

Indexation Bovine Laitière

Note d'information aux organisations génétiques des bovins laitiers



IBL n° 2011-1
24/02/2011
Référence n°001172010



Sommaire :
Effets du changement de base de février 2011
Nouveautés dans l'évaluation génomique fonctionnelle

1. Effets du changement de base d'indexation de février 2011

Depuis le 1er traitement de 2010 les évaluations génétiques sont pour la plupart exprimées en écart à un groupe de femelles. Pour les huit races conduisant des programmes de sélection, la population de référence de 2011 comprend les vaches filiales nées de 2003 à 2005. Le décalage d'une année de naissance entraîne les variations d'index ci-dessous, identiques pour les mâles et pour les femelles. Une variation négative correspond à une hausse du niveau génétique associée au rajeunissement de la population de référence, ce qui se traduit par une baisse apparente des index.

Evolution des index avec la base femelle 2011

RACE	AB	PR	BR	TA	SF	MO	NO	PH
Cel	-0.03	+0.01	+0.10	-0.07	0	-0.06	+0.04	-0.04
Macl	/	/	/	/	/	+0.01	+0.06	0
Fer	0	+0.07	+0.07	-0.02	-0.01	-0.05	+0.03	-0.04
Ferg	0	0	+0.05	-0.03	-0.02	-0.04	-0.02	-0.02
Ivia1	/	/	/	/	/	-0.01	-0.02	+0.02
Lgf	-0.04	+0.02	0	-0.10	-0.09	-0.10	-0.04	-0.05
Lait	-18	-73	-45	-51	-101	-73	-83	-76
Mg	-0.9	-2.9	-1.8	-2.3	-3.6	-2.8	-3.8	-2.2
Mp	-1.2	-2.4	-2.2	-2.2	-3.5	-2.4	-3.1	-2.7
Tb	-0.02	+0.01	+0.02	-0.03	+0.07	+0.02	-0.02	+0.11
Tp	-0.08	0	-0.10	-0.07	0	0	-0.04	-0.03
INEL	-1.4	-2.9	-2.6	-2.7	-4.1	-2.9	-3.9	-3.0

Traite	+0.4	+0.3	-0.04	-1.9	-0.3	-0.7	-0.04	-0.02
Corps	+0.5	-0.7	-0.11	-0.5	-0.4	-0.8	-0.07	-0.04
Aplombs	-0.6	/	0	-0.2	+0.8	-0.5	-0.04	-0.05
Mamelle	-0.2	-0.7	-0.04	-2.5	-0.8	-1.3	-0.04	-0.11
Musculature	+0.2	0.6	/	+1.0	+0.3	0	0	/
Morphologie	0	-0.8	-0.06	-2.3	-0.4	-1.5	-0.05	-0.12
ISU	-1.6	-2.5	-2.0	-4.2	-4.3	-4.1	-3.7	-4.0

Les index morphologiques des races AB, PR, TA, SF et MO sont centrés sur 100 avec une variabilité génétique de 12 points ; ceux des autres races sont centrés sur 0 avec une variabilité génétique de 1 point.

Les bases mobiles, qui traduisent l'écart de niveau génétique entre la population de référence définie ci-dessus et une population ancienne et constante ont aussi été mises à jour.

Valeur des bases mobiles de l'indexation en 2011

Race	Lait	QMG	QMP	TB	TP	INEL	CEL	ISU*	MO**
Abondance	980	38	36	-0.1	0.5	44	0.2	103	101
Pie rouge	1750	81	63	1.5	0.7	79	0.1	132	111
Brune	1530	80	62	2.4	1.3	78	-0.1	124	+0.6
Tarentaise	1010	39	36	0.1	0.2	43	0.1	118	104
Simmental	1770	79	64	1.4	0.7	79	0.0	135	105
Montbéliarde	1810	77	63	0.8	0.4	78	0.2	130	109
Normande	1830	84	71	0.6	1.4	88	0.2	135	+0.2
Prim'Holstein	2700	95	93	-1.4	1.0	110	-0.1	139	+0.7

*base fixe 100 : vaches nées en 1995 ou de 1994 à 1996 selon les races ; pour l'abondance vaches nées de 2000 à 2002.

**base fixe 100 : vaches nées en 1989 (MO), 1990 (NO), 1996 (PH) ou 1995 (autres races).

2. Nouveautés dans l'évaluation génomique des caractères fonctionnels

Présentation du problème

L'évaluation génomique repose sur une étape préalable de détection des QTL réalisée périodiquement : les QTL importants sont détectés par cartographie fine et les QTL moins importants sont déterminés par la méthode Elastic Net à partir des performances corrigées des filles par père (DYD). Une seconde étape, l'indexation proprement dite, utilise à nouveau ces performances pour estimer les effets des QTL ainsi que la composante polygénique des index.

Or la spécificité des caractères fonctionnels (comptages cellulaires, fertilité des vaches ou des génisses, longévité fonctionnelle, sensibilité aux mammites cliniques) est qu'ils sont évalués selon deux modalités. Il existe une évaluation polygénique « directe » valorisant seulement les performances du caractère en question mais aussi une évaluation polygénique « combinée » qui valorise également les autres aptitudes prédictives du caractère parce qu'elles sont en corrélation génétique avec lui.

Jusqu'à présent l'évaluation génomique utilisait l'évaluation polygénique directe dans les 2 étapes rappelées au-dessus. La question s'est posée de savoir quelle approche était la plus efficace pour prédire la valeur génétique d'un candidat parmi les 3 approches suivantes appelées :

- GENa : détection des QTL et indexation avec les performances directes (DYD) ;
- GENb : détection des QTL avec les performances combinées (index dérégressés) et indexation avec les performances directes (DYD) ;
- GENc : détection des QTL et indexation avec les performances combinées (index dérégressés).

Méthode utilisée

Pour chacune de ces trois approches l'indexation est conduite à partir d'une population d'apprentissage assez ancienne de taureaux génotypés et évalués sur descendance (PH nés avant le 1^{er} janvier 2003, MO et NO nés avant le 1^{er} juin 2002). Les taureaux plus jeunes constituant la population de validation y sont évalués comme de simples candidats sans considération des performances de leurs filles. Leur valeur ainsi prédite par l'évaluation génomique est ensuite comparée aux performances de leurs filles d'après la dernière indexation polygénique disponible. Cette population de validation comprend environ 2900 taureaux PH, 270 taureaux montbéliards et 250 taureaux normands. La méthode à privilégier est celle qui prédira le mieux les performances de leurs filles.

Résultats

Les taureaux dits de validation ne disposent que de leur lot de testage et leur évaluation sur descendance DYD n'est pas encore très précise pour ces caractères à faible héritabilité. On ne peut donc pas espérer des niveaux élevés de corrélation entre l'index génomique du jeune candidat et la performance corrigée de ses filles. Il apparaît néanmoins clairement que l'approche actuelle GENa n'est pas la meilleure et qu'il y a un intérêt à détecter les QTL en utilisant les performances combinées (étape 1). Les différences entre les approches GENb et GENc sont moins nettes : GENc est préférable pour prédire la longévité mais son intérêt est variable selon les races pour les deux autres caractères étudiés. Autrement dit, l'intérêt d'utiliser les performances combinées dans l'évaluation de routine (étape 2) n'est pas prouvé.

Les performances combinées ont aussi l'inconvénient d'être disponibles en toute fin d'évaluation polygénique ce qui retarderait d'autant l'évaluation génomique officielle. Les responsables de l'indexation ont donc préféré déterminer les QTL à partir des index combinés et réaliser l'évaluation proprement dite en utilisant les performances des filles pour le caractère direct (approche GENb).

Corrélations entre les index génomiques des candidats et les performances de leurs filles

Prim'Holstein

corrélations	Cel	Fer	Lgf
GENa / DYD	0.67	0.50	0.35
GENb / DYD	0.70	0.51	0.45
GENc /DYD	0.64	0.38	0.48

Montbéliarde

corrélations	Cel	Fer	Lgf
GENa / DYD	0.56	0.41	0.25
GENb / DYD	0.67	0.46	0.35
GENc /DYD	0.72	0.48	0.51

Normande

corrélations	Cel	Fer	Lgf
GENa / DYD	0.54	0.29	0.21
GENb / DYD	0.65	0.43	0.31
GENc /DYD	0.64	0.42	0.40

Conséquences pour les index génomiques

L'effet de la méthode GENb sur les index a été mesuré en comparant ses résultats à ceux de la méthode GENa utilisée dans un traitement de routine contemporain. Les taureaux étudiés sont des jeunes ou des anciens candidats nés depuis le 1^{er} janvier 2007, donc sans filles en production. Les corrélations entre index issus des deux traitements sont suffisamment élevées pour traduire une assez bonne conservation de la hiérarchie des taureaux sur chaque caractère fonctionnel, mais aussi assez différentes de 1 pour indiquer des variations individuelles d'index qui peuvent être sensibles vu leur précision de départ. Malgré une grande population de référence, les

index fonctionnels Prim'Holstein ne sont pas plus stables que ceux des deux autres races nationales sauf pour la longévité fonctionnelle. Dans tous les cas le gain moyen de CD est de 0.01 point pour ces jeunes taureaux (par exemple 0.53 au lieu de 0.52 pour le CD de la longévité PH).

Corrélations entre les index de test GENb et les index de routine GENa
Et CD des index de test (jeunes taureaux nés depuis le 01/01/2007)

	CEL	FERv	LGF	ISU	MACL
Prim'Holstein	0.85 <i>0.67</i>	0.82 <i>0.60</i>	0.86 <i>0.53</i>	0.97 <i>/</i>	<i>/</i> <i>0.50</i>
Normande	0.92 <i>0.61</i>	0.84 <i>0.51</i>	0.76 <i>0.50</i>	0.98 <i>/</i>	<i>/</i> <i>0.50</i>
Montbéliarde	0.91 <i>0.62</i>	0.86 <i>0.54</i>	0.80 <i>0.50</i>	0.98 <i>/</i>	<i>/</i> <i>0.50</i>

Quant au classement des candidats sur la synthèse ISU, il est bien conservé du fait du poids accordé à la production et à la morphologie inchangées, de 62.5% à 69% selon la race.

L'approche GENb est aussi utilisée en février 2011 pour la 1^{ère} évaluation génomique de la sensibilité aux mammites cliniques (Macl) et elle le sera aussi pour l'intervalle vêlage-1^{ère} IA en juin prochain. Le CD atteint est en moyenne 0.50 avec une fourchette de 0.43 à 0.57, plus large en PH selon la connaissance des ascendants mâles. Notre participation prochaine aux évaluations Interbull pour les mammites cliniques, prédites sauf dans les pays nordiques par les comptages cellulaires, permettra en fin d'année 2011 une estimation plus précise des candidats fils de taureaux étrangers peu ou pas encore utilisés en France.

Evolution des index morphologiques pour le changement de base en 2011

MO	eff	MO	LH	TE	VT	TA	LP	PP	PF	CO	LB	LT	IB	BA	AJ	PA	AP	AA	AH	AL	DE	EQ	SU	EA	OR	MA	LO	FO	TR	GA	CS	AB
F	175596	-1,5	-0,7	-0,2	-0,7	-1,2	0,0	-0,6	-0,5	-0,8	-0,8	-0,6	0,0	-0,8	0,4	-0,2	-0,5	-1,0	-0,6	-0,5	-1,0	-1,2	-1,2	-0,6	-1,3	-1,3	-0,6	1,0	-0,7	0,0	0,1	0,0

NO	eff	MO	IB	AJ	PJ	EA	TR	HS	LP	PP	LB	IS	AP	AA	EQ	AR	OR	LI	MA	FT	MU
F	109714	-0,05	0,05	-0,02	-0,02	0,09	0,04	0,09	0,05	0,03	0,05	-0,07	0,04	-0,02	0,00	0,01	-0,07	-0,06	0,04	0,07	0,00

PH	eff	MO	AH	AA	TE	LP	AC	LO	PC	IS	PI	MR	TR	PS	PJ	EQ	EA	IA	LT	HS	IB	AJ	MA	CC	ME
F	600341	-0,12	0,10	-0,06	-0,03	0,00	0,03	0,05	0,01	0,06	0,01	-0,03	0,02	-0,02	0,10	-0,03	-0,04	-0,02	0,01	0,07	-0,03	0,04	0,11	-0,04	-0,05

AB	eff	MO	VT	TE	HS	LP	PP	PF	LB	LT	IB	AJ	ET	OJ	VO	EQ	AA	AH	AL	SI	EA	OR	LO	FO	CO	BA	AP	MA	TR	AB
F	9670	0,0	0,4	0,1	0,8	0,5	0,2	0,2	0,4	0,5	-0,2	0,5	0,2	-0,1	-0,2	-0,5	-0,4	0,3	0,0	-0,5	-0,3	-0,2	0,1	0,1	0,5	0,4	-0,6	-0,2	-0,1	0,2

PR	eff	MO	LP	LD	OJ	EQ	OR	VT	TE	HS	PF	IB	IS	AJ	ET	AA	AH	LI	PJ	IM	LT	MU	TY	MA
F	4430	-1,5	-0,2	-0,4	0,0	-1,1	-1,0	-0,3	-0,3	-1,4	-1,4	-1,0	-0,9	-0,6	0,3	-1,3	-0,9	-1,3	-0,8	-1,0	0,3	0,5	-1,2	-1,4

BR	eff	MO	TR	PJ	LI	AH	AL	AA	EQ	LT	EA	IM	OR	HS	PP	LB	PF	LD	IB	LH	EJ	AJ	AP	ET	MA	CO	BA	ME	TY
F	7762	-0,06	0,04	-0,01	0,00	0,05	0,06	0,04	0,01	0,02	0,07	-0,04	0,01	-0,11	0,11	-0,07	-0,12	0,05	0,04	0,00	-0,02	-0,01	0,02	-0,03	-0,04	0,11	0,02	0,00	-0,11

TA	eff	MO	PP	EA	VT	TE	HS	LP	PF	LB	LH	LT	IB	AJ	ET	OJ	VO	EQ	AA	AH	AL	SI	OR	LO	FO	HA	CO	BA	AP	MA	TR	AB
F	4114	-2,3	-0,5	2,5	-1,9	0,1	-0,4	-0,2	-0,4	-1,4	-0,5	-0,8	-1,3	0,1	-0,1	0,1	1,1	-2,7	-0,9	-1,3	-1,6	1,0	-0,8	0,6	0,8	-2,4	-0,5	-1,1	-0,2	-2,5	1,3	1,0

SF	eff	MO	VT	TE	AM	FI	RM	CU	IB	AJ	OJ	AA	EQ	PJ	AR	OR	EA	LI	LO	FO	HS	LP	PP	LB	LH	LT	DV	MU	MA	AP
F	7633	-0,4	-0,3	-0,1	0,3	0,1	0,5	0,3	0,2	1,4	0,8	-1,0	-1,0	-0,1	-0,6	-0,5	-0,2	-0,5	0,0	0,2	-0,4	0,2	-0,3	-0,2	0,0	-0,2	-0,4	0,3	-0,8	0,8

Les index morphologiques des races AB, PR, TA, SF et MO sont centrés sur 100 avec une variabilité génétique de 12 points ; ceux des autres races sont centrés sur 0 avec une variabilité génétique de 1 point.