (Index de Synthèse Unique) à raison de 30%, tout en minimisant le ralentissement du progrès génétique sur les autres caractères sélectionnés.

Des interrogations demeurent. Celles-ci ont été bien identifiées, notamment dans la discussion générale (chapitre 8) où l'auteure fait preuve d'une excellente prise de recul. Ce travail pionnier nécessite une suite :

- 1) Six traits « Méthane » (CH₄/j calculé de quatre manières, CH₄/kg lait et CH₄/kg matière sèche (MS) ingéré) ont été utilisés et les comportements sont différents entre eux. Ils ne partagent d'ailleurs pas les mêmes régions du génome, même si certaines semblent communes. Le critère « CH₄/j » semble plus performant, mais il dépend d'autres critères qui ne sont aujourd'hui pas pris en compte dans les modèles d'évaluation des individus et doit donc pouvoir être amélioré (voir point 3 ci-dessous) comme le mentionne l'auteure. Le choix des critères ayant de faibles corrélations génétiques avec la production est aussi bien justifié. Le fait que le trait « CH₄/kg de lait » ne soit pas le plus performant n'est pas vraiment discuté.
- 2) Pour l'évaluation des individus, l'explication sur le choix retenu, qui consiste à utiliser un index de synthèse combinant deux traits CH₄, est justifiée en l'état actuel des connaissances et des performances modérées des équations développées (réduction

de l'erreur potentielle liée à chaque trait pris isolément). Cette approche pragmatique est convaincante et va permettre des progrès dans un premier temps, mais dans le même temps, elle n'est pas totalement satisfaisante (ne peut-on pas cumuler les erreurs dans certaines situations ?). Par ailleurs, l'intérêt d'utiliser une équation générique plutôt que des équations pour chaque race, même si en l'état les équations sont différentes entre races, est bien étayé car c'est une approche plus robuste et qui permet d'intégrer plus facilement les races à petits effectifs. La position exprimée par l'auteure est ici claire et pertinente.

- 3) Comme mentionné, il faudrait évidemment pouvoir améliorer la qualité des équations de prédiction en ayant recours à des populations de calibration plus larges et plus diverses (notamment pour le MIR, chapitre 4). Il faut notamment intégrer d'autres critères relatifs à l'animal (parité comme c'est déjà le cas, mais aussi niveau de production, poids et/ou format) qui peuvent affecter la production de méthane et ne sont pas pris en compte par les spectres MIR du lait. Il faudrait aussi pouvoir considérer les grands types de rations (% concentré, prise en compte du pâturage), car ils peuvent affecter les spectres MIR, notamment *via* les variations de composition en acides gras (AG à nombre impair de C, AGPI) des laits.
- 4) Les résultats de la thèse sont mis en perspective, en relation avec la demande de la profession qui ne souhaite pas voir ralentir le progrès sur les autres critères de l'ISU et qui s'est prononcée pour un critère CH₄/kg lait qui n'est pas, aujourd'hui, le plus performant.
- 5) La question de l'utilisation de mesures directes par les "sniffers" (appareils de détection à distance des sources d'émissions de méthane) pour phénotyper les animaux, comme c'est le cas au Danemark ou aux Pays Bas plutôt que de continuer à travailler avec les spectres MIR du lait, est bien posée. L'auteure semble prendre le parti de continuer avec les spectres MIR, ce qui semble pertinent.

Toutefois quelques points auraient mérité d'être approfondis :

- 1) Compte tenu de son importance, il aurait été intéressant d'analyser l'origine d'une moindre performance du critère d'efficacité (CH₄/kg lait) et de dégager les pistes pour pouvoir le rendre utilisable.
- 2) Le critère CH₄/kg MS ingérée apparaît décevant alors qu'il est, *a priori*, au plus près de la source des émissions. Ce point n'est pas vraiment discuté. On peut imaginer que, dans les données de la ferme INRAE du Pin, la gamme de variation de ration est trop étroite. Il faudrait pouvoir diversifier les rations en mobilisant d'autres unités de recherches (INRAE, IDELE) également équipées de Greenfeed. De même, les causes d'une moindre émission seraient à creuser (rôle du comportement alimentaire, dynamique du transit digestif, composition du microbiote, *etc.*). Une question demeure aussi concernant la relation éventuelle entre ce trait méthane et l'efficacité de la digestion de la cellulose.
- 3) Un autre point qui reste à élucider est de savoir s'il y a différents types d'animaux efficaces produisant moins de méthane par kg de lait (comportement alimentaire, digestion, métabolisme)
- 4) Au niveau des analyses génétiques (chapitre 6), des commentaires auraient été appréciés sur le fait que peu des régions génomiques identifiées recoupent celles rapportées par d'autres travaux dans la littérature, ainsi que sur les différences mises en évidence entre les deux races étudiées (Holstein et Montbéliarde), qui ne sont pas discutées.

3. Valorisation scientifique

La valorisation scientifique est excellente avec quatre publications parues dans des revues à comité de lecture et une soumise, toutes en premier auteur. Il faut y ajouter huit communications dans des congrès scientifiques nationaux ou internationaux et cinq communications auprès des professionnels et du grand public. Il serait utile de produire au moins une publication de synthèse sur le travail en s'appuyant sur l'analyse réalisée dans la partie discussion générale et ouvrant des pistes de progrès à explorer (chapitre 8).

Au-delà de la valorisation par des publications, il faut noter que les acquis de la thèse vont être intégrés dans les schémas de sélection nationaux des vaches laitières dès 2025, ce qui est remarquable.

4. Qualité du manuscrit

Le manuscrit est organisé en huit chapitres qui s'enchainent dans un ordre parfaitement logique et qui transcrit bien la cohérence de la démarche scientifique. L'introduction pose très clairement la problématique et la question de recherche. Les deux premiers chapitres font l'état de l'art sur 1) les émissions de méthane des vaches laitières (mécanismes de production de méthane, méthodes de mesure, principaux leviers de mitigation) et 2) les méthodes d'analyse génétique et de sélection génomique et la connaissance du caractère méthane et de sa variabilité génétique. Les chapitres 3 et 4 sont consacrés au phénotypage des émissions de méthane. Les chapitres 5 et 6 concernent l'estimation des paramètres génétiques et la détection des régions du génome (voire de quelques gènes) liés aux émissions de méthane. Le chapitre 7 propose une méthode d'évaluation génomique des émissions de méthane et la mise en œuvre d'une sélection pour les réduire. Le chapitre 8 met en perspective l'ensemble des résultats acquis.

Bien que long (237 pages), le document est de très bonne facture. Il se lit assez facilement, l'expression écrite est claire et la présence d'encarts bien conçus en fin de chaque chapitre sur « ce qu'il faut retenir » est fort utile et contribue à la clarté du document. Le document est riche, il fournit beaucoup d'informations. Deux petites remarques néanmoins 1) le chapitre 2 aurait gagné à être illustré par quelques exemples numériques pour aider à fixer les idées et les ordres de grandeur et mieux expliquer l'origine biologique de la variabilité des paramètres notée dans la littérature ; 2) Les mots « favorable » et « défavorable » sont utilisés pour qualifier les corrélations génétiques. C'est ambigu car, dans le contexte de la thèse, ces mots se réfèrent à des corrélations positives ou négatives selon les cas.

5. En conclusion

Il s'agit d'un travail tout à fait remarquable tant sur le fond que sur la forme. Les avancées des connaissances sont importantes et vont jusqu'à l'opérationnel pour la sélection de vaches moins émettrices de méthane. La valorisation scientifique des résultats est aussi de haut niveau. Les résultats originaux de cette thèse s'inscrivent pleinement dans le champ d'intérêt de l'Académie d'agriculture de France et justifie sa valorisation par la présentation de son analyse sur le Site et dans le Mensuel de l'Académie.