

# Indexation Bovine Laitière

Note d'information aux organisations génétiques des bovins laitiers



IBL n° 2020-04  
23/06/2020  
Référence n°002020222

## Sommaire : Evolution des synthèses génomiques morphologiques en race Brune

Les synthèses de morphologie ont été revues en race Brune pour l'évaluation génomique, à la demande de l'OS. La mise en application des nouvelles formules est effective à partir du traitement de juin 2020 pour les femelles génotypées et d'août 2020 pour les mâles.

La présente note présente l'évolution des formules et les conséquences sur les index.

### Harmonisation des formules de la MO entre indexation polygénique et génomique :

Les formules de la synthèse Morphologie MO étant différentes entre l'indexation polygénique et l'indexation génomique, il est apparu nécessaire de les harmoniser.

La race Brune est une race internationale. Pour garantir la meilleure précision d'indexation possible, le consortium Intergenomics permet la mise en commun des typages qui viennent de plusieurs pays européens et nord-américains de façon à augmenter la population de référence. L'indexation génomique française bénéficie donc de ces informations internationales. Or pendant longtemps, les 4 index Mamelles (MA), Bassin (BA), Développement (DV) et Membres (ME), qui entrent dans la formule du composite MO polygénique, n'étaient pas harmonisés au niveau international. La formule génomique MO avait dû alors être adaptée pour tenir compte des postes internationaux existants. Cependant, depuis que ces postes ont été harmonisés et indexés pour l'ensemble des pays du consortium, les formules pouvaient être revues.

## Evolution de la formule de la MO génomique

Il a été décidé de définir le composite MO génomique comme le polygénique :

Formule de la MO	Indexation polygénique	Indexation génomique
Jusqu'à juin 2020	1.4396* [0.4 MA + 0.25 DV + 0.10 BA + 0.25 ME]	1 * (0.592 MA + 0.231 HS + 0.214 LP + 0.098 PF + 0.108 IB + 0.059 IS + 0.074 AJ - 0.048 AP + 0.279 ME )
A partir de juin 2020	1.4396* [0.4 MA + 0.25 DV + 0.10 BA + 0.25 ME ]	1.4396* [0.4 MA + 0.25 DV + 0.10 BA + 0.25 ME ]

Avec :

MA : MAMELLE ; DV : DEVELOPPEMENT ; BA : BASSIN ; ME : MEMBRES ; HS : Hauteur sacrum ; LP : Largeur poitrine (qui a remplacé PP : Profondeur Poitrine en novembre 2019, cf. note [IBL 2019-6](#)) ; PF : Profondeur flancs ; IB : Inclinaison bassin ; IS : Largeur ischions ; (qui a remplacé LH : Largeur aux Hanches en novembre 2019, cf. [note IBL 2019-6](#)) ; AJ : Angle jarret ; AP : Angle Pied

A partir de l'indexation de juin 2020, la formule MO génomique est harmonisée avec celle de la MO polygénique.

## Evolutions des composites de morphologie en indexation génomique

De plus, l'OS a redéfini le composite génomique MA et a proposé des formules issues de postes élémentaires pour les composites génomiques DV, BA et ME, plutôt que des appréciations. L'utilisation de combinaison de postes élémentaires permet d'utiliser au mieux l'outil génomique. En effet, les effets des marqueurs génétiques sont estimés plus précisément sur des postes élémentaires, que sur des appréciations qui regroupent plusieurs postes.

De plus ces nouvelles formules donneront des index de synthèse MA, DV, BA et ME qui seront davantage en cohérence avec les objectifs de sélection de la race.

Les formules retenues sont les suivantes. Il s'agit des pondérations des postes linéaires utilisées dans la table de pointage européenne unique

Index	Caractère	Description des index pour l'indexation polygénique	Indexation génomique
MA	MAMELLE	Appréciation	2.05 * (0.2 DPJ + 0.1 LI + 0.1 EQ + 0.075 LAA + 0.1 FAA + 0.1 HAR + 0.075 LAR + 0.075 IAV - 0.05 IAR + 0.05 OR + 0.05 LT + 0.025 DT)
DV	DEVELOPPEMENT	Appréciation	1.23 * (0.20 HS + 0.28 LP + 0.28 PF + 0.24 LD )
BA	BASSIN	Appréciation	1.76 * (0.20 LB + 0.20 IS + 0.40 IB + 0.20 PT)
ME	MEMBRES	Appréciation	2.15 * (0.16 EJ - 0.32 AJ + 0.24 AP + 0.28 ET)

Avec :

DPJ : Distance plancher jarret ; LI : Ligament ; EQ : Equilibre ; LAA : Longueur attache avant ; FAA : Force attache avant ; HAR : Hauteur attache arrière ; LAR : Largeur attache arrière ; IAV : Implantation avant trayons ; IAR : Implantation arrière trayons ; OR : Orientation trayons ; LT : Longueur trayons ; DT : Diamètre trayons  
HS : Hauteur sacrum ; LP : Largeur poitrine ; PF : Profondeur flancs ; LD : Ligne dessus  
LB : Longueur bassin ; IS : Largeur ischions ; IB : Inclinaison bassin ; PT : Position trochanters  
EJ : Epaisseur jarrets ; AJ : Angle jarret ; AP : Angle Pied ; ET : Epaisseur talon

En indexation polygénique, les index MA, DV, BA et ME sont issus de l'indexation des notes d'appréciation. Les appréciations Mamelle, Développement, Bassin et Membres sont suggérées par une pondération de postes linéaires, modulable de plus ou moins 2 points par le pointeur. Jusqu'en juin 2020, les index génomiques DV, BA et ME étaient également issus des notes d'appréciation, et la MA était déjà un composite avec la formule suivante :  $1 * (0.566 \text{ DPJ} + 0.167 \text{ LI} + 0.112 \text{ HAR} + 0.239 \text{ LAR} + 0.244 \text{ FAA} - 0.184 \text{ LT} + 0.19 \text{ IAV})$ .

## Les impacts sur les index génomiques :

L'évaluation test de validation des formules a été réalisée sur le traitement t2010 de mars.

Le tableau ci-dessous répertorie les moyennes, écart-types, minimum, maximum et corrélations entre les index anciennes formules (géno ANC) et ceux obtenus avec les nouvelles formules (géno NOUV) pour les index MA, BA, DV, ME, MO et ISU (effectif : 39127 individus, mâles et femelles).

INDEX t2010	Moyenne	Ecart-type	Min	Max	Corrélation
MA géno NOUV	0,085	0,679	-3,2	2,4	0,93159
MA géno ANC	0,139	0,670	-3,5	2,55	
BA géno NOUV	0,009	0,700	-3,6	3,1	0,81505
BA géno ANC	0,184	0,703	-3,1	2,8	
DV géno NOUV	0,174	0,686	-2,7	2,9	0,91524
DV géno ANC	0,126	0,685	-2,9	2,8	
ME géno NOUV	-0,044	0,800	-4,9	3,2	0,84324
ME géno ANC	-0,013	0,804	-4,8	2,4	

MO géno NOUV	0,097	0,767	-3,4	2,5	0,94085
MO géno ANC	0,130	0,788	-3,4	2,8	
ISU géno NOUV	109,33	26,494	-36	198	0,99651
ISU géno ANC	109,60	26,491	-38	197	

Les formules ont été réalisées de façon à conserver la variabilité des index, et on observe très peu de différences ANC/NOUV sur les écart-types des index et les minimum/maximum. La moyenne a parfois un peu évolué pour composites, mais cela n'a pas eu de répercussion sur celle de l'ISU.

Les index qui ont le plus variés sont Bassin (corrélation globale tout index confondus= 0.81) et Membres (0.84). La corrélation pour le composite Développement est de 0.91, celle pour la Mamelle de 0.93 et celle pour la MO 0.94. Compte tenu des changements de formules (pour la MA et la MO) ou du passage d'une appréciation à une formule (pour BA, DV et ME), il est normal d'observer ce niveau de corrélation. L'impact sur l'ISU est plus limité, avec une corrélation globale de 0.99, une conservation de la moyenne et de la répartition des index (min, max, écart-type).

## Conclusions

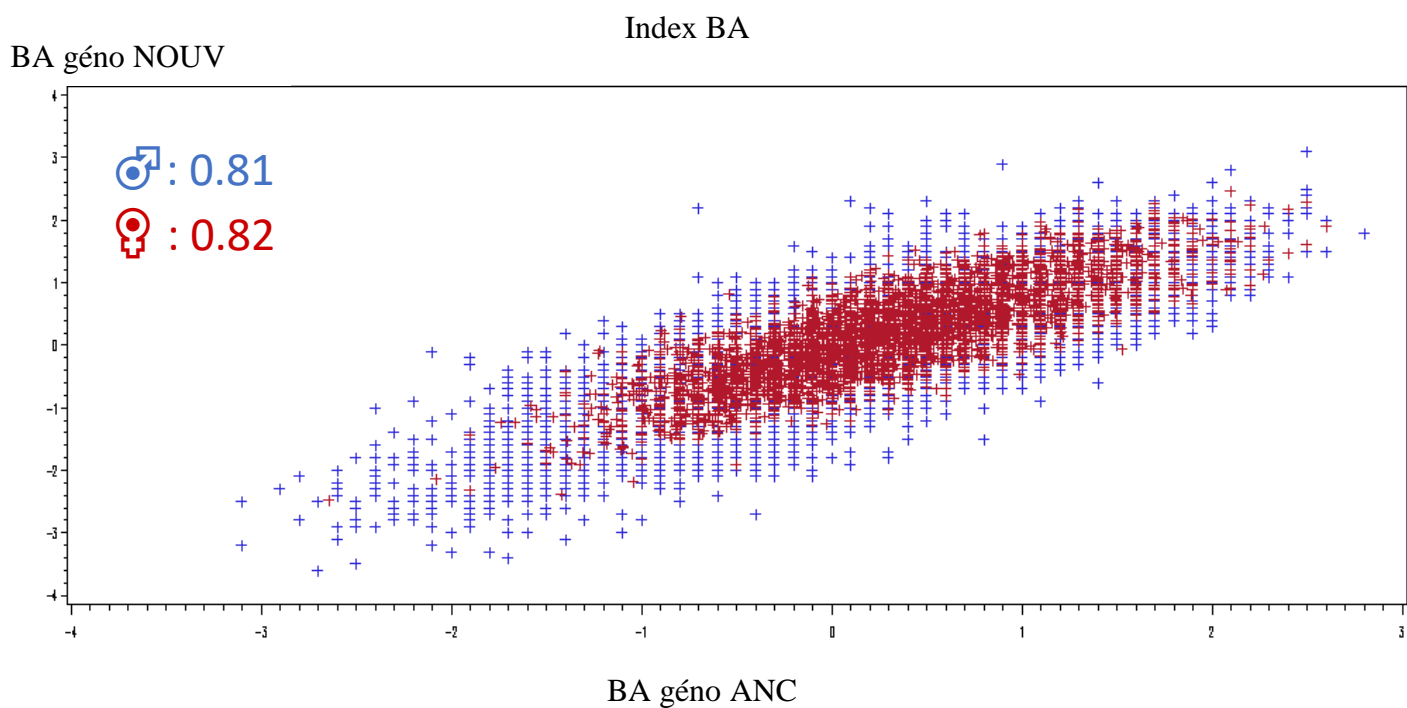
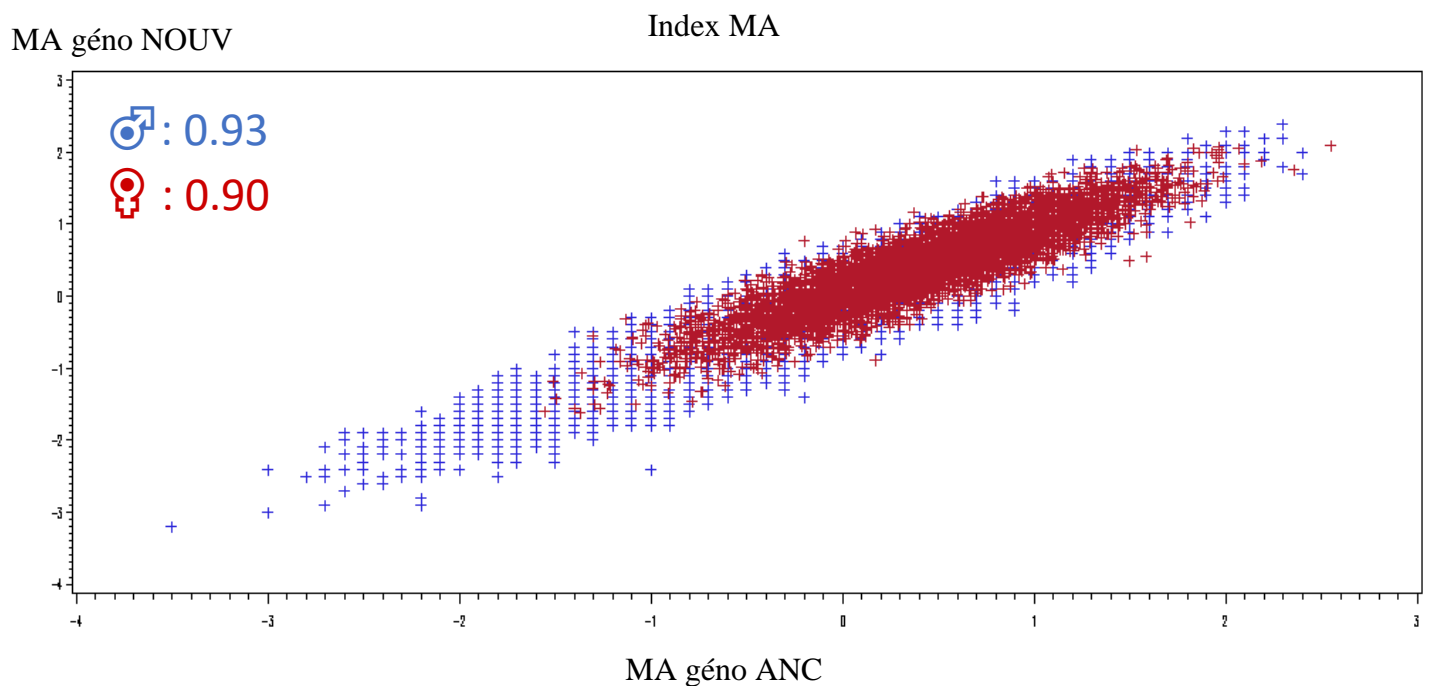
La formule de la MO est maintenant harmonisée entre indexation polygénique et génomique. Les index MA, DV, BA et ME qui la composent sont des appréciations en indexation polygénique et sont maintenant tous des formules en indexation génomique. Les évolutions sont appliquées en juin 2020 pour les femelles génotypés et août 2020 pour les mâles.

Contact : Stéphanie Minéry (stephanie.minery@geneval.fr)

## Annexes :

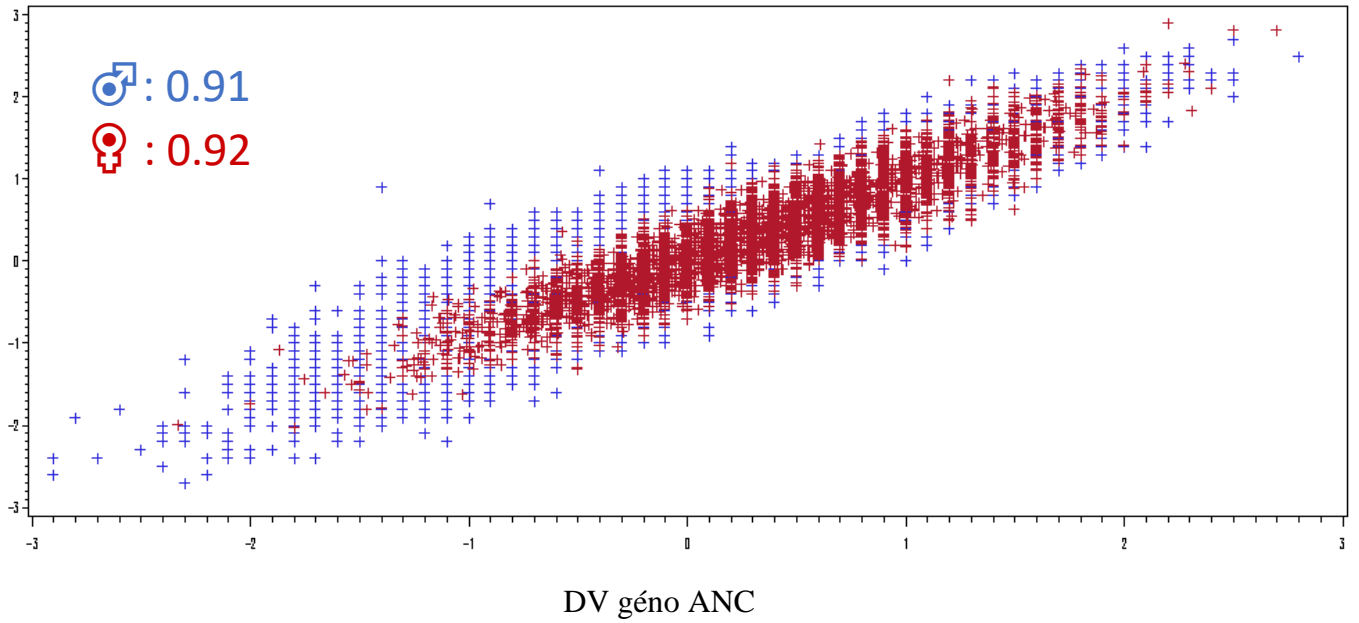
Graphiques par type d'index et sexe

bleu : mâle (n=32 313), rouge : femelle (n = 6 814)



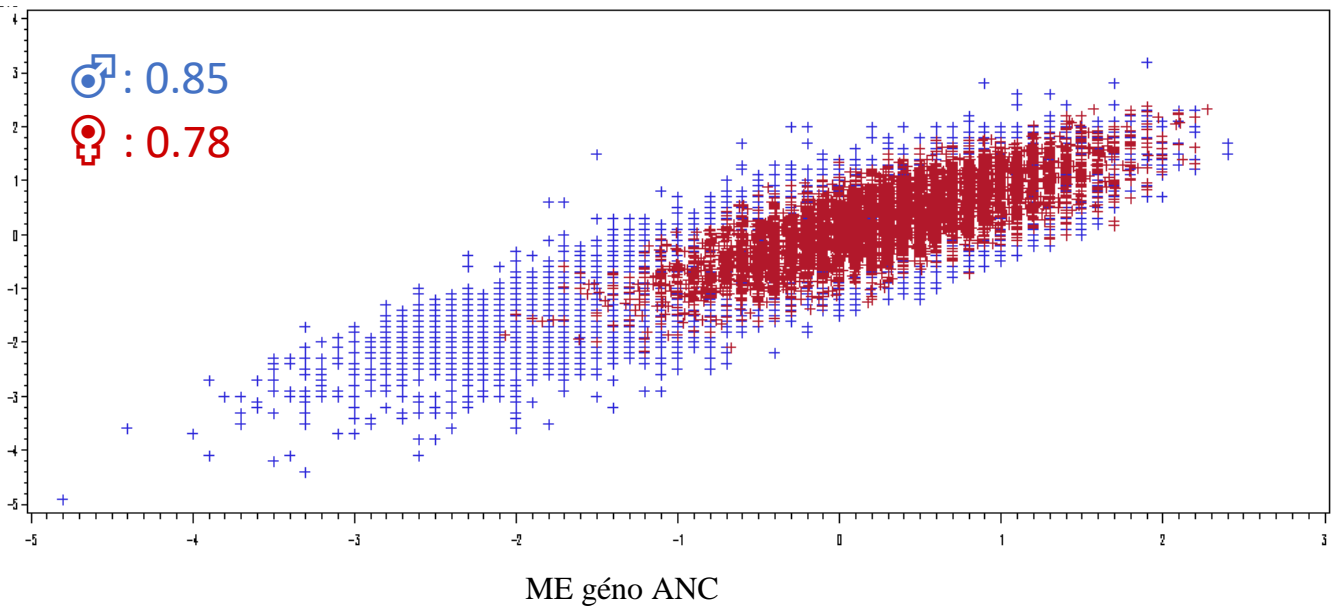
Index DV

DV géno NOUV



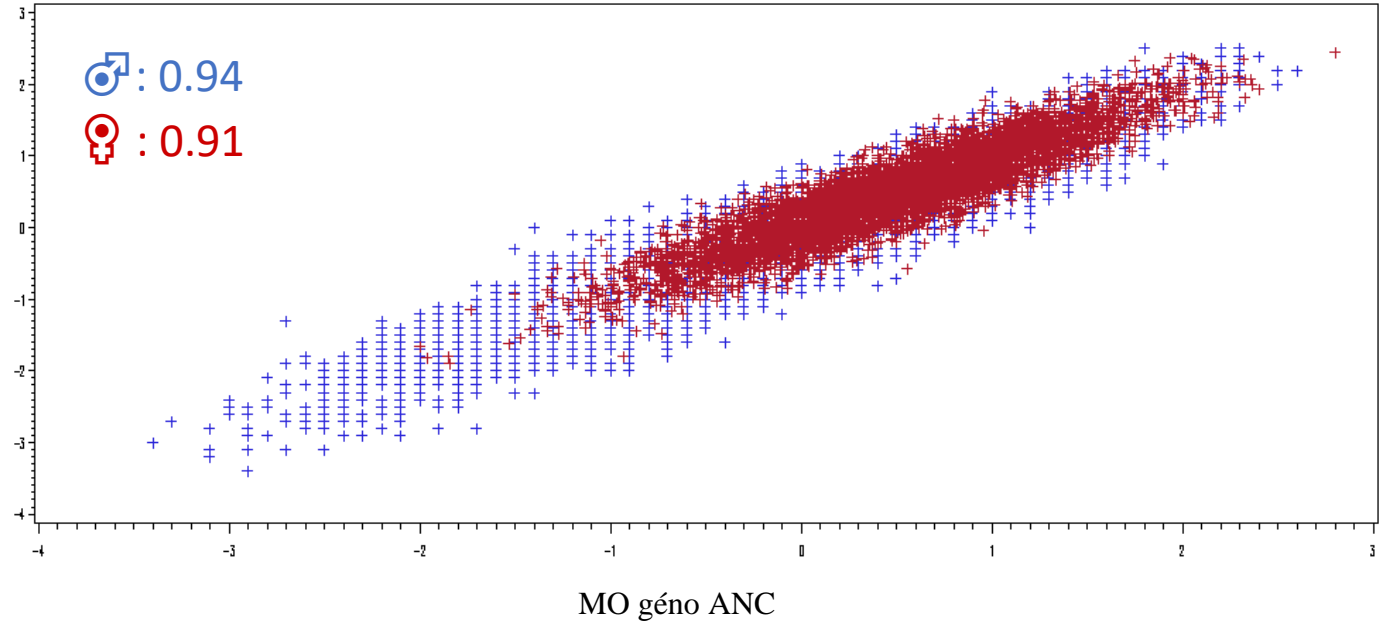
Index ME

ME géno NOUV



### Index MO

MO géno NOUV



### Index ISU

ISU géno NOUV

