

05/03/2015

Évaluation génétique

Méthodes & Définitions

TABLE DES MATIÈRES

EVALUATION GENETIQUE DES TAUREAUX PRIM'HOLSTEINS.....	3
EVALUATION GENETIQUE DES TAUREAUX MONTBELIARS.....	19
EVALUATION GENETIQUE DES TAUREAUX NORMANDS.....	36
EVALUATION GENETIQUE DES TAUREAUX DES AUTRES RACES.....	52

EVALUATION GENETIQUE DES TAUREAUX PRIM'HOLSTEINS PRODUCTION LAITIERE – MORPHOLOGIE - CARACTERES FONCTIONNELS

Edition 14/3 de Novembre 2014

Cette publication présente les index des taureaux PRIM'HOLSTEINS calculés par le Département de Génétique Animale de l'INRA, à partir des données extraites par le Centre de Traitement de l'Information de Jouy-en-Josas le 26 septembre 2014 pour les performances et le 14 octobre 2014 pour les typages de l'évaluation génomique.

1. EVALUATION GENETIQUE CONVENTIONNELLE.....	2
BASES DE L'INDEXATION.....	2
1.1 - LES INDEX DE PRODUCTION LAITIERE.....	2
1.1.1 - LE BLUP MODELE ANIMAL.....	2
1.1.2 - LES CARACTERES INDEXES.....	2
1.1.3 - LE MODELE D'ANALYSE ET LES DONNEES UTILISEES.....	2
1.1.4 - La precision des index de production laitiere.....	3
1.2 - LES INDEX FONCTIONNELS COMBINES.....	4
1.2.1 - LES COMPTAGES CELLULAIRES (CEL).....	4
1.2.2 - LES MAMMITES CLINIQUES (MACL).....	5
1.2.3 -LA FERTILITE DES VACHES ET DES GENISSES (FER, FERG).....	5
1.2.4 -L'INTERVALLE VELAGE PREMIERE INSEMINATION(IVIA1).....	6
1.2.5 - LA LONGEVITE FONCTIONNELLE (LGF).....	6
1.2.6 LES CARACTERES FONCTIONNELS COMBINES ET LES SYNTHESSES FONCTIONNELLES....	7
1.2.7 LA PRECISION DES INDEX FONCTIONNELS.....	8
1.3 AUTRES INDEX FONCTIONNELS : FACILITES ET VITALITES A LA NAISSANCE ET AU VELAGE	8
1.3.1- LES FACILITES DE NAISSANCE (NAI) ET DE VELAGE (VEL).....	8
1.3.2 - LES VITALITES A LA NAISSANCE (VIN) ET AU VELAGE (VIV).....	9
1.3.3- EXPRESSION ET UTILISATION DES INDEX NAI, VEL, VIN, VIV.....	9
1.4 - LES INDEX MORPHOLOGIQUES.....	10
1.5 - L'INDEX SYNTHESE UNIQUE (ISU).....	11
2. EVALUATION GENOMIQUE.....	12
2.1 CARTOGRAPHIE DES QTL CHEZ LES BOVINS LAITIERS.....	12
2.2 EVALUATION GENETIQUE DE LA SAMG.....	12
2.3 TAUREAUX EVALUES PAR LA SAMG.....	12
3. LES ENTREPRISES DE SELECTION.....	13

1. EVALUATION GENETIQUE CONVENTIONNELLE

BASES DE L'INDEXATION

L'index mesure la supériorité génétique par rapport à un groupe d'animaux de référence. L'index moyen de cette population de référence est par convention égal à 0. Pour faciliter l'appréciation par rapport aux reproducteurs actuels, les index sont exprimés en "base mobile" c'est-à-dire en écart à un groupe d'animaux récents changeant chaque année.

Les bases mobiles successives peuvent être comparées grâce à une base fixe constante dans le temps pour la race.

La base mobile de l'année N regroupe les vaches nées durant les années N-8 à N-6 ayant :

- deux parents connus,
- une lactation contrôlée ou un pointage,
- un $CD \geq 0.30$ pour les caractères dont l'index est publié pour les vaches.

Pour les caractères comme les facilités de naissance ou de vêlage et les vitalités à la naissance ou au vêlage, dont le modèle d'indexation n'estime pas la valeur génétique des vaches, la base mobile N regroupe les taureaux nés de N-9 à N-12 pour les 3 races principales, et de N-9 à N-14 pour les 5 races régionales.

1.1 - LES INDEX DE PRODUCTION LAITIERE

1.1.1 - LE BLUP MODELE ANIMAL

Le modèle animal décrit les facteurs de variation de la lactation en distinguant la valeur génétique transmissible à estimer, et les facteurs de milieu dont l'effet doit être éliminé. L'index d'un animal découle de ses lactations pour une femelle, et de ses relations de parenté avec les autres animaux mâles ou femelles de la population.

La procédure BLUP (best linear unbiased prediction : meilleur prédiction linéaire sans biais) corrige au mieux l'influence des effets de milieu identifiés et combine de façon optimale les lactations et l'information généalogique.

En effet:

- Toutes les relations de parenté sont utilisées; les animaux apparentés, ascendants descendants ou collatéraux, interviennent d'autant plus qu'ils sont plus proches parents ;
- Les mâles et les femelles sont évalués en même temps ;
- Les effets de milieu sont estimés en même temps que les index de valeur génétique ;
- La sélection laitière des vaches au cours de leur carrière et la pratique d'accouplements dirigés sont prises en considération.

Ainsi calculés les index de valeur génétique autorisent la comparaison objective d'animaux quels que soient leur sexe, leur âge, leur troupeau ou leur région d'origine, ainsi que la mesure du progrès génétique réalisé.

1.1.2 - LES CARACTERES INDEXES

Les caractères indexés sont :

- la quantité de matières protéiques (kg) ;
- la quantité de matières grasses (kg) ;
- la quantité de lait (kg) ;
- le taux protéique vrai en g/kg, inférieur de 5 % au taux azoté dénommé "% protéines" à l'étranger ;
- le taux butyreux en g/kg ;
- l'INEL.

Index de sélection laitière, il maximise la marge nette hors travail de l'atelier laitier en l'absence de quotas. Établi avec une contrainte de coûts opérationnels et de structure constants, en l'absence d'activités de substitution, il est défini comme :

$$\text{INEL} = 0.98 (\text{MP} + 0.2 \text{ MG} + \text{TP} + 0.5 \text{ TB})$$

1.1.3 - LE MODELE D'ANALYSE ET LES DONNEES UTILISEES

Données et paramètres génétiques

Pour estimer la valeur génétique d'un taureau, on tient compte des 3 premières lactations de ses filles (lactations commencées depuis au moins 90 jours, lactations en cours d'au moins 60 jours au moment de l'extraction). Les lactations de rang 1 dépassant 180 jours ou terminées ont un poids de 1 contre 0,8 à celles de rangs 2 et 3 ; en effet ces dernières sont moins hérissables et ne correspondent pas exactement au même caractère qu'en 1^{ère} lactation.

À chaque traitement on exploite l'ensemble des généalogies et des lactations 1 à 3 des vaches dont le 1^{er} vêlage est postérieur au 01/09/79. L'hérissabilité (la part génétiquement transmissible des différences entre animaux) et la répétabilité (le degré de ressemblance entre deux lactations d'une même vache) sont supposées égales à 30 % et 50 % pour les quantités de matières, et à 50 % et 70% pour les taux.

Modèle d'analyse

Les lactations sont soit extrapolées (lactations en cours ; lactations terminées de rang ≥ 2 et de durée inférieure à 305 jours), soit corrigées pour la durée. Une correction pour le rang de lactation standardise la variabilité et les transforme en lactations d'adultes.

Les effets non additifs liés au croisement, à l'hétérosis et aux pertes de recombinaison, sont précorrigés pour la race prim'holstein.

Cette performance est ensuite expliquée par quatre groupes de facteurs :

- la valeur génétique de l'animal ;
- la valeur de l'animal non transmissible ou "Effet d'environnement permanent" résultant d'effets non identifiés propres à l'animal et se répétant d'une lactation à l'autre. L'effet d'environnement permanent permet de tenir compte de la sélection conduisant à la réforme des vaches les moins productives ;
- les effets de milieu identifiés détaillés ci-dessous ;
- un résidu inexpliqué.

Les effets de milieu sont:

- le milieu du troupeau, par campagne ;
- le rang de lactation par région et par campagne;
- le mois de vêlage par rang de lactation, région et campagne ; on distingue les 1^{ères} lactations des 2^{èmes} et 3^{èmes} lactations ;
- l'âge au vêlage par rang de lactation, par région et par campagne ;
- la durée de tarissement précédent pour les 2^{èmes} ou 3^{èmes} lactations, par région et par campagne.

L'hétérogénéité des variances, c'est-à-dire la variabilité des productions selon les années, les régions et les troupeaux même après avoir pris en compte les facteurs précédents, est corrigée dans l'évaluation génétique. On considère qu'un écart de valeur génétique entre deux animaux se traduit par un écart de performances différent selon l'environnement où ils produisent. Cet environnement est caractérisé par sa variance résiduelle, calculée par troupeau et par campagne, avec deux composantes : l'une propre à la région et l'autre propre au troupeau pour la campagne considérée. Finalement la contribution d'une performance à l'index est la lactation corrigée pour les effets de milieu et ajustée pour l'écart-type résiduel associés au troupeau et à la campagne de la performance. Les index traduisent l'expression des valeurs génétiques dans un milieu dont la variabilité est celle de la campagne 1996 (montbéliarde et normande) ou 1995 (Prim'Holstein).

Du fait de leur estimation simultanée, une répartition inégale des filles des taureaux selon les troupeaux, les rangs de lactation sera prise en considération au mieux.

1.1.4 – LA PRECISION DES INDEX DE PRODUCTION LAITIÈRE

Bien que tous ses apparentés interviennent dans l'évaluation d'un taureau, son index peut être décomposée en deux contributions correspondant à deux sources d'information distinctes :

- l'ascendance via la demi-somme des index des parents ;
- la descendance définie comme deux fois la supériorité moyenne des fils et des filles après correction pour la valeur de leur mère.

Pondérées par leurs précisions respectives, elles interviennent dans l'index avec les contributions suivantes :

CONTRIBUTION DE L'ASCENDANCE ET DE LA DESCENDANCE D'UN TAUREAU

Equivalent filles avec L1 terminée ou en cours ≥ 180 jours	Ascendance %	Descendance %
0	100	0
20	26	74
50	12	88
75	9	91
100	7	93
500	1,4	98,6
1000	0,7	99,3

En moyenne la moitié de la supériorité génétique d'un taureau sera exprimée par ses filles dans leurs lactations.

À l'index qui traduit la supériorité génétique probable est associée une précision donnée par le coefficient de détermination (CD) qui détermine une fourchette d'incertitude de l'index.

Intervalle de confiance des index laitiers (au risque 10%)

CD	LAIT	QMG	QMP	TB*	TP*
0,5	770	32	25	2,8	1,6
0,6	689	28	22	2,5	1,5
0,7	596	24	19	2,2	1,3
0,8	487	20	15	1,8	1,0
0,9	344	14	11	1,3	0,7
0,95	244	10	8	0,9	0,5

*les CD des index taux ne sont pas publiés ; des paramètres génétiques moyens sont utilisés

Interprétation : la valeur génétique vraie d'un taureau indexé à +1000kg de lait avec un CD de 0.70 se situe entre +404kg (1000-596) et +1596kg (1000+596) dans 90% des cas. Sa valeur la plus probable est +1000. 5 fois sur 100 elle sera inférieure à +404kg, et 5 fois sur 100 elle sera supérieure à +1596kg.

En l'absence d'évaluation génomique les index de production sont officiels aux conditions suivantes :

- CD >= 70 et au moins 40 filles dans 10 troupeaux (race PH) ;
- CD >= 70 et au moins 40 filles dans 30 troupeaux (races MO et NO).

1.2 – LES INDEX FONCTIONNELS COMBINES

Les caractères ci-dessous sont d'abord indexés séparément, en général par un Blup modèle animal unicaractère qui produit des index non combinés et des performances corrigées (une performance moyenne par animal, corrigée pour tous les effets sauf l'effet génétique ; un poids traduisant la quantité d'information correspondante). Puis ils sont indexés ensemble par un Blup modèle animal multicaractère produisant des index combinés qui sont les index officiels.

1.2.1 – LES COMPTAGES CELLULAIRES (CEL)

L'objectif est d'améliorer la qualité du lait et la résistance aux mammites par une sélection indirecte sur les comptages cellulaires.

Données

Les comptages cellulaires (CCS = comptages de cellules somatiques) sont connus exhaustivement depuis 1994 et partiellement depuis 1990. Le calcul intègre tous les CCS entre 5 et 350 jours de lactation pour les lactations 1 à 3 ayant débuté après le 01/09/1989.

La performance par lactation est construite ainsi :

- ① Transformation des CCS en un score de cellules somatiques (SCS) pour avoir une distribution normale :

	CCS	SCS		CCS	SCS
$SCS = \log_2 \left(\frac{CCS}{100000} \right) + 3$	12.500	0		400.000	5
	25.000	1		800.000	6
	50.000	2		1.600.000	7
	100.000	3		...etc.	...
	200.000	4			

- ② Correction additive du SCS pour le stade et le rang de lactation. Elle permet l'utilisation des lactations anciennes avec quelques comptages et des lactations en cours. L'ajustement est calculé à partir des lactations saines (SCS moyen < 4).

- ③ Moyenne pondérée des SCS corrigés d'une lactation :
$$SCSL = \frac{\sum \frac{R}{\sigma} [SCS \text{ corrigé}]}{\sum \frac{R}{\sigma}}$$

R est la corrélation des SCS à ce stade et rang de lactation avec la moyenne des autres SCS des lactations de même rang et σ traduit la variabilité des SCS considérés à ce stade et rang de lactation.

- ④ Les SCSL sont transformés pour avoir une variabilité comparable entre rangs de lactation (SCSL *1,15 en L1 ; SCSL *1,08 en L2 ; SCSL *1 en L3).

Modèle et paramètres génétiques

Une procédure BLUP modèle animal est utilisée.

Chaque lactation a un poids en fonction du nombre de CCS connus. Un minimum de 5 CCS est nécessaire pour obtenir un poids de 1. Les effets dans le modèle d'analyse sont les mêmes que pour la production laitière, sans considération des hétérogénéités de variance. L'héritabilité supposée du caractère est de 15 % et sa répétabilité est de 35 %.

Une illustration est donnée avec les comptages cellulaires observés en première lactation. Les taureaux sont classés en 9 catégories selon la valeur de leur index CEL. Les troupeaux sont regroupés en 3 catégories correspondant à des niveaux cellulaires bas, moyens ou élevés d'après les effets troupeau*année du modèle d'évaluation génétique ; ces catégories représentent 25, 50 et 25 % des troupeaux.

**TRADUCTION DE L'INDEX CEL DES TAUREAUX EN PERFORMANCES DE LEURS FILLES :
POURCENTAGE DE CONTROLES A PLUS DE 300.000 CELLULES/ML EN PREMIERE LACTATION EN
FONCTION DE LA CLASSE D'INDEX DES PERES (race PH)**

Niveau cellulaire du troupeau	Valeur des index des pères							
	< à -1,7	-1,7 à -1,3	-1,2 à -0,8	-0,7 à -0,3	-0,2 à +0,2	+0,3 à +0,8	+0,9 à +1,2	>= à +1,3
Excellent	6,9 %	4,9 %	4,4 %	4,5 %	3,6 %	3,0 %	3,0 %	2,9 %
Moyen	16,4 %	14,0 %	12,0 %	11,5 %	9,7 %	8,1 %	6,9 %	6,3 %
Mauvais	29,0 %	25,3 %	22,5 %	20,9 %	18,3 %	15,6 %	13,4 %	12,5 %

1.2.2 – LES MAMMITES CLINIQUES (MACL)

Définition du caractère et sélection des données

L'information est de type 0/1 et elle est relevée par l'agent du contrôle laitier. Elle concerne les trois premières lactations et se résume ainsi : « au moins un événement mammites clinique enregistré durant les 150 premiers jours de la lactation ». Pour la fiabilité de l'évaluation il faut être certain qu'une vache notée « 0 = pas de mammites cliniques » est une vache saine et non pas un animal non contrôlé.

Pour ce faire une sélection des données est nécessaire. Les données sont prises en compte depuis 1997 ; une sélection des lactations par troupeau*campagne est faite : sont conservés les cheptels qui déclarent par campagne un minimum de 5 % de lactations avec un événement mammites (toutes lactations confondues, avec des adaptations pour l'effectif du troupeau). Ce critère est responsable de la majorité des éliminations de données.

Modèle et paramètres génétiques

L'évaluation est de type Blup modèle animal avec effet d'environnement permanent (pour tenir compte de la répétabilité des performances). Les effets de milieu sont :

- le mois de vêlage par campagne;
- le troupeau par campagne;
- la classe d'âge au vêlage pour un rang de lactation et une campagne donnés.

Le modèle considère l'hétérogénéité des variances pour les effets suivants :

- le rang de lactation par campagne;
- le département par campagne.

Ceci parce qu'un écart de valeur génétique entre animaux va se traduire par un écart de performances différent selon le rang de lactation, selon le département et selon l'année considérée.

	h ² %	Répétabilité %	Ecart-type génétique %
Prim'Holstein, Brune, Pie-Rouge	1.8	5.5	4.12
Montbéliarde, Abondance, Tarentaise, Simmental	2.3	5.5	4.35
Normande	2.1	6.2	4.69

1.2.3 – LA FERTILITE DES VACHES ET DES GENISSES (FER, FERG)

L'objectif est d'évaluer la fertilité post-partum des filles des taureaux. L'index ne décrit pas la fécondance de la semence.

Données

La performance est le résultat (oui/non) de chaque I.A. réalisée depuis septembre 1995 dans les élevages au contrôle laitier. Pour celles intervenues six mois au moins avant l'indexation, les règles de détermination de l'I.A. fécondante sont :

- en présence d'un vêlage postérieur, l'IA fécondante est celle la plus en accord avec la durée de gestation de la race.

- en l'absence de vêlage postérieur, le statut de la dernière I.A est déterminé selon la première des règles auxquelles elle répond :
 - non fécondante, si l'IA est suivie d'un mouvement IPG avec une cause de sortie signalant la fin de la carrière (boucherie, mort, autoconsommation);
 - fécondante si l'IA est suivie d'un mouvement IPG avec une cause de sortie signalant la poursuite de l'élevage (élevage ou vente ; prêt ou pension) ;
 - fécondante si l'IA est récente (moins de 340 jours) ; on lui affecte alors une probabilité de gestation compte tenu de l'ancienneté de l'IA, du statut (nullipare ou non), de la race et du rang de l'IA. Cette probabilité est proche de 1 puisque les IA de moins de six mois ne sont pas utilisées.
 - fécondante si l'IA est ancienne (plus de 340 jours) et faite sur une vache avec une lactation inférieure ou égale à 260 jours ;
 - non fécondante si l'IA est ancienne (plus de 340 jours) et faite sur une vache avec une lactation supérieure à 260 jours.

Les autres IA d'une même séquence sont déclarées non fécondantes si elles sont antérieures, et éliminées si elles sont postérieures. Si dans une séquence aucune IA n'est fécondante, toutes les IA sont considérées comme non fécondantes ; et lorsque deux IA sont proches de 3 jours au plus, l'une d'elles est éliminée.

L'indexation concerne les génisses et les vaches jusqu'en 3^{ème} lactation pour leurs trois premières IA dans chaque séquence.

Modèle et paramètres génétiques

Le déterminisme de la fertilité femelle est différent entre nullipares et vaches. Par suite deux caractères différents dont l'héritabilité est 2 % sont considérés et la fertilité des nullipares intervient comme un prédicteur de la fertilité post-partum. Deux autres caractères sont évalués officieusement et interviendront aussi comme prédicteurs, les taux de non-retour des vaches (TNRV) et des génisses (TNRG) entre 18 et 56 jours.

Des analyses séparées sont d'abord conduites avec des évaluations BLUP Modèle Animal. Les effets pris en compte sont, outre l'effet génétique de l'animal:

- le troupeau et l'inséminateur, par année ;
- le rang de vêlage précédant l'IA ;
- le mois d'insémination et le jour dans la semaine, par année et région ;
- l'intervalle vêlage - I.A. des vaches ou l'âge à l'insémination des nullipares, par année;
- les taux de consanguinité de la mère et de son veau ;
- la race du taureau faisant l'insémination ;
- l'effet fécondant du taureau pour l'année (effet aléatoire) ;
- l'effet d'environnement permanent de la femelle (effet aléatoire).

1.2.4 – L'INTERVALLE VELAGE PREMIERE INSEMINATION (IVIA1)

Cet intervalle traduit l'aptitude génétique au retour en cyclicité post-partum, même s'il dépend aussi des décisions de mise à la reproduction. Le caractère indexé est l'intervalle en jours pour les vaches jusqu'en 3^{ème} lactation. Le modèle d'indexation est aussi un modèle animal uni-caractère avec effet d'environnement permanent où interviennent les effets fixes suivants :

- le troupeau par année;
- le mois de vêlage par année et par région ;
- l'âge au vêlage,
- le rang du vêlage précédant l'IA.

L'héritabilité du caractère est de 3% à 6% et la répétabilité est voisine de 10%.

	h ² %	Répétabilité %	Ecart-type génétique (jours)
Montbéliarde et autres races	3.7	8.8	5
Normande	3.4	8.1	5
Prim'Holstein	6.1	12.2	7.75

1.2.5 - LA LONGEVITE FONCTIONNELLE (LGF)

On considère qu'une réforme est volontaire si l'animal est éliminé à cause d'une faible production. L'objectif est de retarder la réforme involontaire, c'est à dire d'améliorer l'aptitude des filles d'un taureau à avoir une longue carrière indépendamment de leur production.

Les données utilisées sont les lactations 1 à 5 débutant après le 01/01/1988 avec le calcul de la durée de vie productive (DVP : de la date du 1^{er} vêlage jusqu'au dernier contrôle connu) pour les vaches nées d'IA dans des troupeaux comportant au moins 5 vaches de la race.

Deux types d'observations existent au moment du constat de la DVP (4 mois avant la date d'extraction des données ; après élimination des premières lactations vélées dans les 90 jours précédant cette date de constat) :

- les observations non censurées : l'animal est considéré comme réformé, aucun contrôle n'a eu lieu depuis plus de 4 mois ;

- les observations censurées : l'animal est considéré comme vivant. C'est le cas quand un contrôle est survenu depuis moins de 4 mois, quand l'animal a disparu en même temps qu'une réduction d'au moins 50 % de l'effectif du cheptel, quand l'animal a changé de troupeau, ou quand l'animal commence une lactation de rang supérieur à 5.

Les données censurées et non censurées sont traitées par une méthode d'analyse de survie, utilisant la notion de "risque de réforme" (probabilité d'un animal d'être réformé au temps t sachant qu'il était encore en vie juste avant).

Un modèle père-grand-père maternel est utilisé :

$\lambda(t, x) = \lambda_{oi}(t) * \text{exponentielle (facteurs de risque fonction du temps)}$ avec :

$\lambda_{oi}(t)$ = risque moyen d'être réformé au jour t sachant que l'animal est vivant auparavant ; le risque est établi par année, rang de lactation (1 à 5) et stade de lactation (0 à 270j, 270 à 380j, après 380j, tarissement). Les facteurs de risque sont :

- le troupeau par année et trimestre;
- l'appartenance de l'animal à des classes de :
 - production laitière intra troupeau, par trimestre et par année,
 - TP intra troupeau, par année,
 - TB intra troupeau, par année ;

Ces effets sont estimés à partir des lactations en 305 jours. Ils permettent d'éliminer l'effet du niveau de production sur la réforme et de travailler sur les réformes dites involontaires ;

- la variation de taille du troupeau (dans les troupeaux de 50 et plus, de 20-49, de 5-19 et de moins de 5 vaches) ;
- l'âge au 1^{er} vêlage;
- la région par année (prise en compte des réformes selon les régions et les années).
- L'interaction entre la production laitière, le rang et le stade de lactation (parce que les faibles productrices sont réformées plus précocement) ;
- Les valeurs génétiques du père et du grand-père maternel de la vache.

L'héritabilité théorique du caractère est de 10.8 % pour la prim'holstein, 8.9% pour la normande et 13% pour la montbéliarde. L'héritabilité réelle, à cause des observations censurées des animaux encore en vie, est de deux à trois fois plus petite.

1.2.6 LES CARACTERES FONCTIONNELS COMBINES ET LES SYNTHESSES FONCTIONNELLES

Les caractères fonctionnels (CEL et MACL, FER FERG TNRV TNRG et IVIA1, LGF), la quantité de lait et des caractères morphologiques (jusqu'à sept postes dont la vitesse de traite, un poste d'aplombs, des postes de mamelle et de format) sont liés par des corrélations génétiques.

Corrélations génétiques entre caractères fonctionnels, morphologiques et laitiers (race PH)

	LAIT	CEL	LGF	FERG	FER	IVIA1	TNRG	TNRV	MACL	MO1	MO2	MO3	MO4	MO5	MO6	MO7
CEL	0,03															
LGF	-0,17	0,48														
FERG	-0,12	-0,12	-0,31													
FER	-0,22	-0,25	-0,47	0,60												
IVIA1	0,42	0,13	-0,01	0	-0,16											
TNRG	-0,04	-0,16	-0,26	0,85	0,57	0,12										
TNRV	-0,05	-0,14	-0,31	0,45	0,69	0,38	0,64									
MACL	0,26	0,70	0,47	0	-0,24	0,23	-0,05	-0,12								
MO1	0	0,37	-0,17	0,09	0,03	0	0	0	0,18							
MO2	-0,22	-0,27	-0,41	-0,02	0,13	0	0	0,01	-0,30	0,28						
MO3	-0,13	-0,07	-0,21	0,01	0,02	0	0	0	-0,13	0,23	0,52					
MO4	0,09	0	-0,10	0,17	0,23	0,04	0,13	0,13	-0,05	0	-0,05	-0,12				
MO5	0,16	0,13	0,20	0,02	-0,30	0,08	0,02	-0,23	0,19	0,04	-0,05	0,09	0,05			
MO6	0,33	0,18	0,02	0,22	-0,18	0,36	0,11	-0,07	0,28	0,17	-0,09	-0,03	0,03	0,70		
MO7	0,12	-0,01	-0,12	-0,05	-0,09	0	0	0	0	0,03	0,14	0,14	0,03	0,05	-0,06	
MO8	-0,30	-0,13	-0,03	-0,24	-0,03	-0,49	-0,15	-0,16	-0,32	0	0	0	0,06	-0,13	-0,66	0

* Dans ce tableau une valeur élevée est défavorable pour CEL (davantage de cellules), LGF (davantage de réformes), MACL (davantage de mammites) et IVIA1 (davantage de jours avant la 1ère IA).

* MO1 vitesse de traite, MO2 distance plancher-jarret, MO3 attache avant, MO4 inclinaison bassin, MO5 profondeur de corps, MO6 aspect corporel, MO7 locomotion, MO8 état corporel.

Un BLUP Modèle Animal approché, appliqué aux performances corrigées de l'indexation de chaque caractère, synthétise l'information du sujet et de ses apparentés, pour chaque caractère enrichi par ses prédicteurs. Il produit des index combinés (CELc, MACLc, FERc, FERGc, IVIA1c, LGFc) dont la précision (CD) est accrue par rapport aux index

non combinés décrits précédemment. Ces index combinés sont les index polygéniques officiels (exception : Cel plutôt que Celc pour des raisons historiques) et sont utilisés pour calculer les index de synthèse.

Deux synthèses fonctionnelles sont définies, la santé de la mamelle (STMA) et la reproduction (REPRO) :

STMA = (0.6*CELc + 0.4*MACLc) / 0.9137 (races montbéliarde et prim'holstein);

STMA = (0.5*CELc + 0.5*MACLc) / 0.9100 (race normande);

REPRO = (0.5*FERc + 0.25*FERGc + 0.25*IVIA1c) / 0.6965

1.2.7 LA PRECISION DES INDEX FONCTIONNELS

Les index fonctionnels sont exprimés en base mobile de valeur 0, en unités d'écart-type génétique de valeur 1, et sont sauf exception compris entre -3 et +3. Un index positif est améliorateur du caractère (comptages cellulaires bas, moins de mammites cliniques, meilleure fertilité, IVIA1 plus court et longévité accrue). Ils sont publiés si leur CD atteint 0.50.

Intervalle de confiance des index fonctionnels (risque 10% d'être hors fourchette)

CD	Index fonctionnels
0.50	+/- 1.2
0.60	+/- 1.0
0,70	+/- 0.9
0,80	+/- 0.7
0,90	+/-0.5

Interprétation : la valeur génétique vraie d'un taureau indexé à +1.0 avec un CD de 0.70 se situe entre +0.1 (1.0 -0.9) et +1.9 (1.0 +0.9) dans 90% des cas. Sa valeur la plus probable est +1.0. 5 fois sur 100 elle sera inférieure à +0.1, et 5 fois sur 100 elle sera supérieure à +1.9.

1.3 AUTRES INDEX FONCTIONNELS : FACILITES ET VITALITES A LA NAISSANCE ET AU VELAGE

1.3.1- LES FACILITES DE NAISSANCE (NAI) ET DE VELAGE (VEL)

L'objectif est d'évaluer les conditions de naissance des veaux (effet direct) et les conditions de vêlage des filles des taureaux (effet direct et maternel), afin d'éviter des accouplements à risques sur des génisses.

Données

Les conditions de naissance d'un veau sont décrites par une note de 1 à 5 : 1= vêlage sans aide, 2= vêlage avec aide facile, 3= vêlage avec aide difficile, 4= césarienne, 5= veau découpé. Étant donné la faible proportion de codes 3, 4 et 5, ils sont regroupés. Une sélection des données est faite pour les données antérieures à 1999 dont la qualité était moins bonne.

Modèle et paramètres génétiques

Les données sont analysées avec une méthodologie adaptée aux données discrètes, soit un modèle à seuils prenant en compte l'hétérogénéité des variances. La performance, exprimée dans l'échelle de la loi normale sous-jacente est expliquée par les facteurs suivants :

Pour les races Prim'Holstein, Normande et Montbéliarde :

- Effets fixes:

- le mois de vêlage par année ;
- le sexe du veau par rang de vêlage (1 à 9) et classe d'âge de la mère au premier et au second vêlage ;
- le département par année ;

- Effets aléatoires:

- le troupeau par année et saison (novembre-avril et mai-octobre) ;
- le père du veau;
- le père de la vache;

La variance résiduelle dépend de l'année et du mois de vêlage, du sexe du veau, du département ainsi que du rang de vêlage et de l'âge au vêlage des mères. Ceci donne une plus grande flexibilité au modèle et le rend plus robuste aux caractéristiques des données.

Pour les autres races laitières, le modèle comprend :

- Effets fixes:

- le mois de vêlage par année;
- le sexe du veau;

- le rang de vêlage de la mère (4 classes : 1, 2, 3 à 5, 6 et plus) ;
 - * le département par année ;
 - *
- Effets aléatoires:
- * le troupeau par année;
 - * le père du veau;
 - * le père de la vache;

Les données ne sont pas assez nombreuses pour modéliser des hétérogénéités de variance.

Héritabilité du caractère sous-jacent	h ² NAI %	h ² VEL %
Prim'Holstein	5.6	3.2
Montbéliarde	7.8	3.7
Normande et autres races	7.4	4.3

1.3.2 - LES VITALITES À LA NAISSANCE (VIN) ET AU VÊLAGE (VIV)

L'objectif est d'évaluer la mortalité des veaux d'un taureau (effet direct) ainsi que la mortalité des veaux au vêlage de ses filles (effets direct et maternel) dans les 48h suivant la naissance. On a choisi de restituer les mortinatalités sous la forme des caractères opposés qu'on appelle les « vitalités ».

Données

La mortinatalité est définie à partir de la date de naissance du veau né simple et de sa date de sortie IPG pour la cause « mort » dans les 2 jours qui suivent. Les veaux considérés sont nés à partir du 1^{er} janvier 1999. Pour tenir compte de la mise en place progressive de l'IPG européenne et conserver des données assez exhaustives, on impose des contraintes supplémentaires : l'information est acceptée pour un département à partir de l'année où on a un taux minimal de 3% de veaux morts-nés (2.5% pour la montbéliarde), et acceptée pour un élevage à partir de l'année où on y déclare un veau mort-né.

Modèle et paramètres génétiques

Le modèle est analogue à celui des conditions de naissance et de vêlage des races principales, mais la prise en compte des variances hétérogènes ne se justifie pas. On considère que le même caractère s'exprime quel que soit l'âge ou le rang de vêlage de la mère.

Comme à l'étranger, la mortinatalité n'est pas corrigée pour les conditions de naissance ; par suite il y a une relation entre les caractères de mortinatalité et les caractères du vêlage. Les héritabilités du caractère sous-jacent varient de 3% en race Prim'Holstein à 5.9% en race Montbéliarde pour la mortinatalité à la naissance, et de 4.1% en race Normande à 6.6% en race Prim'Holstein pour la mortinatalité au vêlage.

Héritabilité du caractère sous-jacent	h ² VIN %	h ² VIV %
Montbéliarde, autres races	5.9	5.8
Normande	4.1	4.1
Prim'Holstein	3.0	6.6

1.3.3- EXPRESSION ET UTILISATION DES INDEX NAI, VEL, VIN, VIV

Les index NAI et VEL sont exprimés en % de vêlages faciles (codes 1 et 2) sur primipares vêlant en hiver avec un sex-ratio de 50%. La valeur de la base mobile est fixée par convention à 89%. Les recommandations d'utilisation sont :

NAI < 86	Éviter sur génisses
NAI = 86 et 87	Utiliser avec précaution sur génisses
87 < NAI < 91	Normal
NAI = 91	Plutôt conseiller sur génisses
NAI > 91	Conseiller sur génisses
Filles de taureaux VEL < 87	Accoupler avec des taureaux conseillés sur génisses
Filles de taureaux VEL = 87	Accoupler de préférence avec des taureaux conseillés sur génisses

Les index VIN et VIV sont exprimés en % de veaux vivants après 48h, nés d'une mère primipare pour un sex-ratio de 50%. La valeur de la base mobile est fixée par convention à 92%. Les recommandations d'utilisation sont :

VIN/VIV ≤ 90	Détériorateur
VIN/VIV = 92	normal
VIN/VIV ≥ 94	Améliorateur
Filles de taureaux VIV ≤ 90	Accoupler avec des taureaux de VIN ≥ 94
Filles de taureaux VIV = 91	Accoupler avec des taureaux de VIN ≥ 93

Ils sont publiés si le CD atteint 0.50. La base mobile de l'année N regroupe les taureaux nés dans les années N-9 à N-12 (3 races principales) ou N-9 à N-14 (5 races régionales) avec au moins 20 descendants nés ou 20 filles vêlées.

1.4 - LES INDEX MORPHOLOGIQUES

L'évaluation génétique des taureaux pour les caractères de format et de conformation s'appuie sur :

- *Une table de pointage linéaire*

Depuis l'automne 1985, les techniciens agréés par l'Organisme de Sélection décrivent, d'un extrême biologique à l'autre, le degré d'expression des caractères morphologiques ; cette note ne traduit pas nécessairement la désirabilité par rapport à un idéal. La vitesse de traite et le tempérament sont collectés d'après l'avis de l'éleveur.

- *Le pointage des contemporaines d'étable*

Depuis décembre 1992, les filles des taureaux sont jugées en 1^{ère} ou 2^{ème} lactation en même temps que l'ensemble (troupeaux adhérents de l'OS) ou un échantillon prédéterminé de contemporaines (troupeaux non adhérents de l'OS).

- *L'indexation BLUP modèle animal multicaractères*

Les taureaux sont évalués en tenant compte de l'information morphologique et des relations de parenté entre animaux. L'information morphologique est corrigée pour les effets de l'âge au vêlage et du stade de lactation (par région et par campagne) en distinguant les 1^{ères} et les 2^{èmes} lactations, et en séparant les animaux mesurés à la toise des animaux notés de 1 à 9. S'ajoute l'effet de la visite qui traduit l'environnement commun à toutes les vaches vues le même jour dans le même élevage par le même technicien.

L'hétérogénéité des variances est prise en compte. On considère qu'un écart de valeur génétique entre animaux se traduit par un écart de performances différent selon les conditions de milieu. Le milieu est évalué pour sa variance résiduelle qui dépend de l'âge au vêlage et du stade de lactation (par région, selon que l'animal a été mesuré ou noté, en 1^{ère} ou en 2^{ème} lactation), ainsi que du technicien (par campagne, selon que l'animal a été mesuré ou noté). Ainsi le jugement est corrigé pour les facteurs de milieu mais aussi restitué dans un environnement standardisé.

L'analyse multicaractère accroît la fiabilité de l'évaluation en tenant compte des liaisons génétiques entre caractères.

- *Des index composites pour les caractéristiques générales de morphologie*

Ils synthétisent des index élémentaires selon les objectifs raciaux de sélection morphologique.

Index composites PH	Définition
Mamelle (MA)	Si la hauteur de l'attache arrière est connue : $1,7416 * (0,30 \text{ distance plancher-jarret} + 0,15 \text{ hauteur attache arrière} + 0,15 \text{ attache avant} + 0,10 \text{ profondeur sillon} + 0,10 \text{ écart avant} - 0,10 \text{ implantation arrière} + 0,10 \text{ longueur trayons})$
Capacité corporelle (CC)	$1,2844 * (0,40 \text{ profondeur corps} + 0,30 \text{ largeur poitrine} + 0,30 \text{ largeur ischions})$
Membres (ME)	Si « membres arrière en vue arrière » est connu : $1,1368 * (0,60 \text{ Locomotion} + 0,20 \text{ Membres arrière vue arrière} + 0,20 \text{ Angle du pied})$ A défaut : $ME_{v2} = 1,1145 * (0,455 \text{ Locomotion} + 0,545 \text{ angle jarret})$
Morphologie (MO)	$1,5525 * (0,50 \text{ mamelle} + 0,20 \text{ capacité corporelle} + 0,30 \text{ membres})$ avec ME alternative, MO devient : $1,5154 * (0,50 \text{ mamelle} + 0,20 \text{ capacité corporelle} + 0,30 \text{ ME}_{v2})$

L'évaluation génétique des taureaux est officielle si la précision atteint 0,70 avec 28 filles jugées. Le coefficient de détermination est fondé sur une héritabilité de 0,25. L'unité de mesure est l'écart-type génétique de valeur 1.

On notera que les 4 index composites sont qualitatifs (de mauvais à bon) alors que les index élémentaires sont descriptifs (d'un extrême à l'autre).

Leur interprétation se fait de la façon suivante :

	H ²	Index PH	Négatif	Positif
TR	0.20	Vitesse de traite (TR)	lente	rapide
TE	0.15	Tempérament (TE)	nerveux	docile
PS	0.23	Profondeur du sillon (PS)	faible	forte
PJ	0.36	Distance plancher jarret (PJ)	plancher bas	plancher haut
EQ	0.22	Equilibre avant arrière (EQ)	quartiers arr. bas	quartiers arrière hauts
AA	0.25	Attache avant (AA)	relâchée	ferme
AH	0.21	Hauteur attache arrière (AH)	basse	haute
EA	0.35	Ecart avant trayons (EA)	large	étroit
IA	0.29	Implantation arrière trayons (IA)	externe	interne
LT	0.39	Longueur trayons (LT)	court	long
HS	0.51	Hauteur sacrum (HS)	petit	grand
LP	0.19	Largeur poitrine (LP)	étroite	large
PC	0.36	Profondeur corps (PC)	faible	grande
EC	0.24	Etat corporel (EC)	maigre	enrobée
AC	0.28	Aspect (AC)	grossier	anguleux
IS	0.31	Largeur aux ischions (IS)	étroite	large
IB	0.33	Inclinaison bassin (IB)	renversé	fuyant
AJ	0.15	Angle du jarret (AJ)	droit	coudé
PI	0.10	Angle du pied (PI)	fermé	ouvert
MR	0.10	Membres arrière (vue arrière)	panards	parallèles
LO	0.10	Locomotion (LO)	difficile	aisée

1.5 - L'INDEX SYNTHÈSE UNIQUE (ISU)

L'ISU a été redéfini en 2012 à partir des orientations de l'OS et des réponses à la sélection d'une population de jeunes taureaux en contexte génomique.

Il regroupe une synthèse laitière, la synthèse morphologique et des index fonctionnels combinés (CELc, MACLc, FERc, FERGc, IVIA1c, LGFc, vitesse de traite combinée TRc). Il est exprimé en base mobile de moyenne 100 et d'écart-type 22 points.

La synthèse laitière est construite pour avoir la même variabilité que l'Inel :
 $\text{Syntlait} = 1.079 (\text{MP} + 0.1 \text{MG} + 0.5 \text{TB} + \text{TP})$

L'ISU est défini ainsi:

$$\text{ISU} = 100 + (19.62 / 0.35) * [0.35 * \text{Syntlait} / 25.2 + 0.108 \text{CELc} + 0.072 \text{MACLc} + 0.11 \text{FERc} + 0.055 \text{FERGc} + 0.055 \text{IVIA1c} + 0.05 \text{LGFc} + 0.05 \text{TRc} + 0.15 \text{MO}]$$

2. EVALUATION GENOMIQUE

Le programme de Sélection Assistée par Marqueurs (SAM) a été mis en place en 2001 pour les races montbéliarde, normande et prim'holstein afin d'optimiser les choix des jeunes animaux sans performances dans les étapes précoces de sélection. Les progrès en génotypage et en cartographie du génome ont ouvert de nouvelles perspectives pour l'utilisation des informations moléculaires en sélection. Depuis l'automne 2008 pour le génotypage des animaux et l'évaluation SAM2, puis à partir de juin 2010 pour l'évaluation SAMG, les outils sont opérationnels en France pour les trois races citées. Les index génomiques sont officiels depuis juin 2009.

2.1 CARTOGRAPHIE DES QTL CHEZ LES BOVINS LAITIERS

Le préalable à la mise en place des évaluations génomiques est la cartographie fine des QTL liés aux caractères d'intérêt. Au départ 3200 taureaux du premier programme SAM (2001-2007) ont été génotypés au Centre National de Génotypages d'Evry sur la puce Illumina « BovineSNP50 » de 54001 marqueurs SNP (Single Nucleotide Polymorphism). Les SNP sont des mutations ponctuelles du génome pouvant être utilisées comme des marqueurs à deux allèles. Ces marqueurs sont intéressants du fait de leur abondance et de l'automatisation permettant d'en génotyper plusieurs dizaines de milliers à la fois.

Les analyses de cartographie fine de QTL intégrant le déséquilibre de liaison ont été réalisées pour les caractères à indexer. On parle de déséquilibre de liaison quand une combinaison donnée de marqueurs SNP (appelée haplotype) est préférentiellement associée à un allèle particulier d'un QTL. Selon le caractère, ce sont 181 à 708 régions chromosomiques qui sont suivies en race montbéliarde, 130 à 692 régions en race normande et 276 à 714 régions en race prim'holstein ; le suivi des allèles des QTL utilise des combinaisons de 3 à 5 SNP. Globalement pour chaque race entre 1500 et 2000 SNP proches des QTL sont particulièrement importants pour l'évaluation d'un caractère.

La cartographie des QTL s'appuie sur une population de référence (taureaux génotypés et indexés sur descendance). La Prim' Holstein bénéficie aussi de la population étrangère du consortium Eurogenomics (Allemagne, Pays-Bas, pays scandinaves, Espagne, Pologne...).

2.2 EVALUATION GENETIQUE DE LA SAMG

En s'appuyant sur le déséquilibre de liaison entre les haplotypes et les QTL, le modèle d'indexation est simplifié et la précision des index est améliorée. En effet parce que les haplotypes suivis sont de petite taille et proches des QTL, deux animaux ayant hérité d'une même combinaison de marqueurs ont une très grande probabilité d'avoir hérité du même allèle du QTL. Les effets de chaque haplotype de SNP peuvent ainsi être estimés au niveau de la race à partir des performances (niveau et précision) des animaux porteurs. L'index génomique d'un caractère comprend la somme des effets des haplotypes (DGV : valeur génomique directe) et une composante polygénique pour les gènes non suivis par des marqueurs :

$$g_i = u_i + \sum_{j=1}^n (H_{ij1} + H_{ij2})$$

Où g_i est la valeur génétique de l'animal i , u_i est sa composante polygénique résiduelle (c'est à dire non expliquée par les effets des haplotypes), H_{ij1} est l'effet de l'haplotype paternel du QTL j et H_{ij2} est l'effet de l'haplotype maternel du QTL j . Ces effets sont cumulés pour tous les QTL associés au caractère. En moyenne les QTL expliquent entre 55 et 60% de la variance génétique totale en race prim'holstein et 45 à 50% pour les races normande et montbéliarde.

2.3 TAUREAUX EVALUES PAR LA SAMG

Les entreprises de sélection investisseuses déclarent les taureaux qu'elles mettent en marché sur la base d'index génomiques. La publication des index est autorisée sous réserve que leur précision (CD) atteigne 0.50 et qu'ils proviennent d'un typage fiable. Les haplotypes parentaux sont reconstitués puis complétés si besoin par imputation : l'imputation est une approche statistique prédisant le génotype le plus probable d'un SNP lorsqu'il est manquant.

Les taureaux mis « en confirmation sur descendance » après évaluation génomique, ou anciennement « en testage sur descendance » ont des index génomiques diffusés lors de l'arrivée en production de leurs filles. Les seuils de publication sont identiques à ceux des index classiques (CD, nombre de filles et/ou de troupeaux) ; mais pour les caractères fonctionnels dont la précision est améliorée, la publication dépend seulement du CD.

Les index SAM sont comparables aux index classiques et sont exprimés par rapport aux mêmes bases. Quand ils existent, ils les remplacent en tant qu'index officiels.

3. LES ENTREPRISES DE SELECTION

Elles sont désignées par les codes suivants :

S111	DYNAM'IS	86 rue de la République		76000	Rouen
S917	EVOLUTION-XY Anciennement CREA VIA	69 rue de la Motte- Brûlon tel 02-99-87-95-95	BP 80225 fax 02-99-63-78-19	35702 www.evolution-xy.fr	Rennes cedex 7
S920	MIDATEST	Les Nauzes tel 05-63-82-52-75	fax 05-63-75-54-59	81580 www.midatest.fr	Soual midatest@midatest.fr
S950	EVOLUTION-XY Anciennement AMELIS	69 rue de la Motte- Brûlon tel 02-99-87-95-95	BP 80225 fax 02-99-63-78-19	35702 www.evolution-xy.fr	Rennes cedex 7
S959	GENES DIFFUSION	3595 Route de Tournai tel 03-27-99-29-29	BP 70023 fax 03-27-88-09-27	59501 www.genesdiffusion.com	Douai cedex gd@genesdiffusion.com

Distribution des valeurs des index de production, fonctionnels et de morphologie pour les taureaux de la base mobile race Prim'holstein nés à partir de l'année 2006.

Index	Valeur maximale	Seuil 1% supérieur	Seuil 5% supérieur	Seuil 10% supérieur	Seuil 25% supérieur	Moyenne	Ecart Type	Effectif Taureaux
LAIT	2346	1624	1304	1125	856	537,64	472,55	3071
CEL	3,3	2,6	2,1	1,8	1,4	0,71	0,94	3071
MACL	2,7	2	1,4	1,2	0,7	0,17	0,82	3000
FERT	2,5	1,9	1,5	1,3	0,9	0,47	0,67	3071
FERG	2,1	1,3	1	0,9	0,6	0,27	0,5	3071
IVIA1	3,1	1,8	1,4	1,2	0,8	0,21	0,78	3071
LGF	2,9	2,4	1,9	1,6	1,2	0,65	0,77	2850
NAI	95	93	92	92	91	89,57	2,11	3067
VEL	95	94	93	93	92	90,69	1,81	3067
VIN	96	94	94	94	93	92,54	0,91	3033
VIV	96	96	95	95	94	93,13	1,49	3033
TR	2,6	1,7	1,2	0,9	0,5	0,06	0,72	3071
TE	3,6	1,8	1,4	1,2	0,9	0,39	0,67	3071
PS	3,3	2,4	1,9	1,6	1,2	0,57	0,85	3071
PJ	4	3,1	2,5	2,3	1,8	1,08	0,96	3071
EQ	3,3	2,2	1,7	1,4	1	0,49	0,78	3071
AA	3,7	2,6	2,1	1,8	1,3	0,72	0,84	3071
AH	3,5	2,7	2,3	2	1,6	1,04	0,8	3071
EA	3,2	2,3	1,8	1,5	1	0,51	0,81	3071
IA	3,2	2	1,6	1,4	1	0,43	0,77	3071
LT	2,9	1,8	1,2	0,9	0,4	-0,14	0,82	3071
HS	3,6	2,8	2,3	2,1	1,5	0,93	0,88	3071
LP	3,6	2,4	1,7	1,4	0,9	0,44	0,8	3071
PC	3,9	2,5	1,9	1,6	1,1	0,6	0,81	3071
AC	3,1	2,4	1,9	1,6	1,2	0,68	0,72	3071
EC	2,7	1,3	0,8	0,6	0,2	-0,24	0,63	3071
IS	3,9	2,5	1,8	1,5	1	0,47	0,85	3071
IB	3,4	2	1,4	1,1	0,7	0,15	0,75	3071
AJ	2,1	1,3	0,9	0,6	0,1	-0,33	0,72	3071
PI	3,7	1,8	1,5	1,2	0,8	0,38	0,67	3071
MR	2,9	2	1,5	1,3	0,8	0,32	0,77	3071
LO	2,6	2	1,6	1,4	1	0,57	0,68	3071
MA	4,1	3,1	2,5	2,2	1,8	1,11	0,9	3071
CC	4,6	2,9	2,1	1,7	1,2	0,66	0,9	3071
ME	2,5	2	1,6	1,4	1	0,54	0,68	3071
MO	5	3,5	2,9	2,5	2	1,32	0,96	3071

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Barbat A., Le Mezec P., Ducrocq V., Mattalia S., Fritz S., Boichard D., Ponsart C., Humblot P. (2010). Female fertility in French dairy breeds: Current situation and strategies for improvement. *J. Reprod. Dev.* 56: S15-S21
- Bonaïti B, D. Boichard, E. Verrier, V. Ducrocq, A. Barbat, M. Briend (1990). La méthode française d'évaluation génétique des reproducteurs laitiers. *I.N.R.A. Productions Animales*, 1990, 3 (2), 83 -92
- Boichard D., Bonaïti B., Barbat A. (1993). Effect of Holstein crossbreeding in the French black and white cattle population. *J Dairy Sci.*, 76, 1157-1162
- Boichard D et al (1995). Three methods to validate the estimation of genetic trend in dairy cattle. *J Dairy Sci.*, 78, 431-437
- Boichard D., A. Barbat, M. Briend (1997). Genetic evaluation for fertility in French dairy cattle. Gift workshop, November 23-25, Grub
- Boichard D. et R. Rupp (1997). Genetic analysis and genetic evaluation for somatic cell score in French dairy cattle. Gift workshop, June 8-10 1997, Uppsala
- Boichard D., A. Barbat, M. Briend (1998). Evaluation génétique des caractères de fertilité femelle chez les bovins laitiers. *Journées 3R*, 1998, 5, 103-106
- Boichard D, Fritz S, Rossignol MN, Guillaume F, Colleau JJ, Druet T (2006). Implementation of marker-assisted selection: practical lessons from dairy cattle. In 'Proceedings of the 8th world congress of genetics applied to livestock production, Belo Horizonte, Brazil'. Communication no. 22-11
- Boichard D. Guillaume F., Baur A. Croiseau P., Rossignol M.N., Boscher M.Y., Druet T. Genestout L., Colleau J.J., Journaux L., Ducrocq V., Fritz S. (2012). Genomic Selection in French Dairy Cattle. *Anim. Prod. Sci.*, 52: 115-120
- Brochard M., Boichard D., Ducrocq V., Fritz S. (2013). La sélection pour des vaches et une production laitière plus durables : acquis de la génétique et opportunités offertes par la sélection génomique. *Productions Animales*, 26, 145:156
- Croiseau P, Legarra A, Guillaume F, Fritz S, Baur A, Colombani C, Robert-Granié C, Boichard D, Ducrocq V. (2011). Fine tuning genomic evaluations in dairy cattle through SNP pre-selection with the Elastic-Net algorithm. *Genet Res (Camb) Dec*; 93(6):409-17
- Druet, T., C. Schrooten, A.P.W. de Roos (2010). Imputation of genotypes from different single nucleotide polymorphism panels in dairy cattle. *J Dairy Sci* 93:5443–5454
- Ducrocq V. (1990). Les techniques d'évaluation génétique des bovins laitiers. *I.N.R.A. Productions Animales* 3 (1) 3-16
- Ducrocq V. (1993). Genetic parameters for type traits in the French Holstein breed based on a multiple-trait animal model. *Livestock Production Science*, 36 (1993) 143-156
- Ducrocq V. (2000). Calving ease evaluation of French dairy bulls with a heteroskedastic threshold model with direct and maternal effects. *Interbull open meeting*, May 14-15, Bled, Slovenia. *Interbull Bulletin n°25*, 123-130
- Ducrocq V., Mathevon M. (2000). Evaluation génétique des taureaux de races laitières sur les conditions de naissance de leurs veaux et les conditions de vêlage de leurs filles, pp. 165-168 in « 7èmes Rencontres autour des Recherches sur les Ruminants ». Paris, France, 6-7 Décembre 2000
- Ducrocq V., D. Boichard, A. Barbat et H. Larroque (2001). Intégration des caractères fonctionnels dans un index de sélection pour les races bovines laitières : de la théorie à la pratique. *Journées 3R*, 2001, 8, 333-336
- Ducrocq V. (2001). a) A two step procedure to get animal model solutions in Weibull survival models used for genetic evaluations on length of productive life. *Interbull meeting*, August 30-31, Budapest, Hungary. *Interbull Bulletin* 27, 147-152
- Ducrocq V. (2004). Illustration of a trend validation test for longevity evaluations. *Interbull Meeting*, May 29-31, Sousse, Tunisia
- Ducrocq V. (2005). An improved model for the French genetic evaluation of dairy bulls on length of productive life of their daughters. *Anim. Sci*, 80, 249-256
- Guillaume F., Boichard D., Ducrocq V., Fritz S. (2011). Utilisation de la sélection génomique chez les bovins laitiers. *Prod.Anim.*24 :363-368
- Govignon-Gion A., Dassonneville R., Balloche G., Ducrocq V. (2012). Genetic evaluation of mastitis in dairy cattle in France. *Proceedings of the 2012 Interbull meeting*, Cork, Ireland, May 28-31 2012. *Interbull Bulletin* 46, 121-126

- Huquet B., Leclerc H, Ducrocq V. (2012). Modelling and estimation of genotype by environment interactions for production traits in French dairy cattle. *Gen. Sel. Evol.* 44 :35
- Journaux L., Ledos H., Mathevon M., Mattalia S., Leudet O. (2002). Organization of recording and control of data used in France to evaluate calving ease and birth weight in dairy and beef cattle. ICAR Meeting 26-31st May 2002, Interlaken (Switzerland)
- Lassen J., Sorensen M.K., Madsen P., Ducrocq V. (2007). Robustness of an approximate multitrait model and correction for selection bias. *Genet. Sel. Evol* 39: 353-357
- Lund M.S., de Roos A.P.W., de Vries A.G., Druet T., Ducrocq V., Fritz S., Guillaume F., Gulbrandtsen B., Liu Z., Reents R., Schrooten C., Seefried M., Su G. (2011). Common reference of four European Holstein populations increase reliability of Genomic Predictions. *Gen. Sel. Evol.*, 43 :43
- Meszaros G., Sölkner J., Ducrocq V. (2013). The Survival Kit: Software to analyze survival data including possibly correlated random effects. *Comput. Methods Programs Biomed* 110, 503-510
- Robert C. (1996). Etude de quelques problèmes liés à la mise en œuvre du REML en génétique quantitative. PhDThesis. Institut National Agronomique Paris-Grignon, 3-357
- Robert-Granié C., Ducrocq V., Foulley J.L. (1997). Heterogeneity of variance for type traits in the Montbéliarde cattle breed. *Genet. Sel. Evol.*, 29, 545-570
- Robert-Granié C., B. Bonaïti, D. Boichard, A. Barbat (1999). Accounting for variance heterogeneity in French dairy cattle genetic evaluation. *Livestock Production Science* 60, 34
- Robert-Granié C., Legarra A., Ducrocq V. (2011). Principes de base de la sélection génomique. *Prod.Anim.*24:331-340
- Rupp R., D. Boichard, A. Barbat (1997). Evaluation génétique des bovins laitiers sur les comptages de cellules somatiques pour l'amélioration de la résistance aux mammites. *Journées 3R*, 1997, 4, 211-214
- Van Raden P.M., Wiggans G.R. (1991). Derivation, calculation and use of national animal model information. *J. Dairy Sci.* 74: 2737-2746
- Yazdi M.H., Visscher P.M., Ducrocq V., Thompson R. (2002). Heritability, reliability of genetic evaluations and response to selection in proportional hazard models. *J. Dairy Sci.*, 85, 1563-1577

EVALUATION GENETIQUE DES TAUREAUX MONTBELIARDS PRODUCTION LAITIERE – MORPHOLOGIE - CARACTERES FONCTIONNELS

Edition 14/3 de novembre 2014

Cette publication présente les index des taureaux MONTBELIARDS calculés par le Département de Génétique Animale de l'INRA, à partir des données extraites par le Centre de Traitement de l'Information de Jouy-en-Josas le 26 septembre 2014 pour les performances et le 14 octobre 2014 pour les typages de l'évaluation génomique.

1. EVALUATION GENETIQUE CONVENTIONNELLE.....	2
BASES DE L'INDEXATION.....	2
1.1 - LES INDEX DE PRODUCTION LAITIERE.....	2
1.1.1 - LE BLUP MODELE ANIMAL.....	2
1.1.2 - LES CARACTERES INDEXES.....	2
1.1.3 - LE MODELE D'ANALYSE ET LES DONNEES UTILISEES.....	2
1.1.4 - LA PRECISION DES INDEX DE PRODUCTION LAITIERE.....	3
1.2 - LES INDEX FONCTIONNELS COMBINES.....	4
1.2.1 - LES COMPTAGES CELLULAIRES (CEL).....	4
1.2.2 - LES MAMMITES CLINIQUES (MACL).....	5
1.2.3 - LA FERTILITE DES VACHES ET DES GENISSES (FER, FERG).....	5
1.2.4 - L'INTERVALLE VELAGE PREMIERE INSEMINATION (IVIA1).....	6
1.2.5 - LA LONGEVITE FONCTIONNELLE (LGF).....	6
1.2.6 LES CARACTERES FONCTIONNELS COMBINES ET LES SYNTHESSES FONCTIONNELLES....	7
1.2.7 LA PRECISION DES INDEX FONCTIONNELS.....	8
1.3 AUTRES INDEX FONCTIONNELS : FACILITES ET VITALITES A LA NAISSANCE ET AU VELAGE	8
1.3.1- LES FACILITES DE NAISSANCE (NAI) ET DE VELAGE (VEL).....	8
1.3.2 - LES VITALITES A LA NAISSANCE (VIN) ET AU VELAGE (VIV).....	9
1.3.3- EXPRESSION ET UTILISATION DES INDEX NAI, VEL, VIN, VIV.....	9
1.4 - LES INDEX MORPHOLOGIQUES.....	10
1.5 - L'INDEX SYNTHESE UNIQUE (ISU).....	11
2. EVALUATION GENOMIQUE.....	12
2.1 CARTOGRAPHIE DES QTL CHEZ LES BOVINS LAITIERS.....	12
2.2 EVALUATION GENETIQUE DE LA SAMG.....	12
2.3 TAUREAUX EVALUES PAR LA SAMG.....	12
3. LES ENTREPRISES DE SELECTION.....	13

1. EVALUATION GENETIQUE CONVENTIONNELLE

BASES DE L'INDEXATION

L'index mesure la supériorité génétique par rapport à un groupe d'animaux de référence. L'index moyen de cette population de référence est par convention égal à 0. Pour faciliter l'appréciation par rapport aux reproducteurs actuels, les index sont exprimés en "base mobile" c'est-à-dire en écart à un groupe d'animaux récents changeant chaque année.

Les bases mobiles successives peuvent être comparées grâce à une base fixe constante dans le temps pour la race.

La base mobile de l'année N regroupe les vaches nées durant les années N-8 à N-6 ayant :

- deux parents connus,
- une lactation contrôlée ou un pointage,
- un $CD \geq 0.30$ pour les caractères dont l'index est publié pour les vaches.

Pour les caractères comme les facilités de naissance ou de vêlage et les vitalités à la naissance ou au vêlage, dont le modèle d'indexation n'estime pas la valeur génétique des vaches, la base mobile N regroupe les taureaux nés de N-9 à N-12 pour les 3 races principales, et de N-9 à N-14 pour les 5 races régionales.

1.1 - LES INDEX DE PRODUCTION LAITIERE

1.1.1 - LE BLUP MODELE ANIMAL

Le modèle animal décrit les facteurs de variation de la lactation en distinguant la valeur génétique transmissible à estimer, et les facteurs de milieu dont l'effet doit être éliminé. L'index d'un animal découle de ses lactations pour une femelle, et de ses relations de parenté avec les autres animaux mâles ou femelles de la population.

La procédure BLUP (best linear unbiased prediction : meilleur prédiction linéaire sans biais) corrige au mieux l'influence des effets de milieu identifiés et combine de façon optimale les lactations et l'information généalogique.

En effet:

- Toutes les relations de parenté sont utilisées; les animaux apparentés, ascendants descendants ou collatéraux, interviennent d'autant plus qu'ils sont plus proches parents ;
- Les mâles et les femelles sont évalués en même temps ;
- Les effets de milieu sont estimés en même temps que les index de valeur génétique ;
- La sélection laitière des vaches au cours de leur carrière et la pratique d'accouplements dirigés sont prises en considération.

Ainsi calculés les index de valeur génétique autorisent la comparaison objective d'animaux quels que soient leur sexe, leur âge, leur troupeau ou leur région d'origine, ainsi que la mesure du progrès génétique réalisé.

1.1.2 - LES CARACTERES INDEXES

Les caractères indexés sont :

- la quantité de matières protéiques (kg) ;
- la quantité de matières grasses (kg) ;
- la quantité de lait (kg) ;
- le taux protéique vrai en g/kg, inférieur de 5 % au taux azoté dénommé "% protéines" à l'étranger ;
- le taux butyreux en g/kg ;
- l'INEL.

Index de sélection laitière, il maximise la marge nette hors travail de l'atelier laitier en l'absence de quotas. Établi avec une contrainte de coûts opérationnels et de structure constants, en l'absence d'activités de substitution, il est défini comme :

$$\text{INEL} = 0.98 (\text{MP} + 0.2 \text{ MG} + \text{TP} + 0.5 \text{ TB})$$

1.1.3 - LE MODELE D'ANALYSE ET LES DONNEES UTILISEES

Données et paramètres génétiques

Pour estimer la valeur génétique d'un taureau, on tient compte des 3 premières lactations de ses filles (lactations commencées depuis au moins 90 jours, lactations en cours d'au moins 60 jours au moment de l'extraction). Les lactations de rang 1 dépassant 180 jours ou terminées ont un poids de 1 contre 0,8 à celles de rangs 2 et 3 ; en effet ces dernières sont moins héréditaires et ne correspondent pas exactement au même caractère qu'en 1^{ère} lactation.

À chaque traitement on exploite l'ensemble des généalogies et des lactations 1 à 3 des vaches dont le 1^{er} vêlage est postérieur au 01/09/79. L'hérédité (la part génétiquement transmissible des différences entre animaux) et la répétabilité (le degré de ressemblance entre deux lactations d'une même vache) sont supposées égales à 30 % et 50 % pour les quantités de matières, et à 50 % et 70% pour les taux.

Modèle d'analyse

Les lactations sont soit extrapolées (lactations en cours ; lactations terminées de rang ≥ 2 et de durée inférieure à 305 jours), soit corrigées pour la durée. Une correction pour le rang de lactation standardise la variabilité et les transforme en lactations d'adultes.

Les effets non additifs liés au croisement, à l'hétérosis et aux pertes de recombinaison, sont pré-correctés pour la race prim'holstein.

Cette performance est ensuite expliquée par quatre groupes de facteurs :

- la valeur génétique de l'animal ;
- la valeur de l'animal non transmissible ou "Effet d'environnement permanent" résultant d'effets non identifiés propres à l'animal et se répétant d'une lactation à l'autre. L'effet d'environnement permanent permet de tenir compte de la sélection conduisant à la réforme des vaches les moins productives ;
- les effets de milieu identifiés détaillés ci-dessous ;
- un résidu inexpliqué.

Les effets de milieu sont:

- le milieu du troupeau, par campagne ;
- le rang de lactation par région et par campagne;
- le mois de vêlage par rang de lactation, région et campagne ; on distingue les 1^{ères} lactations des 2^{èmes} et 3^{èmes} lactations ;
- l'âge au vêlage par rang de lactation, par région et par campagne ;
- la durée de tarissement précédent pour les 2^{èmes} ou 3^{èmes} lactations, par région et par campagne.

L'hétérogénéité des variances, c'est-à-dire la variabilité des productions selon les années, les régions et les troupeaux même après avoir pris en compte les facteurs précédents, est corrigée dans l'évaluation génétique. On considère qu'un écart de valeur génétique entre deux animaux se traduit par un écart de performances différent selon l'environnement où ils produisent. Cet environnement est caractérisé par sa variance résiduelle, calculée par troupeau et par campagne, avec deux composantes : l'une propre à la région et l'autre propre au troupeau pour la campagne considérée. Finalement la contribution d'une performance à l'index est la lactation corrigée pour les effets de milieu et ajustée pour l'écart-type résiduel associés au troupeau et à la campagne de la performance. Les index traduisent l'expression des valeurs génétiques dans un milieu dont la variabilité est celle de la campagne 1996 (montbéliarde et normande) ou 1995 (Prim'Holstein).

Du fait de leur estimation simultanée, une répartition inégale des filles des taureaux selon les troupeaux, les rangs de lactation sera prise en considération au mieux.

1.1.4 – LA PRECISION DES INDEX DE PRODUCTION LAITIÈRE

Bien que tous ses apparentés interviennent dans l'évaluation d'un taureau, son index peut être décomposée en deux contributions correspondant à deux sources d'information distinctes :

- l'ascendance via la demi-somme des index des parents ;
- la descendance définie comme deux fois la supériorité moyenne des fils et des filles après correction pour la valeur de leur mère.

Pondérées par leurs précisions respectives, elles interviennent dans l'index avec les contributions suivantes :

CONTRIBUTION DE L'ASCENDANCE ET DE LA DESCENDANCE D'UN TAUREAU

Equivalent filles avec L1 terminée ou en cours ≥ 180 jours	Ascendance %	Descendance %
0	100	0
20	26	74
50	12	88
75	9	91
100	7	93
500	1,4	98,6
1000	0,7	99,3

En moyenne la moitié de la supériorité génétique d'un taureau sera exprimée par ses filles dans leurs lactations.

À l'index qui traduit la supériorité génétique probable est associée une précision donnée par le coefficient de détermination (CD) qui détermine une fourchette d'incertitude de l'index.

Intervalle de confiance des index laitiers (au risque 10%)

CD	LAIT	QMG	QMP	TB*	TP*
0,5	770	32	25	2,8	1,6
0,6	689	28	22	2,5	1,5
0,7	596	24	19	2,2	1,3
0,8	487	20	15	1,8	1,0
0,9	344	14	11	1,3	0,7
0,95	244	10	8	0,9	0,5

*les CD des index taux ne sont pas publiés ; des paramètres génétiques moyens sont utilisés

Interprétation : la valeur génétique vraie d'un taureau indexé à +1000kg de lait avec un CD de 0.70 se situe entre +404kg (1000-596) et +1596kg (1000+596) dans 90% des cas. Sa valeur la plus probable est +1000. 5 fois sur 100 elle sera inférieure à +404kg, et 5 fois sur 100 elle sera supérieure à +1596kg.

En l'absence d'évaluation génomique les index de production sont officiels aux conditions suivantes :

- CD >= 70 et au moins 40 filles dans 10 troupeaux (race PH) ;
- CD >= 70 et au moins 40 filles dans 30 troupeaux (races MO et NO).

1.2 – LES INDEX FONCTIONNELS COMBINES

Les caractères ci-dessous sont d'abord indexés séparément, en général par un Blup modèle animal unicaractère qui produit des index non combinés et des performances corrigées (une performance moyenne par animal, corrigée pour tous les effets sauf l'effet génétique ; un poids traduisant la quantité d'information correspondante). Puis ils sont indexés ensemble par un Blup modèle animal multicaractère produisant des index combinés qui sont les index officiels.

1.2.1 – LES COMPTAGES CELLULAIRES (CEL)

L'objectif est d'améliorer la qualité du lait et la résistance aux mammites par une sélection indirecte sur les comptages cellulaires.

Données

Les comptages cellulaires (CCS = comptages de cellules somatiques) sont connus exhaustivement depuis 1994 et partiellement depuis 1990. Le calcul intègre tous les CCS entre 5 et 350 jours de lactation pour les lactations 1 à 3 ayant débuté après le 01/09/1989.

La performance par lactation est construite ainsi :

- ① Transformation des CCS en un score de cellules somatiques (SCS) pour avoir une distribution normale :

	CCS	SCS		CCS	SCS
$SCS = \log_2 \left(\frac{CCS}{100000} \right) + 3$	12.500	0		400.000	5
	25.000	1		800.000	6
	50.000	2		1.600.000	7
	100.000	3		...etc.	...
	200.000	4			

- ② Correction additive du SCS pour le stade et le rang de lactation. Elle permet l'utilisation des lactations anciennes avec quelques comptages et des lactations en cours. L'ajustement est calculé à partir des lactations saines (SCS moyen < 4).

- ③ Moyenne pondérée des SCS corrigés d'une lactation :
$$SCSL = \frac{\sum \frac{R}{\sigma} [SCS \text{ corrigé}]}{\sum \frac{R}{\sigma}}$$

R est la corrélation des SCS à ce stade et rang de lactation avec la moyenne des autres SCS des lactations de même rang et σ traduit la variabilité des SCS considérés à ce stade et rang de lactation.

- ④ Les SCSL sont transformés pour avoir une variabilité comparable entre rangs de lactation (SCSL *1,15 en L1 ; SCSL *1,08 en L2 ; SCSL *1 en L3).

Modèle et paramètres génétiques

Une procédure BLUP modèle animal est utilisée.

Chaque lactation a un poids en fonction du nombre de CCS connus. Un minimum de 5 CCS est nécessaire pour obtenir un poids de 1. Les effets dans le modèle d'analyse sont les mêmes que pour la production laitière, sans considération des hétérogénéités de variance. L'héritabilité supposée du caractère est de 15 % et sa répétabilité est de 35 %.

Une illustration est donnée avec les comptages cellulaires observés en première lactation. Les taureaux sont classés en 9 catégories selon la valeur de leur index CEL. Les troupeaux sont regroupés en 3 catégories correspondant à des niveaux cellulaires bas, moyens ou élevés d'après les effets troupeau*année du modèle d'évaluation génétique ; ces catégories représentent 25, 50 et 25 % des troupeaux.

**TRADUCTION DE L'INDEX CEL DES TAUREAUX EN PERFORMANCES DE LEURS FILLES :
POURCENTAGE DE CONTROLES A PLUS DE 300.000 CELLULES/ML EN PREMIERE LACTATION EN
FONCTION DE LA CLASSE D'INDEX DES PERES (race MO)**

Valeur des index des pères							
Niveau cellulaire du troupeau	< à -1,7	-1,7 à -1,3	-1,2 à -0,8	-0,7 à -0,3	-0,2 à +0,2	+0,3 à +0,8	>= +0,9
Excellent	12,6 %	6,6 %	6,5 %	5,7 %	4,7 %	4,4 %	3,3 %
Moyen	19,5 %	15,0 %	12,7 %	11,9 %	9,3 %	9,4 %	6,3 %
Mauvais	31,6 %	28,4 %	25,0 %	22,0 %	18,1 %	19,2 %	13,5 %

1.2.2 – LES MAMMITES CLINIQUES (MACL)

Définition du caractère et sélection des données

L'information est de type 0/1 et elle est relevée par l'agent du contrôle laitier. Elle concerne les trois premières lactations et se résume ainsi : « au moins un événement mammite clinique enregistré durant les 150 premiers jours de la lactation ». Pour la fiabilité de l'évaluation il faut être certain qu'une vache notée « 0 = pas de mammites cliniques » est une vache saine et non pas un animal non contrôlé.

Pour ce faire une sélection des données est nécessaire. Les données sont prises en compte depuis 1997 ; une sélection des lactations par troupeau*campagne est faite : sont conservés les cheptels qui déclarent par campagne un minimum de 5 % de lactations avec un événement mammite (toutes lactations confondues, avec des adaptations pour l'effectif du troupeau). Ce critère est responsable de la majorité des éliminations de données.

Modèle et paramètres génétiques

L'évaluation est de type Blup modèle animal avec effet d'environnement permanent (pour tenir compte de la répétabilité des performances). Les effets de milieu sont :

- le mois de vêlage par campagne;
- le troupeau par campagne;
- la classe d'âge au vêlage pour un rang de lactation et une campagne donnés.

Le modèle considère l'hétérogénéité des variances pour les effets suivants :

- le rang de lactation par campagne;
- le département par campagne.

Ceci parce qu'un écart de valeur génétique entre animaux va se traduire par un écart de performances différent selon le rang de lactation, selon le département et selon l'année considérée.

	h ² %	Répétabilité %	Ecart-type génétique %
Prim'Holstein, Brune, Pie-Rouge	1.8	5.5	4.12
Montbéliarde, Abondance, Tarentaise, Simmental	2.3	5.5	4.35
Normande	2.1	6.2	4.69

1.2.3 – LA FERTILITE DES VACHES ET DES GENISSES (FER, FERG)

L'objectif est d'évaluer la fertilité post-partum des filles des taureaux. L'index ne décrit pas la fécondance de la semence.

Données

La performance est le résultat (oui/non) de chaque I.A. réalisée depuis septembre 1995 dans les élevages au contrôle laitier. Pour celles intervenues six mois au moins avant l'indexation, les règles de détermination de l'I.A. fécondante sont :

- en présence d'un vêlage postérieur, l'IA fécondante est celle la plus en accord avec la durée de gestation de la race.
- en l'absence de vêlage postérieur, le statut de la dernière I.A est déterminé selon la première des règles auxquelles elle répond :
 - non fécondante, si l'IA est suivie d'un mouvement IPG avec une cause de sortie signalant la fin de la carrière (boucherie, mort, autoconsommation);
 - fécondante si l'IA est suivie d'un mouvement IPG avec une cause de sortie signalant la poursuite de l'élevage (élevage ou vente ; prêt ou pension) ;
 - fécondante si l'IA est récente (moins de 340 jours) ; on lui affecte alors une probabilité de gestation compte tenu de l'ancienneté de l'IA, du statut (nullipare ou non), de la race et du rang de l'IA. Cette probabilité est proche de 1 puisque les IA de moins de six mois ne sont pas utilisées.
 - fécondante si l'IA est ancienne (plus de 340 jours) et faite sur une vache avec une lactation inférieure ou égale à 260 jours ;
 - non fécondante si l'IA est ancienne (plus de 340 jours) et faite sur une vache avec une lactation supérieure à 260 jours.

Les autres IA d'une même séquence sont déclarées non fécondantes si elles sont antérieures, et éliminées si elles sont postérieures. Si dans une séquence aucune IA n'est fécondante, toutes les IA sont considérées comme non fécondantes ; et lorsque deux IA sont proches de 3 jours au plus, l'une d'elles est éliminée.

L'indexation concerne les génisses et les vaches jusqu'en 3^{ème} lactation pour leurs trois premières IA dans chaque séquence.

Modèle et paramètres génétiques

Le déterminisme de la fertilité femelle est différent entre nullipares et vaches. Par suite deux caractères différents dont l'héritabilité est 2 % sont considérés et la fertilité des nullipares intervient comme un prédicteur de la fertilité post-partum. Deux autres caractères sont évalués officieusement et interviendront aussi comme prédicteurs, les taux de non-retour des vaches (TNRV) et des génisses (TNRG) entre 18 et 56 jours.

Des analyses séparées sont d'abord conduites avec des évaluations BLUP Modèle Animal. Les effets pris en compte sont, outre l'effet génétique de l'animal:

- le troupeau et l'inséminateur, par année ;
- le rang de vêlage précédant l'IA ;
- le mois d'insémination et le jour dans la semaine, par année et région ;
- l'intervalle vêlage - I.A. des vaches ou l'âge à l'insémination des nullipares, par année;
- les taux de consanguinité de la mère et de son veau ;
- la race du taureau faisant l'insémination ;
- l'effet fécondant du taureau pour l'année (effet aléatoire) ;
- l'effet d'environnement permanent de la femelle (effet aléatoire).

1.2.4 – L'INTERVALLE VELAGE PREMIERE INSEMINATION (IVIA1)

Cet intervalle traduit l'aptitude génétique au retour en cyclicité post-partum, même s'il dépend aussi des décisions de mise à la reproduction. Le caractère indexé est l'intervalle en jours pour les vaches jusqu'en 3^{ème} lactation. Le modèle d'indexation est aussi un modèle animal uni-caractère avec effet d'environnement permanent où interviennent les effets fixes suivants :

- le troupeau par année;
- le mois de vêlage par année et par région ;
- l'âge au vêlage,
- le rang du vêlage précédant l'IA.

L'héritabilité du caractère est de 3% à 6% et la répétabilité est voisine de 10%.

	h ² %	Répétabilité %	Ecart-type génétique (jours)
Montbéliarde et autres races	3.7	8.8	5
Normande	3.4	8.1	5
Prim'Holstein	6.1	12.2	7.75

1.2.5 - LA LONGEVITE FONCTIONNELLE (LGF)

On considère qu'une réforme est volontaire si l'animal est éliminé à cause d'une faible production. L'objectif est de retarder la réforme involontaire, c'est à dire d'améliorer l'aptitude des filles d'un taureau à avoir une longue carrière indépendamment de leur production.

Les données utilisées sont les lactations 1 à 5 débutant après le 01/01/1988 avec le calcul de la durée de vie productive (DVP : de la date du 1^{er} vêlage jusqu'au dernier contrôle connu) pour les vaches nées d'IA dans des troupeaux comportant au moins 5 vaches de la race.

Deux types d'observations existent au moment du constat de la DVP (4 mois avant la date d'extraction des données ; après élimination des premières lactations vélées dans les 90 jours précédant cette date de constat) :

- les observations non censurées : l'animal est considéré comme réformé, aucun contrôle n'a eu lieu depuis plus de 4 mois ;
- les observations censurées : l'animal est considéré comme vivant. C'est le cas quand un contrôle est survenu depuis moins de 4 mois, quand l'animal a disparu en même temps qu'une réduction d'au moins 50 % de l'effectif du cheptel, quand l'animal a changé de troupeau, ou quand l'animal commence une lactation de rang supérieur à 5.

Les données censurées et non censurées sont traitées par une méthode d'analyse de survie, utilisant la notion de "risque de réforme" (probabilité d'un animal d'être réformé au temps t sachant qu'il était encore en vie juste avant).

Un modèle père-grand-père maternel est utilisé :

$\lambda(t, x) = \lambda_{0i}(t) * \text{exponentielle (facteurs de risque fonction du temps)}$ avec :

$\lambda_{0i}(t)$ = risque moyen d'être réformé au jour t sachant que l'animal est vivant auparavant ; le risque est établi par année, rang de lactation (1 à 5) et stade de lactation (0 à 270j, 270 à 380j, après 380j, tarissement). Les facteurs de risque sont :

- le troupeau par année et trimestre;
- l'appartenance de l'animal à des classes de :
 - production laitière intra troupeau, par trimestre et par année,
 - TP intra troupeau, par année,
 - TB intra troupeau, par année ;

Ces effets sont estimés à partir des lactations en 305 jours. Ils permettent d'éliminer l'effet du niveau de production sur la réforme et de travailler sur les réformes dites involontaires ;

- la variation de taille du troupeau (dans les troupeaux de 50 et plus, de 20-49, de 5-19 et de moins de 5 vaches) ;
- l'âge au 1^{er} vêlage;
- la région par année (prise en compte des réformes selon les régions et les années).
- L'interaction entre la production laitière, le rang et le stade de lactation (parce que les faibles productrices sont réformées plus précocement) ;
- Les valeurs génétiques du père et du grand-père maternel de la vache.

L'héritabilité théorique du caractère est de 10.8 % pour la prim'holstein, 8.9% pour la normande et 13% pour la montbéliarde. L'héritabilité réelle, à cause des observations censurées des animaux encore en vie, est de deux à trois fois plus petite.

1.2.6 LES CARACTERES FONCTIONNELS COMBINES ET LES SYNTHESSES FONCTIONNELLES

Les caractères fonctionnels (CEL et MACL, FER FERG TNRV TNRG et IVIA1, LGF), la quantité de lait et des caractères morphologiques (jusqu'à sept postes dont la vitesse de traite, un poste d'aplombs, des postes de mamelle et de format) sont liés par des corrélations génétiques.

Corrélations génétiques entre caractères fonctionnels, morphologiques et laitiers (race MO)

	LAIT	CEL	LGF	FERG	FER	IVIA1	TNRG	TNRV	MACL	MO1	MO2	MO3	MO4	MO5	MO6
CEL	0,15														
LGF	-0,14	0,40													
FERG	0,05	-0,20	-0,31												
FERG	-0,21	-0,29	-0,49	0,66											
IVIA1	0,37	0,12	0,11	0	-0,21										
TNRG	-0,02	-0,21	-0,33	0,69	0,57	0,13									
TNRV	-0,11	-0,30	-0,40	0,53	0,72	0,11	0,60								
MACL	0,27	0,60	0,50	-0,02	-0,19	0,16	-0,03	-0,20							
MO1	0,07	0,11	0,08	-0,08	-0,18	-0,01	-0,16	-0,25	0,07						
MO2	0,12	-0,06	-0,31	0,07	0,09	0	0	0	-0,06	-0,09					
MO3	0,33	0,45	0,54	-0,01	-0,20	0,25	-0,08	-0,20	0,49	0,09	-0,23				
MO4	-0,08	-0,15	-0,32	0,12	0,09	0	0	0	-0,16	0,09	0,45	-0,39			
MO5	0,07	0,25	0,24	0,09	0,01	0	0	0	0,24	0,09	-0,17	0,22	-0,12		
MO6	0,17	0,07	-0,42	0,01	-0,02	0	0	0	-0,10	0,02	0,31	-0,31	0,25	-0,20	
MO7	0,02	-0,05	-0,26	0,07	0,07	0	0	0	0	-0,03	0,08	-0,14	0,16	-0,09	0,09

* Dans ce tableau une valeur élevée est défavorable pour CEL (davantage de cellules), LGF (davantage de réformes), MACL (davantage de mammites) et IVIA1 (davantage de jours avant la 1ère IA).

* MO1 profondeur de flancs, MO2 attache avant, MO3 développement mamelle, MO4 équilibre mamelle, MO5 forme des trayons, MO6 vitesse de traite, MO7 synthèse aplombs.

Un BLUP Modèle Animal approché, appliqué aux performances corrigées de l'indexation de chaque caractère, synthétise l'information du sujet et de ses apparentés, pour chaque caractère enrichi par ses prédicteurs. Il produit des index combinés (CELC, MACLC, FERc, FERGc, IVIA1c, LGFc) dont la précision (CD) est accrue par rapport aux index non combinés décrits précédemment. Ces index combinés sont les index polygéniques officiels (exception : Celc plutôt que Celc pour des raisons historiques) et sont utilisés pour calculer les index de synthèse.

Deux synthèses fonctionnelles sont définies, la santé de la mamelle (STMA) et la reproduction (REPRO) :

STMA = (0.6*CELC + 0.4*MACLC) / 0.9137 (races montbéliarde et prim'holstein);

STMA = (0.5*CELC + 0.5*MACLC) / 0.9100 (race normande);

REPRO = (0.5*FERc + 0.25*FERGc + 0.25*IVIA1c) / 0.6965

1.2.7 LA PRECISION DES INDEX FONCTIONNELS

Les index fonctionnels sont exprimés en base mobile de valeur 0, en unités d'écart-type génétique de valeur 1, et sont sauf exception compris entre -3 et +3. Un index positif est améliorateur du caractère (comptages cellulaires bas, moins de mammites cliniques, meilleure fertilité, IVIA1 plus court et longévité accrue). Ils sont publiés si leur CD atteint 0.50.

Intervalle de confiance des index fonctionnels (risque 10% d'être hors fourchette)

CD	Index fonctionnels
0.50	+/- 1.2
0.60	+/- 1.0
0,70	+/- 0.9
0,80	+/- 0.7
0,90	+/-0.5

Interprétation : la valeur génétique vraie d'un taureau indexé à +1.0 avec un CD de 0.70 se situe entre +0.1 (1.0 -0.9) et +1.9 (1.0 +0.9) dans 90% des cas. Sa valeur la plus probable est +1.0. 5 fois sur 100 elle sera inférieure à +0.1, et 5 fois sur 100 elle sera supérieure à +1.9.

1.3 AUTRES INDEX FONCTIONNELS : FACILITES ET VITALITES A LA NAISSANCE ET AU VELAGE

1.3.1- LES FACILITES DE NAISSANCE (NAI) ET DE VELAGE (VEL)

L'objectif est d'évaluer les conditions de naissance des veaux (effet direct) et les conditions de vêlage des filles des taureaux (effet direct et maternel), afin d'éviter des accouplements à risques sur des génisses.

Données

Les conditions de naissance d'un veau sont décrites par une note de 1 à 5 : 1= vêlage sans aide, 2= vêlage avec aide facile, 3= vêlage avec aide difficile, 4= césarienne, 5= veau découpé. Etant donné la faible proportion de codes 3, 4 et 5, ils sont regroupés. Une sélection des données est faite pour les données antérieures à 1999 dont la qualité était moins bonne.

Modèle et paramètres génétiques

Les données sont analysées avec une méthodologie adaptée aux données discrètes, soit un modèle à seuils prenant en compte l'hétérogénéité des variances. La performance, exprimée dans l'échelle de la loi normale sous-jacente est expliquée par les facteurs suivants :

Pour les races Prim'Holstein, Normande et Montbéliarde :

- Effets fixes:

- le mois de vêlage par année ;
- le sexe du veau par rang de vêlage (1 à 9) et classe d'âge de la mère au premier et au second vêlage ;
- le département par année ;

- Effets aléatoires:

- le troupeau par année et saison (novembre-avril et mai-octobre) ;
- le père du veau;
- le père de la vache;

La variance résiduelle dépend de l'année et du mois de vêlage, du sexe du veau, du département ainsi que du rang de vêlage et de l'âge au vêlage des mères. Ceci donne une plus grande flexibilité au modèle et le rend plus robuste aux caractéristiques des données.

Pour les autres races laitières, le modèle comprend :

- Effets fixes:

- le mois de vêlage par année;
- le sexe du veau;
- le rang de vêlage de la mère (4 classes : 1, 2, 3 à 5, 6 et plus) ;
- le département par année ;

- Effets aléatoires:

- le troupeau par année;
- le père du veau;
- le père de la vache;

Les données ne sont pas assez nombreuses pour modéliser des hétérogénéités de variance.

Héritabilité du caractère sous-jacent	h ² NAI %	h ² VEL %
Prim'Holstein	5.6	3.2
Montbéliarde	7.8	3.7
Normande et autres races	7.4	4.3

1.3.2 - LES VITALITES À LA NAISSANCE (VIN) ET AU VÊLAGE (VIV)

L'objectif est d'évaluer la mortalité des veaux d'un taureau (effet direct) ainsi que la mortalité des veaux au vêlage de ses filles (effets direct et maternel) dans les 48h suivant la naissance. On a choisi de restituer les mortinatalités sous la forme des caractères opposés qu'on appelle les « vitalités ».

Données

La mortinatalité est définie à partir de la date de naissance du veau né simple et de sa date de sortie IPG pour la cause « mort » dans les 2 jours qui suivent. Les veaux considérés sont nés à partir du 1^{er} janvier 1999. Pour tenir compte de la mise en place progressive de l'IPG européenne et conserver des données assez exhaustives, on impose des contraintes supplémentaires : l'information est acceptée pour un département à partir de l'année où on a un taux minimal de 3% veaux morts-nés (2.5% pour la montbéliarde), et acceptée pour un élevage à partir de l'année où on y déclare un veau mort-né.

Modèle et paramètres génétiques

Le modèle est analogue à celui des conditions de naissance et de vêlage des races principales, mais la prise en compte des variances hétérogènes ne se justifie pas. On considère que le même caractère s'exprime quel que soit l'âge ou le rang de vêlage de la mère.

Comme à l'étranger, la mortinatalité n'est pas corrigée pour les conditions de naissance ; par suite il y a une relation entre les caractères de mortinatalité et les caractères du vêlage. Les héritabilités du caractère sous-jacent varient de 3% en race Prim'Holstein à 5.9% en race Montbéliarde pour la mortinatalité à la naissance, et de 4.1% en race Normande à 6.6% en race Prim'Holstein pour la mortinatalité au vêlage.

Héritabilité du caractère sous-jacent	h ² VIN %	h ² VIV %
Montbéliarde, autres races	5.9	5.8
Normande	4.1	4.1
Prim'Holstein	3.0	6.6

1.3.3- EXPRESSION ET UTILISATION DES INDEX NAI, VEL, VIN, VIV

Les index NAI et VEL sont exprimés en % de vêlages faciles (codes 1 et 2) sur primipares vêlant en hiver avec un sex-ratio de 50%. La valeur de la base mobile est fixée par convention à 89%. Les recommandations d'utilisation sont :

NAI < 86	éviter sur génisses
NAI = 86 et 87	utiliser avec précaution sur génisses
87 < NAI < 91	normal
NAI = 91	plutôt conseillé sur génisses
NAI > 91	conseillé sur génisses
Filles de taureaux VEL < 87	accoupler avec des taureaux conseillés sur génisses
Filles de taureaux VEL = 87	accoupler de préférence avec des taureaux conseillés sur génisses

Les index VIN et VIV sont exprimés en % de veaux vivants après 48h, nés d'une mère primipare pour un sex-ratio de 50%. La valeur de la base mobile est fixée par convention à 92%. Les recommandations d'utilisation sont :

VIN/VIV ≤ 90	détériorateur
VIN/VIV = 92	normal
VIN/VIV ≥ 94	améliorateur
Filles de taureaux VIV ≤ 90	accoupler avec des taureaux de VIN ≥ 94

Ils sont publiés si le CD atteint 0.50. La base mobile de l'année N regroupe les taureaux nés dans les années N-9 à N-12 pour les 3 races principales, N-9 à N-14 pour les 5 races régionales, avec au moins 20 descendants nés ou 20 filles vêlées.

1.4 - LES INDEX MORPHOLOGIQUES

L'évaluation génétique des taureaux pour les caractères de format et de conformation s'appuie sur :

- *Une table de pointage linéaire*

Depuis septembre 1988, les techniciens agréés par l'Organisme de Sélection décrivent, d'un extrême biologique à l'autre, le degré d'expression des caractères morphologiques ; cette note ne traduit pas nécessairement la désirabilité par rapport à un idéal. La vitesse de traite et le tempérament sont collectés d'après l'avis de l'éleveur.

- *Le pointage des contemporaines d'étable*

Les filles des taureaux sont jugées en 1^{ère} ou 2^{ème} lactation en même temps que l'ensemble (troupeaux adhérents de l'OS) ou un échantillon prédéterminé de contemporaines (troupeaux non adhérents de l'OS).

- *L'indexation BLUP modèle animal multicaractères*

Les taureaux sont évalués en tenant compte de l'information morphologique disponible et des relations de parenté entre animaux. L'information morphologique est corrigée pour les effets de l'âge au vêlage et du stade de lactation (par campagne) en distinguant les 1^{ères} et les 2^{èmes} lactations, et en séparant les animaux mesurés à la toise des animaux notés de 1 à 9. S'ajoute l'effet de la visite qui traduit l'environnement commun à toutes les vaches vues le même jour dans le même élevage par le même technicien.

L'hétérogénéité des variances est prise en compte. On considère qu'un écart de valeur génétique entre animaux se traduit par un écart de performances différent selon les conditions de milieu. Le milieu est évalué pour sa variance résiduelle qui dépend de l'âge au vêlage et du stade de lactation (selon que l'animal a été mesuré ou noté, en 1^{ère} ou en 2^{ème} lactation), ainsi que du technicien (par campagne, selon que l'animal a été mesuré ou noté). Ainsi le jugement est corrigé pour les facteurs de milieu mais aussi restitué dans un environnement standardisé.

L'analyse multicaractère accroît la fiabilité de l'évaluation en tenant compte des liaisons génétiques entre caractères.

- *Des index composites pour les caractéristiques générales de morphologie*

Ils synthétisent des index élémentaires selon les objectifs raciaux de sélection morphologique.

Index composite MO	Définition
Mamelle (MA)	$Kma^*[0,1*Att. Avant + 0,1*Hauteur att. Arrière + 0,05*Largeur att. Arrière + 0,15*Développement + 0,15*Equilibre + 0,1*Support + 0,1*Ecart avant + 0,1*Orientation + 0,15*Trayons]$
Corps (CO)	$Kco^*[0,1*Taille + 0,3*Profondeur flancs + 0,25*Profondeur poitrine + 0,35*Largeur poitrine]$
Aptitude bouchère (VB)	$Kvb^*[0,5*Garrot + 0,5*Cuisse]$
Morphologie (MO)	$Kmo^*[0,4*Mamelle + 0,3*Corps + 0,15*Aplombs + 0,10*Bassin + 0,05*Aptitude Bouchère]$

L'évaluation génétique des taureaux est officielle si la précision atteint 0,70 avec 28 filles jugées. Le coefficient de détermination est fondé sur une héritabilité de 0,25. Les index sont exprimés en base mobile de valeur 100 et d'écart-type génétique de valeur 12.

On notera que les 4 index composites et 3 index issus d'appréciations du technicien (trayons $h^2=0.39$, bassin $h^2=0.33$ et aplombs $h^2=0.09$) sont qualitatifs (de mauvais à bon) alors que les index élémentaires sont descriptifs (d'un extrême à l'autre).

Leur interprétation se fait de la façon suivante :

	H ²	Index MO	< 100	> 100
VT	0.27	Vitesse de traite	lent	rapide
TE	0.10	Tempérament	nerveux	docile
TA	0.63	Taille (haut. sacrum)	petite	grande
LP	0.33	Largeur poitrine	étroite	large
PP	0.46	Profondeur poitrine	faible	importante
PF	0.42	Profondeur flancs	faible	importante
LB	0.40	Longueur bassin	court	long
LH	0.39	Largeur hanches	étroit	large
LT	0.38	Largeur trochanters	étroit	large
IB	0.36	Inclinaison bassin	incliné	horizontal
AJ	0.29	Angle jarret	droit	coudé
PA	0.23	Pâturon	incliné	droit
AA	0.27	Attache avant	courte	longue
AH	0.25	Hauteur attache arrière	basse	haute
AL	0.28	Largeur attache arrière	étroite	large
DE	0.38	Développement mamelle	important	faible
EQ	0.15	Equilibre	Qu. Arrière bas	Qu. arrière hauts
SU	0.22	Support	absent	marqué
EA	0.34	Ecart avant trayons	large	étroit
OR	0.28	Orientation trayons	mauvaise	bonne
LO	0.45	Longueur trayons	long	court
FO	0.27	Forme trayons	fin	gros
GA	0.30	Garrot	en toit	large
CS	0.33	Cuisse	creuse	volumineuse

1.5 - L'INDEX SYNTHÈSE UNIQUE (ISU)

L'ISU a été redéfini en 2012 à partir des orientations de l'OS et des réponses à la sélection d'une population de jeunes taureaux en contexte génomique.

Il regroupe une synthèse laitière, la synthèse morphologique et des index fonctionnels combinés (CELc, MACLc, FERc, FERGc, IVIA1c, LGFc, vitesse de traite combinée VTc). Il est exprimé en base mobile de moyenne 100 et d'écart-type 20 points.

La synthèse laitière est construite pour avoir la même variabilité que l'Inel :

$$\text{Syntlait} = 1.050 (\text{MP} + 0.1 \text{MG} + 0.5 \text{TB} + 3 \text{TP})$$

L'ISU est défini comme:

$$\text{ISU} = 100 + (23.39 / 0.45) * [0.45 * \text{Syntlait} / 25.2 + 0.087 \text{CELc} + 0.058 \text{MACLc} + 0.09 \text{FERc} + 0.045 \text{FERGc} + 0.045 \text{IVIA1c} + 0.05 \text{LGFc} + 0.05 \text{VTc} + 0.125 \text{MO}]$$

Les index VTc et MO sont au préalable mis sous la forme (index - 100) / 12.

2. EVALUATION GENOMIQUE

Le programme de Sélection Assistée par Marqueurs (SAM) a été mis en place en 2001 pour les races montbéliarde, normande et prim'holstein afin d'optimiser les choix des jeunes animaux sans performances dans les étapes précoces de sélection. Les progrès en génotypage et en cartographie du génome ont ouvert de nouvelles perspectives pour l'utilisation des informations moléculaires en sélection. Depuis l'automne 2008 pour le génotypage des animaux et l'évaluation SAM2, puis à partir de juin 2010 pour l'évaluation SAMG, les outils sont opérationnels en France pour les trois races citées. Les index génomiques sont officiels depuis juin 2009.

2.1 CARTOGRAPHIE DES QTL CHEZ LES BOVINS LAITIERS

Le préalable à la mise en place des évaluations génomiques est la cartographie fine des QTL liés aux caractères d'intérêt. Au départ 3200 taureaux du premier programme SAM (2001-2007) ont été génotypés au Centre National de Génotypages d'Evry sur la puce Illumina « BovineSNP50 » de 54001 marqueurs SNP (Single Nucleotide Polymorphism). Les SNP sont des mutations ponctuelles du génome pouvant être utilisées comme des marqueurs à deux allèles. Ces marqueurs sont intéressants du fait de leur abondance et de l'automatisation permettant d'en génotyper plusieurs dizaines de milliers à la fois.

Les analyses de cartographie fine de QTL intégrant le déséquilibre de liaison ont été réalisées pour les caractères à indexer. On parle de déséquilibre de liaison quand une combinaison donnée de marqueurs SNP (appelée haplotype) est préférentiellement associée à un allèle particulier d'un QTL. Selon le caractère, ce sont 181 à 708 régions chromosomiques qui sont suivies en race montbéliarde, 130 à 692 régions en race normande et 276 à 714 régions en race prim'holstein ; le suivi des allèles des QTL utilise des combinaisons de 3 à 5 SNP. Globalement pour chaque race entre 1500 et 2000 SNP proches des QTL sont particulièrement importants pour l'évaluation d'un caractère.

La cartographie des QTL s'appuie sur une population de référence (taureaux génotypés et indexés sur descendance). La Prim' Holstein bénéficie aussi de la population étrangère du consortium Eurogenomics (Allemagne, Pays-Bas, pays scandinaves, Espagne, Pologne...).

2.2 EVALUATION GENETIQUE DE LA SAMG

En s'appuyant sur le déséquilibre de liaison entre les haplotypes et les QTL, le modèle d'indexation est simplifié et la précision des index est améliorée. En effet parce que les haplotypes suivis sont de petite taille et proches des QTL, deux animaux ayant hérité d'une même combinaison de marqueurs ont une très grande probabilité d'avoir hérité du même allèle du QTL. Les effets de chaque haplotype de SNP peuvent ainsi être estimés au niveau de la race à partir des performances (niveau et précision) des animaux porteurs. L'index génomique d'un caractère comprend la somme des effets des haplotypes (DGV : valeur génomique directe) et une composante polygénique pour les gènes non suivis par des marqueurs :

$$g_i = u_i + \sum_{j=1}^n (H_{ij1} + H_{ij2})$$

Où g_i est la valeur génétique de l'animal i , u_i est sa composante polygénique résiduelle (c'est à dire non expliquée par les effets des haplotypes), H_{ij1} est l'effet de l'haplotype paternel du QTL j et H_{ij2} est l'effet de l'haplotype maternel du QTL j . Ces effets sont cumulés pour tous les QTL associés au caractère. En moyenne les QTL expliquent entre 55 et 60% de la variance génétique totale en race prim'holstein et 45 à 50% pour les races normande et montbéliarde.

2.3 TAUREAUX EVALUES PAR LA SAMG

Les entreprises de sélection investisseuses déclarent les taureaux qu'elles mettent en marché sur la base d'index génomiques. La publication des index est autorisée sous réserve que leur précision (CD) atteigne 0.50 et qu'ils proviennent d'un typage fiable. Les haplotypes parentaux sont reconstitués puis complétés si besoin par imputation : l'imputation est une approche statistique prédisant le génotype le plus probable d'un SNP lorsqu'il est manquant.

Les taureaux mis « en confirmation sur descendance » après évaluation génomique, ou anciennement « en testage sur descendance » ont des index génomiques diffusés lors de l'arrivée en production de leurs filles. Les seuils de publication sont identiques à ceux des index classiques (CD, nombre de filles et/ou de troupeaux) ; mais pour les caractères fonctionnels dont la précision est améliorée, la publication dépend seulement du CD.

Les index SAM sont comparables aux index classiques et sont exprimés par rapport aux mêmes bases. Quand ils existent, ils les remplacent en tant qu'index officiels.

3. LES ENTREPRISES DE SELECTION

Elles sont désignées par les codes suivants :

S008	SARL LA COMTOISE MLS	32 rue des Croix Neuves		39300	Montrond
S009	ELEVEURS LIBRES DE FRANCHE COMTE	rue du Coin Ch'andre		39570	Crançot
S907	UMOTEST	Les Soudanieres tel 04-74-25-09-60	BP 2 fax 04-74-25-09- 69	01250 www.umotest.com	Ceyzériat umotest@umotest.com
S939	JURA BETAÏL	route de Lons-le-saunier tel 03-84-48-26-51	fax 03-84-48-25-15	39570 www.jura-betaïl.com	Crançot

DISTRIBUTION DES VALEURS DES INDEX DE PRODUCTIONS, FONCTIONNELS ET DE MORPHOLOGIE POUR LES TAUREAUX DE RACE MONTBÉLIARDE NÉS À PARTIR DE L'ANNÉE 2006.

Index	Valeur maximale	Seuil 1% supérieur	Seuil 5% supérieur	Seuil 10% supérieur	Seuil 25% supérieur	Moyenne	Ecart Type	Effectif Taureaux
ISU	172	161	152	148	141	128,24	19,06	537
INEL	58	49	42	38	32	21,7	16,3	537
MG	60	50	38	34	28	17,07	16,97	537
MP	47	41	35	32	26	18,28	13,55	537
TB	4,6	3,6	2,5	1,8	0,9	-0,04	1,46	537
TP	4,1	3,1	2	1,7	1,1	0,46	0,97	537
LAIT	1525	1180	970	870	690	436,07	422,77	537
CEL	2,5	2,2	1,7	1,3	0,8	0,26	0,86	537
MACL	2,6	1,5	1	0,8	0,5	0,1	0,61	506
FERT	1,6	1,3	1	0,8	0,5	0,18	0,51	537
FERG	1,5	1,2	0,9	0,7	0,5	0,17	0,48	537
IVIA1	2	1,4	0,8	0,5	0,1	-0,36	0,75	537
LGF	2,2	1,9	1,5	1,2	0,9	0,37	0,71	496
NAI	94	93	92	92	90	88,78	2,38	513
VEL	93	92	91	90	89	88,22	1,82	513
VIN	96	95	95	94	93	92,35	1,55	492
VIV	96	95	95	94	94	92,35	1,6	492
VT	123	119	114	111	108	103,03	7,25	537
TE	131	122	118	114	108	101,91	9,69	537
TA	130	126	118	115	110	104,56	8,38	537
LP	127	122	111	109	104	98,73	8,27	537
PP	132	125	117	114	108	102,13	9,49	537
PF	129	122	116	113	109	103,45	8,38	537
LB	139	125	117	114	109	101,61	10,32	537
LH	127	122	115	111	106	99,1	10,1	537
LT	126	123	117	113	106	100,59	9,42	537
IB	136	128	119	115	109	102,19	10,37	537
AJ	124	115	110	107	103	97,91	7,61	537
PA	129	124	118	116	110	105,08	8,03	537
AA	131	125	121	118	113	106,29	9,89	537
AH	136	129	120	117	111	104,99	9,7	537
AL	130	123	119	116	112	106,23	8,91	537
DE	131	123,8	118	116	110	103,77	9,19	537
EQ	149	136	127	124	117	107,63	12,79	537
SU	132	126	120	117	111	104,72	9,59	537
EA	138	129	122	118	113	105,81	10,53	537
OR	132	126	120	116	110	104,51	8,89	537
LO	133	123	116	113	106	101,04	9,2	537
FO	131	121	114	111	105	98,5	9,84	537
GA	137,8	123	111	109	103	97,58	8,91	537

CS	129,9	118	110	107	101	96,07	8,51	537
CO	127	123	115	112	108	102,08	8,39	537
BA	117	115	112	109	105	100,58	6,61	537
AP	131	126	120	118	113	107,65	8,18	537
MA	126	123	119	117	113	107,72	7,47	537
TR	120	118	113	112	108	103,25	6,66	537
VB	141,1	118	110	107	101	96,69	8,13	537
MO	126	123	119	117	112	107,21	7,29	537

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Barbat A., Le Mezec P., Ducrocq V., Mattalia S., Fritz S., Boichard D., Ponsart C., Humblot P. (2010). Female fertility in French dairy breeds: Current situation and strategies for improvement. *J. Reprod. Dev.* 56: S15-S21
- Bonaïti B, D. Boichard, E. Verrier, V. Ducrocq, A. Barbat, M. Briend (1990). La méthode française d'évaluation génétique des reproducteurs laitiers. *I.N.R.A. Productions Animales*, 1990, 3 (2), 83 -92
- Boichard D., Bonaïti B., Barbat A. (1993). Effect of Holstein crossbreeding in the French black and white cattle population. *J Dairy Sci.*, 76, 1157-1162
- Boichard D et al (1995). Three methods to validate the estimation of genetic trend in dairy cattle. *J Dairy Sci.*, 78, 431-437
- Boichard D., A. Barbat, M. Briend (1997). Genetic evaluation for fertility in French dairy cattle. Gift workshop, November 23-25, Grub
- Boichard D. et R. Rupp (1997). Genetic analysis and genetic evaluation for somatic cell score in French dairy cattle. Gift workshop, June 8-10 1997, Uppsala
- Boichard D., A. Barbat, M. Briend (1998). Evaluation génétique des caractères de fertilité femelle chez les bovins laitiers. *Journées 3R*, 1998, 5, 103-106
- Boichard D, Fritz S, Rossignol MN, Guillaume F, Colleau JJ, Druet T (2006). Implementation of marker-assisted selection: practical lessons from dairy cattle. In 'Proceedings of the 8th world congress of genetics applied to livestock production, Belo Horizonte, Brazil'. Communication no. 22-11
- Boichard D. Guillaume F., Baur A. Croiseau P., Rossignol M.N., Boscher M.Y., Druet T. Genestout L., Colleau J.J., Journaux L., Ducrocq V., Fritz S. (2012). Genomic Selection in French Dairy Cattle. *Anim. Prod. Sci.*, 52: 115-120
- Brochard M., Boichard D., Ducrocq V., Fritz S. (2013). La sélection pour des vaches et une production laitière plus durables : acquis de la génétique et opportunités offertes par la sélection génomique. *Productions Animales*, 26, 145:156
- Croiseau P, Legarra A, Guillaume F, Fritz S, Baur A, Colombani C, Robert-Granié C, Boichard D, Ducrocq V. (2011). Fine tuning genomic evaluations in dairy cattle through SNP pre-selection with the Elastic-Net algorithm. *Genet Res (Camb) Dec*; 93(6):409-17
- Druet, T., C. Schrooten, A.P.W. de Roos (2010). Imputation of genotypes from different single nucleotide polymorphism panels in dairy cattle. *J Dairy Sci* 93:5443–5454
- Ducrocq V. (1990). Les techniques d'évaluation génétique des bovins laitiers. *I.N.R.A. Productions Animales* 3 (1) 3-16
- Ducrocq V. (1993). Genetic parameters for type traits in the French Holstein breed based on a multiple-trait animal model. *Livestock Production Science*, 36 (1993) 143-156
- Ducrocq V. (2000). Calving ease evaluation of French dairy bulls with a heteroskedastic threshold model with direct and maternal effects. *Interbull open meeting*, May 14-15, Bled, Slovenia. *Interbull Bulletin n°25*, 123-130
- Ducrocq V., Mathevon M. (2000). Evaluation génétique des taureaux de races laitières sur les conditions de naissance de leurs veaux et les conditions de vêlage de leurs filles, pp. 165-168 in « 7èmes Rencontres autour des Recherches sur les Ruminants ». Paris, France, 6-7 Décembre 2000
- Ducrocq V., D. Boichard, A. Barbat et H. Larroque (2001). Intégration des caractères fonctionnels dans un index de sélection pour les races bovines laitières : de la théorie à la pratique. *Journées 3R*, 2001, 8, 333-336
- Ducrocq V. (2001). a) A two step procedure to get animal model solutions in Weibull survival models used for genetic evaluations on length of productive life. *Interbull meeting*, August 30-31, Budapest, Hungary. *Interbull Bulletin* 27, 147-152
- Ducrocq V. (2004). Illustration of a trend validation test for longevity evaluations. *Interbull Meeting*, May 29-31, Sousse, Tunisia
- Ducrocq V. (2005). An improved model for the French genetic evaluation of dairy bulls on length of productive life of their daughters. *Anim. Sci*, 80, 249-256
- Guillaume F., Boichard D., Ducrocq V., Fritz S. (2011). Utilisation de la sélection génomique chez les bovins laitiers. *Prod.Anim.*24 :363-368
- Govignon-Gion A., Dassonneville R., Balloche G., Ducrocq V. (2012). Genetic evaluation of mastitis in dairy cattle in France. *Proceedings of the 2012 Interbull meeting*, Cork, Ireland, May 28-31 2012. *Interbull Bulletin* 46, 121-126

- Huquet B., Leclerc H, Ducrocq V. (2012). Modelling and estimation of genotype by environment interactions for production traits in French dairy cattle. *Gen. Sel. Evol.* 44 :35
- Journaux L., Ledos H., Mathevon M., Mattalia S., Leudet O. (2002). Organization of recording and control of data used in France to evaluate calving ease and birth weight in dairy and beef cattle. ICAR Meeting 26-31st May 2002, Interlaken (Switzerland)
- Lassen J., Sorensen M.K., Madsen P., Ducrocq V. (2007). Robustness of an approximate multitrait model and correction for selection bias. *Genet. Sel. Evol* 39: 353-357
- Lund M.S., de Roos A.P.W., de Vries A.G., Druet T., Ducrocq V., Fritz S., Guillaume F., Gulbrandtsen B., Liu Z., Reents R., Schrooten C., Seefried M., Su G. (2011). Common reference of four European Holstein populations increase reliability of Genomic Predictions. *Gen. Sel. Evol.*, 43 :43
- Meszaros G., Sölkner J., Ducrocq V. (2013). The Survival Kit: Software to analyze survival data including possibly correlated random effects. *Comput. Methods Programs Biomed* 110, 503-510
- Robert C. (1996). Etude de quelques problèmes liés à la mise en œuvre du REML en génétique quantitative. PhDThesis. Institut National Agronomique Paris-Grignon, 3-357
- Robert-Granié C., Ducrocq V., Foulley J.L. (1997). Heterogeneity of variance for type traits in the Montbéliarde cattle breed. *Genet. Sel. Evol.*, 29, 545-570
- Robert-Granié C., B. Bonaïti, D. Boichard, A. Barbat (1999). Accounting for variance heterogeneity in French dairy cattle genetic evaluation. *Livestock Production Science* 60, 34
- Robert-Granié C., Legarra A., Ducrocq V. (2011). Principes de base de la sélection génomique. *Prod.Anim.*24:331-340
- Rupp R., D. Boichard, A. Barbat (1997). Evaluation génétique des bovins laitiers sur les comptages de cellules somatiques pour l'amélioration de la résistance aux mammites. *Journées 3R*, 1997, 4, 211-214
- Van Raden P.M., Wiggans G.R. (1991). Derivation, calculation and use of national animal model information. *J. Dairy Sci.* 74: 2737-2746
- Yazdi M.H., Visscher P.M., Ducrocq V., Thompson R. (2002). Heritability, reliability of genetic evaluations and response to selection in proportional hazard models. *J. Dairy Sci.*, 85, 1563-1577

EVALUATION GENETIQUE DES TAUREAUX NORMANDS
PRODUCTION LAITIERE – MORPHOLOGIE - CARACTERES FONCTIONNELS

Edition 14/3 de novembre 2014

Cette publication présente les index des taureaux NORMANDS calculés par le Département de Génétique Animale de l'INRA, à partir des données extraites par le Centre de Traitement de l'Information de Jouy-en-Josas le 26 septembre 2014 pour les performances et le 14 octobre 2014 pour les typages de l'évaluation génomique.

1. EVALUATION GENETIQUE CONVENTIONNELLE.....	2
BASES DE L'INDEXATION.....	2
1.1 - LES INDEX DE PRODUCTION LAITIERE.....	2
1.1.1 - LE BLUP MODELE ANIMAL.....	2
1.1.2 - LES CARACTERES INDEXES.....	2
1.1.3 - LE MODELE D'ANALYSE ET LES DONNEES UTILISEES.....	2
1.1.4 - LA PRECISION DES INDEX DE PRODUCTION LAITIERE.....	3
1.2 - LES INDEX FONCTIONNELS COMBINES.....	4
1.2.1 - LES COMPTAGES CELLULAIRES (CEL).....	4
1.2.2 - LES MAMMITES CLINIQUES (MACL).....	5
1.2.3 - LA FERTILITE DES VACHES ET DES GENISSES (FER, FERG).....	5
1.2.4 - L'INTERVALLE VELAGE PREMIERE INSEMINATION (IVIA1).....	6
1.2.5 - LA LONGEVITE FONCTIONNELLE (LGF).....	6
1.2.6 LES CARACTERES FONCTIONNELS COMBINES ET LES SYNTHESSES FONCTIONNELLES.....	7
1.2.7 LA PRECISION DES INDEX FONCTIONNELS.....	8
1.3 AUTRES INDEX FONCTIONNELS : FACILITES ET VITALITES A LA NAISSANCE ET AU VELAGE.....	8
1.3.1 - LES FACILITES DE NAISSANCE (NAI) ET DE VELAGE (VEL).....	8
1.3.2 - LES VITALITES A LA NAISSANCE (VIN) ET AU VELAGE (VIV).....	9
1.3.3 - EXPRESSION ET UTILISATION DES INDEX NAI,VEL,VIN,VIV.....	9
1.4 - LES INDEX MORPHOLOGIQUES.....	10
1.5 - L'INDEX SYNTHESE UNIQUE (ISU).....	11
2. EVALUATION GENOMIQUE.....	12
2.1 CARTOGRAPHIE DES QTL CHEZ LES BOVINS LAITIERS.....	12
2.2 EVALUATION GENETIQUE DE LA SAMG.....	12
2.3 TAUREAUX EVALUES PAR LA SAMG.....	12
3. LES ENTREPRISES DE SELECTION.....	13

1. EVALUATION GENETIQUE CONVENTIONNELLE

BASES DE L'INDEXATION

L'index mesure la supériorité génétique par rapport à un groupe d'animaux de référence. L'index moyen de cette population de référence est par convention égal à 0. Pour faciliter l'appréciation par rapport aux reproducteurs actuels, les index sont exprimés en "base mobile" c'est-à-dire en écart à un groupe d'animaux récents changeant chaque année.

Les bases mobiles successives peuvent être comparées grâce à une base fixe constante dans le temps pour la race.

La base mobile de l'année N regroupe les vaches nées durant les années N-8 à N-6 ayant :

- deux parents connus,
- une lactation contrôlée ou un pointage,
- un $CD \geq 0.30$ pour les caractères dont l'index est publié pour les vaches.

Pour les caractères comme les facilités de naissance ou de vêlage et les vitalités à la naissance ou au vêlage, dont le modèle d'indexation n'estime pas la valeur génétique des vaches, la base mobile N regroupe les taureaux nés de N-9 à N-12 pour les 3 races principales, et de N-9 à N-14 pour les 5 races régionales.

1.1 - LES INDEX DE PRODUCTION LAITIERE

1.1.1 - LE BLUP MODELE ANIMAL

Le modèle animal décrit les facteurs de variation de la lactation en distinguant la valeur génétique transmissible à estimer, et les facteurs de milieu dont l'effet doit être éliminé. L'index d'un animal découle de ses lactations pour une femelle, et de ses relations de parenté avec les autres animaux mâles ou femelles de la population.

La procédure BLUP (best linear unbiased prediction : meilleur prédiction linéaire sans biais) corrige au mieux l'influence des effets de milieu identifiés et combine de façon optimale les lactations et l'information généalogique.

En effet:

- Toutes les relations de parenté sont utilisées; les animaux apparentés, ascendants descendants ou collatéraux, interviennent d'autant plus qu'ils sont plus proches parents ;
- Les mâles et les femelles sont évalués en même temps ;
- Les effets de milieu sont estimés en même temps que les index de valeur génétique ;
- La sélection laitière des vaches au cours de leur carrière et la pratique d'accouplements dirigés sont prises en considération.

Ainsi calculés les index de valeur génétique autorisent la comparaison objective d'animaux quels que soient leur sexe, leur âge, leur troupeau ou leur région d'origine, ainsi que la mesure du progrès génétique réalisé.

1.1.2 - LES CARACTERES INDEXES

Les caractères indexés sont :

- la quantité de matières protéiques (kg) ;
- la quantité de matières grasses (kg) ;
- la quantité de lait (kg) ;
- le taux protéique vrai en g/kg, inférieur de 5 % au taux azoté dénommé "% protéines" à l'étranger ;
- le taux butyreux en g/kg ;
- l'INEL.

Index de sélection laitière, il maximise la marge nette hors travail de l'atelier laitier en l'absence de quotas. Etabli avec une contrainte de coûts opérationnels et de structure constants, en l'absence d'activités de substitution, il est défini comme :

$$\text{INEL} = 0.98 (\text{MP} + 0.2 \text{MG} + \text{TP} + 0.5 \text{TB})$$

1.1.3 - LE MODELE D'ANALYSE ET LES DONNEES UTILISEES

Données et paramètres génétiques

Pour estimer la valeur génétique d'un taureau, on tient compte des 3 premières lactations de ses filles (lactations commencées depuis au moins 90 jours, lactations en cours d'au moins 60 jours au moment de l'extraction). Les lactations de rang 1 dépassant 180 jours ou terminées ont un poids de 1 contre 0,8 à celles de rangs 2 et 3 ; en effet ces dernières sont moins hérissables et ne correspondent pas exactement au même caractère qu'en 1^{ère} lactation.

À chaque traitement on exploite l'ensemble des généalogies et des lactations 1 à 3 des vaches dont le 1^{er} vêlage est postérieur au 01/09/79. L'hérissabilité (la part génétiquement transmissible des différences entre animaux) et la répétabilité (le degré de ressemblance entre deux lactations d'une même vache) sont supposées égales à 30 % et 50 % pour les quantités de matières, et à 50 % et 70% pour les taux.

Modèle d'analyse

Les lactations sont soit extrapolées (lactations en cours ; lactations terminées de rang ≥ 2 et de durée inférieure à 305 jours), soit corrigées pour la durée. Une correction pour le rang de lactation standardise la variabilité et les transforme en lactations d'adultes.

Les effets non additifs liés au croisement, à l'hétérosis et aux pertes de recombinaison, sont précorrigés pour la race prim'holstein.

Cette performance est ensuite expliquée par quatre groupes de facteurs :

- la valeur génétique de l'animal ;
- la valeur de l'animal non transmissible ou "Effet d'environnement permanent" résultant d'effets non identifiés propres à l'animal et se répétant d'une lactation à l'autre. L'effet d'environnement permanent permet de tenir compte de la sélection conduisant à la réforme des vaches les moins productives ;
- les effets de milieu identifiés détaillés ci-dessous ;
- un résidu inexpliqué.

Les effets de milieu sont:

- le milieu du troupeau, par campagne ;
- le rang de lactation par région et par campagne;
- le mois de vêlage par rang de lactation, région et campagne ; on distingue les 1^{ères} lactations des 2^{èmes} et 3^{èmes} lactations ;
- l'âge au vêlage par rang de lactation, par région et par campagne ;
- la durée de tarissement précédent pour les 2^{èmes} ou 3^{èmes} lactations, par région et par campagne.

L'hétérogénéité des variances, c'est-à-dire la variabilité des productions selon les années, les régions et les troupeaux même après avoir pris en compte les facteurs précédents, est corrigée dans l'évaluation génétique. On considère qu'un écart de valeur génétique entre deux animaux se traduit par un écart de performances différent selon l'environnement où ils produisent. Cet environnement est caractérisé par sa variance résiduelle, calculée par troupeau et par campagne, avec deux composantes : l'une propre à la région et l'autre propre au troupeau pour la campagne considérée. Finalement la contribution d'une performance à l'index est la lactation corrigée pour les effets de milieu et ajustée pour l'écart-type résiduel associés au troupeau et à la campagne de la performance. Les index traduisent l'expression des valeurs génétiques dans un milieu dont la variabilité est celle de la campagne 1996 (montbéliarde et normande) ou 1995 (Prim'Holstein).

Du fait de leur estimation simultanée, une répartition inégale des filles des taureaux selon les troupeaux, les rangs de lactation sera prise en considération au mieux.

1.1.4 – LA PRECISION DES INDEX DE PRODUCTION LAITIÈRE

Bien que tous ses apparentés interviennent dans l'évaluation d'un taureau, son index peut être décomposée en deux contributions correspondant à deux sources d'information distinctes :

- l'ascendance via la demi-somme des index des parents ;
- la descendance définie comme deux fois la supériorité moyenne des fils et des filles après correction pour la valeur de leur mère.

Pondérées par leurs précisions respectives, elles interviennent dans l'index avec les contributions suivantes :

CONTRIBUTION DE L'ASCENDANCE ET DE LA DESCENDANCE D'UN TAUREAU

Equivalent filles avec L1 terminée ou en cours ≥ 180 jours	Ascendance %	Descendance %
0	100	0
20	26	74
50	12	88
75	9	91
100	7	93
500	1,4	98,6
1000	0,7	99,3

En moyenne la moitié de la supériorité génétique d'un taureau sera exprimée par ses filles dans leurs lactations.

À l'index qui traduit la supériorité génétique probable est associée une précision donnée par le coefficient de détermination (CD) qui détermine une fourchette d'incertitude de l'index.

Intervalle de confiance des index laitiers (au risque 10%)

CD	LAIT	QMG	QMP	TB*	TP*
0,5	770	32	25	2,8	1,6
0,6	689	28	22	2,5	1,5
0,7	596	24	19	2,2	1,3
0,8	487	20	15	1,8	1,0
0,9	344	14	11	1,3	0,7
0,95	244	10	8	0,9	0,5

*les CD des index taux ne sont pas publiés ; des paramètres génétiques moyens sont utilisés

Interprétation : la valeur génétique vraie d'un taureau indexé à +1000kg de lait avec un CD de 0.70 se situe entre +404kg (1000-596) et +1596kg (1000+596) dans 90% des cas. Sa valeur la plus probable est +1000. 5 fois sur 100 elle sera inférieure à +404kg, et 5 fois sur 100 elle sera supérieure à +1596kg.

En l'absence d'évaluation génomique les index de production sont officiels aux conditions suivantes :

- CD >= 70 et au moins 40 filles dans 10 troupeaux (race PH) ;
- CD >= 70 et au moins 40 filles dans 30 troupeaux (races MO et NO).

1.2 – LES INDEX FONCTIONNELS COMBINÉS

Les caractères ci-dessous sont d'abord indexés séparément, en général par un Blup modèle animal unicaractère qui produit des index non combinés et des performances corrigées (une performance moyenne par animal, corrigée pour tous les effets sauf l'effet génétique ; un poids traduisant la quantité d'information correspondante). Puis ils sont indexés ensemble par un Blup modèle animal multicaractère produisant des index combinés qui sont les index officiels.

1.2.1 – LES COMPTAGES CELLULAIRES (CEL)

L'objectif est d'améliorer la qualité du lait et la résistance aux mammites par une sélection indirecte sur les comptages cellulaires.

Données

Les comptages cellulaires (CCS = comptages de cellules somatiques) sont connus exhaustivement depuis 1994 et partiellement depuis 1990. Le calcul intègre tous les CCS entre 5 et 350 jours de lactation pour les lactations 1 à 3 ayant débuté après le 01/09/1989.

La performance par lactation est construite ainsi :

- ① Transformation des CCS en un score de cellules somatiques (SCS) pour avoir une distribution normale :

	CCS	SCS		CCS	SCS
$SCS = \log_2 \left(\frac{CCS}{100000} \right) + 3$	12.500	0		400.000	5
	25.000	1		800.000	6
	50.000	2		1.600.000	7
	100.000	3		...etc.	...
	200.000	4			

- ② Correction additive du SCS pour le stade et le rang de lactation. Elle permet l'utilisation des lactations anciennes avec quelques comptages et des lactations en cours. L'ajustement est calculé à partir des lactations saines (SCS moyen < 4).

- ③ Moyenne pondérée des SCS corrigés d'une lactation :
$$SCSL = \frac{\sum \frac{R}{\sigma} [SCS \text{ corrigé}]}{\sum \frac{R}{\sigma}}$$

R est la corrélation des SCS à ce stade et rang de lactation avec la moyenne des autres SCS des lactations de même rang et σ traduit la variabilité des SCS considérés à ce stade et rang de lactation.

- ④ Les SCSL sont transformés pour avoir une variabilité comparable entre rangs de lactation (SCSL *1,15 en L1 ; SCSL *1,08 en L2 ; SCSL *1 en L3).

Modèle et paramètres génétiques

Une procédure BLUP modèle animal est utilisée.

Chaque lactation a un poids en fonction du nombre de CCS connus. Un minimum de 5 CCS est nécessaire pour obtenir un poids de 1. Les effets dans le modèle d'analyse sont les mêmes que pour la production laitière, sans considération des hétérogénéités de variance. L'héritabilité supposée du caractère est de 15 % et sa répétabilité est de 35 %.

Une illustration est donnée avec les comptages cellulaires observés en première lactation. Les taureaux sont classés en 9 catégories selon la valeur de leur index CEL. Les troupeaux sont regroupés en 3 catégories correspondant à des niveaux cellulaires bas, moyens ou élevés d'après les effets troupeau*année du modèle d'évaluation génétique ; ces catégories représentent 25, 50 et 25 % des troupeaux.

**TRADUCTION DE L'INDEX CEL DES TAUREAUX EN PERFORMANCES DE LEURS FILLES :
POURCENTAGE DE CONTROLES A PLUS DE 300.000 CELLULES/ML EN PREMIERE LACTATION EN
FONCTION DE LA CLASSE D'INDEX DES PERES (race NO)**

Niveau cellulaire du troupeau	Valeur des index des pères								
	< à -1,7	-1,7 à -1,3	-1,2 à -0,8	-0,7 à -0,3	-0,2 à 0,2	0,3 à 0,8	0,9 à 1,2	1,3 à 1,8	> à 1,8
excellent	8,3 %	6,3 %	6,1 %	4,7 %	4,6 %	4,1 %	3,5 %	2,4 %	0,0 %
moyen	16,8 %	17,1 %	12,2 %	11,3 %	9,7 %	8,6 %	7,4 %	6,9 %	2,2 %
mauvais	29,2 %	28,5 %	22,5 %	21,3 %	17,6 %	16,0 %	14,4 %	13,5 %	12,2 %

1.2.2 – LES MAMMITES CLINIQUES (MACL)

Définition du caractère et sélection des données

L'information est de type 0/1 et elle est relevée par l'agent du contrôle laitier. Elle concerne les trois premières lactations et se résume ainsi : « au moins un événement mammite clinique enregistré durant les 150 premiers jours de la lactation ». Pour la fiabilité de l'évaluation il faut être certain qu'une vache notée « 0 = pas de mammites cliniques » est une vache saine et non pas un animal non contrôlé.

Pour ce faire une sélection des données est nécessaire. Les données sont prises en compte depuis 1997 ; une sélection des lactations par troupeau*campagne est faite : sont conservés les cheptels qui déclarent par campagne un minimum de 5 % de lactations avec un événement mammite (toutes lactations confondues, avec des adaptations pour l'effectif du troupeau). Ce critère est responsable de la majorité des éliminations de données.

Modèle et paramètres génétiques

L'évaluation est de type Blup modèle animal avec effet d'environnement permanent (pour tenir compte de la répétabilité des performances). Les effets de milieu sont :

- le mois de vêlage par campagne;
- le troupeau par campagne;
- la classe d'âge au vêlage pour un rang de lactation et une campagne donnés.

Le modèle considère l'hétérogénéité des variances pour les effets suivants :

- le rang de lactation par campagne;
- le département par campagne.

Ceci parce qu'un écart de valeur génétique entre animaux va se traduire par un écart de performances différent selon le rang de lactation, selon le département et selon l'année considérée.

	h ² %	Répétabilité %	Ecart-type génétique %
Prim'Holstein, Brune, Pie-Rouge	1.8	5.5	4.12
Montbéliarde, Abondance, Tarentaise, Simmental	2.3	5.5	4.35
Normande	2.1	6.2	4.69

1.2.3 – LA FERTILITE DES VACHES ET DES GENISSES (FER, FERG)

L'objectif est d'évaluer la fertilité post-partum des filles des taureaux. L'index ne décrit pas la fécondance de la semence.

Données

La performance est le résultat (oui/non) de chaque I.A. réalisée depuis septembre 1995 dans les élevages au contrôle laitier. Pour celles intervenues six mois au moins avant l'indexation, les règles de détermination de l'I.A. fécondante sont :

- en présence d'un vêlage postérieur, l'IA fécondante est celle la plus en accord avec la durée de gestation de la race.

- en l'absence de vêlage postérieur, le statut de la dernière I.A est déterminé selon la première des règles auxquelles elle répond :
 - non fécondante, si l'IA est suivie d'un mouvement IPG avec une cause de sortie signalant la fin de la carrière (boucherie, mort, autoconsommation);
 - fécondante si l'IA est suivie d'un mouvement IPG avec une cause de sortie signalant la poursuite de l'élevage (élevage ou vente ; prêt ou pension) ;
 - fécondante si l'IA est récente (moins de 340 jours) ; on lui affecte alors une probabilité de gestation compte tenu de l'ancienneté de l'IA, du statut (nullipare ou non), de la race et du rang de l'IA. Cette probabilité est proche de 1 puisque les IA de moins de six mois ne sont pas utilisées.
 - fécondante si l'IA est ancienne (plus de 340 jours) et faite sur une vache avec une lactation inférieure ou égale à 260 jours ;
 - non fécondante si l'IA est ancienne (plus de 340 jours) et faite sur une vache avec une lactation supérieure à 260 jours.

Les autres IA d'une même séquence sont déclarées non fécondantes si elles sont antérieures, et éliminées si elles sont postérieures. Si dans une séquence aucune IA n'est fécondante, toutes les IA sont considérées comme non fécondantes ; et lorsque deux IA sont proches de 3 jours au plus, l'une d'elles est éliminée.

L'indexation concerne les génisses et les vaches jusqu'en 3^{ème} lactation pour leurs trois premières IA dans chaque séquence.

Modèle et paramètres génétiques

Le déterminisme de la fertilité femelle est différent entre nullipares et vaches. Par suite deux caractères différents dont l'héritabilité est 2 % sont considérés et la fertilité des nullipares intervient comme un prédicteur de la fertilité post-partum. Deux autres caractères sont évalués officieusement et interviendront aussi comme prédicteurs, les taux de non-retour des vaches (TNRV) et des génisses (TNRG) entre 18 et 56 jours.

Des analyses séparées sont d'abord conduites avec des évaluations BLUP Modèle Animal. Les effets pris en compte sont, outre l'effet génétique de l'animal:

- le troupeau et l'inséminateur, par année ;
- le rang de vêlage précédant l'IA ;
- le mois d'insémination et le jour dans la semaine, par année et région ;
- l'intervalle vêlage - I.A. des vaches ou l'âge à l'insémination des nullipares, par année;
- les taux de consanguinité de la mère et de son veau ;
- la race du taureau faisant l'insémination ;
- l'effet fécondant du taureau pour l'année (effet aléatoire) ;
- l'effet d'environnement permanent de la femelle (effet aléatoire).

1.2.4 – L'INTERVALLE VELAGE PREMIERE INSEMINATION (IVIA1)

Cet intervalle traduit l'aptitude génétique au retour en cyclicité post-partum, même s'il dépend aussi des décisions de mise à la reproduction. Le caractère indexé est l'intervalle en jours pour les vaches jusqu'en 3^{ème} lactation. Le modèle d'indexation est aussi un modèle animal uni-caractère avec effet d'environnement permanent où interviennent les effets fixes suivants :

- le troupeau par année;
- le mois de vêlage par année et par région ;
- l'âge au vêlage,
- le rang du vêlage précédant l'IA.

L'héritabilité du caractère est de 3% à 6% et la répétabilité est voisine de 10%.

	h² %	Répétabilité %	Ecart-type génétique (jours)
Montbéliarde et autres races	3.7	8.8	5
Normande	3.4	8.1	5
Prim'Holstein	6.1	12.2	7.75

1.2.5 - LA LONGEVITE FONCTIONNELLE (LGF)

On considère qu'une réforme est volontaire si l'animal est éliminé à cause d'une faible production. L'objectif est de retarder la réforme involontaire, c'est à dire d'améliorer l'aptitude des filles d'un taureau à avoir une longue carrière indépendamment de leur production.

Les données utilisées sont les lactations 1 à 5 débutant après le 01/01/1988 avec le calcul de la durée de vie productive (DVP : de la date du 1^{er} vêlage jusqu'au dernier contrôle connu) pour les vaches nées d'IA dans des troupeaux comportant au moins 5 vaches de la race.

Deux types d'observations existent au moment du constat de la DVP (4 mois avant la date d'extraction des données ; après élimination des premières lactations vélées dans les 90 jours précédant cette date de constat) :

- les observations non censurées : l'animal est considéré comme réformé, aucun contrôle n'a eu lieu depuis plus de 4 mois ;

- les observations censurées : l'animal est considéré comme vivant. C'est le cas quand un contrôle est survenu depuis moins de 4 mois, quand l'animal a disparu en même temps qu'une réduction d'au moins 50 % de l'effectif du cheptel, quand l'animal a changé de troupeau, ou quand l'animal commence une lactation de rang supérieur à 5.

Les données censurées et non censurées sont traitées par une méthode d'analyse de survie, utilisant la notion de "risque de réforme" (probabilité d'un animal d'être réformé au temps t sachant qu'il était encore en vie juste avant).

Un modèle père-grand-père maternel est utilisé :

$\lambda(t, x) = \lambda_{oi}(t) * \text{exponentielle (facteurs de risque fonction du temps)}$ avec :

$\lambda_{oi}(t)$ = risque moyen d'être réformé au jour t sachant que l'animal est vivant auparavant ; le risque est établi par année, rang de lactation (1 à 5) et stade de lactation (0 à 270j, 270 à 380j, après 380j, tarissement). Les facteurs de risque sont :

- le troupeau par année et trimestre;
- l'appartenance de l'animal à des classes de :
 - production laitière intra troupeau, par trimestre et par année,
 - TP intra troupeau, par année,
 - TB intra troupeau, par année ;

Ces effets sont estimés à partir des lactations en 305 jours. Ils permettent d'éliminer l'effet du niveau de production sur la réforme et de travailler sur les réformes dites involontaires ;

- la variation de taille du troupeau (dans les troupeaux de 50 et plus, de 20-49, de 5-19 et de moins de 5 vaches) ;
- l'âge au 1^{er} vêlage;
- la région par année (prise en compte des réformes selon les régions et les années).
- L'interaction entre la production laitière, le rang et le stade de lactation (parce que les faibles productrices sont réformées plus précocement) ;
- Les valeurs génétiques du père et du grand-père maternel de la vache.

L'héritabilité théorique du caractère est de 10.8 % pour la prim'holstein, 8.9% pour la normande et 13% pour la montbéliarde. L'héritabilité réelle, à cause des observations censurées des animaux encore en vie, est de deux à trois fois plus petite.

1.2.6 LES CARACTERES FONCTIONNELS COMBINES ET LES SYNTHESSES FONCTIONNELLES

Les caractères fonctionnels (CEL et MACL, FER FERG TNRV TNRG et IVIA1, LGF), la quantité de lait et des caractères morphologiques (jusqu'à sept postes dont la vitesse de traite, un poste d'aplombs, des postes de mamelle et de format) sont liés par des corrélations génétiques.

Corrélations génétiques entre caractères fonctionnels, morphologiques et laitiers (race NO)

	LAIT	CEL	LGF	FERG	FER	IVIA1	TNRG	TNRV	MACL	MO1	MO2	MO3	MO4	MO5	MO6
CEL	0														
LGF	-0,21	0,45													
FERG	0,06	-0,19	-0,28												
FER	-0,20	-0,25	-0,50	0,66											
IVIA1	0,26	0,07	0,27	0,01	-0,31										
TNRG	0,03	-0,16	-0,20	0,86	0,57	0,30									
TNRV	-0,11	-0,19	-0,31	0,53	0,75	0,13	0,64								
MACL	0,26	0,59	0,48	-0,10	-0,31	0,17	-0,14	-0,27							
MO1	0,16	0,08	0	-0,17	-0,14	0	-0,23	-0,15	0,14						
MO2	-0,03	-0,02	-0,21	-0,08	-0,06	0	0	0	0	0,04					
MO3	-0,38	-0,08	-0,03	-0,13	0,06	-0,32	-0,14	0	-0,23	0,04	0,24				
MO4	0,09	-0,11	-0,33	0,07	0,11	0	0	0	-0,07	-0,11	0,14	0,06			
MO5	-0,09	-0,19	-0,34	-0,07	0,05	0	0	0	-0,15	-0,08	0,20	0,15	0,55		
MO6	-0,22	-0,26	-0,43	0,01	0,24	-0,17	-0,01	0,13	-0,34	0,32	0,18	0,14	0,24	0,38	
MO7	0,09	0,29	-0,20	-0,04	0,05	0	0	0	0,12	0,10	0,13	-0,05	0,26	0,20	0,32

* Dans ce tableau une valeur élevée est défavorable pour CEL (davantage de cellules), LGF (davantage de réformes), MACL (davantage de mammites) et IVIA1 (davantage de jours avant la 1ère IA).

* MO1 hauteur au sacrum, MO2 synthèse aplombs, MO3 filet, MO4 attache avant, MO5 équilibre mamelle, MO6 distance plancher-jarret, MO7 vitesse de traite.

Un BLUP Modèle Animal approché, appliqué aux performances corrigées de l'indexation de chaque caractère, synthétise l'information du sujet et de ses apparentés, pour chaque caractère enrichi par ses prédicteurs. Il produit des index combinés (CELc, MACLc, FERc, FERGc, IVIA1c, LGFc) dont la précision (CD) est accrue par rapport aux index

non combinés décrits précédemment. Ces index combinés sont les index polygéniques officiels (exception : Cel plutôt que Celc pour des raisons historiques) et sont utilisés pour calculer les index de synthèse.

Deux synthèses fonctionnelles sont définies, la santé de la mamelle (STMA) et la reproduction (REPRO) :

STMA = (0.6*CELc + 0.4*MACLc) / 0.9137 (races montbéliarde et prim'holstein);

STMA = (0.5*CELc + 0.5*MACLc) / 0.9100 (race normande);

REPRO = (0.5*FERc + 0.25*FERGc + 0.25*IVIA1c) / 0.6965

1.2.7 LA PRECISION DES INDEX FONCTIONNELS

Les index fonctionnels sont exprimés en base mobile de valeur 0, en unités d'écart-type génétique de valeur 1, et sont sauf exception compris entre -3 et +3. Un index positif est améliorateur du caractère (comptages cellulaires bas, moins de mammites cliniques, meilleure fertilité, IVIA1 plus court et longévité accrue). Ils sont publiés si leur CD atteint 0.50.

Intervalle de confiance des index fonctionnels (risque 10% d'être hors fourchette)

CD	Index fonctionnels
0.50	+/- 1.2
0.60	+/- 1.0
0,70	+/- 0.9
0,80	+/- 0.7
0,90	+/-0.5

Interprétation : la valeur génétique vraie d'un taureau indexé à +1.0 avec un CD de 0.70 se situe entre +0.1 (1.0 -0.9) et +1.9 (1.0 +0.9) dans 90% des cas. Sa valeur la plus probable est +1.0. 5 fois sur 100 elle sera inférieure à +0.1, et 5 fois sur 100 elle sera supérieure à +1.9.

1.3 AUTRES INDEX FONCTIONNELS : FACILITES ET VITALITES A LA NAISSANCE ET AU VELAGE

1.3.1- LES FACILITES DE NAISSANCE (NAI) ET DE VELAGE (VEL)

L'objectif est d'évaluer les conditions de naissance des veaux (effet direct) et les conditions de vêlage des filles des taureaux (effet direct et maternel), afin d'éviter des accouplements à risques sur des génisses.

Données

Les conditions de naissance d'un veau sont décrites par une note de 1 à 5 : 1= vêlage sans aide, 2= vêlage avec aide facile, 3= vêlage avec aide difficile, 4= césarienne, 5= veau découpé. Etant donné la faible proportion de codes 3, 4 et 5, ils sont regroupés. Une sélection des données est faite pour les données antérieures à 1999 dont la qualité était moins bonne.

Modèle et paramètres génétiques

Les données sont analysées avec une méthodologie adaptée aux données discrètes, soit un modèle à seuils prenant en compte l'hétérogénéité des variances. La performance, exprimée dans l'échelle de la loi normale sous-jacente est expliquée par les facteurs suivants :

Pour les races Prim'Holstein, Normande et Montbéliarde :

- Effets fixes:

- le mois de vêlage par année ;
- le sexe du veau par rang de vêlage (1 à 9) et classe d'âge de la mère au premier et au second vêlage ;
- le département par année ;

- Effets aléatoires:

- le troupeau par année et saison (novembre-avril et mai-octobre) ;
- le père du veau;
- le père de la vache;

La variance résiduelle dépend de l'année et du mois de vêlage, du sexe du veau, du département ainsi que du rang de vêlage et de l'âge au vêlage des mères. Ceci donne une plus grande flexibilité au modèle et le rend plus robuste aux caractéristiques des données.

Pour les autres races laitières, le modèle comprend :

- Effets fixes:

- le mois de vêlage par année;
- le sexe du veau;

- le rang de vêlage de la mère (4 classes : 1, 2, 3 à 5, 6 et plus) ;
 - le département par année ;
- Effets aléatoires:
- le troupeau par année;
 - le père du veau;
 - le père de la vache;

Les données ne sont pas assez nombreuses pour modéliser des hétérogénéités de variance.

Héritabilité du caractère sous-jacent	h ² NAI %	h ² VEL %
Prim'Holstein	5.6	3.2
Montbéliarde	7.8	3.7
Normande et autres races	7.4	4.3

1.3.2 - LES VITALITES A LA NAISSANCE (VIN) ET AU VELAGE (VIV)

L'objectif est d'évaluer la mortalité des veaux d'un taureau (effet direct) ainsi que la mortalité des veaux au vêlage de ses filles (effets direct et maternel) dans les 48h suivant la naissance. On a choisi de restituer les mortalités sous la forme des caractères opposés qu'on appelle les « vitalités ».

Données

La mortalité est définie à partir de la date de naissance du veau né simple et de sa date de sortie IPG pour la cause « mort » dans les 2 jours qui suivent. Les veaux considérés sont nés à partir du 1^{er} janvier 1999. Pour tenir compte de la mise en place progressive de l'IPG européenne et conserver des données assez exhaustives, on impose des contraintes supplémentaires : l'information est acceptée pour un département à partir de l'année où on a un taux minimal de 3% de veaux morts-nés (2.5% pour la montbéliarde), et acceptée pour un élevage à partir de l'année où on y déclare un veau mort-né.

Modèle et paramètres génétiques

Le modèle est analogue à celui des conditions de naissance et de vêlage des races principales, mais la prise en compte des variances hétérogènes ne se justifie pas. On considère que le même caractère s'exprime quel que soit l'âge ou le rang de vêlage de la mère.

Comme à l'étranger, la mortalité n'est pas corrigée pour les conditions de naissance ; par suite il y a une relation entre les caractères de mortalité et les caractères du vêlage. Les héritabilités du caractère sous-jacent varient de 3% en race Prim'Holstein à 5.9% en race Montbéliarde pour la mortalité à la naissance, et de 4.1% en race Normande à 6.6% en race Prim'Holstein pour la mortalité au vêlage.

Héritabilité du caractère sous-jacent	h ² VIN %	h ² VIV %
Montbéliarde, autres races	5.9	5.8
Normande	4.1	4.1
Prim'Holstein	3.0	6.6

1.3.3 – EXPRESSION ET UTILISATION DES INDEX NAI,VEL,VIN,VIV

Les index NAI et VEL sont exprimés en % de vêlages faciles (codes 1 et 2) sur primipares vêlant en hiver avec un sex-ratio de 50%. La valeur de la base mobile est fixée par convention à 89%. Les recommandations d'utilisation sont :

NAI < 86	éviter sur génisses
NAI = 86 et 87	utiliser avec précaution sur génisses
87 < NAI < 91	normal
NAI = 91	plutôt conseillé sur génisses
NAI > 91	conseillé sur génisses
Filles de taureaux VEL < 87	accoupler avec des taureaux conseillés sur génisses
Filles de taureaux VEL = 87	accoupler de préférence avec des taureaux conseillés sur génisses

Les index VIN et VIV sont exprimés en % de veaux vivants après 48h, nés d'une mère primipare pour un sex-ratio de 50%. La valeur de la base mobile est fixée par convention à 92%. Les recommandations d'utilisation sont :

VIN/VIV ≤ 90	détériorateur
VIN/VIV = 92	normal
VIN/VIV ≥ 94	améliorateur
Filles de taureaux VIV ≤ 90	accoupler avec des taureaux de VIN ≥ 94
Filles de taureaux VIV = 91	accoupler avec des taureaux de VIN ≥ 93

Ils sont publiés si le CD atteint 0.50. La base mobile de l'année N regroupe les taureaux nés dans les années N-9 à N-12 pour les 3 races principales, N-9 à N-14 pour les 5 races régionales, avec au moins 20 descendants nés ou 20 filles vélées.

1.4 - LES INDEX MORPHOLOGIQUES

L'évaluation génétique des taureaux pour les caractères de format et de conformation s'appuie sur :

- *Une table de pointage linéaire*

Depuis l'automne 1995, les techniciens agréés par l'Organisme de Sélection décrivent, d'un extrême biologique à l'autre, le degré d'expression des caractères morphologiques ; cette note ne traduit pas nécessairement la désirabilité par rapport à un idéal. La vitesse de traite est collectée d'après l'avis de l'éleveur.

- *Le pointage des contemporaines d'étable*

Depuis octobre 1995, les filles des taureaux sont jugées en 1^{ère} ou 2^{ème} lactation en même temps que l'ensemble (troupeaux adhérents de l'OS) ou un échantillon prédéterminé de contemporaines (troupeaux non adhérents de l'OS).

- *L'indexation BLUP modèle animal multicaractères*

Les taureaux sont évalués en tenant compte de l'information morphologique disponible et des relations de parenté entre animaux. L'information morphologique est corrigée pour les effets de l'âge au vêlage et du stade de lactation (par région et par campagne) en distinguant les 1^{ères} et les 2^{èmes} lactations, et en séparant les animaux mesurés à la toise des animaux notés de 1 à 9. S'ajoute l'effet de la visite qui traduit l'environnement commun à toutes les vaches vues le même jour dans le même élevage par le même technicien.

L'hétérogénéité des variances est prise en compte. On considère qu'un écart de valeur génétique entre animaux se traduit par un écart de performances différent selon les conditions de milieu. Le milieu est évalué pour sa variance résiduelle qui dépend de l'âge au vêlage et du stade de lactation (par région, selon que l'animal a été mesuré ou noté, en 1^{ère} ou en 2^{ème} lactation), ainsi que du technicien (par campagne, selon que l'animal a été mesuré ou noté). Ainsi le jugement est corrigé pour les facteurs de milieu mais aussi restitué dans un environnement standardisé.

L'analyse multicaractère accroît la fiabilité de l'évaluation en tenant compte des liaisons génétiques entre caractères.

- *Des index composites pour les caractéristiques générales de morphologie*

Ils synthétisent des index élémentaires selon les objectifs raciaux de sélection morphologique.

Index composites NO	Définition
Mamelle (MA)	$Kma [0,10 AA + 0,05 AR + 0,20 EQ + 0,05 OR + 0,15 EA + 0,20 LI + 0,25 PJ]$
Format (FT)	$1,165*[0,10 HS + 0,30 LP + 0,30 PP + 0,30 IS]$
Musculature (MU)	$1,195*[0,25 Dessus + 0,25 Filet + 0,50 Culotte]$
Morphologie (MO)	$1,715 [0,45 MA + 0,15 FT + 0,15 MU + 0,25 Aplombs]$

L'évaluation génétique des taureaux est officielle si la précision atteint 0,70 avec 28 filles jugées. Le coefficient de détermination est fondé sur une héritabilité de 0,25. L'unité de mesure est l'écart-type génétique de valeur 1. On notera que les index composites et l'index aplombs sont qualitatifs (de mauvais à bon) alors que les index élémentaires sont descriptifs (d'un extrême à l'autre).

Leur interprétation se fait de la façon suivante :

	H ²	Index	Négatif	Positif
TR	0.25	Vitesse de traite	lente	rapide
HS	0.66	Hauteur sacrum	petit	grand
LP	0.26	Largeur poitrine	étroite	large
PP	0.55	Profondeur poitrine	faible	importante
LB	0.44	Longueur de bassin	court	long
IS	0.47	Largeur ischions	étroit	large
IB	0.36	Inclinaison bassin	renversé	incliné
AJ	0.20	Angle du jarret	coudé	droit
AP	0.20	Aplombs	mauvais	bons
AA	0.28	Attache avant	courte	longue
EQ	0.27	Equilibre avant arrière	quartiers arrière bas	quartiers arrière hauts
PJ	0.31	Distance plancher jarret	plancher bas	plancher haut
AR	0.18	Attache arrière	basse	haute
OR	0.35	Orientation trayons	externe	interne
EA	0.38	Ecart avant trayons	large	étroit
LI	0.33	Ligament	absent	marqué

1.5 - L'INDEX SYNTHÈSE UNIQUE (ISU)

L'ISU a été redéfini en 2012 à partir des orientations de l'OS et des réponses à la sélection d'une population de jeunes taureaux en contexte génomique.

Il regroupe une synthèse laitière, la synthèse morphologique et des index fonctionnels combinés (CELc, MACLc, FERc, FERGc, IVIA1c, LGFc, vitesse de traite combinée TRc). Il est exprimé en base mobile de moyenne 100 et d'écart-type 20 points.

La synthèse laitière est construite pour avoir la même variabilité que l'Inel :
 $Syntlait=1.098 (MP + 0.1MG)$

L'ISU est défini comme:

$$ISU= 100 + (22.11 / 0.40) * [0.40*Syntlait / 22.45 + 0.0925 CELc + 0.0925 MACLc + 0.0775 FERc + 0.03875 FERGc + 0.03875 IVIA1c + 0.05 LGFc + 0.03 TRc + 0.18 MO]$$

2. EVALUATION GENOMIQUE

Le programme de Sélection Assistée par Marqueurs (SAM) a été mis en place en 2001 pour les races montbéliarde, normande et prim'holstein afin d'optimiser les choix des jeunes animaux sans performances dans les étapes précoces de sélection. Les progrès en génotypage et en cartographie du génome ont ouvert de nouvelles perspectives pour l'utilisation des informations moléculaires en sélection. Depuis l'automne 2008 pour le génotypage des animaux et l'évaluation SAM2, puis à partir de juin 2010 pour l'évaluation SAMG, les outils sont opérationnels en France pour les trois races citées. Les index génomiques sont officiels depuis juin 2009.

2.1 CARTOGRAPHIE DES QTL CHEZ LES BOVINS LAITIERS

Le préalable à la mise en place des évaluations génomiques est la cartographie fine des QTL liés aux caractères d'intérêt. Au départ 3200 taureaux du premier programme SAM (2001-2007) ont été génotypés au Centre National de Génotypages d'Evry sur la puce Illumina « BovineSNP50 » de 54001 marqueurs SNP (Single Nucleotide Polymorphism). Les SNP sont des mutations ponctuelles du génome pouvant être utilisées comme des marqueurs à deux allèles. Ces marqueurs sont intéressants du fait de leur abondance et de l'automatisation permettant d'en génotyper plusieurs dizaines de milliers à la fois.

Les analyses de cartographie fine de QTL intégrant le déséquilibre de liaison ont été réalisées pour les caractères à indexer. On parle de déséquilibre de liaison quand une combinaison donnée de marqueurs SNP (appelée haplotype) est préférentiellement associée à un allèle particulier d'un QTL. Selon le caractère, ce sont 181 à 708 régions chromosomiques qui sont suivies en race montbéliarde, 130 à 692 régions en race normande et 276 à 714 régions en race prim'holstein ; le suivi des allèles des QTL utilise des combinaisons de 3 à 5 SNP. Globalement pour chaque race entre 1500 et 2000 SNP proches des QTL sont particulièrement importants pour l'évaluation d'un caractère.

La cartographie des QTL s'appuie sur une population de référence (taureaux génotypés et indexés sur descendance). La Prim' Holstein bénéficie aussi de la population étrangère du consortium Eurogenomics (Allemagne, Pays-Bas, pays scandinaves, Espagne, Pologne...).

2.2 EVALUATION GENETIQUE DE LA SAMG

En s'appuyant sur le déséquilibre de liaison entre les haplotypes et les QTL, le modèle d'indexation est simplifié et la précision des index est améliorée. En effet parce que les haplotypes suivis sont de petite taille et proches des QTL, deux animaux ayant hérité d'une même combinaison de marqueurs ont une très grande probabilité d'avoir hérité du même allèle du QTL. Les effets de chaque haplotype de SNP peuvent ainsi être estimés au niveau de la race à partir des performances (niveau et précision) des animaux porteurs. L'index génomique d'un caractère comprend la somme des effets des haplotypes (DGV : valeur génomique directe) et une composante polygénique pour les gènes non suivis par des marqueurs :

$$g_i = u_i + \sum_{j=1}^n (H_{ij1} + H_{ij2})$$

Où g_i est la valeur génétique de l'animal i , u_i est sa composante polygénique résiduelle (c'est à dire non expliquée par les effets des haplotypes), H_{ij1} est l'effet de l'haplotype paternel du QTL j et H_{ij2} est l'effet de l'haplotype maternel du QTL j . Ces effets sont cumulés pour tous les QTL associés au caractère. En moyenne les QTL expliquent entre 55 et 60% de la variance génétique totale en race prim'holstein et 45 à 50% pour les races normande et montbéliarde.

2.3 TAUREAUX EVALUES PAR LA SAMG

Les entreprises de sélection investisseuses déclarent les taureaux qu'elles mettent en marché sur la base d'index génomiques. La publication des index est autorisée sous réserve que leur précision (CD) atteigne 0.50 et qu'ils proviennent d'un typage fiable. Les haplotypes parentaux sont reconstitués puis complétés si besoin par imputation : l'imputation est une approche statistique prédisant le génotype le plus probable d'un SNP lorsqu'il est manquant.

Les taureaux mis « en confirmation sur descendance » après évaluation génomique, ou anciennement « en testage sur descendance » ont des index génomiques diffusés lors de l'arrivée en production de leurs filles. Les seuils de publication sont identiques à ceux des index classiques (CD, nombre de filles et/ou de troupeaux) ; mais pour les caractères fonctionnels dont la précision est améliorée, la publication dépend seulement du CD.

Les index SAM sont comparables aux index classiques et sont exprimés par rapport aux mêmes bases. Quand ils existent, ils les remplacent en tant qu'index officiels.

3. LES ENTREPRISES DE SELECTION

Elles sont désignées par les codes suivants :

S903	Interselection Normande	38 Rue de la Merilliere tel 02-33-84-48-84	61300	L'Aigle	
			fax 02-33-84-48-90	www.isnormande.com	
				isnofb@wanadoo.fr	
S917	EVOLUTION-XY	69 Rue de la Motte Brûlon	BP 80225	35702	Rennes cedex 7
	Anciennement Creavia	tel 02-99-87-95-95	fax 02-99-63-78-19	www.evolution-xy.fr	
S919	URCECOF	86 rue de la République	76000	Rouen	
		tel 02-35-88-02-69	fax 02-35-88-84-81	unog.rouen@wanadoo.fr	
S950	EVOLUTION-XY	69 Rue de la Motte Brûlon	BP 80225	35702	Rennes cedex 7
	Anciennement Amelis	tel 02-99-87-95-95	fax 02-99-63-78-19	www.evolution-xy.fr	

Distribution des valeurs des index de production, fonctionnels et de morphologie pour les taureaux de la base mobile race Normande nés à partir de l'année 2006.

Index	Valeur maximale	Seuil 1% supérieur	Seuil 5% supérieur	Seuil 10% supérieur	Seuil 25% supérieur	Moyenne	Ecart Type	Effectif Taureaux
ISU	178	165	158	154	144	130,04	19,26	704
INEL	55	49	44	40	33	22,25	15,19	704
MG	60	54	44	40	31	19,09	17,33	704
MP	45	41	37	34	27	18,69	12,28	704
TB	7	4,9	3,1	2,3	1,1	-0,16	1,97	704
TP	3,6	2,8	1,8	1,5	1	0,29	1	704
LAIT	1439	1242	1070	946	751	502,44	369,06	704
CEL	2,8	2,1	1,5	1,3	0,9	0,4	0,79	704
MACL	1,8	1,3	1	0,8	0,4	0,06	0,6	646
FERT	2,1	1,3	0,9	0,7	0,4	0,06	0,58	645
FERG	1,5	1	0,8	0,6	0,3	0,02	0,47	645
IVIA1	1,9	1,4	0,9	0,7	0,3	-0,1	0,64	645
LGF	2	1,7	1,3	1,1	0,8	0,45	0,58	638
NAI	94	93	92	92	91	89,19	2,4	660
VEL	94	92	92	91	90	88,97	1,93	660
VIN	96	95	94	94	93	92,01	1,39	612
VIV	95	95	94	94	93	92,17	1,52	612
TR	2,2	1,3	0,9	0,8	0,5	0,07	0,58	704
HS	2,5	1,8	1,4	1,1	0,8	0,32	0,65	704
LP	1,9	1,3	1	0,8	0,4	-0,02	0,61	704
PP	1,8	1,6	1,2	0,9	0,5	0,14	0,6	704
IS	2,2	1,6	1,2	0,9	0,4	-0,01	0,68	704
IB	2	1,8	1,2	0,9	0,6	0,01	0,77	704
AJ	2,2	1,7	1,3	1	0,7	0,16	0,72	704
AA	2,9	2	1,6	1,4	1,1	0,55	0,74	704
EQ	2,5	1,9	1,4	1,2	0,8	0,45	0,63	704
PJ	2,5	2,1	1,5	1,2	0,8	0,36	0,69	704
AR	3,1	2,4	1,7	1,5	1	0,53	0,77	704
OR	2,5	1,6	1,3	1,1	0,8	0,31	0,66	704
EA	2,2	2	1,3	1	0,7	0,23	0,71	704
LI	2,2	1,6	1,2	0,9	0,6	0,19	0,61	704
MA	1,8	1,7	1,3	1,1	0,8	0,46	0,56	704
FT	1,7	1,4	1,1	0,8	0,5	0,08	0,58	704
MU	2,5	1,1	0,7	0,4	0	-0,42	0,7	704
AP	2,2	1,8	1,4	1,1	0,8	0,3	0,69	704
MO	2	1,6	1,4	1,1	0,8	0,38	0,63	704

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Barbat A., Le Mezec P., Ducrocq V., Mattalia S., Fritz S., Boichard D., Ponsart C., Humblot P. (2010). Female fertility in French dairy breeds: Current situation and strategies for improvement. *J. Reprod. Dev.* 56: S15-S21
- Bonaïti B., D. Boichard, E. Verrier, V. Ducrocq, A. Barbat, M. Briend (1990). La méthode française d'évaluation génétique des reproducteurs laitiers. *I.N.R.A. Productions Animales*, 1990, 3 (2), 83 -92
- Boichard D., Bonaïti B., Barbat A. (1993). Effect of Holstein crossbreeding in the French black and white cattle population. *J Dairy Sci.*, 76, 1157-1162
- Boichard D et al (1995). Three methods to validate the estimation of genetic trend in dairy cattle. *J Dairy Sci.*, 78, 431-437
- Boichard D., A. Barbat, M. Briend (1997). Genetic evaluation for fertility in French dairy cattle. Gift workshop, November 23-25, Grub
- Boichard D. et R. Rupp (1997). Genetic analysis and genetic evaluation for somatic cell score in French dairy cattle. Gift workshop, June 8-10 1997, Uppsala
- Boichard D., A. Barbat, M. Briend (1998). Evaluation génétique des caractères de fertilité femelle chez les bovins laitiers. *Journées 3R*, 1998, 5, 103-106
- Boichard D, Fritz S, Rossignol MN, Guillaume F, Colleau JJ, Druet T (2006). Implementation of marker-assisted selection: practical lessons from dairy cattle. In 'Proceedings of the 8th world congress of genetics applied to livestock production, Belo Horizonte, Brazil'. Communication no. 22-11
- Boichard D, Guillaume F., Baur A, Croiseau P., Rossignol M.N., Boscher M.Y., Druet T, Genestout L., Colleau J.J., Journaux L., Ducrocq V., Fritz S. (2012). Genomic Selection in French Dairy Cattle. *Anim. Prod. Sci.*, 52: 115-120
- Brochard M., Boichard D., Ducrocq V., Fritz S. (2013). La sélection pour des vaches et une production laitière plus durables : acquis de la génétique et opportunités offertes par la sélection génomique. *Productions Animales*, 26, 145:156
- Croiseau P, Legarra A, Guillaume F, Fritz S, Baur A, Colombani C, Robert-Granié C, Boichard D, Ducrocq V. (2011). Fine tuning genomic evaluations in dairy cattle through SNP pre-selection with the Elastic-Net algorithm. *Genet Res (Camb) Dec*; 93(6):409-17
- Druet, T., C. Schrooten, A.P.W. de Roos (2010). Imputation of genotypes from different single nucleotide polymorphism panels in dairy cattle. *J Dairy Sci* 93:5443–5454
- Ducrocq V. (1990). Les techniques d'évaluation génétique des bovins laitiers. *I.N.R.A. Productions Animales* 3 (1) 3-16
- Ducrocq V. (1993). Genetic parameters for type traits in the French Holstein breed based on a multiple-trait animal model. *Livestock Production Science*, 36 (1993) 143-156
- Ducrocq V. (2000). Calving ease evaluation of French dairy bulls with a heteroskedastic threshold model with direct and maternal effects. Interbull open meeting, May 14-15, Bled, Slovenia. *Interbull Bulletin n°25*, 123-130
- Ducrocq V., Mathevon M. (2000). Evaluation génétique des taureaux de races laitières sur les conditions de naissance de leurs veaux et les conditions de vêlage de leurs filles, pp. 165-168 in « 7èmes Rencontres autour des Recherches sur les Ruminants ». Paris, France, 6-7 Decembre 2000
- Ducrocq V., D. Boichard, A. Barbat et H. Larroque (2001). Intégration des caractères fonctionnels dans un index de sélection pour les races bovines laitières : de la théorie à la pratique. *Journées 3R*, 2001, 8, 333-336
- Ducrocq V. (2001). a) A two step procedure to get animal model solutions in Weibull survival models used for genetic evaluations on length of productive life. Interbull meeting, August 30-31, Budapest, Hungary. *Interbull Bulletin* 27, 147-152
- Ducrocq V. (2004). Illustration of a trend validation test for longevity evaluations. Interbull Meeting, May 29-31, Sousse, Tunisia
- Ducrocq V. (2005). An improved model for the French genetic evaluation of dairy bulls on length of productive life of their daughters. *Anim. Sci*, 80, 249-256
- Guillaume F., Boichard D., Ducrocq V., Fritz S. (2011). Utilisation de la sélection génomique chez les bovins laitiers. *Prod.Anim.*24 :363-368
- Govignon-Gion A., Dassonneville R., Balloche G., Ducrocq V. (2012). Genetic evaluation of mastitis in dairy cattle in France. Proceedings of the 2012 Interbull meeting, Cork, Ireland, May 28-31 2012. *Interbull Bulletin* 46, 121-126

- Huquet B., Leclerc H, Ducrocq V. (2012). Modelling and estimation of genotype by environment interactions for production traits in French dairy cattle. *Gen. Sel. Evol.* 44 :35
- Journaux L., Ledos H., Mathevon M., Mattalia S., Leudet O. (2002). Organization of recording and control of data used in France to evaluate calving ease and birth weight in dairy and beef cattle. ICAR Meeting 26-31st May 2002, Interlaken (Switzerland)
- Lassen J., Sorensen M.K., Madsen P., Ducrocq V. (2007). Robustness of an approximate multitrait model and correction for selection bias. *Genet. Sel. Evol* 39: 353-357
- Lund M.S., de Roos A.P.W., de Vries A.G., Druet T., Ducrocq V., Fritz S., Guillaume F., Guldbbrandtsen B., Liu Z., Reents R., Schrooten C., Seefried M., Su G. (2011). Common reference of four European Holstein populations increase reliability of Genomic Predictions. *Gen. Sel. Evol.*, 43 :43
- Meszaros G., Sölkner J., Ducrocq V. (2013). The Survival Kit: Software to analyze survival data including possibly correlated random effects. *Comput. Methods Programs Biomed* 110, 503-510
- Robert C. (1996). Etude de quelques problèmes liés à la mise en œuvre du REML en génétique quantitative. PhDThesis. Institut National Agronomique Paris-Grignon, 3-357
- Robert-Granié C., Ducrocq V., Foulley J.L. (1997). Heterogeneity of variance for type traits in the Montbéliarde cattle breed. *Genet. Sel. Evol.*, 29, 545-570
- Robert-Granié C., B. Bonaïti, D. Boichard, A. Barbat (1999). Accounting for variance heterogeneity in French dairy cattle genetic evaluation. *Livestock Production Science* 60, 34
- Robert-Granié C., Legarra A., Ducrocq V. (2011). Principes de base de la sélection génomique. *Prod.Anim.*24:331-340
- Rupp R., D. Boichard, A. Barbat (1997). Evaluation génétique des bovins laitiers sur les comptages de cellules somatiques pour l'amélioration de la résistance aux mammites. *Journées 3R*, 1997, 4, 211-214
- Van Raden P.M., Wiggans G.R. (1991). Derivation, calculation and use of national animal model information. *J. Dairy Sci.* 74: 2737-2746
- Yazdi M.H., Visscher P.M., Ducrocq V., Thompson R. (2002). Heritability, reliability of genetic evaluations and response to selection in proportional hazard models. *J. Dairy Sci.*, 85, 1563-1577

EVALUATION GENETIQUE DES TAUREAUX DE DIVERSES RACES PRODUCTION LAITIERE – MORPHOLOGIE - CARACTERES FONCTIONNELS

Edition 15/1 de février 2015

Cette publication présente les index des taureaux calculés par le Département de Génétique Animale de l'INRA, à partir des données transmises au Centre de Traitement de l'Information de Jouy-en-Josas avant le 23 janvier 2015.

Races régionales : Abondance, Brune, Pie-Rouge, Simmental et Tarentaise ;

Races locales : Bleue du Nord, Bretonne pie-noir, Flamande, Jersiaise, Salers et Vosgienne.

1.	EVALUATION GENETIQUE CONVENTIONNELLE	2
	DEFINITION DES BASES DES INDEX	2
1.1.	LES INDEX DE PRODUCTION LAITIERE	2
1.1.1.	LE BLUP MODELE ANIMAL.....	2
1.1.2.	LES CARACTERES INDEXES.....	2
1.1.3.	LE MODELE D'ANALYSE ET LES DONNEES UTILISEES.....	2
1.1.4.	LA PRECISION DES INDEX DE PRODUCTION LAITIERE	3
1.2.	LES INDEX FONCTIONNELS COMBINES.....	4
1.2.1.	LES COMPTAGES CELLULAIRES (CEL)	4
1.2.2.	LES MAMMITES CLINIQUES (MACL)	5
1.2.3.	LA FERTILITE DES VACHES ET DES GENISSES (FER, FERG)	5
1.2.4.	L'INTERVALLE VELAGE PREMIERE INSEMINATION (IVIA1)	6
1.2.5.	LA LONGEVITE FONCTIONNELLE (LGF)	6
1.2.6.	LES CARACTERES FONCTIONNELS COMBINES ET LES SYNTHESSES FONCTIONNELLES.....	7
1.2.7.	LA PRECISION ET L'INTERPRETATION DES INDEX FONCTIONNELS	7
1.3.	AUTRES INDEX FONCTIONNELS	10
1.3.1.	LES FACILITES DE NAISSANCE (NAI) ET DE VELAGE (VEL)	10
1.3.2.	LES VITALITES À LA NAISSANCE (VIN) ET AU VELAGE (VIV)	10
1.3.3.	EXPRESSION ET UTILISATION DES INDEX NAI, VEL, VIN, VIV	10
1.4.	LES INDEX MORPHOLOGIQUES	11
1.5.	L'INDEX DE SYNTHESE UNIQUE (I.S.U.).....	16
2.	EVALUATION GENOMIQUE EN RACE BRUNE.....	17
2.1.	CARTOGRAPHIE DES QTL.....	17
2.2.	LA METHODE D'EVALUATION ET SA VALIDATION	17
2.3.	CARACTERES EVALUES ET PUBLICATION	17
3.	LES ENTREPRISES DE SELECTION	18

1. EVALUATION GENETIQUE CONVENTIONNELLE

DEFINITION DES BASES DES INDEX

L'index estime la supériorité génétique d'un reproducteur en écart à un groupe d'animaux de référence. L'index moyen de cette population de référence est par convention égal à 0. Pour faciliter l'appréciation par rapport aux reproducteurs actuels, les index sont exprimés en "base mobile" c'est-à-dire en écart à un groupe d'animaux récents changeant chaque année.

Les bases mobiles successives peuvent être comparées grâce à une base fixe constante dans le temps pour la race.

- Les index des races régionales sont exprimés en base mobile

La base mobile de l'année N regroupe les vaches nées durant les années N-8 à N-6 ayant :

- deux parents connus,
- une lactation contrôlée ou un pointage,
- un $CD \geq 0.30$ pour les caractères dont l'index est publié pour les vaches.

Pour les caractères comme les facilités de naissance ou de vêlage et les vitalités à la naissance ou au vêlage, dont le modèle d'indexation n'estime pas la valeur génétique des vaches, la base mobile N regroupe les taureaux nés de N-9 à N-14.

- Les index des races locales sont exprimés en général en base fixe

La base fixe de la production laitière regroupe les vaches de père connu dont le 1^{er} vêlage est postérieur au 31/08/1979, nées de 1977 à 1980.

1.1. LES INDEX DE PRODUCTION LAITIERE

1.1.1. LE BLUP MODELE ANIMAL

Le modèle animal décrit les facteurs de variation de la lactation en distinguant la valeur génétique transmissible à estimer, et les facteurs de milieu dont l'effet doit être éliminé. L'index de valeur génétique d'un animal découle de ses lactations pour une femelle, et de ses relations de parenté avec tous les autres animaux mâles ou femelles de la population.

La procédure BLUP (best linear unbiased prediction : meilleur prédiction linéaire sans biais) corrige au mieux l'influence des effets de milieu identifiés et combine de façon optimale les lactations et l'information généalogique.

En effet:

- Toutes les relations de parenté sont utilisées; les animaux apparentés, qu'il s'agisse d'ascendants, de descendants ou de collatéraux, interviennent d'autant plus qu'ils sont plus proches parents ;
- Les mâles et les femelles sont évalués en même temps ;
- Les effets de milieu sont estimés en même temps que les index de valeur génétique ;
- La sélection laitière des vaches au cours de leur carrière et la pratique d'accouplements dirigés sont prises en considération.

Ainsi calculés les index de valeur génétique autorisent la comparaison objective d'animaux quels que soient leur sexe, leur âge, leur troupeau ou leur région d'origine, ainsi que la mesure du progrès génétique réalisé.

1.1.2. LES CARACTERES INDEXES

Les caractères indexés sont :

- la quantité de matières protéiques (kg) ;
- la quantité de matières grasses (kg) ;
- la quantité de lait (kg) ;
- le taux protéique vrai en g/kg, inférieur de 5 % au taux azoté dénommé "% protéines" à l'étranger ;
- le taux butyreux en g/kg ;
- l'INEL.

Index de sélection laitière, il maximise la marge nette hors travail de l'atelier laitier en l'absence de quotas. Etabli avec une contrainte de coûts opérationnels et de structure constants, en l'absence d'activités de substitution, il est défini comme :

$$\text{INEL} = 0.98 (\text{MP} + 0.2\text{MG} + 1\text{TP} + 0.5\text{TB})$$

1.1.3. LE MODELE D'ANALYSE ET LES DONNEES UTILISEES

Données et paramètres génétiques

Pour estimer la valeur génétique d'un taureau, on tient compte des 3 premières lactations de ses filles (lactations commencées depuis au moins 90 jours, lactations en cours d'au moins 60 jours au moment de l'extraction). Les

lactations de rang 1 dépassant 180 jours ou terminées ont un poids de 1 contre 0,8 à celles de rangs 2 et 3 ; en effet ces dernières sont moins hérissables et ne correspondent pas exactement au même caractère qu'en 1^{ère} lactation.

À chaque traitement on exploite l'ensemble des généalogies et des lactations 1 à 3 des vaches dont le 1^{er} vêlage est postérieur au 01/09/79. L'hérissabilité (la part génétiquement transmissible des différences entre animaux) et la répétabilité (le degré de ressemblance entre deux lactations d'une même vache) sont supposées égales à 30 % et 50 % pour les quantités de matières et à 50 % et 70 % pour les taux.

Modèle d'analyse

Les lactations sont soit extrapolées (en cours ; terminées de rang ≥ 2 et de durée inférieure à 305 jours), soit corrigées pour la durée. Une correction pour le rang de lactation standardise la variabilité et les transforme en lactations d'adultes.

Cette performance est ensuite expliquée par quatre groupes de facteurs :

- la valeur génétique de l'animal ;
- la valeur de l'animal non transmissible ou "Effet d'environnement permanent" résultant d'effets non identifiés propres à l'animal et se répétant d'une lactation à l'autre. L'effet d'environnement permanent permet de tenir compte de la sélection conduisant à la réforme des vaches les moins productives ;
- les effets de milieu identifiés détaillés ci-dessous ;
- un résidu inexplicé.

Les effets de milieu sont:

- le milieu du troupeau propriétaire, par campagne ;
- le rang de lactation par région et par campagne;
- le mois de vêlage par rang de lactation, région et campagne ; on distingue les 1^{ères} lactations des 2^{èmes} et 3^{èmes} lactations ;
- l'âge au vêlage par rang de lactation, par région et par campagne ;
- la durée de tarissement précédent pour les 2^{èmes} ou 3^{èmes} lactations, par région et par campagne.

L'hétérogénéité des variances, c'est-à-dire la variabilité des productions selon les années, les régions et les troupeaux, même après avoir pris en compte les facteurs précédents, est corrigée dans l'évaluation génétique. On considère qu'un écart de valeur génétique entre deux animaux se traduit par un écart de performances différent selon l'environnement où ils produisent. Cet environnement est caractérisé par sa variance résiduelle, calculée par troupeau et par campagne, avec deux composantes : l'une propre à la région et l'autre propre au troupeau pour la campagne considérée. Finalement la contribution d'une performance à l'index est la lactation corrigée pour les effets de milieu et ajustée pour l'écart-type résiduel associé au troupeau et à la campagne de la performance. Les index traduisent l'expression des valeurs génétiques dans un milieu dont la variabilité est celle de la campagne 1996.

Du fait de leur estimation simultanée, une répartition inégale des filles des taureaux selon les troupeaux, les rangs de lactation,... sera prise en considération au mieux.

1.1.4. LA PRECISION DES INDEX DE PRODUCTION LAITIÈRE

Bien que tous ses apparentés interviennent dans l'évaluation d'un taureau, son index peut être décomposée en deux contributions correspondant à deux sources d'information distinctes :

- l'ascendance via la demi-somme des index des parents ;
- la descendance définie comme deux fois la supériorité moyenne des fils et des filles après correction pour la valeur de leur mère.

Pondérées par leurs précisions respectives, elles interviennent dans l'index avec les contributions suivantes :

CONTRIBUTION DE L'ASCENDANCE ET DE LA DESCENDANCE D'UN TAUREAU

Equivalent filles avec L1 terminée ou en cours ≥ 180 jours	Ascendance %	Descendance %
0	100	0
20	26	74
50	12	88
75	9	91
100	7	93
500	1,4	98,6
1000	0,7	99,3

En moyenne la moitié de la supériorité génétique d'un taureau sera exprimée par ses filles dans leurs lactations.

À l'index qui traduit la supériorité génétique probable est associée une précision donnée par le coefficient de détermination (CD). Restitué pour les quantités de matières il détermine une fourchette d'incertitude de l'index.

Intervalle de confiance des index laitiers (risque 10%)

CD	LAIT	QMG	QMP	TB*	TP*
0,5	770	32	25	2,8	1,6
0,6	689	28	22	2,5	1,5
0,7	596	24	19	2,2	1,3
0,8	487	20	15	1,8	1,0
0,9	344	14	11	1,3	0,7
0,95	244	10	8	0,9	0,5

*les CD des index taux ne sont pas publiés ; des paramètres génétiques moyens sont utilisés

Interprétation : la valeur génétique vraie d'un taureau indexé à +1000kg de lait avec un CD de 0.70 se situe entre +404kg (1000-596) et +1596kg (1000+596) dans 90% des cas. Sa valeur la plus probable est +1000. 5 fois sur 100 elle sera inférieure à +404kg, et 5 fois sur 100 elle sera supérieure à +1596kg.

Les index de production sont officiels aux conditions suivantes :

- CD >= 60 et au moins 20 filles pour les races régionales ;
- CD >= 50 et au moins 10 filles pour les races locales.

1.2.LES INDEX FONCTIONNELS COMBINES

Les caractères ci-après sont d'abord indexés séparément en général par un Blup modèle animal unicaractère qui produit des index non combinés et des performances corrigées (une performance moyenne par animal, corrigée pour tous les effets sauf l'effet génétique ; un poids traduisant la quantité d'information). Puis ils sont indexés ensemble par un Blup modèle animal multicaractère produisant des index combinés qui sont les index officiels.

1.2.1. LES COMPTAGES CELLULAIRES (CEL)

L'objectif est d'améliorer la qualité du lait et la résistance aux mammites par une sélection indirecte sur les comptages cellulaires.

Données

Les comptages cellulaires (CCS = comptages de cellules somatiques) en France sont connus exhaustivement depuis 1994 et partiellement depuis 1990. Le calcul intègre tous les CCS entre 5 et 350 jours de lactation pour les lactations de rang 1 à 3 ayant débuté après le 01/09/1989.

La performance par lactation est construite ainsi :

- ① Transformation des CCS en un score de cellules somatiques (SCS) pour avoir une distribution normale :

	CCS	SCS		CCS	SCS
$SCS = \log_2 \left(\frac{CCS}{100000} \right) + 3$	12.500	0		400.000	5
	25.000	1		800.000	6
	50.000	2		1.600.000	7
	100.000	3		...etc.	...
	200.000	4			

- ② Correction additive du SCS pour le stade et le rang de lactation. Elle permet l'utilisation des lactations anciennes avec quelques comptages et des lactations en cours. L'ajustement est calculé à partir des lactations saines (SCS moyen < 4).

- ③ Moyenne pondérée des SCS corrigés d'une lactation :
$$SCSL = \frac{\sum \frac{R}{\sigma} [SCS \text{ corrigé}]}{\sum \frac{R}{\sigma}}$$

R est la corrélation des SCS à ce stade et rang de lactation avec la moyenne des autres SCS des lactations de même rang et σ traduit la variabilité des SCS considérés à ce stade et rang de lactation.

- ④ Les SCSL sont transformés pour avoir une variabilité comparable entre rangs de lactation (SCSL *1,15 en L1 ; SCSL *1,08 en L2 ; SCSL *1 en L3.

Modèle et paramètres génétiques

Une procédure BLUP modèle animal est utilisée.

Chaque lactation a un poids en fonction du nombre de CCS connus. Un minimum de 5 CCS est nécessaire pour obtenir un poids de 1. Les effets considérés dans le modèle d'analyse sont les mêmes que pour la production laitière, sans considération des hétérogénéités de variance.

L'héritabilité supposée du caractère est de 15 % et sa répétabilité est de 35 %.

1.2.2. LES MAMMITES CLINIQUES (MACL)

Définition du caractère et sélection des données

L'information est de type 0/1 et elle est relevée par l'agent du contrôle laitier. Elle concerne les trois premières lactations et se résume ainsi : « au moins un évènement mammite clinique enregistré durant les 150 premiers jours de la lactation ». Pour la fiabilité de l'évaluation il faut être certain qu'une vache notée « 0 = pas de mammites cliniques » est une vache saine et non pas un animal non contrôlé.

Pour ce faire une sélection des données est nécessaire. Les données sont prises en compte depuis 1997. Une sélection des lactations par troupeau*campagne est faite : sont conservés les cheptels qui déclarent par campagne un minimum de 3 % de lactations avec un évènement mammite (toutes lactations confondues, avec des adaptations pour l'effectif du troupeau). Ce critère est responsable de la majorité des éliminations de données.

Modèle et paramètres génétiques

L'évaluation est de type Blup modèle animal avec effet d'environnement permanent (pour tenir compte de la répétabilité des performances). Les effets de milieu pris en compte sont :

- le mois de vêlage par campagne;
- le troupeau par campagne;
- la classe d'âge au vêlage et le rang de lactation (toutes campagnes confondues).

Le modèle considère l'hétérogénéité des variances par rang de lactation et par campagne. On considère que l'écart de valeur génétique entre animaux va se traduire par un écart de performances différent selon le rang de lactation et selon l'année considérée.

	h ² %	Répétabilité %	Ecart-type génétique %
Prim'Holstein, Brune, Pie-Rouge	1.8	5.5	4.12
Montbéliarde, Abondance, Tarentaise, Simmental	2.3	5.5	4.35
Normande	2.1	6.2	4.69

1.2.3. LA FERTILITE DES VACHES ET DES GENISSES (FER, FERG)

L'objectif est d'évaluer la fertilité post-partum des filles des taureaux. L'index ne décrit pas la fécondance de la semence.

Données

La performance est le résultat (oui/non) de chaque I.A. réalisée depuis septembre 1995 dans les élevages au contrôle laitier. Pour celles intervenues six mois au moins avant l'indexation, les règles de détermination de l'I.A. fécondante sont :

- en présence d'un vêlage postérieur, l'IA fécondante est celle la plus en accord avec la durée de gestation de la race.
- en l'absence de vêlage postérieur, le statut de la dernière I.A est déterminé selon la première des règles auxquelles elle répond :
 - non fécondante, si l'IA est suivie d'un mouvement IPG avec une cause de sortie signalant la fin de la carrière (boucherie, mort, autoconsommation);
 - fécondante si l'IA est suivie d'un mouvement IPG avec une cause de sortie signalant la poursuite de l'élevage (élevage ou vente ; prêt ou pension) ;
 - fécondante si l'IA est récente (moins de 340 jours) ; on lui affecte alors une probabilité de gestation compte tenu de l'ancienneté de l'IA, du statut (nullipare ou non), de la race et du rang de l'IA. Cette probabilité est proche de 1 puisque les IA de moins de six mois ne sont pas utilisées.
 - fécondante si l'IA est ancienne (plus de 340 jours) et faite sur une vache avec une lactation inférieure ou égale à 260 jours ;
 - non fécondante si l'IA est ancienne (plus de 340 jours) et faite sur une vache avec une lactation supérieure à 260 jours.

Les autres IA d'une même séquence sont déclarées non fécondantes si elles sont antérieures, et éliminées si elles sont postérieures. Si dans une séquence aucune IA n'est fécondante, toutes les IA sont considérées comme non fécondantes ; et lorsque deux IA sont proches de 3 jours au plus, l'une d'elles est éliminée.

L'indexation concerne les génisses et les vaches jusqu'en 3^{ème} lactation pour leurs trois premières IA dans chaque séquence.

Modèle et paramètres génétiques

Le déterminisme de la fertilité femelle est différent entre nullipares et vaches en lactation. Par suite deux caractères différents dont l'héritabilité est 2 % sont considérés et la fertilité des nullipares interviendra comme un prédicteur de la fertilité post-partum. Deux autres caractères sont évalués officieusement et interviendront aussi comme prédicteurs, les taux de non-retour des vaches (TNRV) et des génisses (TNRG) entre 18 et 56 jours.

Des analyses séparées sont d'abord conduites avec des évaluations BLUP Modèle Animal. Les effets pris en compte sont, outre l'effet génétique de l'animal:

- le troupeau et l'inséminateur, par année ;
- le rang de vêlage précédant l'IA ;
- le mois d'insémination et le jour dans la semaine, par année et région ;
- l'intervalle vêlage - I.A. des vaches ou l'âge à l'insémination des nullipares, par année;
- les taux de consanguinités de la mère et de son veau ;
- la race du taureau faisant l'insémination ;
- l'effet fécondant du taureau pour l'année (effet aléatoire) ;
- l'effet d'environnement permanent de la femelle (effet aléatoire).

1.2.4. L'INTERVALLE VELAGE PREMIERE INSEMINATION (IVIA1)

Cet intervalle traduit l'aptitude génétique au retour en cyclicité post-partum, même s'il dépend aussi des décisions de mise à la reproduction. Le caractère indexé est l'intervalle en jours pour les vaches jusqu'en 3^{ème} lactation. Le modèle d'indexation est aussi un modèle animal uni-caractère avec effet d'environnement permanent où interviennent les effets fixes suivants :

- le troupeau par année;
- le mois de vêlage par année et par région ;
- l'âge au vêlage,
- le rang du vêlage précédant l'IA.

L'héritabilité du caractère est de 3% à 6% et la répétabilité est proche de 10%.

	h ² %	Répétabilité %	Ect génétique (jours)
Montbéliarde et autres races	3.7	8.8	5
Normande	3.4	8.1	5
Prim'Holstein	6.1	12.2	7.75

1.2.5. LA LONGEVITE FONCTIONNELLE (LGF)

On considère qu'une réforme est volontaire si l'animal est éliminé à cause d'une faible production. L'objectif est de retarder la réforme involontaire, c'est à dire d'améliorer l'aptitude des filles d'un taureau à avoir une longue carrière indépendamment de leur production.

Les données utilisées sont les lactations 1 à 5 débutant après le 01/01/1988 avec le calcul de la durée de vie productive (DVP : en jours de la date du 1^{er} vêlage jusqu'au dernier contrôle connu) pour les vaches nées d'IA dans des troupeaux comportant au moins 5 vaches de la race.

Deux types d'observations existent au moment du constat de la DVP (4 mois avant la date d'extraction des données, après élimination des premières lactations vélées dans les 90 jours précédant cette date de constat) :

- **les observations non censurées** : l'animal est considéré comme réformé, aucun contrôle n'a eu lieu depuis plus de 4 mois ;
- **les observations censurées** : l'animal est considéré comme vivant. C'est le cas quand un contrôle est survenu depuis moins de 4 mois, quand l'animal a disparu en même temps qu'une réduction d'au moins 50 % de l'effectif du cheptel, quand l'animal a changé de troupeau, ou quand l'animal commence une lactation de rang supérieur à 5.

Les données censurées et non censurées sont traitées par une méthode d'analyse de survie, utilisant la notion de "risque de réforme" (probabilité d'un animal d'être réformé au temps t sachant qu'il était encore en vie juste avant).

Un modèle père-grand-père maternel est utilisé :

$\lambda(t, x) = \lambda_{0i}(t) * \text{exponentielle (facteurs de risque, fonctions du temps)}$ avec :

$\lambda_{0i}(t)$ = risque moyen d'être réformé au jour t sachant que l'animal est vivant auparavant ; le risque est établi par année, rang de lactation (1 ou 2 et plus) et stade de lactation (0 à 270j, 270 à 380j, après 380j, tarissement). Les facteurs de risque sont :

- le troupeau par année;
- l'appartenance de l'animal à des classes de :
 - production laitière intra troupeau,

- TP intra troupeau,
- TB intra troupeau ;

Ces effets sont estimés à partir des lactations en 305 jours. Ils permettent d'éliminer l'effet du niveau de production sur la réforme et de travailler sur les réformes involontaires ;

- la variation de taille du troupeau (dans les troupeaux de 50 et plus, de 20-49, de 5-19 et de moins de 5 vaches) ;
- le rang de lactation ;
- l'âge au 1^{er} vêlage;
- le trimestre par année (prise en compte des politiques de réforme selon les années et les périodes).
- Les valeurs génétiques du père et du grand-père maternel de la vache.

L'héritabilité théorique du caractère est de 14%. L'héritabilité réelle, à cause des observations censurées des animaux encore en vie, est de deux à trois fois plus petite.

1.2.6. LES CARACTERES FONCTIONNELS COMBINES ET LES SYNTHESSES FONCTIONNELLES

Les caractères fonctionnels (CEL et MACL, FER FERG TNRV TNRG et IVIA1, LGF), la quantité de lait et des caractères morphologiques (jusqu'à sept postes dont la vitesse de traite, un poste d'aplombs, des postes de mamelle et de format) sont liés par des corrélations génétiques (voir l'annexe qui suit).

Un BLUP Modèle Animal approché, appliqué aux performances corrigées de l'indexation de chaque caractère, synthétise l'information du sujet et de ses apparentés, pour chaque caractère enrichi par ses prédicteurs. Il produit des index combinés (CELc, MACLc, FERc, FERGc, IVIA1c, LGFc) dont la précision (CD) est accrue par rapport aux index non combinés décrits précédemment. Ces index combinés sont les index polygéniques officiels (exception : Cel plutôt que Celc pour des raisons historiques et sont utilisés pour calculer les index de synthèse.

Deux synthèses fonctionnelles sont définies, la santé de la mamelle (STMA) et la reproduction (REPRO) :

STMA = (0.6*CELc + 0.4*MACLc) / 0.9137 (races brune, pie-rouge, simmental et tarentaise);

STMA = (0.5*CELc + 0.5*MACLc) / 0.9100 (race abondance);

REPRO = (0.5*FERc + 0.25*FERGc + 0.25*IVIA1c) / 0.6965 (autres races régionales) ;

REPRO = (0.5*FERc + 0.10*FERGc + 0.40*IVIA1c) / 0.6284 (race tarentaise) ;

Cette démarche amenant aux index fonctionnels combinés est appliquée pour les races régionales. Les races locales disposent partiellement d'index fonctionnels non combinés.

1.2.7. LA PRECISION ET L'INTERPRETATION DES INDEX FONCTIONNELS

Les index fonctionnels sont exprimés en base mobile de valeur 0, en unités d'écart-type génétique de valeur 1, et sont compris entre -3 et +3. Un index positif est améliorateur du caractère (comptages cellulaires bas, moins de mammites cliniques, meilleure fertilité, IVIA1 plus court et longévité accrue). Ils sont publiés pour CELL si leur CD atteint 0.50 et le nombre de filles est >= 10 ; et atteint 0,35 et un nombre de descendants >=10 pour les autres caractères fonctionnels (MACL, FER FERG TNRV TNRG et IVIA1, LGF).

Intervalle de confiance des index (risque 10% d'être hors fourchette)

CD	Index fonctionnels
0.35	+/- 1.3
0.40	+/- 1.3
0.50	+/- 1.2
0.60	+/- 1.0
0,70	+/- 0.9
0,80	+/- 0.7
0,90	+/-0.5

Interprétation : la valeur génétique vraie d'un taureau indexé à +1.0 avec un CD de 0.70 se situe entre +0.1 (1.0 -0.9) et +1.9 (1.0 +0.9) dans 90% des cas. Sa valeur la plus probable est +1.0. 5 fois sur 100 elle sera inférieure à +0.1, et 5 fois sur 100 elle sera supérieure à +1.9.

ANNEXE : Corrélations génétiques entre caractères fonctionnels, morphologiques et laitiers

Abondance

	LAIT	CEL	LGF	FERG	FERV	IVIA1	TNRG	TNRV	MACL	volume mamelle	équilibre mamelle	attache avant	ecart avant tr.
CEL													
LGF	-0,19	0,29											
FERG	0,00	-0,19	-0,29										
FERV	-0,09	-0,10	-0,32	0,64									
IVIA1	0,40	0,12	0,09	-0,01	-0,17								
TNRG	-0,02	-0,20	-0,29	0,70	0,50	0,11							
TNRV	-0,12	-0,28	-0,33	0,54	0,58	0,07	0,61						
MACL	0,28	0,57	0,42	-0,05	-0,10	0,19	-0,07	-0,26					
volume mamelle	0,25	0,25	0,27		-0,18								
équilibre mamelle	0,15	-0,25	-0,38		0,18			0,01	-0,19	-0,29			
attache avant	0,25	-0,20	-0,14						-0,08	0,02	0,51		
écart avant tr.	-0,10	0,24	-0,09		0,04					0,50	-0,16	-0,23	
v. traite	0,10	0,05	-0,27		0,14				0,10	-0,52	0,33	0,02	-0,39

Pie-Rouge

	LAIT	CEL	LGF	FERG	FERV	IVIA1	TNRG	TNRV	MACL	v. traite	attache avant	hauteur att. arr.	plancher - jarret
CEL													
LGF	-0,15	0,38											
FERG	-0,07	-0,20	-0,30										
FERV	-0,25	-0,15	-0,33	0,66									
IVIA1	0,31	0,13	-0,01	-0,01	-0,15								
TNRG	-0,05	-0,16	-0,23	0,82	0,58	0,12							
TNRV	-0,06	-0,13	-0,27	0,46	0,65	0,37	0,59						
MACL	0,19	0,70	0,42	-0,01	-0,23	0,23	-0,05	-0,12					
v. traite	0,05	0,29							0,15				
attache avant	0,20	-0,20	-0,30		-0,05				-0,15	0,27			
hauteur att. Arr.	0,25	-0,10	-0,25		-0,10					0,06	0,68		
plancher-jarret	-0,15	-0,25	-0,31		0,10			0,01	-0,22	0,20	0,78	0,69	
support mamelle	0,45	-0,10	-0,34		-0,10					0,08	0,46	0,55	0,46

Brune

	LAIT	CEL	LGF	FERG	FERV	IVIA1	TNRG	TNRV	MACL	angle jarret	attache avant	plancher jarret	équilibre mamelle
CEL													
LGF	-0,11	0,37											
FERG	0,00	-0,19	-0,32										
FERV	-0,24	-0,10	-0,32	0,63									
IVIA1	0,33	0,13	-0,01	-0,01	-0,15								
TNRG	-0,05	-0,16	-0,24	0,83	0,57	0,12							
TNRV	-0,06	-0,13	-0,28	0,47	0,63	0,37	0,61						
MACL	0,20	0,67	0,41	-0,05	-0,17	0,23	-0,03	-0,16					
angle jarret			0,32										
attache avant		-0,20	-0,34		0,05				-0,12				
plancher-jarret	-0,35	-0,15	-0,47		0,20			0,01	-0,03		0,58		
équilibre mamelle		-0,10	-0,37		0,10						0,70	0,55	
longueur trayons	-0,05	0,35	0,37		-0,15						-0,36	-0,19	-0,26

Tarentaise

	LAIT	CEL	LGF	FERG	FERV	IVIA1	TNRG	TNRV	MACL	volume mamelle	attache avant	long trayons
CEL	0,05											
LGF	-0,16	0,21										
FERG		-0,19	-0,33									
FERV	-0,15	-0,16	-0,42	0,64								
IVIA1	0,40	0,11	0,10	-0,02	-0,18							
TNRG	-0,02	-0,19	-0,31	0,72	0,52	0,11						
TNRV	-0,12	-0,27	-0,37	0,56	0,62	0,06	0,62					
MACL	0,27	0,54	0,45	-0,06	-0,10	0,20	-0,09	-0,29				
volume mamelle	0,35	0,40	0,10		-0,19			-0,01	0,01			
attache avant	0,20	-0,20	-0,16						-0,05	-0,06		
long trayons		0,45	0,37		-0,14				0,14	0,11	-0,24	
v. traite	0,05		-0,32	-0,01	0,20	0,01	-0,01	-0,01	-0,16	-0,42	0,14	-0,13

Simmental

	LAIT	CEL	LGF	FERG	FERV	IVIA1	TNRG	TNRV	MACL	v. traite	attache avant	plancher-jarret	orient. trayons	forme trayons
CEL														
LGF	-0,21	0,26												
FERG	0,00	-0,19	-0,33											
FERV	-0,20	-0,01	-0,26	0,67										
IVIA1	0,38	0,12	0,11	0,00	-0,18									
TNRG	-0,02	-0,20	-0,32	0,72	0,52	0,11								
TNRV	-0,11	-0,28	-0,37	0,56	0,62	0,07	0,61							
MACL	0,26	0,57	0,47	-0,06	-0,11	0,19	-0,07	-0,27						
v. traite	0,20	0,00	-0,37						-0,11					
attache avant	0,20	-0,10	-0,28		0,05				-0,06	0,27				
plancher-jarret	-0,35	-0,25	-0,20		0,14			0,01		0,12	0,38			
orient. trayons	0,10	-0,27	-0,26							0,06	0,31	0,26		
forme trayons	0,10	0,29	0,34		-0,10				0,23	-0,41	-0,32	-0,35	-0,33	
aplombs			-0,21											

1.3.AUTRES INDEX FONCTIONNELS

1.3.1. LES FACILITES DE NAISSANCE (NAI) ET DE VELAGE (VEL)

L'objectif est d'évaluer les conditions de naissance des veaux (effet direct) et les conditions de vêlage des filles des taureaux (effet direct et maternel), afin d'éviter des accouplements à risques sur des génisses.

Données

Les conditions de naissance d'un veau sont décrites par une note de 1 à 5 : 1= vêlage sans aide, 2= vêlage avec aide facile, 3= vêlage avec aide difficile, 4= césarienne, 5= veau découpé. Etant donné la faible proportion de codes 3, 4 et 5, ils sont regroupés. Une sélection des données est faite pour les données antérieures à 1999 dont la qualité était moins bonne.

Modèle et paramètres génétiques

Les données sont analysées avec une méthodologie adaptée aux données discrètes reposant sur un modèle à seuils prenant en compte l'hétérogénéité des variances. La performance, exprimée dans l'échelle de la loi normale sous-jacente est expliquée par les facteurs suivants :

- Effets fixes:
 - le mois de vêlage par année;
 - le sexe du veau;
 - le rang de vêlage de la mère (4 classes : 1, 2, 3 à 5, 6 et plus) ;
 - le département par année ;
- Effets aléatoires:
 - le troupeau par année;
 - le père du veau;
 - le père de la vache.

Les données ne sont pas assez nombreuses pour modéliser des hétérogénéités de variance.

H ² du caractère sous-jacent	h ² NAI %	h ² VEL %
Prim'Holstein	5.6	3.2
Montbéliarde	7.8	3.7
Normande et autres races	7.4	4.3

1.3.2. LES VITALITES À LA NAISSANCE (VIN) ET AU VELAGE (VIV)

L'objectif est d'évaluer la mortalité des veaux d'un taureau (effet direct) ainsi que la mortalité des veaux au vêlage de ses filles (effets direct et maternel) dans les 48h suivant la naissance. On a choisi de restituer ces mortalités sous la forme des caractères opposés qu'on appelle les « vitalités ».

Données

La mortalité est définie à partir de la date de naissance du veau né simple et de sa date de sortie IPG pour la cause « mort » dans les 2 jours qui suivent. Les veaux considérés sont nés à partir du 1^{er} janvier 1999. Pour tenir compte de la mise en place progressive de l'IPG européenne et conserver des données assez exhaustives, on impose des contraintes supplémentaires : l'information est acceptée pour un département à partir de l'année où on a un taux minimal de 3% de veaux morts-nés (2.5% pour la montbéliarde), et acceptée pour un élevage du département à partir de l'année où on y déclare un veau mort-né.

Modèle et paramètres génétiques

Le modèle est analogue à celui des conditions de naissance et de vêlage des races principales, mais la prise en compte des variances hétérogènes ne se justifie pas. On considère que le même caractère s'exprime quel que soit l'âge ou le rang de vêlage de la mère.

Comme à l'étranger, la mortalité n'est pas corrigée pour les conditions de naissance ; par suite il y a une corrélation entre les caractères de la mortalité et les caractères du vêlage.

H ² du caractère sous-jacent	h ² VIN %	h ² VIV %
Montbéliarde et autres races	5.9	5.8
Normande	4.1	4.1
Prim'Holstein	3.0	6.6

1.3.3. EXPRESSION ET UTILISATION DES INDEX NAI, VEL, VIN, VIV

Les index NAI et VEL sont exprimés en % de vêlages faciles (codes 1 et 2) sur primipares vêlant en hiver avec un sex-ratio de 50%. La valeur de la base mobile est fixée par convention à 89%. Les recommandations d'utilisation sont :

NAI < 86	éviter sur génisses
NAI = 86 et 87	utiliser avec précaution sur génisses
87 <NAI < 91	normal
NAI = 91	plutôt conseillé sur génisses
NAI > 91	conseillé sur génisses
Filles de taureaux VEL < 87	accoupler avec des taureaux conseillés sur génisses
Filles de taureaux VEL= 87	accoupler de préférence avec des taureaux conseillés sur génisses

Les index VIN et VIV sont exprimés en % de veaux vivants après 48h, nés d'une mère primipare pour un sex-ratio de 50%. La valeur de la base mobile est fixée par convention à 92%. Les recommandations d'utilisation sont :

VIN/VIV ≤ 90	détériorateur
VIN/VIV = 92	normal
VIN/VIV ≥ 94	améliorateur
Filles de taureaux VIV ≤ 90	accoupler avec des taureaux de VIN ≥ 94
Filles de taureaux VIV = 91	accoupler avec des taureaux de VIN ≥ 93

Ils sont publiés si le CD atteint 0.35 et un nombre de descendants ≥10. Depuis 2015, la base est fixe et à pour référence l'année 2014 qui regroupe les taureaux nés dans les années 2000 à 2005, ou entre 1996 à 2005 pour la Vosgienne, et avec au moins 20 descendants nés ou 20 filles vèlées.

1.4.LES INDEX MORPHOLOGIQUES

L'évaluation génétique des taureaux pour les caractères de format et de conformation s'appuie sur :

- *Une table de pointage linéaire*
- *Le pointage des contemporaines d'étable*

Les filles des taureaux sont jugées en 1^{ère} ou 2^{ème} lactation en même temps que l'ensemble (troupeaux adhérents de l'OS) ou un échantillon prédéterminé de contemporaines (troupeaux non adhérents de l'OS). Dans la période où les races alpines étaient jugées sans contemporaines, les pointages sont groupés en pseudo-visites définies par la campagne, l'effet troupeau de la quantité de lait, la période intra campagne et le technicien.

- *L'indexation BLUP modèle animal*

Les taureaux sont évalués en tenant compte de l'information morphologique disponible et des relations de parenté entre animaux. L'information morphologique est corrigée pour les effets de l'âge au vêlage par campagne et du stade de lactation par campagne en distinguant les 1^{ères} et les 2^{èmes} lactations. S'ajoute l'effet de la visite (ou de la pseudo-visite) qui traduit l'environnement commun à toutes les vaches vues le même jour dans le même élevage par le même technicien. L'hétérogénéité des variances n'est pas prise en compte par le modèle d'indexation.

Pour les races régionales, l'analyse multicaractère accroît la fiabilité de l'évaluation en tenant compte des liaisons génétiques entre caractères.

Pour les races locales, l'indexation est faite avec un modèle unicaractère. Faute d'effectifs importants, les facteurs d'âge au vêlage et de stade de lactation sont estimés toutes campagnes confondues, et avec moins de classes d'âge et de stade.

L'évaluation génétique des taureaux est officielle si la précision atteint 0.50 avec 15 filles jugées. Le coefficient de détermination est fondé sur une héritabilité de 0,25. L'index moyen de la population de la base prend la valeur 0 ou 100, l'unité d'expression est l'écart-type génétique de valeur 1 ou 12 selon la race.

ANNEXE: héritabilités des caractères morphologiques

Abondance

	h ²	Caractère	< 100	> 100
HS	0.60	Hauteur sacrum	petit	grand
LP	0.23	Largeur poitrine	étroit	large
PP	0.47	Profondeur poitrine	faible	importante
PF	0.40	Profondeur flancs	faible	importante
CO		CORPS= k [0,25HS +0,25LP +0,25PP +0,25PF]	mauvais	bon
LB	0.31	Largeur bassin	court	long
LT	0.52	Largeur trochanters	étroit	large
IB	0.40	Inclinaison bassin	incliné	renversé
BA		BASSIN = k [0,33LB + 0,33LT + 0,33IB]	mauvais	bon
AJ	0.20	Angle jarret	droit	coudé
ET	0.11	Epaisseur talon	épais	mince
OJ	0.13	Ouverture jarrets	panards	cagneux
AP		APLOMBS= k [-0,33AJ - 0,33ET + 0,33OJ]	mauvais	bon
VO	0.39	Volume	peu volumineuse	très volumineuse
EQ	0.27	Equilibre	qu. arrière bas	qu. arrière hauts
AA	0.43	Attache avant	courte	longue
AH	0.29	Hauteur attache arrière	basse	haute
AL	0.27	Largeur attache arrière	étroite	large
SI	0.26	Sillon	peu marqué	marqué
EA	0.33	Ecart avant trayons	étroit	large
OR	0.30	Orientation trayons	externe	interne
LO	0.46	Longueur trayons	court	long
FO	0.23	Forme trayons	fin	gros
TR		TRAYONS= k [-0,5LO - 0,5FO]	mauvais	bon
MA		MAMELLE= k [-0,1VO +0,1EQ +0,1AA +0,1AH +0,1AL +0,1SI -0,1EA +0,1OR -0,1LO -0,1FO]	mauvais	bon
VT	0.30	Vitesse de traite	lente	rapide
TE	0.16	Tempérament	difficile	facile
AB	0.33	APTITUDE BOUCHERE	mauvais	bon
MO		MORPH= k [0,3CO +0,1BA +0,15AP +0,4MA +0,05AB]	mauvais	bon

Jersiaise

	h ²	Caractère	< 0	> 0
MO		MORPH.= k [0,50 MA +0,20 CO +0,20 TY +0,10 ME]		
MA		Mamelle= k [0,20AA+0,10HAA+0,15PS + 0,35PJ + 0,10LO +0,10EA]		
PS	0.34	Profondeur sillon	faible	forte
PJ	0.37	Distance plancher jarret	Plancher bas	plancher haut
AA	0.20	Attache avant	courte	ferme
HAA	0.33	Hauteur attache arrière	basse	haute
EA	0.47	Ecart avant trayons	large	étroit
LO	0.28	Longueur trayons	court	long
CO		CORPS= k [0,05 TA +0,30 PC +0,40 LP +0,25 LH]		
HS	0.41	Hauteur sacrum	petite	grande
LP	0.37	Largeur poitrine	étroite	large
PC	0.56	Profondeur corps	faible	profonde
LH	0.54	Largeur hanches	étroite	large
TY		TYPE= k [0,40 AS +0,40 LD +0,20 IB]		
AS	0.19	Caractère laitier	grossier	anguleux
LD	0.39	Force du rein	faible	fort
IB	0.22	Inclinaison bassin	renversé	incliné
ME		MEMBRES= k [0,10 AJ +0,20 AP +0,70 LC]		
AJ	0.16	Angle jarret	droit	coudé

AP	0.33	Angle pied	long jointé	court
LC	0.28	Locomotion	difficile	aisée

Pie Rouge

	h ²	Caractère	< 100	> 100
HS	0.55	hauteur sacrum	petit	grand
LP	0.25	Largeur poitrine	étroit	large
PF	0.27	profondeur flancs	faible	importante
IS	0.14	largeur ischions	étroit	large
LD	0.15	ligne de dos	ensellé	voûté
IB	0.40	inclinaison bassin	renversé	incliné
AJ	0.10	angle jarret	droit	coudé
ET	0.14	épaisseur talon	mince	épais
OJ	0.15	jarrets vus de l'arrière	panards	parallèles
MU	0.36	musculature	faible	forte
TY	0.49	TYPE	mauvais	bon
AA	0.27	attache avant	courte	longue
AH	0.31	hauteur attache arrière	basse	haute
PJ	0.39	distance plancher-jarret	plancher bas	plancher haut
EQ	0.25	équilibre	qu. arrière bas	qu. arrière hauts
LI	0.21	ligament	absent	marqué
IM	0.31	implantation trayons	externe	interne
OR	0.30	orientation trayons	externe	interne
LT	0.34	longueur trayons	court	long
MA	0.41	MAMELLE	mauvaise	bonne
TR	0.26	vitesse de traite	lente	rapide
TE	0.10	tempérament	nerveux	calme
MO		MORPH.= 0,5MA + 0,5 TY	mauvais	bon

Brune

	h ²	Caractère	<0	>0
VT	0.25	Vitesse de traite	lent	rapide
TE	0.13	Tempérament	nerveux	calme
MO		MORPH.=1.4396* [0.4MA +0.25CO +0.10BA +0.25MR]	mauvais	bon
CO	0.49	DEVELOPPEMENT	mauvais	bon
HS	0.59	Hauteur sacrum	petit	grand
PP	0.38	Profondeur poitrine	faible	importante
LP	0.22	Largeur poitrine	étroite	large
PF	0.38	Profondeur flancs	faible	profonde
LD	0.17	Ligne dessus	ensellée	droite
TY	0.36	Type	mauvais	Bon
EC	0.26	Etat corporel	maigre	enrobé
BA	0.19	BASSIN	mauvais	bon
LB	0.28	Longueur bassin	court	long
LH	0.34	Largeur hanches	étroites	larges
IS	0.37	Largeur ischions	étroits	larges
IB	0.34	Inclinaison bassin	renversé	incliné
PT	0.14	Position trochanters	en arrière	en avant
MR	0.10	MEMBRES	mauvais	bon
EJ	0.29	Epaisseur jarrets	épais	fins
AJ	0.17	Angle jarret	droit	coudé
AP	0.13	Angle Pied	incliné	droit
ET	0.09	Epaisseur talon	mince	épais
MA	0.37	MAMELLE	mauvais	bon
PJ	0.39	Distance plancher jarret	plancher bas	plancher haut

LI	0.30	Ligament	absent	marqué
AH	0.21	Hauteur attache arrière	basse	haute
LM	0.27	Largeur attache arrière	étroite	large
AA	0.28	Longueur attache avant	courte	longue
FA	0.29	Force attache avant	relâchée	forte
EQ	0.27	Equilibre	Qu. arrière bas	Qu. arrière hauts
EA	0.45	Ecart avant trayons	large	étroit
IT	0.37	Implantation arrière trayons	externe	interne
OR	0.37	Orientation trayons	externe	interne
LO	0.47	Longueur trayons	courts	longs
DT	0.37	Diamètre trayons	fins	gros

Tarentaise

	h ²	Caractère	< 100	> 100
HS	0.61	hauteur sacrum	petit	grand
LP	0.26	largeur poitrine	étroit	large
PP	0.45	profondeur poitrine	faible	importante
PF	0.37	profondeur flancs	faible	importante
CO		CORPS = k [0,2 HS +0,2 LP + 0,3PP + 0,3PF]	mauvais	bon
LB	0.39	Longueur bassin	court	long
LH	0.55	largeur hanches	étroit	large
LT	0.49	largeur trochanters	étroit	large
IB	0.36	inclinaison bassin	incliné	renversé
BA	0.39	BASSIN	mauvais	bon
AJ	0.11	angle jarret	droit	coudé
ET	0.10	épaisseur talon	épais	mince
OJ	0.10	ouverture jarrets	panards	cagneux
AP	0.10	APLOMBS	mauvais	bon
VO	0.34	volume	peu volumineuse	très volumineuse
EQ	0.19	équilibre	qu. arrière bas	qu. arrière hauts
AA	0.34	attache avant	courte	longue
AH	0.14	hauteur attache arrière	basse	haute
AL	0.18	largeur attache arrière	étroite	large
SI	0.14	sillon	peu marqué	marqué
EA	0.30	écart avant trayons	étroit	large
OR	0.22	orientation trayons	externe	interne
LO	0.42	longueur trayons	court	long
FO	0.36	forme trayons	fin	gros
TR	0.48	TRAYONS	mauvais	bon
MA	0.36	MAMELLE	mauvais	bon
VT	0.10	vitesse de traite	lente	rapide
TE	0.20	tempérament	difficile	facile
MU	0.28	MUSCULATURE	mauvais	bon
MO		MORPH.= k [0,30CO +0,10BA +0,15AP +0,35MA +0,05TR +0,05 MU]	mauvais	bon

Simmental

	h ²	Caractère	< 100	> 100
HS	0.70	Hauteur sacrum	petit	grand
PC	0.43	Profondeur de corps	faible	profonde
LC	0.25	Longueur de corps	longue	courte
LP	0.28	Largeur de poitrine	étroite	large
LB	0.46	Longueur bassin	courte	longue
LH	0.48	Largeur hanches	étroite	large
LT	0.40	Largeur aux trochanters	étroite	large
DV	0.64	DEVELOPPEMENT	mauvais	bon
MU	0.36	MUSCULATURE	mauvaise	bonne
IB	0.40	Inclinaison bassin	renversé	incliné
AJ	0.18	Angle jarret	droit	coudé
PA	0.08	Angle du pied	incliné	droit
EJ	0.21	Épaisseur du jarret	épais	sec
ET	0.04	Épaisseur du talon	faible	épais
AP	0.10	APLOMBS	mauvais	bons
FA	0.28	Angle attache avant	faible	fort
AA	0.26	Longueur attache avant	coupée	longue
LR	0.22	Longueur attache arrière	courte	longue
EQ	0.24	Équilibre	arrière bas	avant bas
VM	0.32	Volume mamelle	plancher bas	plancher haut
OR	0.31	Orientation trayons arrières	externe	interne
EA	0.34	Position trayons avant	large	étroit
LI	0.24	Ligament	absent	marqué
LO	0.50	Longueur trayons	court	long
FO	0.37	Diamètre trayons	fin	gros
TS	0.16	Trayons supplémentaires	présence	absence
MA	0.30	MAMELLE	mauvaise	bonne
TR	0.20	vitesse de traite	lente	rapide
TE	0.18	tempérament	nerveux	lymphatique
MO		MORPHOLOGIE= k [1/3MA + 1/4DV + 1/4MU + 1/6 AP]	mauvais	bon

Vosgienne

	h ²	Caractère	< 100	> 100
TR	0.18	Vitesse de traite	lente	rapide
TE	0.29	Tempérament	difficile	facile
AM	0.21	Avant main	plate	rebondie
FI	0.26	Filet	plat	rebondi
RM	0.21	Arrière main	plat	rebondi
CU	0.19	Culotte	plate	rebondie
IB	0.45	Inclinaison bassin	incliné	renversé
AJ	0.14	Angle jarret	droit	coudé
ET	0.25	Epaisseur talon	mince	épais
AA	0.31	Attache avant mamelle	courte	longue
EQ	0.25	Equilibre avant arrière mamelle	Qu. arrière bas	Qu. arrière hauts
PJ	0.35	Distance plancher jarret	plancher bas	plancher haut
AR	0.15	Attache arrière mamelle	basse	haute
OR	0.18	Orientation trayons	externe	interne
EA	0.30	Ecart avant trayons	serrés	écartés
LI	0.29	Ligament mamelle	peu marqué	marqué
LO	0.47	Longueur trayons	courts	longs
FO	0.31	Forme trayons	fins	gros
HS	0.67	Hauteur au sacrum	petit	grand
PP	0.46	Profondeur poitrine	faible	importante
PF	0.69	Profondeur flancs	faible	importante

LB	0.41	Longueur bassin	court	long
LH	0.41	Longueur aux hanches	étroite	large
CO	0.46	CORPS	mauvais	bon
BA	0.50	BASSIN	mauvais	bon
AP	0.20	APLOMBS	mauvais	bon
MA	0.39	MAMELLE	mauvais	bon
AB	0.24	APTITUDE BOUCHERE	mauvais	bon
MO		MORPH.= k [0,4MA +0,2AB +0,15AP +0,10BA]	mauvais	bon

1.5.L'INDEX DE SYNTHÈSE UNIQUE (I.S.U.)

L'ISU regroupe une synthèse laitière, la synthèse morphologique et des index fonctionnels combinés (CELc, MACLc, FERc, FERGc, IVIA1c, LGFc, vitesse de traite combinée TRc). Il est exprimé en base mobile de moyenne 100, d'écart-type 20 points.

La synthèse laitière a la même variabilité que l'Inel ; la synthèse morphologique et la vitesse de traite en base 100 sont transformés si besoin : $(\text{index} - 100) / 12$.

ABONDANCE $\text{ISU} = 100 + 18.25 [\text{SYNT}/20 + 0.18 \text{CELc} + 0.31 \text{FERc} + 0.11 \text{LGFc} + 0.40 (\text{MO}-100)/12]$
Avec SYNT = $1.055 [\text{MP} + 0.1 \text{MG} + 3 \text{TP} + 0.5 \text{TB}]$

BRUNE $\text{ISU} = 100 + 21.81 / 0.40^* [0.40 \text{INEL}/25.2 + 0.12 \text{CELc} + 0.08 \text{MACLc} + 0.10 \text{FERc} + 0.05 \text{FERGc} + 0.05 \text{IVIA1c} + 0.05 \text{LGFc} + 0.15 \text{MO}]$

PIE ROUGE $\text{ISU} = 100 + 19.06 / 0.35^* [0.35 \text{SYNT}/25.2 + 0.108 \text{CELc} + 0.072 \text{MACLc} + 0.13 \text{FERc} + 0.065 \text{FERGc} + 0.065 \text{IVIA1c} + 0.05 \text{LGFc} + 0.03 (\text{TRc}-100)/12 + 0.13 (\text{MO}-100)/12]$
Avec SYNT = $1.003 [\text{MP} + 0.1 \text{MG} + 3 \text{TP} + \text{TB}]$

SIMMENTAL $\text{ISU} = 100 + 23.32 / 0.45^* [0.45 \text{SYNT}/25.2 + 0.087 \text{CELc} + 0.058 \text{MACLc} + 0.0725 \text{FERc} + 0.03625 \text{FERGc} + 0.03625 \text{IVIA1c} + 0.05 \text{LGFc} + 0.03 (\text{TRc}-100)/12 + 0.18 (\text{MO}-100)/12]$
Avec SYNT = $1.055 [\text{MP} + 0.1 \text{MG} + 2 \text{TP} + 0.5 \text{TB}]$

TARENTEISE $\text{ISU} = 100 + 17.32 [\text{INEL}/20 + 0.36 \text{CELc} + 0.36 \text{FERc} + 0.12 \text{LGFc} + 0.36 (\text{MO}-100)/12]$

VOSGIENNE $\text{ISU} = 100 + 20 [\text{SYNT}/20 + 0.30 \text{CEL} + 0.20 \text{FER} + 0.50 (\text{MO}-100)/12]$
Avec SYNT = $[\text{MP} + 0.2 \text{MG} + 3 \text{TP} + \text{TB}]$

2. EVALUATION GENOMIQUE EN RACE BRUNE

Depuis 2009 la Fédération Européenne de la race Brune a initié avec Interbull le projet Intergenomics impliquant 7 pays : l'Autriche, la France, l'Allemagne, l'Italie, la Slovénie, la Suisse et les États-Unis. La mise en commun de tous les génotypes a permis de créer une population de référence internationale et de mettre en place une évaluation génomique par Interbull en 2012. Aujourd'hui les pays membres mettent en place des évaluations génomiques nationales qui peuvent pratiquement remplacer l'évaluation internationale préexistante, Interbull servant de plate-forme d'échange des génotypes. C'est le cas en France depuis juin 2014..

2.1.CARTOGRAPHIE DES QTL

Le préalable à la mise en place des évaluations génomiques est la cartographie fine des QTL liés aux caractères d'intérêt. Grâce au projet Intergenomics 5736 taureaux Bruns étaient génotypés sur la puce bovineSNP50@ d'Illumina de 54001 marqueurs SNP (Single Nucleotide Polymorphism). Les SNP sont des mutations ponctuelles du génome pouvant être utilisées comme des marqueurs à deux allèles. Ces marqueurs sont intéressants du fait de leur abondance et de l'automatisation permettant d'en génotyper plusieurs dizaines de milliers à la fois. En pratique, 43801 SNP ont été retenus.

Les analyses de cartographie fine de QTL intégrant le déséquilibre de liaison ont été réalisées pour les caractères à indexer. On parle de déséquilibre de liaison quand une combinaison donnée de marqueurs SNP (appelée haplotype) est préférentiellement associée à un allèle particulier d'un QTL. Le nombre d'haplotypes formés avec 3 à 5 SNP, varie ainsi de 151 pour la longévité à 896 pour la quantité de lait.

La cartographie des QTL s'appuie sur une population de référence (taureaux génotypés et indexés sur descendance) d'origine essentiellement étrangère fournie par le consortium Intergenomics.

2.2.LA METHODE D'EVALUATION ET SA VALIDATION

En s'appuyant sur le déséquilibre de liaison entre les haplotypes et les QTL, le modèle d'indexation est simplifié et la précision des index est améliorée. En effet parce que les haplotypes suivis sont de petite taille et proches des QTL, deux animaux ayant hérité d'une même combinaison de marqueurs ont une très grande probabilité d'avoir hérité du même allèle du QTL. La méthode BLUP-QTL estime les effets de chaque haplotype de SNP au niveau de la race à partir des performances (niveau et précision) des animaux porteurs. L'index génomique d'un caractère comprend la somme des effets des haplotypes (DGV : valeur génomique directe) et une composante polygénique pour les gènes non suivis par des marqueurs :

$$g_i = u_i + \sum_{j=1}^n (H_{ij1} + H_{ij2})$$

Où g_i est la valeur génétique de l'animal i , u_i est sa composante polygénique résiduelle (c'est à dire non expliquée par les effets des haplotypes), H_{ij1} est l'effet de l'haplotype paternel du QTL j et H_{ij2} est l'effet de l'haplotype maternel du QTL j .

On signale que les haplotypes parentaux sont reconstitués si besoin par imputation : c'est une approche statistique prédisant l'haplotype le plus probable quand certains SNP sont manquants pour un individu.

En race brune, pour construire et valider les équations de prédiction, la population de référence a été séparée en deux : une population d'apprentissage (2300 à 2500 taureaux selon le caractère) et une population de validation (400 à 500 taureaux). La population d'apprentissage a été utilisée pour sélectionner les SNP et mettre en place les équations de prédiction. Ces équations sont ensuite appliquées sur la population de validation (animaux plus jeunes dont on a retiré les performances). La validation a résulté du niveau satisfaisant des corrélations entre les index génomiques, prédits en l'absence de performances de filles, et les index sur descendance dérégressés, assimilables à la supériorité des filles en production (DYD), pour les taureaux de la population de validation.

2.3.CARACTERES EVALUES ET PUBLICATION

Les performances utilisées sont classiquement les index Interbull « dérégressés », complétés en cas d'absence par les déviations moyennes des filles françaises (DYD). En août 2014, tous les caractères de l'évaluation classique d'Interbull peuvent bénéficier d'une évaluation génomique, soit 5 caractères élémentaires de production, 18 de morphologie, 3 de fertilité ainsi que 3 de caractères fonctionnels (29 au total). En conséquence, ne sont pas encore disponibles la facilité de naissance et de vêlage, la mortalité des veaux à la naissance et au vêlage et la vitesse de traite qui dépendent de la participation de la France ; manquent aussi les derniers postes morphologiques qu'Interbull n'évalue pas encore. Néanmoins tous les caractères intervenant dans l'ISU sont restitués.

La publication des index est autorisée sous réserve que leur précision (CD) atteigne 0.50 pour les caractères de production et les cellules et atteigne 0.35 et un nombre de descendants supérieur ou égale à 10 pour les fonctionnels. Il faut aussi qu'ils proviennent d'un typage fiable.

Les taureaux mis « en confirmation sur descendance » après évaluation génomique, ou anciennement « en testage sur descendance » ont des index génomiques diffusés lors de l'arrivée en production de leurs filles. Les seuils de publication sont identiques à ceux des index classiques (CD, nombre de filles et/ou de troupeaux) ; mais pour les caractères fonctionnels dont la précision est améliorée, la publication dépend seulement du CD.

Les index SAM sont comparables aux index classiques et sont exprimés par rapport aux mêmes bases. Quand ils existent, ils les remplacent en tant qu'index officiels.

3. LES ENTREPRISES DE SELECTION

Elles sont désignées par les codes suivants :

S004	SIMMENTAL France anciennement Unité Simmental de l'Uneco S908	1 rue du Moulin Goepp tel 03-88-51-11-66	fax 03-88-51-93-92	67170	Brumath	www.simmentalfrance.fr
S005	ELITEST anciennement Uneco S908	1 rue du Moulin Goepp		67171	Brumath	
C59 0	CIA GENES DIFFUSION	3595 Route de Tournai tel 03-27-99-29-29	BP 23 fax 03-27-88-09-27	59501	Douai cedex	www.genesdiffusion.com gd@genesdiffusion.com
S901	BGS	149 rue de Bercy tel 01-40-04-49-46	fax 01-40-04-51-69	75595	Paris cedex 12	www.brune-genetique.com bgs@acta.asso.fr
S915	UALC Union Auvergne Limousin Charente	Le Foirail tel 05-55-26-85-93	fax 05-55-26-66-57	19460	Naves	ualc@groupealtitude.com
S917	EVOLUTION-XY Anciennement Pie Rouge Select S923	69 Rue de la Motte Brulon tel 02-99-87-95-95	BP 80225 fax 02-99-63-78-19	35704	Rennes cedex 7	www.evolution-xy.fr
S969	UCEAR	61 Chemin des Hoteaux		69126		www.ucear.com union@ucear.com

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Barbat A., Le Mezec P., Ducrocq V., Mattalia S., Fritz S., Boichard D., Ponsart C., Humblot P. (2010). Female fertility in French dairy breeds: Current situation and strategies for improvement. *J. Reprod. Dev.* 56: S15-S21
- Bonaïti B, D. Boichard, E. Verrier, V. Ducrocq, A. Barbat, M. Briend (1990). La méthode française d'évaluation génétique des reproducteurs laitiers. *I.N.R.A. Productions Animales*, 1990, 3 (2), 83 -92
- Boichard D., Bonaïti B., Barbat A. (1993). Effect of Holstein crossbreeding in the French black and white cattle population. *J Dairy Sci.*, 76, 1157-1162
- Boichard D et al (1995). Three methods to validate the estimation of genetic trend in dairy cattle. *J Dairy Sci.*, 78, 431-437
- Boichard D., A. Barbat, M. Briend (1997). Genetic evaluation for fertility in French dairy cattle. Gift workshop, November 23-25, Grub
- Boichard D. et R. Rupp (1997). Genetic analysis and genetic evaluation for somatic cell score in French dairy cattle. Gift workshop, June 8-10 1997, Uppsala
- Boichard D., A. Barbat, M. Briend (1998). Evaluation génétique des caractères de fertilité femelle chez les bovins laitiers. *Journées 3R*, 1998, 5, 103-106
- Boichard D, Fritz S, Rossignol MN, Guillaume F, Colleau JJ, Druet T (2006). Implementation of marker-assisted selection: practical lessons from dairy cattle. In 'Proceedings of the 8th world congress of genetics applied to livestock production, Belo Horizonte, Brazil'. Communication no. 22-11
- Boichard D. Guillaume F., Baur A. Croiseau P., Rossignol M.N., Boscher M.Y., Druet T. Genestout L., Colleau J.J., Journaux L., Ducrocq V., Fritz S. (2012). Genomic Selection in French Dairy Cattle. *Anim. Prod. Sci.*, 52: 115-120
- Brochard M., Boichard D., Ducrocq V., Fritz S. (2013). La sélection pour des vaches et une production laitière plus durables : acquis de la génétique et opportunités offertes par la sélection génomique. *Productions Animales*, 26, 145:156
- Croiseau P, Legarra A, Guillaume F, Fritz S, Baur A, Colombani C, Robert-Granié C, Boichard D, Ducrocq V. (2011). Fine tuning genomic evaluations in dairy cattle through SNP pre-selection with the Elastic-Net algorithm. *Genet Res (Camb) Dec*; 93(6):409-17
- Druet, T., C. Schrooten, A.P.W. de Roos (2010). Imputation of genotypes from different single nucleotide polymorphism panels in dairy cattle. *J Dairy Sci* 93:5443–5454
- Ducrocq V. (1990). Les techniques d'évaluation génétique des bovins laitiers. *I.N.R.A. Productions Animales* 3 (1) 3-16
- Ducrocq V. (1993). Genetic parameters for type traits in the French Holstein breed based on a multiple-trait animal model. *Livestock Production Science*, 36 (1993) 143-156
- Ducrocq V. (2000). Calving ease evaluation of French dairy bulls with a heteroskedastic threshold model with direct and maternal effects. Interbull open meeting, May 14-15, Bled, Slovenia. *Interbull Bulletin n°25*, 123-130
- Ducrocq V., Mathevon M. (2000). Evaluation génétique des taureaux de races laitières sur les conditions de naissance de leurs veaux et les conditions de vêlage de leurs filles, pp. 165-168 in « 7èmes Rencontres autour des Recherches sur les Ruminants ». Paris, France, 6-7 Décembre 2000
- Ducrocq V., D. Boichard, A. Barbat et H. Larroque (2001). Intégration des caractères fonctionnels dans un index de sélection pour les races bovines laitières : de la théorie à la pratique. *Journées 3R*, 2001, 8, 333-336
- Ducrocq V. (2001). a) A two step procedure to get animal model solutions in Weibull survival models used for genetic evaluations on length of productive life. Interbull meeting, August 30-31, Budapest, Hungary. *Interbull Bulletin* 27, 147-152
- Ducrocq V. (2004). Illustration of a trend validation test for longevity evaluations. Interbull Meeting, May 29-31, Sousse, Tunisia
- Ducrocq V. (2005). An improved model for the French genetic evaluation of dairy bulls on length of productive life of their daughters. *Anim. Sci*, 80, 249-256
- Guillaume F., Boichard D., Ducrocq V., Fritz S. (2011). Utilisation de la sélection génomique chez les bovins laitiers. *Prod.Anim.*24 :363-368
- Govignon-Gion A., Dassonneville R., Balloche G., Ducrocq V. (2012). Genetic evaluation of mastitis in dairy cattle in France. Proceedings of the 2012 Interbull meeting, Cork, Ireland, May 28-31 2012. *Interbull Bulletin* 46, 121-126

- Huquet B., Leclerc H, Ducrocq V. (2012). Modelling and estimation of genotype by environment interactions for production traits in French dairy cattle. *Gen. Sel. Evol.* 44 :35
- Journaux L., Ledos H., Mathevon M., Mattalia S., Leudet O. (2002). Organization of recording and control of data used in France to evaluate calving ease and birth weight in dairy and beef cattle. ICAR Meeting 26-31st May 2002, Interlaken (Switzerland)
- Lassen J., Sorensen M.K., Madsen P., Ducrocq V. (2007). Robustness of an approximate multitrait model and correction for selection bias. *Genet. Sel. Evol* 39: 353-357
- Lund M.S., de Roos A.P.W., de Vries A.G., Druet T., Ducrocq V., Fritz S., Guillaume F., Gulbrandtsen B., Liu Z., Reents R., Schrooten C., Seefried M., Su G. (2011). Common reference of four European Holstein populations increase reliability of Genomic Predictions. *Gen. Sel. Evol.*, 43 :43
- Meszaros G., Sölkner J., Ducrocq V. (2013). The Survival Kit: Software to analyze survival data including possibly correlated random effects. *Comput. Methods Programs Biomed* 110, 503-510
- Robert C. (1996). Etude de quelques problèmes liés à la mise en œuvre du REML en génétique quantitative. PhDThesis. Institut National Agronomique Paris-Grignon, 3-357
- Robert-Granié C., Ducrocq V., Foulley J.L. (1997). Heterogeneity of variance for type traits in the Montbéliarde cattle breed. *Genet. Sel. Evol.*, 29, 545-570
- Robert-Granié C., B. Bonaïti, D. Boichard, A. Barbat (1999). Accounting for variance heterogeneity in French dairy cattle genetic evaluation. *Livestock Production Science* 60, 34
- Robert-Granié C., Legarra A., Ducrocq V. (2011). Principes de base de la sélection génomique. *Prod.Anim.*24:331-340
- Rupp R., D. Boichard, A. Barbat (1997). Evaluation génétique des bovins laitiers sur les comptages de cellules somatiques pour l'amélioration de la résistance aux mammites. *Journées 3R*, 1997, 4, 211-214
- Van Raden P.M., Wiggans G.R. (1991). Derivation, calculation and use of national animal model information. *J. Dairy Sci.* 74: 2737-2746
- Yazdi M.H., Visscher P.M., Ducrocq V., Thompson R. (2002). Heritability, reliability of genetic evaluations and response to selection in proportional hazard models. *J. Dairy Sci.*, 85, 1563-1577