

# Indexation Bovine Laitière

Note d'information aux organisations génétiques des bovins laitiers



IBL n° 2016-1  
29/02/2016  
Référence n°0016202007

## Sommaire :

1. Indexation génomique des races laitières régionales
2. Les IPE dans l'indexation des caractères de fertilité
3. Indexation de la longévité fonctionnelle de la race vosgienne

## 1. Indexation génomique des races Abondance, Tarentaise, Simmental et Vosgienne

A partir de mars 2016, les races laitières régionales Abondance, Tarentaise, Vosgienne et Simmental bénéficient d'évaluations génomiques. **En pratique les Organismes de Sélection (OS) des races Abondance, Tarentaise et Vosgienne ont fait une demande d'officialisation et défini le cadre juridique de cette évaluation.** Cette diffusion est le résultat des travaux de recherche et développement réalisés au cours des années antérieures, et tout particulièrement entre mars et décembre 2015 pour les travaux d'implémentation pratique. Les populations de référence qui permettent d'estimer les effets des marqueurs génétiques, sont constituées d'animaux avec phénotypes, génotypés dans le cadre des projets Gembal et G2R. Elles comprennent à la fois des taureaux et des vaches.

Les performances des taureaux sont les performances moyennes de leurs filles non typées (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. Les performances des femelles typées sont elles aussi 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, nécessaire pour l'ISU, aucune donnée femelle n'est disponible, ce qui limite la précision des prédictions génomiques ; la performance des mâles est obtenue par dérégression de leurs index. Les effectifs des populations de référence sont présentés dans le tableau 1.

Tableau 1. Effectif d'animaux typés et avec performances dans les quatre races (traitement 1610)

Animaux typés avec perf.		
ABO	Mâles	389
	Femelles	2769
TAR	Mâles	323
	Femelles	1569
SIM	Mâles	446
	Femelles	408
VOS	Mâles	66
	Femelles	1171

Les caractères indexés sont présentés au tableau 2, tant pour les caractères individuels que pour les synthèses, obtenues par combinaison linéaire des index pondérés par leur poids dans la synthèse.

Tableau 2. Liste des caractères indexés

Caractères	Données	ABO	TAR	SIM	VOS
Lait, MG, MP, TB, TP	Perf. corrigées	X	X	X	X
CEL, FER, FERG, IVIA1	Perf. corrigées	X	X	X	X
MACL	Perf. corrigées	X	X	X	
Morphologie (nb de caractères)	Perf. corrigées	23	29	29	28
LGF	Index dérégressés	X	X	X	
Synthèses	A partir des index	10	6	5	3

Les premiers génotypes ont été obtenus avec la puce HD (Gembal) ou 50k (G2R). Une fois constituée cette base, l'imputation de la puce LD vers la 50k s'est révélé suffisamment précise dans les 4 races et le service d'imputation a été proposé à partir du 18 décembre 2015. Le tableau 3 montre la précision d'imputation observée de la LD à la 50k.

Tableau 3. Taux de concordance entre typage réel et typage imputé de la LD à la 50k (Saintilan et al, 2015)

Race	Taux de concordance (%)
ABO	99.63
TAR	99.56
SIM	99.16
VOS	99.64

La procédure de calcul est analogue à celle utilisée dans les races Brune, Holstein, Montbéliarde et Normande. Les prédictions sont réalisées à partir de génotypages 50k réels ou imputés. Les génotypes font l'objet des traitements suivants : contrôle qualité (en particulier sur le pourcentage de marqueurs SNP connus par animal, ou call rate, qui doit atteindre au moins 95%), contrôle de compatibilité avec leurs parents typés, contrôle du sexe à partir des marqueurs des chromosomes X et Y. Les génotypes incomplets sont imputés, de façon à disposer de typages 50k complets pour les 43 801 marqueurs utilisés actuellement en indexation. Le modèle d'indexation est le même que dans les grandes races, avec des QTL suivis par des haplotypes de 4 marqueurs et une composante génomique résiduelle estimée à partir d'environ 9000 SNP. Compte tenu de la taille des populations de référence, le nombre de QTL est compris entre 500 et 1000, alors qu'il peut monter jusqu'à 3000 dans les grandes races.

Les index sont exprimés dans les mêmes unités, le même sens et les mêmes bases que les index polygéniques. Le calcul des bases n'étant pas possible (car les femelles constituant les bases n'ont pas d'index génomique en grande majorité), le centrage est réalisé de sorte que la moyenne d'index polygéniques et génomiques soit identique pour la

population des taureaux d'insémination nés de 2001 à 2010. Lorsqu'un animal dispose à la fois d'index polygéniques et génomiques diffusables, la priorité à la diffusion est donnée aux index génomiques.

Les CD sont calculés de façon approchée avec la méthodologie suivante. Dans un premier temps, le gain de précision apporté par la génomique a été mesuré à l'échelle de la population par validation croisée. Le CD génomique a ensuite été déduit du CD polygénique et de ce gain, exprimé en nombre de filles, apporté par la génomique.

Les normes de CD pour la publication sont les suivantes : 0.50 pour la production et la morphologie, 0.35 pour les caractères fonctionnels y compris les cellules. Ces valeurs, relativement basses pour les fonctionnels, ont été choisies pour favoriser la publication d'une série complète d'index par animal. Par ailleurs, ces CD ont été calculés avec des paramètres relativement favorables, ils constituent donc sans doute une valeur haute de la précision vraie, ce qui devra être gardé à l'esprit lors de la diffusion des reproducteurs.

Tableau 4. CD moyens et maximaux des animaux de moins de 24 mois (traitement 1610)

	Lait	Cellules	Morphologie	Fertilité vache
ABO	54.1 (max 59)	50.8 (max 54)	51.8 (max 56)	39.9 (max 45)
TAR	52.1 (57)	47.9 (51)	50.9 (55)	34.9 (40)
SIM	43.1 (62)	37.3 (48)	42.9 (56)	29.9 (37)
VOS	53.9 (55)	44.8 (47)	53.4 (55)	33.6 (37)

Les animaux génotypés pris en compte sont présentés au tableau 5. Par rapport au test de novembre 2015, ils sont en augmentation sensible, grâce à de nouveaux typages en races Abondance et Tarentaise et l'apport de données allemandes en Simmental.

Tableau 5. Effectif de typages disponibles (traitement 1610)

Animaux typés		
ABO	Mâles	518
	Femelles	2800
TAR	Mâles	473
	Femelles	1605
SIM	Mâles	762
	Femelles	469
VOS	Mâles	85
	Femelles	1348

La diffusion d'un index est soumise à la définition des « populations cibles » par les OS des races concernées. Ces définitions sont susceptibles d'évoluer au cours du temps. A l'avenir, pour chacune des races, les demandes de typages devront être adressées à une société d'exploitation licenciée par Apisgène.

Tableau 6. Définition des animaux pouvant recevoir des index génomiques officiels

Races	Société licenciée		Conditions
ABO	Valogène à titre provisoire	Mâles	Taureaux du schéma de sélection, à la mise en marché à l'insémination
		Femelles	Femelles des troupeaux adhérents au contrôle de performances
TAR	Valogène à titre provisoire	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	Valogène à titre provisoire	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 index génomiques apportent une information supplémentaire et sont plus précis que les index polygéniques. Ils présentent donc des écarts par rapport aux index polygéniques. Les variations sont d'autant plus importantes que le

CD polygénique est faible. Les variations sont donc plus marquées pour les femelles que pour les mâles, pour les caractères peu héritable que pour ceux d'hérabilité élevée. Les tableaux 7 et 8 présentent les corrélations entre index polygéniques et génomiques, respectivement pour les mâles d'IA et pour l'ensemble de la population mâle et femelle.

Tableau 7. Corrélations entre index polygéniques et génomiques des mâles (traitement 1610)

Races	nombre	Production	Morphologie	Synthèses
ABO	389	0.95 – 0.98	0.89 – 0.95	0.81 – 0.96
TAR	318	0.96 – 0.99	0.85 – 0.93	0.80 – 0.97
SIM	426	0.97 – 0.98	* 0.58 – 0.95	0.82 – 0.97
VOS	66	0.96 – 0.99	0.93 – 0.98	0.92 – 0.96

Tableau 8. Corrélations entre index polygéniques et génomiques des mâles et des femelles (traitement 1610)

Races	N	Production	Morphologie	Synthèses
ABO	3162	0.79 – 0.89	0.73 – 0.86	0.75 – 0.84
TAR	1890	0.84 – 0.92	0.70 – 0.90	0.73 – 0.86
SIM	835	0.92 – 0.94	* 0.61 – 0.93	0.77 – 0.93
VOS	1248	0.86 – 0.94	0.84 – 0.95	0.87 – 0.90

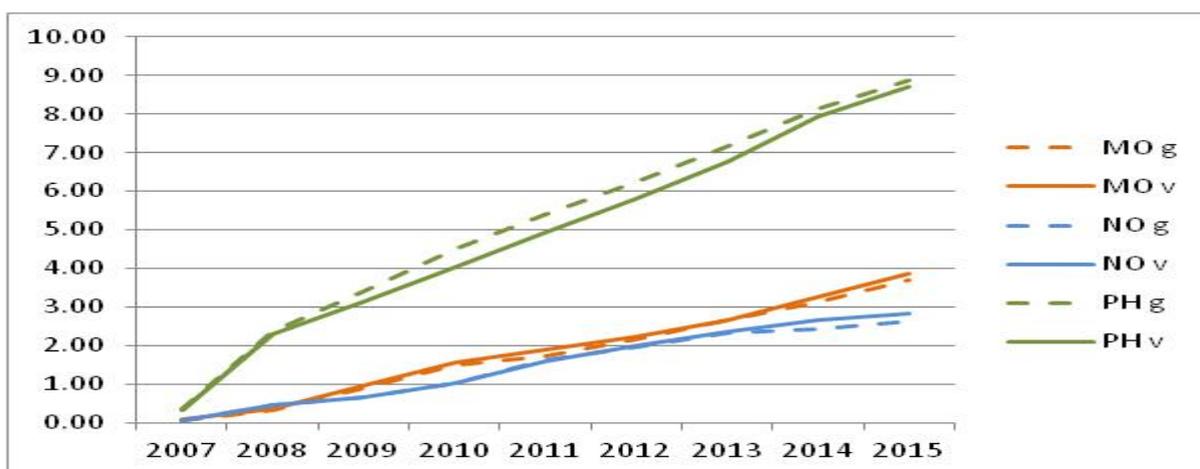
\* les valeurs minimales sont pour les postes morphologiques récents collectés depuis 2011

Contact : [didier.boichard@jouy.inra.fr](mailto:didier.boichard@jouy.inra.fr) et [marie-pierre.sanchez@jouy.inra.fr](mailto:marie-pierre.sanchez@jouy.inra.fr)

## 2. Les IPE dans l'indexation des caractères de la fertilité

Jusqu'en 2007, les inséminations artificielles (IA) bovines étaient réalisées quasi exclusivement par les techniciens des centres de mise en place. Depuis 2007, d'autres acteurs de la filière sont autorisés à réaliser cet acte, et les inséminations par l'éleveur se développent rapidement depuis les années 2010 pour atteindre près de 10% dans certaines races (figure 1). L'effet de l'inséminateur sur le taux de réussite est un facteur à corriger dans l'évaluation génétique de la fertilité, mais jusqu'à présent seules les IA réalisées par des techniciens déclarés dans la base de données étaient prises en compte. Compte tenu de l'augmentation du nombre des inséminations par l'éleveur (IPE), il a été décidé de valoriser aussi les IPE dans l'indexation.

Figure 1. Evolution du % d'IPE sur vaches et génisses en races montbéliarde (MO), Normande (NO) et Prim'Holstein (PH)



L'intégration des IPE a amené à définir un effet inséminateur « IPE » regroupant toutes les inséminations artificielles (IA) réalisées par les éleveurs dans un département pour une campagne donnée. Lorsque le nombre d'IA de la cellule département \* campagne était inférieur à 10, les départements ont été regroupés par région. Ce principe de regroupement a aussi été appliqué aux techniciens faisant moins de 10 IA par campagne.

Un test a été fait avec les données de l'indexation d'octobre 2015. 346 830 IA sur génisses et 813 113 IA sur vaches ont ainsi été réintégrées dans l'évaluation génétique.

Tableau 1. Nombre d'IA IPE et pourcentage du total des IA par race

	Genisses		vaches	
	Effectif	%	Effectif	%
<b>Abondance</b>	209	0.19	1 383	0.47
<b>Pie Rouge</b>	536	0.83	1 736	1.06
<b>Brune</b>	3 577	3.30	8 735	3.52
<b>Tarentaise</b>	95	0.24	300	0.33
<b>Simmental</b>	452	0.43	1 410	0.61
<b>Montbéliarde</b>	21 395	0.74	50 921	0.83
<b>Normande</b>	12 109	0.55	28 134	0.58
<b>Prim'Holstein</b>	308 457	2.06	720 494	2.02

Les corrélations entre les index mâles obtenus avec et sans prise en compte des IPE sont globalement très élevées pour les trois caractères évalués (taux de conception vache, taux de conception génisse et intervalle vêlage -1<sup>ère</sup> IA), au-delà de 0.995 sauf pour la race Brune. Cette dernière a les plus forts taux d'IPE et elle est donc la plus impactée, avec des corrélations de 0.992, 0.986 et 0.994 respectivement.

Les IPE sont prises en compte dans l'indexation à partir du traitement de mars 2016.

Contact : [anne.barbat@jouy.inra.fr](mailto:anne.barbat@jouy.inra.fr)

### 3. Indexation de la longévité fonctionnelle en race Vosgienne

L'indexation de la longévité directe a été révisée au 1<sup>er</sup> trimestre 2015 et présentée par la note IBL 2015-3. Après un test en octobre 2015, le modèle défini pour les races régionales produit, à partir de mars 2016, des index polygéniques de longévité directe pour les taureaux vosgiens.