



EVALUATION GENETIQUE DES OVINS LAITIERS EN FRANCE CARACTERES LAITIERS – CELLULES SOMATIQUES – MORPHOLOGIE DE LA MAMELLE

Version de janvier 2016

Cette publication présente l'évaluation génétique (conventionnelle et génomique) des ovins laitiers Lacaune, Corse, Basco-Béarnais, Manech tête noire, Manech tête rousse, réalisée par le Département de Génétique Animale de l'INRA et par le Département Génétique et Phénotype de l'Institut de l'Élevage, à partir des données extraites par le Centre de Traitement de l'Information de Jouy-en-Josas (performances, pedigree, génotypages).

1. LES RACES CONCERNEES PAR L'EVALUATION GENETIQUE ET LES CARACTERES INDEXES	3
1.1 - LES BASSINS D'INDEXATION ET LES RACES	3
1.2 - LES TRAITEMENTS D'INDEXATION	3
1.3 - LES CARACTERES INDEXES	3
1.3.1 – LES CARACTERES LAITIERS	3
1.3.2 – LES CELLULES SOMATIQUES DU LAIT	4
1.3.3 – LA MORPHOLOGIE DE LA MAMELLE	5
2. L'EVALUATION GENETIQUE CLASSIQUE	5
2.1 – LE BLUP MODELE ANIMAL	5
2.2 – LE MODELE GENETIQUE	6
2.2.1 – LES CARACTERES LAITIERS	6
2.2.2 – LES COMPTAGES DE CELLULES SOMATIQUES DU LAIT	7
2.2.3 – LA MORPHOLOGIE DE LA MAMELLE	8
2.2.4 – LES INDEX COMBINES	8
2.2.5 – LA PRECISION DES INDEX	8
3. LA DIFFUSION DES INDEX	9
3.1 – LES BASES DE L'INDEXATION	9
3.2 – LES UNITES DE DIFFUSION DES INDEX	10
3.2 – LES INDEX ET ANIMAUX DIFFUSES	10
3.2.1 – DIFFUSION DES BELIERS	10

3.2.1 – DIFFUSION DES BREBIS	11
4. EVALUATION GENOMIQUE	12
4.1 – LE CONTEXTE DE SELECTION GENOMIQUE EN OVINS LAITIERS.....	12
4.2 – L’EVALUATION GENOMIQUE EN OVINS LAITIERS	13
4.3 – LA DIFFUSION DES INDEX GENOMIQUES EN OVINS LAITIERS.....	13
5. LES ENTREPRISES et ORGANISMES DE SELECTION	14

1. LES RACES CONCERNEES PAR L'EVALUATION GENETIQUE ET LES CARACTERES INDEXES

1.1 - LES BASSINS D'INDEXATION ET LES RACES

L'indexation concerne les races (CORAOV) de brebis laitières disposant d'un schéma de sélection. Ces races sont localisées chacune dans leur bassin (BASSIN). On distingue 3 bassins :

- BASSIN 1 (bassin de Roquefort) pour la race Lacaune (CORAOV '010')
- BASSIN 2 (Corse) pour la race Corse (CORAOV '046')
- BASSIN 3 (Pyrénées-Atlantiques) pour les races ovines laitières de Pyrénées : Basco-Béarnaise (CORAOV '030'), Manech tête noire (CORAOV '052'), Manech tête rousse (CORAOV '053'). Dans le BASSIN 3, depuis 2013, l'indexation se fait intra chaque race ROLP.

1.2 - LES TRAITEMENTS D'INDEXATION

En 2015, 5 traitements d'indexation ont eu lieu :

- 01 : fin mars (avant la lutte pour les IA précoces – lactation non finies)
- 02 : fin avril (avant la lutte pour un pré-choix des béliers – lactation non finies)
- 03 : début mai (avant la lutte – lactation non finies)
- 04 : fin juin (pour les fins de campagne précoces – lactation non finies)
- 05 : début septembre (fin de campagne – lactations finies)

Le nombre et le positionnement des indexations s'expliquent par le caractère saisonné des systèmes de production en brebis laitières, avec toutefois de légères différences entre races. La proximité des indexations de printemps se justifie par la quantité importante d'information de richesse du lait qui entre dans SIEOL entre fin avril et mi-mai.

1.3 - LES CARACTERES INDEXES

On distingue 3 catégories de caractères susceptibles d'être indexés (en fonction des races) :

1.3.1 – LES CARACTERES LAITIERS

- la quantité de lait à la traite (décilitre) ou LAIT ;
- la quantité de matières protéiques (hg) ou QMG ;
- la quantité de matières grasses (hg) ou QMP ;
- le taux protéique vrai (g/l) ou TP ;
- le taux butyreux (g/l) ou TP

Les caractères indexés sont fonction de la race, selon l'objectif de sélection et la pratique du contrôle de performance associé. Ainsi, si les 5 caractères ci-dessus sont indexés en Lacaune et ROLP, seule la quantité de lait est indexée en race Corse.

- 1) LAIT : la variable d'indexation LAIT est calculée à partir de la production laitière à la traite (PRLAIO) calculée dans SIEOL, corrigée pour la durée de traite (DUTRAO) lorsque les lactations sont terminées, extrapolées lorsque les lactations sont en cours. Elle est calculée de la manière suivante :

Si la lactation est terminée : $LAIT = (PRLAIO \times (220 / (DUTRAO + 60) \times 1.3) \times 10$

PRLAIO est le calcul de Fleischmann réalisé dans SIEOL et DUTRAO la durée de traite

Si la lactation est en cours, le lait est extrapolé à partir de la production déjà réalisée et de la durée de traite déjà réalisée :

$$LAIT = (((a \times DUTRAO^2 + b \times DUTRAO + c) / DUTRAO^2) \times PRLAIO) \times 1.3) \times 10$$

Les coefficients a, b, c dépendent de la race et du n° de lactation (1 vs 2+).

Le coefficient 1,3 permet aux lactations des L1 d'être exprimées en équivalent adulte.

- 2) TB et TP : ils sont calculés de la manière suivante :

En ROLP, il s'agit de la moyenne pondérée par le lait des taux élémentaires

En Lacaune, il s'agit d'une standardisation de la moyenne pondérée par le lait des taux élémentaires. La standardisation tient compte de l'intervalle entre la mise-bas et le 1^{er} contrôle qualitatif, de la persistance, de la durée de traite, du rang de lactation (1 vs 2+), de la combinaison des taux (combinaisons des contrôles élémentaires ayant des taux)

- 3) QMG et QMP : elles sont calculées de la manière suivante :
 QMG = LAIT x TB
 QMP = LAIT x TP

Remarque importante : compte-tenu du protocole de contrôle ponctuel pour les taux et les cellules, qui consiste à ne prélever que 2 à 4 échantillons (objectif = 3) par lactation dans la partie la plus représentative de la lactation (milieu de lactation), on ne calcule pas de Fleischmann pour les QMG et QMP.

Les variables LAIT, QMG et QMP subissent une correction multiplicative pour le rang de lactation afin de standardiser la variabilité des lactations, quel que soit le rang de lactation.

Rang de lactation	Correction multiplicative
1	1
2	0,9
3+	0,85

Pour le LAIT, l'ensemble des rangs de lactation sont considérés (de 1 à 10 = numéro de lactation connus, de 11 à 20 = numéros de lactation inconnus).

Les campagnes prises en compte sont les campagnes ≥ 1978

Pour QMG, QMP, TB, TP, les lactations 1 (ROLP) ou 1 et 2 (Lacaune) sont considérées.

Les campagnes prises en compte sont les campagnes ≥ 1987 (Lacaune) ou ≥ 1992 (ROLP).

1.3.2 – LES CELLULES SOMATIQUES DU LAIT

En 2015, les CCS sont indexés en race Lacaune seulement.

L'indexation des CCS en races ROLP est prévue en 2016.

Les comptages cellulaires (CCS = comptages de cellules somatiques) pris en compte sont les CCS des campagnes ≥ 1999 en race Lacaune. En race ROLP, la prise en compte des CCS est en cours.

La performance par lactation est construite ainsi :

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

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

- 2) Correction additive du SCS pour le stade de lactation. L'ajustement est calculé à partir des lactations saines (SCS moyen < 4).

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

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

4) La variable LSCS subit une correction multiplicative pour le rang de lactation afin de standardiser la variabilité des lactations, quel que soit le rang de lactation.

Rang de lactation	Correction multiplicative
1	1
2	1,05
3+	1,05

Pour CCS, les lactations 1 (ROLP) ou 1 et 2 (Lacaune) sont prises en compte.
Les campagnes prises en compte sont les campagnes \geq 1999 (Lacaune).

1.3.3 – LA MORPHOLOGIE DE LA MAMELLE

Elle est appréciée au travers de pointages de la mamelle portant sur plusieurs postes.
L'évaluation génétique pour la morphologie de la mamelle ne concerne en 2015 que la race Lacaune. Elle s'appuie sur la table de pointage linéaire suivante :

Poste de pointage	Sigle	Notes	Interprétation des valeurs
Angle du trayon	ANG	1 à 9	La valeur 1 est un angle de 0° (trayon vertical) et la valeur 9 est un angle de 90° (angle horizontal)
Sillon entre les 2 héli-mamelles	SIL	1 à 9	La valeur 1 correspond à un sillon pas marqué et la valeur 9 à un sillon très marqué
Distance entre le plancher de la mamelle et le jarret	PLJ	1 à 9	La valeur 1 correspond à une mamelle très décroché (plancher en-dessous du jarret) et la valeur 9 à une mamelle peu marquée (plancher au-dessus du jarret)
Déséquilibre entre les 2 héli-mamelles	DES	1 à 4	

L'objectif recherché est :

- un angle du trayon diminué (note plutôt faible).
- un sillon marqué (note plutôt élevée).
- une mamelle qui ne se décroche pas (note plutôt élevée).

Le déséquilibre entre les 2 héli-mamelles est une covariable sanitaire : les brebis à pis déséquilibré (notes 1 et 2) sont éliminées. Ce poste ne fait pas l'objet d'une évaluation

Le pointage de mamelle concerne toutes les brebis de lactation 1.
Les campagnes prises en compte sont les campagnes \geq 2000 (Lacaune).

2. L'ÉVALUATION GÉNÉTIQUE CLASSIQUE

2.1 – LE BLUP MODÈLE ANIMAL

Le modèle animal décrit les facteurs de variation des différents caractères en distinguant la valeur génétique transmissible à estimer, et les facteurs de milieu dont l'effet doit être éliminé. L'index d'un animal découle de l'expression des caractères par les femelles (lactation, CCS, pointages de la mamelle), et de ses relations de parenté avec les autres animaux mâles ou femelles de la population.

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

En effet:

- Toutes les relations de parenté sont utilisées; les animaux apparentés, ascendants descendants ou collatéraux, interviennent d'autant plus qu'ils sont plus proches parents ;
- Les mâles et les femelles sont évalués en même temps ;
- Les effets de milieu sont estimés en même temps que les index de valeur génétique ;
- La sélection laitière des brebis 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 quel que soit leur sexe, leur âge, leur troupeau ou leur région d'origine, ainsi que la mesure du progrès génétique réalisé.

Le calcul des index classiques est réalisé à l'aide du logiciel GENEKIT, quel que soit le caractère.

2.2 – LE MODELE GENETIQUE

2.2.1 – LES CARACTERES LAITIERS

Les caractères laitiers LAIT, QMG, QMP, TB, TP sont évalués selon un BLUP modèle animal, uni-caractère, chaque lactation étant considérée comme un même caractère répété et prenant en compte les hétérogénéités de variance. Le modèle hétérogène inclue les effets suivants sur la variance résiduelle : l'effet fixé année x numéro de lactation (L1, L2, L3+) et l'effet aléatoire troupeau x année x numéro de lactation (L1, L2, L3+), sans autocorrélation.

Les performances sont expliquées 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.

L'hétérogénéité des variances, c'est-à-dire la variabilité des productions selon les années, les numéros de lactation et les troupeaux même après avoir pris en compte les facteurs précédents, est corrigée dans l'évaluation génétique. On considère qu'un écart de valeur génétique entre deux animaux se traduit par un écart de performances différent selon l'environnement où ils produisent. Cet environnement est caractérisé par sa variance résiduelle, calculée par troupeau et par campagne, avec deux composantes : l'une propre au numéro de lactation et l'autre propre au troupeau pour la campagne considérée. Finalement la contribution d'une performance à l'index est la lactation corrigée pour les effets de milieu et ajustée pour l'écart-type résiduel associés au troupeau et à la campagne de la performance. Du fait de leur estimation simultanée, une répartition inégale des filles des béliers selon les troupeaux, les rangs de lactation sera prise en considération au mieux.

Les paramètres génétiques utilisés :

	h²	Répétabilité
LAIT	0,30	0,50
QMG	0,30	0,50
QMP	0,30	0,50
TB	0,35	0,60
TP	0,45	0,70

Les lactations de rang 1 terminées ont un poids de 1 contre un poids inférieur pour les autres lactations de rang supérieur ; en effet ces dernières sont moins héréditaires et ne correspondent pas exactement au même caractère qu'en 1^{ère} lactation. Le tableau suivant récapitule les poids des LAIT, QMG et QMP en fonction du rang de lactation :

Rang de lactation	Poids
1	1
2 ; 3	0,8
4 ; 5	0,6
6 ; 7	0,4
8 ; 9 ; 10	0,2
11 ; 12	0,6
13 ; 14	0,4
15 et +	0,2

Pour les TB et TP, les performances ont le poids de leur lactation s'il y a au moins 3 contrôles brebis. Sinon, le poids est celui de la lactation multiplié par 0,9.

Pour les lactations non terminées, le poids est fonction du bassin, du numéro de lactation et de la durée de traite partielle. Par exemple, une brebis Lacaune en lactation 2 avec une durée de traite partielle de 120 jours aura un poids de 0,91.

Les effets de milieu (fixés) pris en compte pour le LAIT :

Effets	Lacaune	Corse	ROLP
troupeau x année x numéro de lactation (L1, L2, L3+)	X	X	X
âge à la mise-bas x année	X		
âge à la mise-bas (en L1) et intervalle entre mises-bas (L2+) x année			X
mois de mise-bas x année x numéro de lactation	X	X	X
intervalle mise-bas-1 ^{er} contrôle x année x numéro de lactation ((L1, L2, L3+)	X		
numéro de lactation intra année (en éclatant les L3+)		X	X

Les effets de milieu (fixés) pris en compte pour les QMG, QMP, TB, TP :

Effets	Lacaune	ROLP
troupeau x année x numéro de lactation (L1, L2, L3+)	X	X
âge à la mise-bas x année	X	
âge à la mise-bas (en L1) et intervalle entre mises-bas (L2+) x année		X
code combinaison des contrôles brebis x année x numéro de lactation (L1, L2, L3+)	X	X

2.2.2 – LES COMPTAGES DE CELLULES SOMATIQUES DU LAIT

La variable LSCS est évaluée selon un BLUP modèle animal, uni-caractère, chaque lactation étant considérée comme un même caractère répété. Pas de prise en compte les hétérogénéités de variance.

Les paramètres génétiques utilisés :

	h ²	Répétabilité
LSCS	0,13	0,31

Les poids affectés à chaque performance dépendent du nombre de contrôles avec CCS par lactation. A partir de 3 contrôles avec CCS, le poids est de 1. Il varie entre 0,6 et 1.

Les effets de milieu (fixés) pris en compte pour la LSCS :

Effets	Lacaune
troupeau x année x numéro de lactation (L1, L2, L3+)	X
âge à la mise-bas x année	X
mois de mise-bas x année x numéro de lactation	X

2.2.3 – LA MORPHOLOGIE DE LA MAMELLE

Les pointages de mamelles sont évalués selon un BLUP modèle animal, multi-caractère (pour les 3 postes évalués), sans répétition (seules les L1 sont pointées), sans prise en compte des hétérogénéités de variance.

Les paramètres génétiques utilisés (h^2 sur la diagonale, corrélations génétique au-dessus de la diagonale) :

Postes	ANG	SIL	PLJ
ANG	0,33	-0,37	-0,49
SIL		0,26	0,13
PLJ			0,19

Les effets de milieu (fixés) pris en compte pour les caractères de morphologie de la mamelle :

Effets	Lacaune
troupeau x année	X
troupeau x pointeur x écart traite-pointage	X
année x stade lactation x âge à mise-bas	X
année x nombre agneaux nés	X

2.2.4 – LES INDEX COMBINÉS

2.2.4.1 - Index production

Les caractères laitiers peuvent être combinés en un index synthétique appelé index de production ou IPROD.

En Lacaune : **IPROD = 1.2 (LAIT + 26 TB + 56 TP)**

(correspondant à IPROD = 0,5 (QMG + 1.85 QMP) + 1/16 TB + 1/8 TP)

En BB : **IPROD = 1.14 (LAIT + 18 TB + 41 TP)**

(correspondant à IPROD = 0,5 (QMG + 1.85 QMP) + 1/14 TB + 1/7 TP)

En MTN : **IPROD = 1.18 (LAIT + 16 TB + 37 TP)**

(correspondant à IPROD = 0,5 (QMG + 1.85 QMP) + 1/16 TB + 1/8 TP)

En MTR : **IPROD = 1.0 (LAIT + 24 TB + 58 TP)**

(correspondant à IPROD = 0,5 (QMG + 1.85 QMP) + 1/10 TB + 1/5 TP)

2.2.4.2 - Index de synthèse mamelle

Les index élémentaires mamelles sont combinés (en race Lacaune) en un index synthétique appelé index de synthèse mamelle ou IMAM.

2.2.4.3 - Index de synthèse ovin lait ISOL

Races	ISOL
Lacaune	ISOL = 240 * (IPROD / 280 + 0,50 LSCS + 0,50 IMAM) (correspondant à ISOL = IPROD + ½ LSCS + ½ IMAM)
ROLP	ISOL = IPROD
Corse	ISOL = LAIT

2.2.5 – LA PRECISION DES INDEX

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

Le calcul du CD vrai sur de gros fichiers est impossible du fait de limites calculatoires. On calcule donc un CD approché. GENEKIT utilise la méthode de Harris et Johnson (1998). Cette méthode combine l'apport de 3 sources d'information : l'ascendance, les performances propres et la descendance.

Le CD sur performances propres dépend, outre de l'héritabilité et de la répétabilité, du nombre de performances et du poids de chaque performance. Le poids de chaque performance dépend du nombre de contemporaines du troupeau x numéro de lactation.

Le CD sur descendance dépend, outre de l'héritabilité et de la répétabilité, du nombre de descendants et du nombre moyens de performances par descendant. La précision sur les descendants directs est mise à jour avec la précision de chaque descendant, puis petit-descendant, petit-petit descendant, etc.

Le CD sur ascendance dépend de la précision des parents (si les parents sont inconnus, la précision des parents = 0). $CD_{asc} = \frac{1}{4} (R_{père} + R_{mère})$. $R_{père}$ et $R_{mère}$ sont la précision du père et de la mère en excluant la part de la précision liée aux descendants (pour ne pas qu'elle soit comptée 2 fois).

Le CD d'un individu intègre l'ensemble des contributions.

Intervalle de confiance des index ISOL (au risque 5%)

CD lait	Lacaune	ROLP	Corse
0,4	360	240	170
0,5	330	220	150
0,6	300	200	140
0,7	260	170	120
0,8	210	140	100
0,9	150	100	70
0,95	100	70	50

Interprétation : la valeur génétique vraie d'un bélier ou d'une brebis Corse indexé à +400 d'ISOL avec un CD lait (remarque : il faudrait en toute rigueur considérer un CD ISOL ; le CD lait est une approximation raisonnable) de 0.70 se situe entre +280 (400-120) et +520 (400+120) dans 95% des cas. Sa valeur la plus probable est +400. 25 fois sur 1000 elle sera inférieure à +280, et 25 fois sur 1000 elle sera supérieure à +520.

3. LA DIFFUSION DES INDEX

3.1 – LES BASES DE L'INDEXATION

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

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

Bases fixes

Race	Définition de la base fixe	Nombre de brebis
Lacaune	Ensemble des brebis des millésimes 86 à 88, de père connu, connues sur le lait et les taux depuis leur première lactation	68980
ROLP	Ensemble des brebis des millésimes 76 à 85, de père connu, connues sur le lait depuis leur première lactation	18944
Corse	Ensemble des brebis des millésimes 76 à 87, avec au moins une lactation valide (n° de lactation connu de 1 à 10) connue	6586

On définit, pour chaque race, une base mobile pour les brebis et une base mobile pour les béliers.

Bases mobiles brebis

En race Lacaune, la base mobile brebis de l'année N regroupe les brebis de race '010' nées durant les années N-5 à N-3 :

- ayant deux parents connus,
- connues sur le lait et les taux depuis leur première lactation,
- ayant un $CD \geq 0.30$ pour les caractères lait et taux et un $CD \geq 0.20$ pour les CCS.
- pour la base mobile des index mamelles : ayant un pointage.

En race Corse, la base mobile brebis de l'année N regroupe les brebis de race '046' nées durant les années N-6 à N-3 :

- de mère connue,
- connues sur le lait depuis leur première lactation,
- ayant un $CD \geq 0.30$ pour le lait.

En races ROLP, la base mobile brebis de l'année N est calculée intra race ('030'=BB ; '052'=MTN ; '053'=MTR). Elle regroupe les brebis des races concernées nées durant les années N-5 à N-3 :

- ayant la mère connue,
- connues sur le lait et les taux depuis leur première lactation,
- ayant un $CD \geq 0.30$ pour les caractères lait et taux.

Bases mobiles béliers

En race Lacaune, la base mobile béliers de l'année N regroupe les béliers de race '010' nées durant les années N-5 à N-3 :

- ayant deux parents connus,
- ayant un $CD \geq 0.50$ pour les caractères lait et taux et un $CD \geq 0.40$ pour les CCS.
- pour la base mobile des index mamelles : ayant au moins 15 filles avec pointage.

En race Corse, la base mobile béliers de l'année N regroupe les béliers de race '046' nées durant les années N-8 à N-4 :

- ayant deux parents connus,
- ayant un $CD \geq 0.40$ pour le lait.

En races ROLP, la base mobile béliers de l'année N est calculée intra race ('030'=BB ; '052'=MTN ; '053'=MTR). Elle regroupe les béliers des races concernées nées durant les années N-7 à N-4 :

- ayant deux parents connus,
- ayant un $CD \geq 0.40$ pour les caractères lait et taux.

3.2 – LES UNITES DE DIFFUSION DES INDEX

L'index LAIT est diffusé en décilitre

Les index TB et TP sont diffusés en g/l

Les index QMG et QMP ne sont pas diffusés.

L'index IPROD est diffusé en équivalent décilitre.

Les index LSCS sont diffusés en unité d'écart-type génétique, avec inversion de signe (des index élevés correspondent à des animaux avec peu de cellules)

Les index ANG, SIL, PLJ et IMAM sont diffusés en unité d'écart-type génétique, avec inversion de signe pour l'angle (des index élevés correspondent à des animaux avec un trayon plutôt vertical)

L'index ISOL est diffusé en équivalent décilitre.

3.2 – LES INDEX ET ANIMAUX DIFFUSES

3.2.1 – DIFFUSION DES BELIERS

La diffusion des races est permise intra-bassin

Race permise pour le BASSIN '01' : Lacaune (010)

Races permises pour le BASSIN '02' : Sarde (029), Corse (046), croisées Corse x Sarde (083)

Races permises pour le BASSIN '03' : Basco-Béarnaise (030), Manech tête noire (052), Manech tête rousse (053)

Intra-bassin :

Si le millésime est compris entre l'année de traitement – 12 et l'année de traitement – 2 et si le CDLAIT \geq SEUIL1
Diffusion du bélier avec les index LAIT et le CDLAIT.

Si le CDTAUX \geq SEUIL2

Diffusion également des index TB, TP, IPROD et du CDTAUX.

Si le CDCELL \geq SEUIL3

Diffusion également des index LSCS et du CDCELL.

Si le CDMAM \geq SEUIL4 et au moins 5 de filles avec pointage

Diffusion également des index ANG, SIL, PLJ et IMAM et des CDANG, CDSIL, CDPLJ.

Sinon

Pas de diffusion du bélier.

Les seuils de CD :

Bassin	SEUIL1	SEUIL2	SEUIL3	SEUIL4
01	50	50	30	30
02	50			
03	50	50		

3.2.1 – DIFFUSION DES BREBIS

La diffusion des races est permise intra-région

Race permise pour le BASSIN '01' : Lacaune (010)

Races permises pour le BASSIN '02' : Sarde (029), Corse (046), croisées Corse x Sarde (083)

Races permises pour le BASSIN '03' : Manech (027), Basco-Béarnaise (030), Manech tête noire (052), Manech tête rousse (053)

Intra race

Si la date de mise-bas est supérieure à (date du jour – 600 – durée dernière lactation) et si le CDLAIT \geq 30
Diffusion de la brebis avec uniquement l'index LAIT et le CDLAIT.

Si la somme des poids sur les taux $>$ 0

Diffusion également des index TB, TP, IPROD et du CDTAUX.

Si le CDCELL \geq SEUIL3

Diffusion également des index LSCS et du CDCELL.

Si la brebis a un pointage

Diffusion également des index ANG, SIL, PLJ et IMAM et des CDANG, CDSIL, CDPLJ.

Sinon

Pas de diffusion de la brebis.

Les seuils de CD pour la diffusion :

Bassin	SEUIL1	SEUIL3
01	30	15
02	28	
03	25	

4. EVALUATION GENOMIQUE

4.1 – LE CONTEXTE DE SELECTION GENOMIQUE EN OVINS LAITIERS

La disponibilité en 2009 de la puce « OvineSNP50® » d'Illumina et la stimulation exercée par le contexte foisonnant en bovins laitiers ont poussé les acteurs de la génétique ovine laitière française à mettre en œuvre, à partir de 2010, une série de programmes de recherche x développement pour évaluer la faisabilité de la sélection génomique (SG) dans leurs races. Outre la bonne à très bonne efficacité des schémas de sélection français, la structuration de la recherche x développement articulée dans un continuum étroit avec la profession (l'INRA et l'Institut de l'Elevage, regroupés au sein de l'UMT génétique des petits ruminants et des professionnels motivés au sein du CNBL) constituaient un atout indéniable. Divers programmes, d'ampleur et de nature diverses, ont été complémentaires et ont permis l'investissement initial (population de référence et ingénierie) indispensable pour entrer dans le vaste univers de la SG : il s'agit des programmes SheepSNPQTL (ANR-Apis-Gene), Roquefort'in (FUI, labellisé au pôle de compétitivité Agrimip Innovation), Genomia (programme de coopération transfrontalière Poctefa), Genovicap (CASDAR), Degeram « Lacaune lait » (porté par le CORAM), Cosegov (action innovante FGE). Ces différents programmes, par leurs financements conséquents pour les principaux et leur complémentarité ont permis au final i) de constituer des populations de référence fondées sur les béliers d'IA, ii) d'étudier la précision des prédictions génomiques, iii) de réaliser une expérimentation de SG, iv) de concevoir des schémas de SG adaptés aux spécificités génétiques et physiologiques (IA en semence fraîche) des ovins laitiers, et chiffrer les variations de coût par rapport aux schémas classiques, v) de réfléchir aux évolutions organisationnelles et de les anticiper.

Les ovins laitiers ont basculé ou sont en passe de basculer vers la sélection génomique. La race Lacaune a franchi le pas lors de la campagne 2015 (choix des jeunes béliers de millésime 2015 réalisé après pré-sélection génomique). Les races pyrénéennes envisagent de passer en schéma génomique en 2017. Le gain annuel de progrès génétique devrait être de 15 % supérieur à ce qu'il est/était avec la sélection classique et la sélection de nouveaux caractères en sera facilitée.

L'effort de génotypage pour constituer les populations de référence s'est concentré sur les béliers d'IA mis en testage et disposant d'un nombre de filles suffisant (au moins 10 filles connues sur le lait et 10 filles connues sur les taux). Finalement, en 2015, les 5 races Lacaune, MTR, BB, MTN et Corse ont une population de référence constituée (tableau ci-après). Elles sont à jour en Lacaune et Corse, alors qu'en ROLP, leur mise à jour sera réalisée en 2016 grâce au projet GENOPYR visant à préparer le déploiement de la SG en 2017.

Populations génotypées et population de référence dans les races ovines laitières françaises en 2015

Races	Béliers génotypés	Nb de béliers génotypés avec filles	Profondeur population référence	1 ^{er} millésime complet	dernier millésime avec filles
Lacaune	8305	4716	1996-2015	2003	2013
BB	562	562	1999-2012	1999	2012
MTN	330	330	1996-2007	1996	2007
MTR	1422	1422	1998-2009	2000	2009
Corse	490	197	2001-2015	2005	2012

La profession ovine laitière a conventionné avec la SAS Valogène pour la gestion des génotypages, depuis la commande des puces à la société Illumina, les relations avec le laboratoire d'analyse (Labogéna actuellement) et la gestion des données de génotypages. La chaîne de traitement des génotypages a été construite dans le cadre du projet Roquefort'in et permet d'obtenir, à partir des fichiers bruts en sortie du laboratoire d'analyse, un fichier par race élaboré pour l'indexation génomique. Les échantillons présentant un taux de génotypage (ou « call rate ») inférieur à 97% ou une incompatibilité de parenté sont éliminées. Les marqueurs présentant une fréquence de l'allèle mineur < 1% ou un déséquilibre de Hardy-Weinberg significatif ($P < 10^{-5}$) (estimé par le logiciel « Frequency ») sont éliminés. L'imputation des SNP incomplets est réalisée avec le logiciel « Beagle » (Browning et Browning 2007). Début 2015, les génotypages disponibles pour l'évaluation incluaient 39216 SNP.

4.2 – L'ÉVALUATION GENOMIQUE EN OVINS LAITIERS

Au plan de l'évaluation génétique, les ovins laitiers ont choisi de mettre en place un GBLUP en une étape (ssGBLUP pour single step GBLUP) (Legarra et al 2014), basé sur les performances brutes des animaux (performances utilisées dans les évaluations génétiques classiques). Cette méthode est une combinaison « en une étape » du BLUP modèle animal classique avec le GBLUP (Legarra et al, 2009 ; Misztal et al, 2009). Les différents programmes utilisés proviennent du package BLUPf90 (Misztal et al 2002 ; Aguilar et al 2010,2011), et plus spécifiquement les logiciels blup90iod2, pregsf90 et accf90. Les coefficients de détermination (CD) des index ssGBLUP ont été calculés, selon la méthode approchée proposée par Misztal et al (2013a) programmée dans le logiciel accf90.

Les effets « groupes de parents inconnus » ont été intégrés en incluant explicitement dans le modèle des covariables correspondant à la contribution de chaque groupe (Misztal et al 2013b). Les mêmes 22 groupes de parents inconnus que dans l'évaluation classique, définis sur la base de l'année de naissance uniquement, ont ainsi été pris en compte.

L'évaluation génomique ssGBLUP s'appuie sur les mêmes données de performance et de généalogie en entrée que l'évaluation classique, les mêmes paramètres génétiques et le même modèle d'évaluation. Les génotypages sont issus de la chaîne de traitement des génotypages bruts conçus par l'INRA et idele et mis en œuvre par Valogène. La seule différence consiste dans l'analyse uni-caractère des variables de morphologie de la mamelle (au lieu de l'analyse multi-caractère mise en œuvre en évaluation classique).

Seuls les béliers collectifs (prélevés dans le cadre des schémas de sélection) peuvent être génotypés. Le service de génotypage et indexation génomique n'est pas ouvert, à l'heure actuelle, aux brebis et aux béliers des élevages. Toutefois, parmi les béliers collectifs, ceux qui ne sont pas conservés pour l'IA, sont vendus à la diffusion nantis de leur index génomique (en Lacaune sous forme de note +, ++, +++).

4.3 – LA DIFFUSION DES INDEX GENOMIQUES EN OVINS LAITIERS

La définition des bases fixes et mobiles est identique.

Concernant les populations éditées :

-l'édition des brebis et des béliers avec filles répond aux mêmes règles en situation génomique et en situation classique.

-par rapport à l'évaluation classique, les béliers sans filles génotypés sont diffusés aux ES et OS concernés. Parmi eux, les béliers du millésime le plus récent (exemple : le millésime 2015 à la campagne 2015) ne sont pas diffusés dans SIEOL.

En race Lacaune, depuis 2015, seuls les index génomiques sont diffusés. Les index classiques ne sont calculés que pour comparaison et validation. Outre les 5 traitements officiels d'indexation, des traitements sont réalisés lors des arrivées de génotypages : ceux-ci ne sont pas réalisés au fil de l'eau, mais en masse. En 2015, 2 évaluations génomiques ont ainsi permis de diffuser les index génomiques des jeunes béliers venant d'être génotypés (février et mai 2015)

5. LES ENTREPRISES ET ORGANISMES DE SELECTION

Elles sont désignées par les codes suivants :

O501	CONFEDERATION de Roquefort Service Elevage	36 avenue de la République tel 05-65-59-22-00	BP 40348	12103	Millau cedex elevage@roquefort.fr
O502	OVI-TEST	Route d'Espalion tel 05-65-67-89-40	Les Balquières	12850	Onet-le-Chateau www.lacaune-ovitest.com ovitest@unotec.net
O503	CDEO	Quartier Ahetzia tel 05-59-28-87-05		64130	Ordiarp centreovin@ccdeo-ordiarp.fr
O506	CORSIA	RN 200 tel 04-95-57-10-91		20270	Aleria cooperative.corsia@gmail.com
O310	OS Upra Lacaune	Carrefour de l'Agriculture tel 05-65-73-78-14		12026	Rodez cedex 9 upralacaune@race-lacaune.fr
O327	OS ROLP	Quartier Ahetzia tel 05-59-28-87-05		64130	Ordiarp centreovin@ccdeo-ordiarp.fr
O346	OS Brebis Corse	RN 200 tel 04-95-57-10-91		20270	Aleria uprabrebiscorse@worldonline.fr

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Aguilar I., Misztal I., Johnson DL., Legarra A., Tsuruta S., Lawlor TJ., 2010. Hot topic: a unified approach to utilize phenotypic, full pedigree and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. *J. Dairy Sci.*, 93, 743-752.
- Aguilar I., Misztal I., Legarra A., Tsuruta S., 2011. Efficient computation of the genomic relationship matrix and other matrices used in single-step evaluation. *J. Anim. Breed. Genet.*, 128, 422-428.
- Astruc J.M., Barillet F., 2004. Current challenge for milk recording in dairy sheep and goats : the simplification of milk sampling design for chemical composition and somatic cell counts of milk. In: Proceedings 34th Biennial Session of the International Committee for Animal Recording (ICAR), vol. 113, Sousse, Tunisia, EAAP Publication, pp.315-322.
- Astruc J.M., Lagriffoul G., Larroque H., Legarra A., Moreno C., Rupp R., Barillet F., 2010. Use of genomic data in French dairy sheep breeding programs: results and prospects. Proc. 37ème session d'ICAR, Riga, Lettonie. ICAR, Rome, Italie.
- Astruc J.M., Baloche G., Larroque H., Beltran de Heredia I., Labatut J., Lagriffoul G., Moreno C., Robert-Granié C., Boscher M.Y., Chantry-Darmon C., Aguerre X., Boulenc P., Frégeat G., Giral-Viala B., Guibert P., Panis P., Soulas, Barillet F., Legarra A., 2012. La sélection génomique des ovins laitiers en France: stratégie, premiers résultats des évaluations génomiques et perspectives. *Renc. Rech. Ruminants*, 19, 81-84.
- Astruc J.M., Baloche G., Barillet F., Legarra A., 2014. Genomic evaluation validation test proposed by Interbull is necessary but not sufficient because it does not check the correct genetic trend. 39th ICAR session. Berlin, Allemagne.
- Astruc J.M., Baloche G., Buisson D., Labatut J., Lagriffoul G., Larroque H., Robert-Granié C., Legarra A., Barillet F., 2016. La sélection génomique des ovins laitiers en France. INRA Productions Animales, à venir en 2016.
- Baloche G., Legarra A., Sallé G., Larroque H., Astruc J.M., Robert-Granié C., Barillet F., 2014a. Assessment of accuracy of genomic prediction for French Lacaune dairy sheep. *J. Dairy Sci.*, 97, 1107-1116
- Baloche G., Astruc J.M., Boulenc P., Giral-Viala B., Guibert P., Panis P., Legarra A., Barillet F., 2014b. Genomic selection experiment in Lacaune dairy sheep: progeny test results of rams initially selected either on parent average or on genomic prediction. Proceedings of the 10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production, Vancouver, 335
- Barillet F. 1985. Amélioration génétique de la composition du lait des brebis : l'exemple de la race Lacaune. Thèse de Docteur-Ingénieur, INA Paris-Grignon, 144 pp., Paris.
- Barillet, F., 1997. Genetics of milk production, Chap 20. In: Piper, I., Ruvinsky, A. (Eds.), *The Genetics of Sheep*. CAB International, pp. 539-564.
- Barillet F., Baloche G., Lagriffoul G., Larroque H., Robert-Granié C., Legarra A., Astruc J.M., 2012. Genomic selection in French Lacaune and Manech dairy sheep breeds: comparison of BLUP and GBLUP accuracies. Proc. 38ème session d'ICAR, Cork, Irlande. ICAR, Rome, Italie.
- Barillet F., Astruc J.M., Baloche G., Buisson D., Lagriffoul G. et al., 2014a. Genomic selection in French dairy sheep: main results and design to implement genomic breeding schemes. 39th ICAR session. Berlin, Allemagne.
- Barillet F., Baloche G., Buisson D., Lagriffoul G., Aguerre X., Boulenc P., Fidele F., Frégeat G., Giral-Viala B., Guibert P., Panis P., Soulas C., Robert-Granié C., Larroque H., Legarra A., Astruc J.M., 2014b. Sélection génomique en ovins laitiers en France: principaux résultats et conception pour la mise en place de schémas de sélection génomique. 21èmes Renc. Rech. Ruminants, 21, 249-252.
- Barillet F., Lagriffoul G., Marnet P.G., Larroque H., Rupp R., Portes D., Bocquier F., Astruc J.M., 2016. Objectif de sélection et stratégie raisonnée de mise en œuvre à l'échelle des populations de brebis laitières françaises. INRA Productions Animales, à venir en 2016.
- Boichard D et al (1995). Three methods to validate the estimation of genetic trend in dairy cattle. *J Dairy Sci.*, 78, 431-437
- Browning SR., Browning BL., 2007. Rapid and accurate haplotype phasing and missing-data inference for whole-genome association studies by use of localized haplotype clustering. *Am. J. Hum. Genet.*, 81, 1084-1097.
- Buisson D., Lagriffoul G., Baloche G., Aguerre X., Boulenc P., Fidele F., Frégeat G., Giral-Viala B., Guibert P., Panis P., Soulas C., Astruc J.M., Barillet F., 2014. Genomic breeding schemes in French Lacaune and Manech dairy sheep: design and expected genetic gain. In: Proceedings of the 10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production. Vancouver, 898.

- Duchemin S.I., Colombani C., Legarra A., Baloche G., Larroque H., Astruc J.M., Barillet F., Robert-Granié C., Manfredi E., 2012. Genomic selection in the French Lacaune dairy sheep breed. *J. Dairy Sci.*, 95, 2723-2733.
- Idele et CNBL, 2015. Groupe génétique du CNBL : journées des 15 et 16 octobre 2014. Collection Résultats. Comptendu n° 00 15 202 001, janvier 2015.
- Labatut J., Astruc J.M., Barillet F., Boichard D., Ducrocq V., Griffon L., Lagriffoul G., 2014. Implications organisationnelles de la sélection génomique chez les bovins et ovins laitiers en France : analyses et accompagnement. *INRA Prod. Anim.*, 27, 303-316.
- Larroque H., Barillet F., Baloche G., Astruc J.-M., Buisson D., Shumbusho F., Clément V., Lagriffoul G., Palhière I., Rupp R., Carillier C., Robert-Granié C., Legarra A., 2014. Toward genomic breeding programs in French dairy sheep and goats. In: *Proceedings of the 10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production*. Vancouver, 332.
- Legarra A., Aguilar I., Misztal I., 2009. A relationship matrix including full pedigree and genomic information. *J. Dairy Sci.*, 92, 4656-4663.
- Legarra A., Baloche G., Barillet F., Astruc J.M., Soulas C., Aguerre X., Arrese F., Mintegi L., Lasarte M., Maeztu F., Ugarte E., 2014. Within- and across-breed genomic predictions and genomic relationships for Western Pyrenees dairy sheep breeds Latxa, Manech, and Basco-Béarnaise. *J. Dairy Sci.*, 97, 3200-3212
- Marie-Etancelin, C., Astruc, J.M., Porte, D., Larroque, H., Robert-Granié, C., 2005. Multiple-trait genetic parameters and genetic evaluation of udder-type traits in Lacaune dairy ewes. *Livest. Prod. Sci.* 97, 211-218.
- Misztal I., Tsuruta S., Strabel T., Auvray B., Druet T., Lee D.H., 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). *Proc. 7th WCGALP*, Montpellier, France. CD-ROM communication 28:07
- Misztal, I., Legarra, A., Aguilar, I., 2009. Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. *J Dairy Sci.*, 92, 4648-4655
- Misztal I., Tsuruta S., Aguilar I., Legarra A., Van Raden P.M., Lawlor T.J., 2013a. Methods to approximate reliabilities in single-step genomic evaluation. *J. Dairy Sci.*, 96, 647-654.
- Misztal I., Vitezica Z.G., Legarra A., Aguilar I., Swan A.A., 2013b. Unknown-parent groups in single-step genomic evaluation. *J. Anim. Breed. Genet.*, 130, 252-258.
- Robert-Granié C., Bonaïti B., Boichard D., Barbat A. 1999. Accounting for variance heterogeneity in French dairy cattle genetic evaluation. *Livest. Prod. Sci.*, 60, 343-357
- Robert-Granié C., Legarra A., Ducrocq V., 2011. Principes de base de la sélection génomique. *INRA Prod. Anim.*, 24, 331-340
- Rupp, R., Lagriffoul, G., Astruc, J.M., Barillet, F., 2003. Genetic parameters for milk somatic cell scores and relationships with production traits in French Lacaune dairy sheep. *J. Dairy Sci.* 86, 1476-1481.
- Shumbusho F., Raoul J., Astruc J.M., Palhière I., Elsen J.M., 2013. Potential benefits of genomic selection on genetic gain of small ruminant breeding programs. *J. Anim. Sci.*, 91, 3643-3656
- Shumbusho F., Raoul J., Astruc J.M., Palhière I., Lemarié S., Fugeray-Scarbel A., Elsen J.M., 2015. Economic evaluation of genomic selection in small ruminants: a sheep meat breeding program. *Animal* 2015 Oct 8:1-9. Epub 2015 Oct 8.

