

Indexation Bovine Laitière

Note d'information aux organisations génétiques des bovins laitiers



IBL n° 2011-4
16/06/2011
Référence n°001172026



Sommaire :

1. Publication des index génomiques des taureaux
2. Diffusion des index génomiques des femelles

1. Publication des index génomiques des taureaux

Depuis juin 2009, la publication des index des taureaux était fondée sur les règles suivantes :

- Les index diffusés étaient soit issus des indexations génomiques soit issus des indexations polygéniques ;
- Les index génomiques étaient réservés aux jeunes taureaux mis en marché par les ES (type d'autorisation 12) ;
- Les index génomiques initiaux étaient remplacés par les index classiques quand le taureau avait une descendance jugée suffisante ;

Ces règles ne sont plus justifiées parce que l'évaluation génomique recouvre maintenant tous les caractères de l'évaluation classique et parce que sa méthodologie a évolué pour gagner en précision ; citons le passage de la Sam2 à la SamG intégrant beaucoup de petits QTL en juin 2010, puis la détection des QTL associés aux performances combinées plutôt qu'aux performances directes des caractères fonctionnels en février 2011. Par ailleurs, le passage des index génomiques aux index polygéniques pouvait amener des fluctuations supplémentaires d'index quand la composante génomique était supprimée (seulement 26 taureaux avaient subi ce passage en février dernier).

Un autre argument est que l'évaluation génomique, en valorisant les produits de la dernière évaluation classique, est toujours plus riche et donc a priori plus précise. Ces raisons ont amené France Génétique Elevage à accepter la généralisation de la diffusion des index génomiques pour les taureaux pris en charge par les ES participant au programme. Ainsi :

- Les taureaux « mis en marché » après sélection génomique conservent désormais des index génomiques tout au long de leur carrière ;
- Les taureaux « mis en confirmation sur descendance » après sélection génomique auront des index génomiques diffusés avec l'arrivée en production de leurs filles (ces taureaux sont attendus seulement à partir de 2012) ;

- Pour les taureaux « mis en testage sur descendance » et génotypés, les index génomiques remplacent ou remplaceront désormais les index classiques.

Les seuils de publication des index génomiques laitiers et morphologiques des taureaux dont on attend la descendance sont identiques aux seuils de publication des index polygéniques (CD, nombre de filles et/ou de troupeaux). En revanche, pour les index fonctionnels, dont la précision est très améliorée par l'évaluation génomique, la publication dépendra seulement du CD et pas du nombre de filles avec performances.

2. Diffusion des index génomiques des femelles

Suite à l'ouverture du service de génotypage aux femelles, des index génomiques vont être diffusés pour la première fois en juin 2011.

Méthode d'évaluation

Elle est identique à celle des taureaux car les animaux des deux sexes sont évalués ensemble (cf. la note IBL 2010-5). L'index résulte de la somme des effets des QTL attribués à l'animal complétée par une composante polygénique, toutes deux étant déterminées à partir des performances corrigées résumées sous forme de déviation moyenne des filles des taureaux. Autrement dit les performances propres d'une femelle ne contribuent pas actuellement directement à son évaluation ; la composante polygénique et les effets des QTL sont estimés à partir des populations de référence comprenant en juin 2011 18 300 taureaux prim'holstein grâce au consortium Eurogenomics, 1 600 taureaux montbéliards et 1 400 taureaux normands.

Règles de publication

Pour les femelles faisant l'objet d'un contrat entre une Entreprise de Sélection et l'éleveur, les règles définies par France Génétique Elevage prévoient l'officialisation des index dès que la femelle a un vêlage connu ou dès qu'elle atteint un âge minimal par race (18 mois pour une prim'holstein, 20 mois pour une normande, 30 mois pour une montbéliarde). Quand ces conditions ne sont pas remplies pour les femelles sous contrat, les index ne sont pas officiels sauf autorisation explicite. En revanche pour une jeune femelle non contractée, les index sont officiels sans délai. Une autre condition est, comme pour tout index classique, d'avoir un CD minimal de 0.30. Les index génomiques sont préférés aux index classiques qu'ils remplacent s'il y a lieu pour une adulte.

Précision des index (cf. graphiques)

Les femelles génotypées sont évaluées pour tous les caractères indexés chez les taureaux et la précision des index est identique pour les jeunes animaux sans considération de leur sexe. Par rapport à l'indexation classique, ceci signifie l'extension de l'évaluation à de nouveaux caractères fonctionnels avec une précision moyenne de l'ordre de 0.50 ; et pour les caractères déjà évalués (production laitière, morphologie, comptages cellulaires et synthèse raciale), ceci se traduit par une précision accrue, vers 0.65 pour une montbéliarde ou une normande, entre 0.65 et 0.70 pour une prim'holstein. Par exemple la précision de l'index fertilité polygénique, qui était de l'ordre de 0.30 pour une nullipare et de 0.35 pour une primipare, atteint en moyenne 0.60, 0.54 et 0.51 pour l'index fertilité génomique d'une génisse prim'holstein, montbéliarde ou normande. Et pour une vache en 1^{ère} lactation la précision de l'index quantité de lait, jusqu'à présent évaluée à 0.52, passe en moyenne à 0.63 pour une normande, 0.65 pour une montbéliarde et plus de 0.71 pour une prim'holstein.

Comparaison des index génomiques et polygéniques des vaches (cf. tableaux 1-a et 1-b)

On disposait de deux groupes d'animaux indexés en février 2011 : la population génotypée à la demande des ES (population « Select » : 1029 MO, 1109 NO et 2905 PH avec des index laitiers et presque toujours des index morphologiques et de synthèse) et la population du programme Phénofinlait répartie équitablement sur un groupe de pères de service (population « PFL » : à l'époque 458 MO dont 445 avec ISU, 418 NO dont 210 avec ISU, 540 PH dont 158 avec ISU).

Dans la population PFL qui comporte des vaches « ordinaires », les index moyens génomiques ou polygéniques sont très proches avec une baisse limitée des index quantitatifs laitiers, un peu plus marquée dans les troupeaux montbéliards. Ainsi, les hausses d'Inel et d'ISU sont à peu près aussi fréquentes que les baisses dans ces populations : 49 % et 48 % pour les PH, 49 % et 44 % pour les NO, 37 et 35 % pour les MO.

Dans la population sélectionnée au contraire, le constat est un niveau plus bas des index génomiques pour les index quantitatifs laitiers et pour l'ISU, ainsi que pour la synthèse morphologique des montbéliardes et des normandes. Seule une minorité de vaches sélectionnées ont des index Inel et ISU génomiques en hausse par rapport aux index polygéniques : de l'ordre de 30 % des vaches PH et de 10 % des vaches MO et NO. La supériorité estimée à partir des performances propres des femelles n'est donc que partiellement expliquée par la présence d'allèles favorables des QTL repérés et évalués dans la population de référence des taureaux. En évaluation génomique, les vaches sélectionnées conservent une supériorité sur la population ordinaire (soit 30.2 pts d'ISU en PH, 10 pts en NO, 9.3 pts en MO) mais cette supériorité a diminué d'environ 7 pts, 15 pts et 10 pts respectivement.

Variation des index et reclassement des vaches (cf. tableaux 2, 3 et 4)

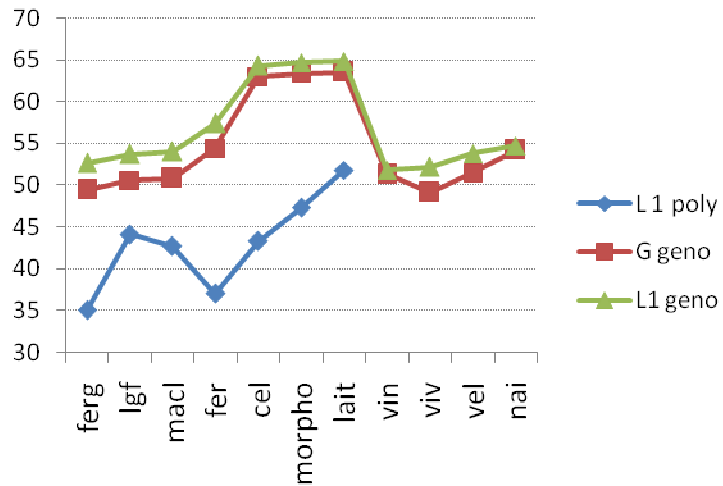
Le rapprochement des niveaux moyens des deux populations s'accompagne de variations individuelles d'index résumées au tableau 2. Comme pour tout changement méthodologique important, la hiérarchie des animaux est sensiblement modifiée.

Le niveau de l'indicateur choisi, la corrélation entre classements, dépend de la précision des deux évaluations qu'on compare. Si elles étaient indépendantes, cette corrélation serait de l'ordre de 0.55 pour Cel à 0.60 pour la quantité de lait dans un échantillon représentatif de la population ; mais parce qu'elles ne sont pas indépendantes puisqu'il s'agit de deux façons d'interpréter les mêmes performances, ce niveau de corrélation est un minimum attendu. On constate que dans la population PFL, supposée représentative, ces seuils sont atteints pour la production quantitative et pour l'ISU, et dépassés pour la morphologie et les comptages cellulaires. L'ampleur du reclassement des femelles est donc justifiable.

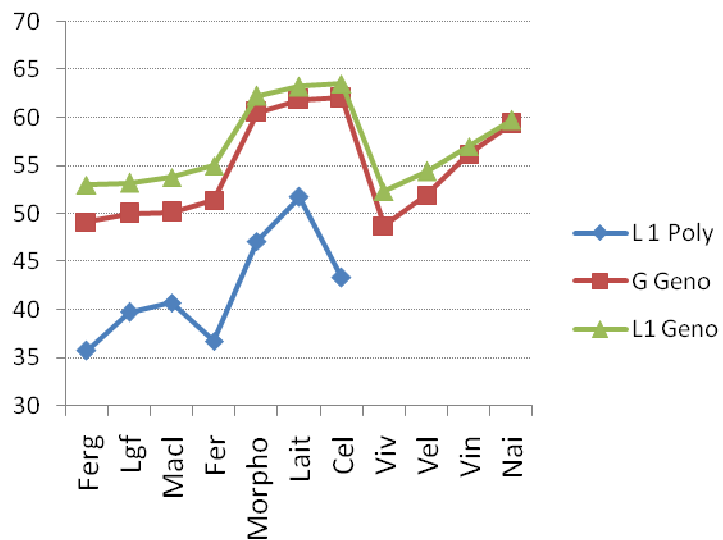
Dans la population sélectionnée, on observe pour la plupart des caractères les mêmes niveaux de corrélation que dans la population Phénofinlait. Les exceptions sont la production quantitative et l'ISU dont les indicateurs dépendent de la race : la hiérarchie des vaches sélectionnées prim'holstein est mieux conservée, mais celle des montbéliardes et des normandes est très remaniée par rapport aux populations ordinaires. Une explication de ces résultats est à rechercher dans la variabilité des index des différentes populations : si elle est initialement large, la hiérarchie est moins remise en cause par des variations individuelles d'index (cas des vaches sélectionnées PH) et inversement (cas des vaches sélectionnées NO).

En conclusion, les variations observées sont conformes aux attentes avec des changements s'expliquant d'une part par l'augmentation de la précision des index, d'autre part par la suppression de risques de biais liés à des événements individuels non pris en compte par l'évaluation polygénique (traitements particuliers, accidents) ou liés à des situations particulières (pedigrees étrangers). Les femelles les plus affectées sont celles dont les index classiques étaient plus élevés. C'est un phénomène habituel : une femelle parmi les meilleures a statistiquement plus de risques d'être reclassée à la baisse plutôt qu'à la hausse. Enfin, avec des précisions plus homogènes entre caractères, le classement sur l'ISU génomique augmentera l'influence des aptitudes fonctionnelles et reflétera mieux les orientations raciales.

CD des index des femelles montbéliardes



CD des index des femelles normandes



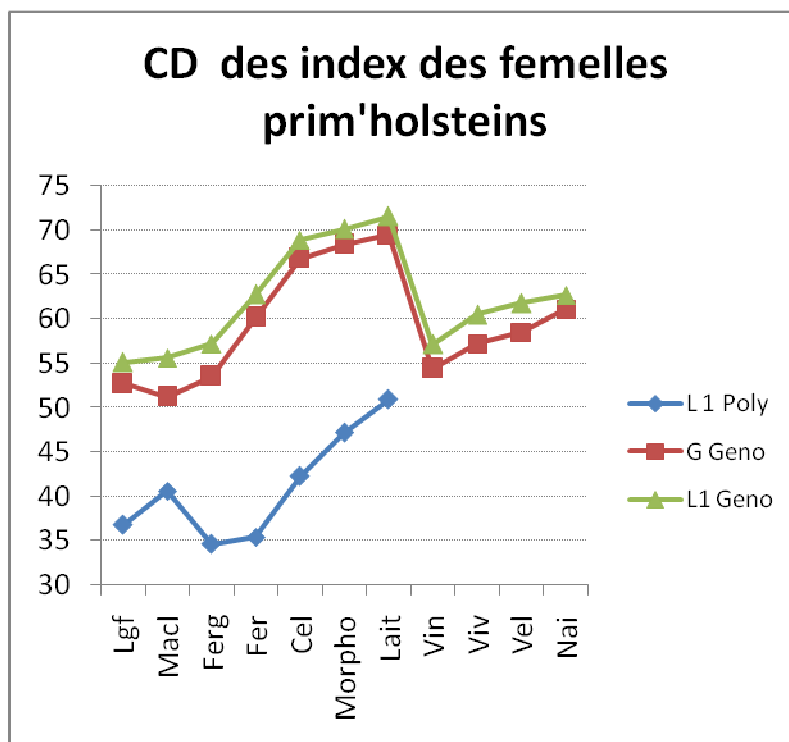


Tableau 1-a : Moyenne des index génomiques de la population PFL

	Race PH		Race MO		Race NO	
	Index Géno	Ecart (Géno-Poly)	Index Géno	Ecart (Géno-Poly)	Index Géno	Ecart (Géno-Poly)
ISU	111.4	-0.8	109.4	-5.4	109.7	-1.9
INEL	11.6	-0.7	8.4	-4.7	10.3	-1.8
LAIT	216	-71	163	-128	160	-70
TB	0.0	0.3	0.1	0.1	0.3	0.1
TP	0.3	0.2	0.1	0.0	0.4	0.1
Morphologie	0.1	-0.1	0.2	-0.1	0.1	0.0
CEL	-0.2	-0.1	-0.1	-0.1	-0.2	-0.1

Tableau 1-b : Moyenne des index génomiques de la population Select

	Race PH		Race MO		Race NO	
	Index Géno	Ecart (Géno-Poly)	Index Géno	Ecart (Géno-Poly)	Index Géno	Ecart (Géno-Poly)
ISU	141.6	-8.0	118.7	-15.8	119.7	-17.1
INEL	30.4	-7.3	14.7	-14.0	18.3	-15.2
LAIT	905	-190	356	-318	390	-361
TB	-1.0	0.0	-0.3	-0.1	-0.1	0.0
TP	-0.2	-0.2	0.1	-0.1	0.4	0.0
Morphologie	1.5	0.0	0.5	-0.3	0.2	-0.2
CEL	0.4	-0.1	0.1	-0.1	0.1	-0.2

Tableau 2 : Variation des index des vaches avec le passage à l'indexation génomique (écart-type des différences entre index génomiques et polygéniques)

	Race PH Select	PFL	Race MO Select	PFL	Race NO Select	PFL
ISU	13.3	13.1	12.0	11.8	12.3	11.9
INEL	13.6	12.8	13.1	11.6	12.6	11.2
LAIT	398	386	333	294	322	282
TB	1.7	1.8	1.2	1.1	1.4	1.3
TP	0.8	0.8	0.7	0.6	0.7	0.7
Morphologie	0.5	0.5	0.4	0.5	0.3	0.4
CEL	0.6	0.6	0.5	0.5	0.5	0.5

Tableau 3 : Corrélations entre index génomiques et polygéniques des vaches

	Population PFL			Population Select		
	Race PH	Race MO	Race NO	Race PH	Race MO	Race NO
ISU	0.58	0.50	0.52	0.64	0.53	0.35
INEL	0.59	0.53	0.57	0.61	0.44	0.35
LAIT	0.57	0.53	0.60	0.66	0.43	0.43
TB	0.76	0.70	0.75	0.74	0.65	0.70
TP	0.70	0.59	0.76	0.77	0.64	0.71
Morphologie	0.77	0.65	0.67	0.80	0.74	0.66
CEL	0.67	0.67	0.73	0.66	0.72	0.72

Tableau 4 : écart-types des index polygéniques des populations étudiées

	ISU (pts)	INEL (pts)	LAIT (kg)
NO Select	10.3	10.9	291
NO PFL	12.5	12.8	320
MO Select	12.2	12.9	326
MO PFL	12.3	12.8	323
PH PFL	12.2	13.4	367
PH Select	15.8	15.7	462