

Indexation Bovine Laitière



Note d'information aux organisations génétiques des bovins laitiers

IBL n° 2017-3
20/06/2017
Référence n°0017202016

Sommaire :

1. Evaluation des performances à l'abattage des jeunes bovins
2. Evaluation génomique des caractères veaux de boucherie
3. Evolutions de l'évaluation génomique des races régionales

1. Evaluations des performances à l'abattage des jeunes bovins

En France, l'élevage laitier constitue une source d'approvisionnement importante de jeunes bovins et de veaux de boucherie pour les abattoirs : entre 2006 et 2013, 25% des jeunes bovins mâles (JB) abattus étaient de race laitière, 86% des veaux de boucheries (VB) étaient des croisés ou de race laitière.

A la demande des ES/OS des races mixtes laitières, l'UMT eBIS a mis au point en février 2015 l'évaluation multiraciale sur les performances à l'abattage des veaux de boucherie (Cf. [IBL 2015-1](#)) puis a développé, pour une officialisation en 2017, l'évaluation génétique des performances à l'abattage des jeunes bovins.

a. Principe de l'évaluation

Sélection des données et caractères évalués

Les performances considérées sont majoritairement issues de la base de données Normabev (Association technique interprofessionnelle du bétail et des viandes) qui contient l'ensemble des données des bovins abattus en France. Depuis 2010 une convention entre Normabev et l'Institut de l'Elevage autorise l'utilisation des données enregistrées à des fins d'évaluation génétique nationale par l'institut de l'Elevage en collaboration avec l'INRA.

Les évaluations sur jeunes bovins sont réalisées pour 3 races mixtes laitières désirant intégrer les aptitudes bouchères dans l'ensemble des caractères évalués, soit la Montbéliarde (MON), la Normande (NOR) et la Simmental (SIM).

Les jeunes bovins considérés sont :

- Nés à partir de 2006 et de race pure
- Abattus entre 365 et 730 jours
- Non issus d'un transfert embryonnaire, ni de naissance multiple
- Issus d'une mère connue avec un rang de vêlage connu
- Identifiés comme de la catégorie commerciale « Jeunes bovins »

Les performances valorisées dans les évaluations sont :

- L'âge à l'abattage (AGAB)
- Le poids de carcasse (PCAR)
- La conformation de carcasse (CONF)

Tableau 1 : Moyennes des performances par race

Performance	Montbéliarde	Normande	Simmental
Poids de carcasse (kg)	384 (± 52)	382 (± 50,9)	391 (± 55,3)
Age à l'abattage (jours)	624 (± 67,6)	635 (± 63)	617 (± 76,4)
Conformation (classe)	6,53 O+/R- (± 1,2)	6 O+ (± 1,15)	7,4 R-/R= (± 1,22)

Modèles et méthodes

Evaluation polygénique

Pour les trois races le modèle et la méthode utilisés sont identiques.

Les valeurs génétiques ont été estimées en utilisant la méthodologie BLUP selon un modèle animal multi-caractère avec prise en compte des groupes de parents inconnus (cf. note [IBOVAL n°59](#) pour plus d'information sur le BLUP modèle animal). Les effets environnementaux influençant les performances à l'abattage sont :

- Le groupe de contemporains : troupeau x saison x année où
 - o Troupeau = troupeau d'abattage, c'est-à-dire le dernier détenteur de l'animal
 - o Saison = saison d'abattage en classe (1 : de janvier à mars, 2 : d'avril à juin, 3 : de juillet à septembre, 4 : d'octobre à décembre)
 - o Année = année de la date d'abattage
- Le rang de vêlage de la mère : (primipare ou multipare) * classe d'âge de la mère au vêlage
- Le mois de naissance du jeune bovin

L'évaluation produit des performances corrigées des effets du modèle pour intégrer la chaîne d'indexation génomique.

Evaluation génomique

Conjointement au développement de l'évaluation polygénique, les performances à l'abattage des jeunes bovins (jbf) ont été intégrées dans la chaîne d'évaluation génomique. Dès août 2017, la Montbéliarde et la Normande pourront bénéficier d'index génomiques sur ces caractères d'aptitudes bouchères.

Les données utilisées sont des DYD (daughter yield deviations) et des performances corrigées issues de l'évaluation polygénique. Elles sont intégrées dans la chaîne d'indexation génomique officielle et seront évaluées en routine avec l'ensemble des caractères de la race.

Tableau 2 : Paramètres génétiques des performances à l'abattage des jeunes bovins estimés pour les trois races (corrélations génétiques au-dessus de la diagonale et héritabilités sur la diagonale)

		PCAR	AGAB	CONF
MON	PCAR	0,19	-0,64	0,53
	AGAB		0,07	-0,27
	CONF			0,23
NOR	PCAR	0,12	-0,54	0,47
	AGAB		0,14	-0,02
	CONF			0,26
SIM	PCAR	0,19	-0,81	0,32
	AGAB		0,06	0,04
	CONF			0,21

Résultats

Les évaluations produisent des valeurs génétiques pour trois index élémentaires AGABjbf, PCARjbf et CONFjbf correspondant aux trois caractères évalués, soit respectivement l'âge à l'abattage, le poids de carcasse et la conformation de carcasse.

Tableau 3 : Correspondance entre 1 écart-type génétique et la performance

Race	Poids de carcasse	Age à l'abattage	Conformation
MON	14,6 kg	7,6 j	0,46 tiers de note
NOR	12,4 kg	11,6 j	0,48 tiers de note
SIM	14,9 kg	7,3 j	0,41 tiers de note

Deux index de synthèse économique combinant les index élémentaires (cf. figure 1) sont aussi produits : l'index de synthèse croissance carcasse (ICRCjbf) et l'index de synthèse aptitudes bouchères (IABjbf).

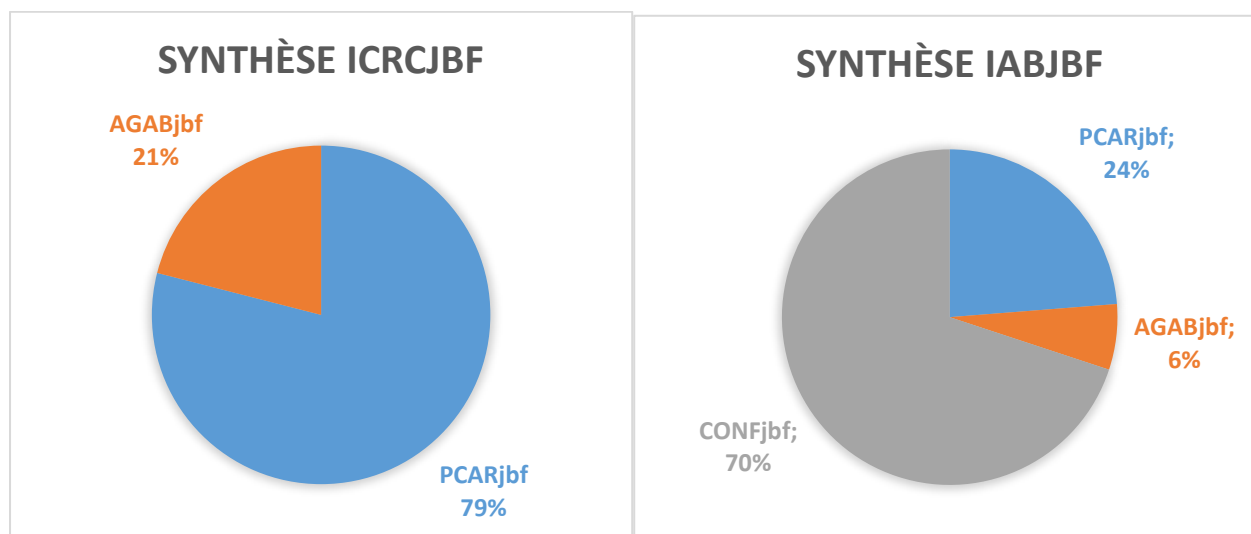


Figure 1 : Pondérations économiques relatives standardisées selon l'écart-type de chaque caractères pour le calcul des index de synthèse croissance carcasse (ICRCjbf) et aptitudes bouchères (IABjbf)

b. Publication des résultats

Les règles de publication ont été définies par la Commission de Filière de France Génétique Elevage. Seuls les deux index de synthèse ICRCjbf (croissance carcasse) et IABjbf (aptitudes bouchères) ainsi que l'index élémentaire CONFjbf (conformation carcasse) sont officiellement publiés.

Les index sont standardisés selon une base de référence composée des jeunes bovins nés au cours des 7 dernières compagnes. Cette population a par convention un index moyen égal à 0. L'index de synthèse IABjbf est exprimé sous deux formes : en écart-type génétique et en euros.

La publication est autorisée sous réserve que la précision (CD) de l'index de synthèse IABjbf, et, pour les index polygéniques, le nombre des descendants utilisés dans l'évaluation soient suffisants. Ces seuils sont différents selon la race :

Races	Règles de publication polygénique	Règles de publication génomique
Montbéliarde	CD IABjbf >= 0,50 et nombre de descendants utiles >= 25	CD IABjbf >= 0,50 pour les mâles CD IABjbf >= 0,30 pour les femelles
Normande	CD IABjbf >= 0,50 et nombre de descendants utiles >= 25	CD IABjbf >= 0,40 pour les mâles CD IABjbf >= 0,30 pour les femelles
Simmental	CD IABjbf >= 0,35 et nombre de descendants utiles >= 15	X

Les deux types d'index sont comparables et quand les index génomiques existent, ils remplacent les index polygéniques en tant qu'index officiels.

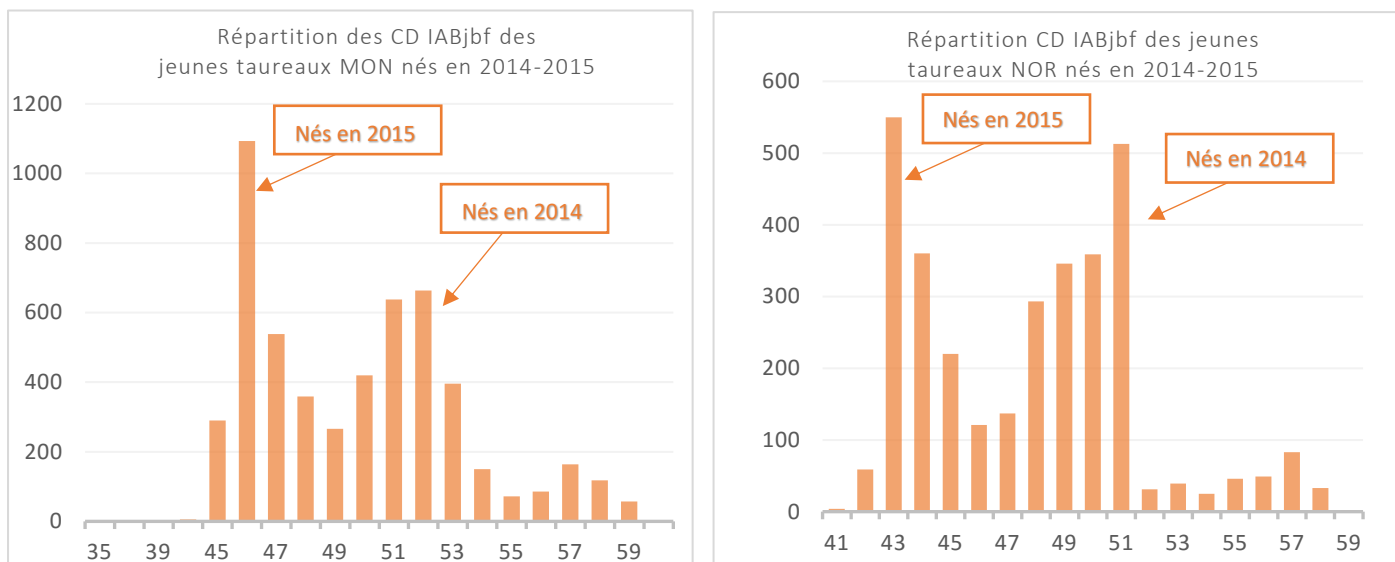


Figure 2 : Répartition des CD Aptitudes bouchères en jeunes bovins issus de l'évaluation génomique pour les taureaux montbéliards et normands

La répartition différente des CD selon l'année de naissance des jeunes taureaux reflète graphiquement l'arrivée de nouvelles données d'abattage au cours du temps et qui sont prises en compte dans leur ascendance.

Les premiers résultats seront publiés au traitement de juin pour la Simmental et les femelles montbéliardes, en août pour les taureaux montbéliards et pour les deux sexes en race Normande.

2. Evaluation génomique des performances à l'abattage des veaux de boucherie

Les données d'abattage des veaux de boucherie en race laitières, issues de la base de données Normabev, ont déjà été valorisées en février 2015 avec la mise en place d'une évaluation polygénique (Cf. IBL 2015-1). Ces performances ainsi que celles des jeunes bovins ont intégré ensemble la chaîne d'indexation génomique. Les races Montbéliarde et Normande bénéficieront aussi en août 2017 d'index génomiques sur les performances à l'abattage de veaux de boucherie.

a. Méthode

L'évaluation génomique est réalisée en race pure et utilise les performances corrigées issues de l'évaluation polygénique. La méthode utilisée est commune à tous les autres caractères et décrite dans le paragraphe ci-dessus (Cf. 1.a)

b. Résultats et publication

Quatre caractères élémentaires et deux index de synthèse sont évalués :

- L'âge à l'abattage (AGABvbf)
- Le poids de carcasse (PCARvbf)
- La conformation (CONFvbf)
- La couleur de la viande (COULvbf)
- La synthèse croissance carcasse (ICRCvbf) composé de 26% AGABvbf et 74% PCARvbf
- La synthèse aptitudes bouchères (IABvbf) composé de 11% COULvbf, 12% AGABvbf, 36% PCARvbf et 41% CONFvbf.

Seuls les index élémentaires CONFvbf, COULvbf et les deux index de synthèses (ICRCvbf et IABvbf) sont officiellement publiés. Les index génomiques sont comparables aux index polygéniques et sont exprimés dans les mêmes unités. Le seuil de publication des index génomiques est fixé pour les taureaux à un CD IABvbf minimum de 0,50 pour la Montbéliarde et de 0,40 pour la Normande. Les femelles sont à un seuil commun de 0,30. Les index génomiques, quand ils sont présents, remplacent les index polygéniques en tant qu'index officiels.

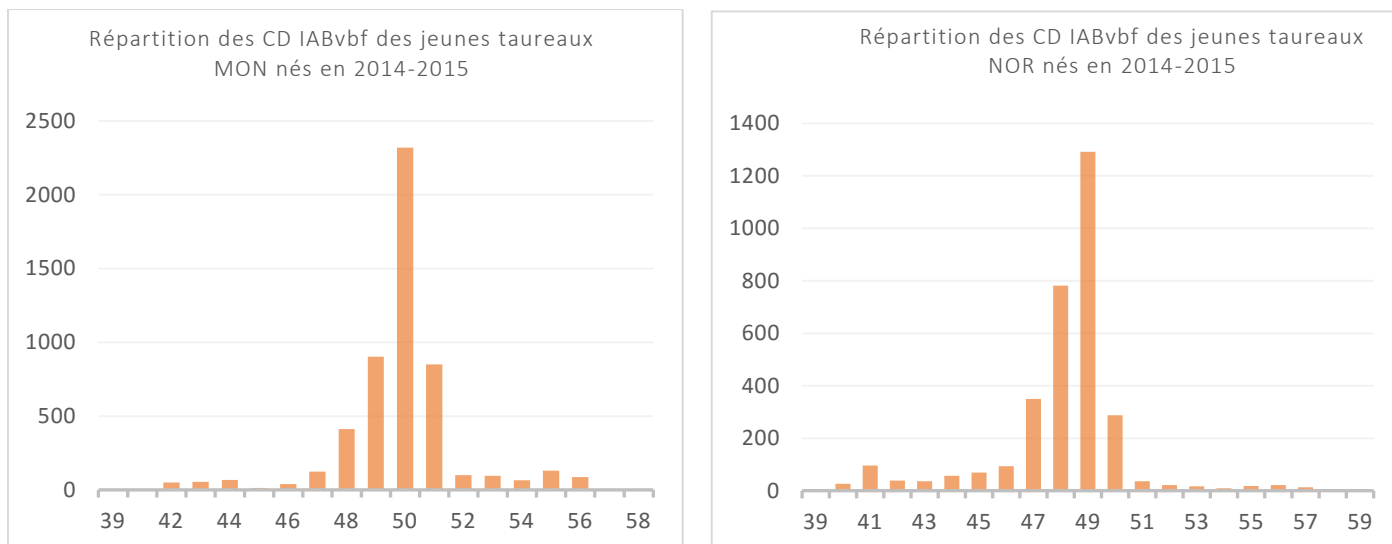


Figure 3 : Répartition des CD Aptitudes bouchères en veaux de boucherie issus de l'évaluation génomique pour les taureaux montbéliards et normands

Référence : Crouel., Promp J., Vinet A, Launay A., Saintilan R., Fouilloux MN., Venot E., Govignon-Gion A., Ducrocq V., Mattalia S., 2016. Valorisation des données d'abattage de bovins laitiers à des fins d'évaluation génétique. Renc.Rech.Ruminants, 23.

3. Evolutions de l'évaluation génomique des races régionales

La méthode d'évaluation génomique utilisée en France utilise deux types d'information, des haplotypes (ou groupes de marqueurs liés) ciblant les régions du génome apparaissant les plus importantes (ou QTL), et 8218 SNP permettant de prédire la valeur polygénique non expliquée par les QTL.

Dans le cadre du projet OPTIGENO de modernisation des chaînes génomiques, les paramètres génétiques utilisés dans les races laitières régionales ont fait l'objet d'une révision. Il a été constaté que la part de variance génétique expliquée par les SNP était trop faible et elle a donc été sensiblement réévaluée. Ce changement se traduit par un poids relatif moindre des QTL.

Cette évolution concerne tous les caractères des races Abondance, Tarentaise et Vosgienne. Elle a cependant des impacts variés, dépendant de l'héritabilité du caractère, de la taille et la nature de la population de référence. La moyenne des index est peu affectée, mais les index gagnent en variabilité. Les écarts types d'index augmentent de 10 à 40% environ selon les caractères, davantage pour la longévité fonctionnelle. Le tableau 4 montre l'effet de l'évolution réalisée sur les moyennes et les écarts types d'index dans les 3 races et 5 caractères au traitement 1710.

Tableau 4. Moyennes et écarts types d'index 1710_test et 1710 dans les 3 races (tous individus)

	Abondance		Tarentaise		Vosgienne	
	Moyenne	Ecart-Type	Moyenne	Ecart-Type	Moyenne	Ecart-Type
INEL 1710_test	3,69	12,6	3,43	15,2	26,63	13,4
INEL 1710	2,85	10,2	2,45	12,0	26,25	12,5
REPRO* 1710_test	0,13	0,41	-0,025	0,47	0,072	0,37
REPRO* 1710	0,14	0,36	-0,041	0,36	0,079	0,32
MORPHO 1710_test	100,2	9,3	100,3	10,9	102,7	7,3
MORPHO 1710	99,8	8,0	99,8	9,6	102,5	6,5
SAMA ** 1710_test	-0,013	0,44	0,021	0,49	-0,24	0,50
SAMA** 1710	-0,016	0,37	0,013	0,44	-0,24	0,46
ISU 1710_test	104	13,9	103,6	16,6	128,6	15,5
ISU 1710	102,9	11,6	102,2	13,6	128,1	14,2

* FERV en Vosgienne

** CEL en Vosgienne

Les corrélations (tableau 5) entre anciens et nouveaux index sont très élevées en race Vosgienne (>0.99) mais un peu plus faibles en Abondance (0.95 à 0.98) et Tarentaise (0.95 à 0.99). La Vosgienne montre peu de reclassements parce que son évaluation repose surtout sur les SNP et peu sur les QTL ; elle est donc peu sensible à la partition de la variabilité génétique entre les QTL et les SNP.

Tableau 5. Corrélations entre index 1710_test et 1710

	Abondance		Tarentaise		Vosgienne	
	Tous individus	Mâles <10 ans	Tous individus	Mâles <10 ans	Tous individus	Mâles <10 ans
N	4858	396	2871	371	2085	93
INEL	0,959	0,949	0,961	0,941	0,996	0,997
REPRO*	0,981	0,973	0,952	0,928	0,988	0,987
MORPHO	0,978	0,975	0,986	0,981	0,994	0,993
SAMA**	0,970	0,966	0,991	0,988	0,992	0,994
ISU	0,968	0,954	0,972	0,957	0,996	0,996

* FERV en Vosgienne

** CEL en Vosgienne

Enfin, la standardisation des procédures entre races nationales et régionales (projet OPTIGENO) a conduit à une homogénéisation du calcul du CD. Jusqu'à présent, dans les races régionales, le CD ne prenait pas en compte le statut du père, typé ou non. C'est maintenant le cas, ce qui conduit à des pertes de CD jusqu'à 5 points pour les animaux dont le père n'est pas typé.

Contacts: Didier Boichard didier.boichard@inra.fr , Marine Barbat marine.barbat@alice.fr