

Indexation Bovine Laitière

Note d'information aux organisations génétiques des bovins laitiers



IBL n° 2020-7
13/11/2020
Référence n°0020202046

Sommaire :

1. Méthode d'évaluation
2. Précision des index
3. Comparaison des index génomiques et polygéniques des vaches
4. Variations des index et reclassement des vaches
5. Règles de publication

Officialisation des index génomiques pour les femelles Simmental

Suite à la demande de l'OS Simmental, la première publication officielle d'index génomiques pour des femelles génotypées Simmental a eu lieu en Novembre 2020. Ces nouveaux index permettent d'avoir une précision accrue par rapport aux index polygéniques, notamment grâce à l'intégration des index génomiques allemands convertis pour les mâles.

1. Méthode d'évaluation

L'index génomique résulte de la somme des effets des marqueurs attribués à l'animal complétée par une composante polygénique. Ces effets sont estimés grâce à une population de référence composée d'individus (mâles et femelles Français et mâles étrangers indexés en Allemagne) génotypés en France ayant des performances. La performance utilisée diffère selon le caractère et l'individu :

- pour les femelles FR : performances corrigées
- pour les taureaux FR : déviations moyennes des filles des taureaux (tous caractères sauf LGF) ou index polygéniques Français dérégressé (caractère LGF)
- pour les mâles étrangers : index polygéniques ou génomiques allemands dérégressés (parmi les mâles génomiques allemands une centaine sont des candidats donc sans fille en Allemagne).

Si un mâle étranger possède à la fois un index allemand et un DYD Français, sa performance utilisée sera celle avec la meilleure précision (CD le plus élevé).

Tableau n°1 : Effectifs de la population de référence au t2030 :

	♂ FR	♀ FR	♂ DEU	TOTAL population de référence
LAIT	570	1459	399	2428
CELL	570	1515	397	2482
MACL	714	1375	0	2089
FERG	723	1423	0	2146
FERV	552	1281	303	2136
LGF	413	0	0	413
HSAM / MUSC	533	1317	400	2250

Lors du traitement 2030, les génotypages de 3 666 animaux de race Simmentale étaient disponibles.

2. Précision des index

Les caractères indexés en génomique pour les femelles Simmental sont présentés dans le tableau ci-dessous. Par rapport à l'indexation classique, on peut voir que l'évaluation des femelles a permis une augmentation de la précision de ces index. Pour les index fonctionnels, on passe à un CD aux alentours de 40 contre un CD aux alentours de 30 pour l'indexation polygénique. Concernant les caractères de production laitière, de cellules et de morphologie, cette précision est accrue par un gain de plus d'une dizaine de points de CD.

Tableau n°2 : Présentation des caractères indexés en génomiques pour les Simmental femelles et leur précision moyenne :

Caractères indexés en génomique	Effectif	CD des index génomiques des femelles Simmental (t2030)	CD des index polygéniques des femelles Simmental (t2030)
Production laitière	1403	72	54
Cellules	1318	56	43
Fertilité vache	1746	42	27
Longévité	1746	36	36
Mammites	1746	40	38
Morphologie	1284	60	50

3. Comparaison des index génomiques et polygéniques des vaches

Les index moyens génomiques et polygénomiques sont assez proches pour les caractères fonctionnels ou la morphologie. En revanche, les index génomiques de production subissent une baisse un peu plus forte, notamment pour l'index lait, comme présenté dans le tableau ci-dessous.

Tableau n°3 : Moyenne des index génomiques et moyenne des écarts avec les index polygénomiques :

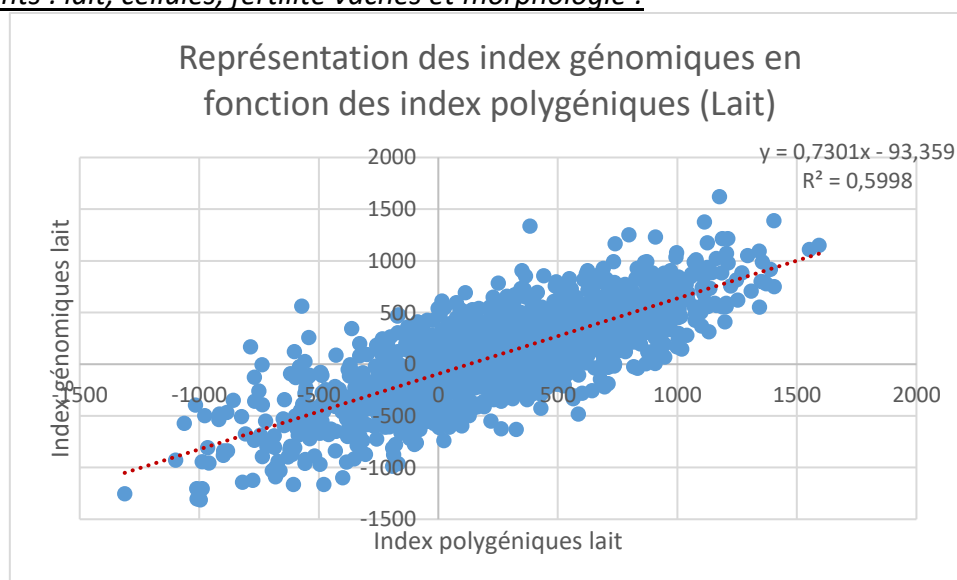
Caractères indexés en génomique	Effectif	Moyenne des index génomiques femelles	Moyenne des écarts entre les index polygénomiques et génomiques
Lait	1403	101	-165
MG	1403	6	-7.6
MP	1403	4.3	-6.3
TB	1403	0.37	-0.04
TP	1403	0.16	-0.11
Cellules	1318	0.05	-0.08
Fertilité vache	1746	0.1	-0.05
Longévité	1746	0.04	-0.2
Mammites	1746	-0.10	-0.05
Morphologie	1284	101.5	-2

4. Variations des index et reclassements des vaches

Le passage en indexation génomique s'accompagne de variations individuelles qui sont présentées dans les graphiques et le tableau suivants. La hiérarchie des animaux s'en trouve donc modifiée, plus particulièrement en ce qui concerne les caractères fonctionnels, moins héritables.

Ces variations observées, liées à un changement méthodologique, traduisent une augmentation de la précision des index, comme présenté dans le tableau n°1, et une suppression de risques de biais liés à des événements individuels non pris en compte par l'évaluation polygénomique (traitements particuliers, accidents). Les femelles les plus affectées sont celles dont les index polygénomiques étaient plus élevés. C'est un phénomène habituel : une femelle parmi les meilleures a statistiquement plus de risques d'être reclassée à la baisse plutôt qu'à la hausse. Enfin, avec des précisions plus homogènes entre caractères, le classement sur l'ISU génomique augmentera l'influence des aptitudes fonctionnelles et reflètera mieux les orientations raciales.

Graphiques 1 à 4 : Représentation des index génomiques en fonction des index polygénomiques pour les caractères suivants : lait, cellules, fertilité vaches et morphologie :



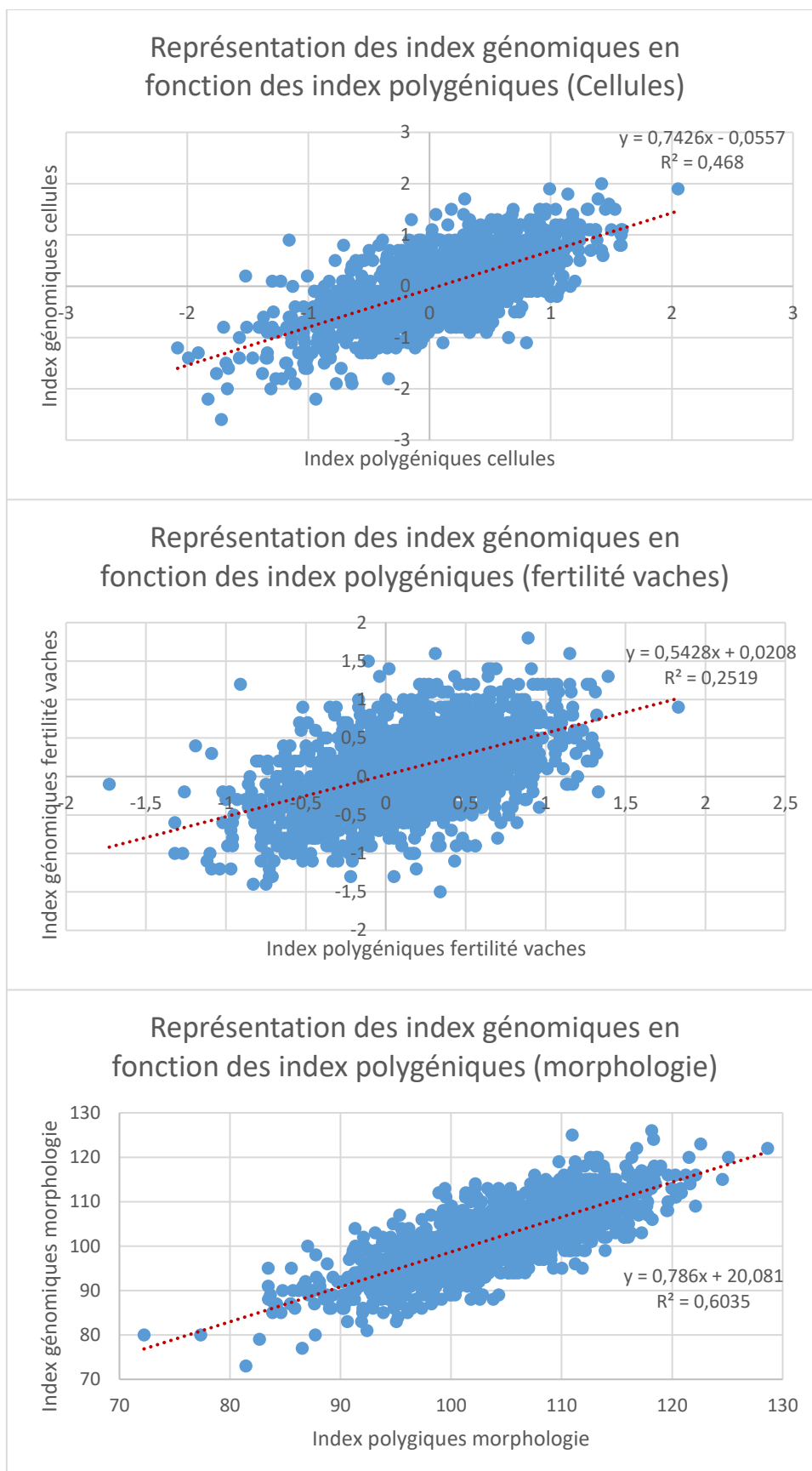


Tableau n°4 : Corrélations entre les index génomiques et les index polygéniques :

Caractères indexés en génomique	Effectif	Moyenne des index génomiques femelles
Lait	1403	0.77
MG	1403	0.81
MP	1403	0.81
TB	1403	0.85

TP	1403	0.82
Cellules	1318	0.68
Fertilité vache	1746	0.50
Longévité	1746	0.46
Mammites	1746	0.41
Morphologie	1284	0.78

5. Règles de publication

Les index génomiques sont privilégiés par rapport aux index polygéniques. Pour tous les caractères, le CD minimum à respecter est de 0.30.