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

Edition 18/10 Mars 2018

-=-=-=-=-=-=-=-=-=-

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 2 février 2018 et le 16 février 2018 pour les typages de l'évaluation génomique.

Races régionales : Abondance, Brune, 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 3
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) 7
1.2.6. LES CARACTERES FONCTIONNELS COMBINES ET LES SYNTHESES FONCTIONNELLES 7
1.2.7. LA PRECISION ET L'INTERPRETATION DES INDEX FONCTIONNELS 8
1.3. AUTRES INDEX FONCTIONNELS 9
1.3.1. LES FACILITES DE NAISSANCE (NAI) ET DE VELAGE (VEL) 9
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 DES CARACTERES DE CARCASSE (Simmental) 11
1.4.1. LES JEUNES BOVINS 11
1.5. LES INDEX MORPHOLOGIQUES 11
1.6. L'INDEX DE SYNTHESE UNIQUE (I.S.U.) 16
2. EVALUATION GENOMIQUE EN RACE BRUNE 17
2.1 METHODE D'EVALUATION GENOMIQUE 17
2.2 TAUREAUX AVEC EVALUATION GENOMIQUE 17
3. EVALUATION GENOMIQUE DES RACES ABONDANCE, TARENTAISE, VOSGIENNE 18
3.1 METHODE D'EVALUATION GENOMIQUE 18
3.2 ANIMAUX AVEC EVALUATION GENOMIQUE 19
4. LES ENTREPRISES DE SELECTION 20

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>=0.30 pour les caractères dont l'index est publié pour les vaches.

Pour les facilités de naissance ou de vêlage et les vitalités à la naissance ou au vêlage depuis 2014, l'indexation est faite en base fixe regroupant les taureaux nés de 2000 à 2005.

- 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 1er 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. Établi avec une contrainte de coûts constants, en l'absence d'activités de substitution, il est défini comme :

INEL= 0.98 (MP + 0.2MG + 1TP + 0.5TB)

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 héritables et ne correspondent pas exactement au même caractère qu'en 1ère lactation.

À chaque traitement on exploite l'ensemble des généalogies et des lactations 1 à 3 des vaches dont le 1èr vêlage est postérieur au 01/09/79. L'héritabilité (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.

Les écarts-types génétiques en production adulte sont :

	Lait kg	Qmg kg	Qmp kg	TB pm	TP pm
Abondance	605	26	20	2.8	1.4
Brune	709	30	23	2.8	1.5
Tarentaise	605	26	20	2.8	1.4
Simmental	644	27	21	2.9	1.4

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.

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 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 1ères lactations des 2èmes et 3èmes lactations ;
- l'âge au vêlage par rang de lactation, par région et par campagne ;
- la durée de tarissement précédent pour les 2èmes ou 3èmes 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, 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 LAITIERE

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

Équivalent 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 :

$$SCS = \log_2\left(\frac{CCS}{100000}\right) + 3$$

CCS	SCS		CCS	SCS
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 : $SCSL = \frac{\sum \frac{R}{\sigma}[SCS\ corrigé]}{\sum \frac{R}{\sigma}}$

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 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 %, sa répétabilité est de 35 % et son écart-type génétique est de 0.5 SCSL.

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.

Race	h² %	Répétabilité %	Ecart-type génétique %
Prim'Holstein, Brune	1.8	5.5	4.12
Montbéliarde, Tarentaise,	2.3	5.5	4.35
Normande	2.1	6.2	4.69
Simmental	2.3	5.5	3.57
Abondance	2.3	5.5	2.64

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 (Identification Pérenne et Généralisée) 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 3ème lactation pour leurs trois premières IA dans chaque séquence.

Depuis la 1ère évaluation de 2016, les inséminations par l'éleveur (IPE) sont prises en compte par un effet inséminateur particulier. On définit un inséminateur fictif regroupant toutes les IA faites par les éleveurs IPE (IA Par Eleveur) dans un département pendant une année.

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 ; leur répétabilité et leur écart-type génétique sont fixés à 5% et 7% respectivement. 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)
- l'effet de la semence sexée par taureau et campagne (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 3ème 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%.

	h² %	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 : de la date du 1er 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 :

- les observations non censurées **:** l'animal est considéré comme réformé, aucun contrôle n'a eu lieu depuis plus de 5 mois ;
- les observations censurées **:** l'animal est considéré comme vivant. C'est le cas quand un contrôle laitier est survenu au cours des 5 mois précédant la préparation des données, 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 il manque une lactation dans la séquence des 5 premières. Selon la race, 25 à 36% des données sont censurées et environ 5% sont tronquées (données enregistrées avant le 1er janvier 1988).

Les données censurées et non censurées sont traitées par une méthode d'analyse de survie, utilisant la notion de "risque de réforme", soit la probabilité d'un animal d'être reformé à un instant t, sachant qu'il est présent dans le troupeau la veille.

Pour les races régionales, le modèle qui décrit ce risque de réforme d'une vache un jour donnée est le produit :

- D'un risque de base qui traduit le vieillissement des animaux avec l'âge. Il est établi par rang de lactation (1 à 5) et par stade de lactation (de 0 à 270j, 270 à 380j, après 380j) ;
- De l'exponentielle de la somme des effets suivants :
    - Le troupeau par année et trimestre pour prendre en compte l'évolution du risque de réforme intra-élevage ;
    - L'année ;
    - L'âge au 1er vêlage par classes de mois ;
    - La classe de variation de la taille du troupeau par année
    - Les effets génétiques du père et du grand-père maternel de la vache ;
    - L'année de naissance de la mère de la vache ;
    - L'appartenance de l'animal à des classes de :
        - Production laitière intra troupeau, par année (10 classes en distinguant les primipares des multipares) ;
        - TB intra troupeau (idem à la production laitière) ;
        - TP intra troupeau (idem à la production laitière).

      Ces trois effets permettent d'identifier la longévité fonctionnelle, non liée à des réformes volontaires sur le niveau de production laitière.

L'héritabilité théorique maximale du caractère est de 12% pour les races régionales sauf l'Abondance qui est à 15%. L'héritabilité réelle, à cause des observations censurées des animaux encore en vie, est nettement plus faible.

1.2.6. LES CARACTERES FONCTIONNELS COMBINES ET LES SYNTHESES 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, 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 seulement 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 CEL si leur CD atteint 0.50 et si le nombre de filles est >= 10 ; et s'il atteint 0,35 avec un nombre de descendants >=10 pour les autres caractères fonctionnels (MACL, FER FERG 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.

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

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. 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 collecte était moins exhaustive.

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.

H² du caractère sous-jacent	h² NAI %	h² 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 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 1er 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 mortinatalité n'est pas corrigée pour les conditions de naissance ; par suite il y a une corrélation entre les caractères de la mortinatalité et les caractères du vêlage.

H² du caractère sous-jacent	h² VIN %	h² 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 du taureau moyen de la base fixe est 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 du taureau moyen de la base fixe est 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 2014, la base est fixe et regroupe les taureaux nés entre 2000 à 2005, ou entre 1996 à 2005 pour la Vosgienne, et avec au moins 20 descendants nés ou 20 filles vêlées.

1.4. LES INDEX DES CARACTERES DE CARCASSE (SIMMENTAL)

Les performances de carcasse sont majoritairement issues de la base de données de Normabev (Association technique interprofessionnelle du bétail et des viandes). Ces caractères ne sont indexés qu'en race Simmental.

1.4.1. LES JEUNES BOVINS

Les jeunes bovins sont définis comme les animaux abattus entre 350j et 730j. Sont pris en compte dans l'indexation seulement les jeunes bovins de race pure.

Modèle et paramètres génétiques

3 caractères sont évalués : l'âge à l'abattage, le poids de carcasse et la conformation. Le modèle d'indexation polygénique est un Blup modèle animal multicaractère corrigé pour les facteurs de milieu :

- le mois de naissance ;
- le rang de vêlage de la mère (primipare/multipare) * classe d'âge de la mère (en mois) ;
- le groupe de contemporains défini par le troupeau d'abattage, la saison et l'année d'abattage.

Paramètres génétiques des caractères des jeunes bovins simmentals (écarts-types génétiques dans la première colonne, héritabilités sur la diagonale et corrélations génétiques hors diagonale)

	Écart-type génétique	Poids carcasse	Age à l'abattage	Conformation carcasse
Poids carcasse	14.9 kg	*0.19*	-0.81	0.32
Age abattage	7.3 j		*0.06*	0.04
Conformation carcasse	0.41 1/3 classe			*0.21*

Les index publiés et leur expression

Les index de poids de carcasse et d'âge à l'abattage ne sont pas publiés ; pondérés par leurs valeurs économiques respectives (79% et 21 %) ils sont synthétisés dans l'index de croissance carcasse (ICRCjbf), publié avec l'index de conformation de carcasse (CONFjbf). L'index d'aptitudes bouchères (IABjbf) en unités d'écart-type et en euros synthétise les 3 index élémentaires compte-tenu de leurs valeurs économiques respectives (24%, 6%, 70%).

Les index sont exprimés par rapport à la base de référence mobile de chaque évaluation, valant 0 par convention, regroupant les jeunes bovins simmentals nés au cours des 7 dernières années et disposant des 3 performances. L'unité d'expression est l'écart-type génétique pour les caractères élémentaires, et l'écart-type des index de la population de référence pour les caractères de synthèse.

Sont officiels les index polygéniques des taureaux dont le CD de IABjbf atteint 0.35 et ayant au moins 15 jeunes bovins pris en compte dans l'évaluation.

1.5.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 la fin des années 1990, 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 1ère ou 2ème 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 1ères et les 2èmes 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 (Jersiaise, Vosgienne), l'indexation est faite avec un modèle unicaractère. Faute d'effectifs suffisants, 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 0,30. 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

	h²	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= 1.3223 [0,25HS +0,25LP +0,25PP +0,25PF]	mauvais	bon
LB	0.31	Longueur bassin	courte	longue
LT	0.52	Largeur trochanters	étroit	large
IB	0.40	Inclinaison bassin	incliné	renversé
BA		BASSIN = 1.5192 [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= 2.2218 [-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= 1.1484 [-0,5LO - 0,5FO]	mauvais	bon
MA		MAMELLE= 2,1355 [-0.1VO +0,1EQ +0,1AA +0,125AH +0,125AL +0,15SI -0,1EA +0,1OR -0,05LO -0,05FO]	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=1.6396 [0,3CO +0,1BA +0,15AP +0,4MA +0,05AB]	mauvais	bon

Jersiaise

	h²	Caractère	< 0	> 0
MO		MORPH.= 1.761 [0,50 MA +0,20 CO +0,20 TY +0,10 ME]		
MA		Mamelle= 1.626 [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**=** 1.371 [0,05 HS +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= 1.416 [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=1.284[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

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

	h²	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 = 1.2457 [0,2 HS +0,2 LP + 0,3PP + 0,3PF]	mauvais	bon
LB	0.39	Longueur bassin	courte	longue
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.= 1.7099 [0,30CO +0,10BA +0,15AP +0,35MA +0,05TR +0,05 MU]	mauvais	bon

Simmental

	h²	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= 1.8263 [0.34 MA +0.25DV 0.25MU +0.16AP]	mauvais	bon

Vosgienne

	h²	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.= 1.8 [0,4MA +0,2AB +0,15AP + 0,15 CO+0,10BA]	mauvais	bon

1.6.L'INDEX DE SYNTHESE UNIQUE (I.S.U.)

L'ISU regroupe une synthèse laitière, la synthèse morphologique et des index fonctionnels combinés (CELc, MACLc, FERc, FERGc, IVIA1c, LGFc) ainsi que la vitesse de traite TR. 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 : (index – 100) / 12.

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

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

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

TARENTAISE ISU = 100 + 53.675* [0.35 INEL/27.44 + 0.105 CELc + 0.07 MACLc + 0.0875 FERc + 0.0175 FERGc + 0.07 INVIA1c + 0.15 LGFc + 0.10 (MO-100)/12 + 0.05 (VT-100)/12]

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

2. EVALUATION GENOMIQUE EN RACE BRUNE

Le programme de Sélection Assistée par Marqueurs (SAM) a été mis en place en 2001 afin d'optimiser les choix des jeunes animaux sans performances dans les étapes précoces de la sélection. Il a permis d'officialiser des index génomiques (évaluation SAM2 en 2009 ; 1ère modèle d'évaluation génomique en 2010 ; 2ème modèle en 2015). Les populations de référence, initialement constituées de taureaux français génotypés et testés sur descendance en races Holstein, Montbéliarde et Normande, ont été ensuite augmentées par l'apport de taureaux étrangers génotypés et évalués par Interbull pour la Holstein et la Brune, grâce aux consortiums Eurogenomics (Holstein) et Intergenomics (Brune avec évaluation française depuis août 2014).

Depuis 2015, pour les races Montbéliarde et Normande dont l'effectif de taureaux testés croît modérément, la population de référence est augmentée par les femelles génotypées et avec performances, pour les caractères suffisamment héritables (production laitière, morphologie, comptages cellulaires).

L'évaluation génomique repose actuellement (en mars 2015) sur des équations de prédiction valorisant 30700 taureaux Holstein, 6015 taureaux bruns, 2620 taureaux et 17500 vaches montbéliardes, et 2230 taureaux et 7950 vaches normandes.

2.1 METHODE D'EVALUATION GENOMIQUE

Les performances utilisées sont:

- pour les taureaux français et les caractères décrits par des modèles linéaires : les « DYD » (daughter yield deviations), égales à la moyenne pondérée des YD de leurs filles (yield deviations, performances moyennes après correction des effets non génétiques de l'évaluation classique) corrigées pour la valeur génétique de leurs mères. Dans le cas particulier des races normande et montbéliarde, cette moyenne n'inclut pas les YD des filles génotypées avec performances ;
- Depuis 2015 pour les femelles montbéliardes et normandes génotypées avec performances propres, leur YD ;
- pour les taureaux étrangers ou français, lorsque les caractères ne sont pas décrits par un modèle linéaire (cas de la longévité, des facilités de naissance…) : les index dérégressés (IDR, équivalents à des DYD).

Le modèle d'évaluation développé en 2015 considère que ces performances peuvent être expliquées par l'effet des marqueurs de la puce 54k, réellement analysés ou imputés à partir d'une puce de densité plus basse (puce EuroG10k). Tous les animaux ont été imputés avec le logiciel FImpute qui s'est révélé le plus précis et le plus rapide actuellement.

Les facteurs explicatifs de ces performances sont :

- des QTL (Quantitative Trait Loci) à effets importants ou moyens, détectés par une méthode Bayes Cpi, au nombre de 3000 pour la plupart des caractères, au lieu de 700 au maximum dans le modèle précédent. La transmission de ces QTL est suivie par des haplotypes de 4 SNP dont la construction a été optimisée ; ils expliquent 70 à 80% de la variance génétique, contre 45-50% ou 55-60% précédemment pour les races nationales et internationales respectivement ;
- des QTL non détectés et à petits effets individuels dont on ne considère que la somme des effets au travers d'une matrice de parenté « génomique », qui remplace la matrice de parenté généalogique utilisée précédemment. Cette somme explique 20 à 30% de la variance génétique totale. La matrice de parenté génomique est construite à partir des SNP (Single Nucleotide Polymorphism) de la puce EuroG10K qui ont l'avantage d'être disponibles pour tous les animaux sans passer par une étape d'imputation;
- un effet résiduel non expliqué.

Ce modèle garde la particularité de tracer précisément les QTL bien détectés en leur donnant une grosse part explicative de la variance génétique, part justifiée par leur détection dans la population raciale. Mais il se rapproche de la méthode standard du GBLUP en valorisant aussi directement les SNP répartis sur tout le génome.

Pour un animal particulier, on peut écrire sa valeur génomique comme suit :

$$\mathbf{G}_i = \sum_{j=1}^{J}\left(H_{ij1} + H_{ij2}\right) + \sum_{k=1}^{K}\left(SNP_{ik1} + SNP_{ik2}\right)$$

Où $\mathbf{G_i}$ est la valeur génétique de l'animal i, $\mathbf{H_{ij1}}$ est l'effet de l'allèle paternel de l'haplotype du QTL j, $\mathbf{H_{ij2}}$ est l'effet de l'allèle maternel de l'haplotype du QTL j, $\mathbf{SNP_{ik1}}$ est l'effet de l'allèle paternel du SNP k, SNP_{ik2} est l'effet de l'allèle maternel du SNP k. Les effets des allèles des QTL et des SNP sont sommés pour l'individu i qui les porte.

2.2 TAUREAUX AVEC EVALUATION GENOMIQUE

Tous les caractères de l'évaluation classique d'Interbull disposent d'une évaluation génomique ; en conséquence pour la race Brune, ne sont pas disponibles actuellement la mortalité des veaux à la naissance et au vêlage ainsi que les derniers postes morphologiques qu'Interbull n'évalue pas encore. Les index génomiques sont comparables aux index classiques et sont exprimés par rapport aux mêmes bases. Quand ils existent, ils les remplacent en tant qu'index officiels.

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. Ce seuil est abaissé à 0.35 pour les caractères fonctionnels (sauf pour les cellules) peu héritables des races régionales (Brune seulement).

Les taureaux français 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 alors identiques à ceux des index polygéniques (CD, nombre de filles et/ou de troupeaux) ; mais pour les caractères fonctionnels dont la précision est améliorée par l'évaluation génomique, la publication dépend alors seulement du CD, avec là-aussi un CD minimal de 0.35 pour les races régionales.

Les taureaux autorisés à la publication par les pays partenaires des consortiums Eurogenomics (Holstein) et Intergenomics (Brune) sont évalués par la France et suivent des mêmes règles de diffusion que les taureaux français mis en marché sur la base d'index génomiques.

En dehors de ces consortiums, les taureaux étrangers doivent être évalués avec des filles en production dans au moins 10 étables (en France ou à l'étranger) pour que leurs index génomiques français soient publiés à la place des index Mace d'Interbull.

3. EVALUATION GENOMIQUE DES RACES ABONDANCE, TARENTAISE, VOSGIENNE

Depuis mars 2016, les races laitières régionales Abondance, Tarentaise, Vosgienne bénéficient d'évaluations génomiques. Les populations de référence qui permettent d'estimer les effets des marqueurs génétiques, sont constituées d'animaux avec phénotypes, et génotypés dans le cadre des projets Gembal et G2R ; elles comprennent à la fois des taureaux et des vaches.

L'évaluation génomique repose actuellement (en mars 2016) sur des équations de prédiction valorisant 389 taureaux et 2769 femelles de race Abondance, 323 taureaux et 1569 femelles de race Tarentaise, 66 taureaux et 1171 femelles de race Vosgienne.

3.1 METHODE D'EVALUATION GENOMIQUE

Les performances utilisées sont :

- pour les taureaux : les performances moyennes de leurs filles non génotypées (ou DYD pour « daughter yield deviation »), après correction pour les effets de milieu du modèle d'indexation polygénique et pour la valeur génétique de leurs mères.
- Pour les femelles génotypées : leur performances propres corrigées pour les effets de milieu. Dans le cas de données répétées, comme pour la production, les cellules ou la fertilité à l'insémination, la performance utilisée est la moyenne des performances individuelles corrigées.

Chaque performance, de mâle ou de femelle, est affectée d'un poids n indiquant la quantité d'information associée au phénotype. Ce poids est calculé d'abord en estimant le CD associé aux performances, puis en en déduisant le nombre de performances propres indépendantes équivalent à ce CD selon la formule suivante : $n = \frac{CD(1-h^2)}{h^2(1-CD)}$.

Les performances sont obtenues à partir des données de chaque caractère, sans apport de prédicteur indirect. Dans le cas de la longévité, aucune donnée femelle n'est disponible et la performance des mâles est leur index dérégressé (IDR, équivalents à des DYD).

Le modèle d'évaluation considère que ces performances peuvent être expliquées par l'effet des marqueurs de la puce 54k, réellement analysés ou imputés à partir d'une puce de densité plus basse (puce EuroG10k).

Les facteurs explicatifs de ces performances sont :

- des QTL (Quantitative Trait Loci) à effets importants ou moyens, détectés par une méthode Bayes Cpi, à raison de 250, 500 ou 1000 selon le caractère. La transmission de ces QTL est suivie par des haplotypes de 4 SNP expliquant 10% à 90% de la variance génétique ;
- d'un effet polygénique estimé en sommant les effets des 9000 SNP (Single Nucleotide Polymorphism) de la puce euroG10K, estimés sur la population de référence; les typages de la puce EuroG10K sont disponibles sur l'ensemble des animaux sans passer par une étape d'imputation;
- d'un effet résiduel non expliqué.

Ce modèle garde la particularité de tracer précisément les QTL détectés en leur donnant une part explicative de la variance génétique. Mais il se rapproche de la méthode standard du GBLUP en valorisant aussi directement les SNP répartis sur tout le génome.

Pour un animal particulier, on peut écrire sa valeur génomique comme suit :

$$\mathbf{G}_i = \sum_{j=1}^{J}\left(H_{ij1} + H_{ij2}\right) + \sum_{k=1}^{K}\left(SNP_{ik1} + SNP_{ik2}\right)$$

Où $\mathbf{G_i}$ est la valeur génétique de l'animal i, $\mathbf{H_{ij1}}$ est l'effet de l'allèle paternel de l'haplotype du QTL j, $\mathbf{H_{ij2}}$ est l'effet de l'allèle maternel de l'haplotype du QTL j, $\mathbf{SNP_{ik1}}$ est l'effet de l'allèle paternel du SNP k, SNP_{ik2} est l'effet de l'allèle maternel du SNP k. Les effets des allèles des QTL et des SNP sont sommés pour l'individu i qui les porte.

3.2 ANIMAUX AVEC EVALUATION GENOMIQUE

Les index génomiques sont comparables aux index polygéniques et sont exprimés dans les mêmes unités et dans les mêmes bases. Le calcul direct des bases n'étant pas possible (car les femelles constituant les bases n'ont pas d'index génomiques en grande majorité), le centrage est fait de sorte que les moyennes d'index polygéniques et génomiques soient identiques pour une population des taureaux d'insémination (en mars 2016, ceux nés de 2001 à 2010). Quand ils existent, ils les remplacent en tant qu'index officiels.

Parmi les caractères de l'évaluation classique, l'évaluation génomique ne couvre pas encore les facilités de naissance et de vêlage, la mortalité des veaux à la naissance et au vêlage, ainsi que la longévité fonctionnelle de la Vosgienne. Dans ces situations, les index polygéniques continuent à être publiés selon les règles antérieures en vigueur.

La diffusion d'un index est soumise à la définition des « populations cibles » par les OS des races concernées.

Animaux pouvant recevoir des index génomiques officiels

Races		Conditions
ABO	Mâles	Taureaux du schéma de sélection, à la mise en marché à l'insémination
	Femelles	Femelles des troupeaux adhérents au contrôle de performances
TAR	Mâles	Taureaux du schéma de sélection, à la mise en marché à l'insémination
	Femelles	Femelles des troupeaux adhérents au contrôle de performances et à l'OS
VOS	Mâles	Taureaux du schéma de sélection, à la mise en marché à l'insémination
	Femelles	Femelles des troupeaux adhérents à la certification des parentés et à l'OS

Les entreprises de sélection 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 pour la production laitière et la morphologie. Ce seuil est abaissé à 0.35 pour les caractères fonctionnels peu héritables y compris les cellules.

Les taureaux mis « en confirmation sur descendance » après évaluation génomique, ou anciennement « en testage sur descendance » ont des index génomiques diffusés à l'arrivée en production de leurs filles. Les seuils de publication sont alors identiques à ceux des index polygéniques (CD, nombre de filles et/ou de troupeaux) ; mais pour les caractères fonctionnels dont la précision est améliorée par l'évaluation génomique, la publication dépend seulement du CD minimal de 0.35, sans contrainte de nombre de descendants avec performances.

4. 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 www.simmentalfrance.fr	Brumath
S005	ELITEST anciennement Uneco S908	1 rue du Moulin Goepp		67171	Brumath
C590	CIA GENES DIFFUSION	3595 Route de Tournai tel 03-27-99-29-29	BP 23 fax 03-27-88-09-27	59501 www.genesdiffusion.com	Douai cedex gd@genesdiffusion.com
S901	BGS	149 rue de Bercy tel 01-40-04-49-46	fax 01-40-04-51-69	75595 www.brune-genetique.com	Paris cedex 12 bgs@acta.asso.fr
S917	EVOLUTION-XY	69 Rue de la Motte Brulon tel 02-99-87-95-95	BP 80225 fax 02-99-63-78-19	35704 www.evolution-xy.fr	Rennes cedex 7
S969	AURIVA - Élevage	61 Chemin des Hoteaux		69126 www.auriva-elevage.fr	Brindas soual@auriva-elevage.fr

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., Guldbrandtsen 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