

# Indexation Bovine Laitière

Note d'information aux organisations génétiques des bovins laitiers



IBL n° 2015-5  
09/04/2015  
Référence n°0015202010

## Sommaire :

### La nouvelle méthode française d'évaluation génomique

L'évaluation génomique des races laitières principales a été officialisée en France en juin 2009. Il s'agissait alors d'une sélection assistée par marqueurs (SAM2) qui suivait au plus 40 QTL contribuant à 35 à 45 % de la variance génétique d'un caractère. Le passage à la sélection génomique en juin 2010 a constitué une évolution significative puisqu'elle considérait jusqu'à 700 QTL expliquant 45-50 % de la variance génétique pour les races nationales et 55-60 % pour la Holstein. Ce modèle a été appliqué aussi à la race brune en juin 2014.

La méthode d'indexation génomique mise en place en avril 2015 constitue un saut qualitatif de la même ampleur, avec des changements sensibles dans l'indexation des reproducteurs. L'évaluation génomique d'autres races laitières (Abondance, Tarentaise, Vosgienne, Simmental), prévue en juin 2015 à titre expérimental, devrait se fonder sur le même modèle, proche de celui des races montbéliarde et normande.

## 1- METHODE D'EVALUATION GENOMIQUE

### 1.1- Accroissement des populations de référence

L'évaluation génomique en 2009 était initialement fondée sur une population de référence constituée de taureaux français génotypés et testés sur descendance en races Holstein, Montbéliarde et Normande. En races Holstein et Brune, grâce aux consortia Eurogenomics et Intergenomics, ces populations de référence ont été fortement accrues en ajoutant des taureaux étrangers génotypés et évalués par Interbull. Il en a résulté une forte augmentation de la précision des index génomiques. Mais en races Montbéliarde et Normande, le nombre de taureaux de référence restait limité par le nombre de mâles mis en service chaque année. Or le génotypage des femelles dans les élevages s'est développé rapidement depuis 2011, de sorte qu'on dispose depuis 2014 d'un nombre important de femelles génotypées avec performances. Même si une femelle est moins informative qu'un taureau évalué, leur nombre croissant justifie de les prendre en compte car elles peuvent augmenter fortement la précision des indexations. Par ailleurs, quelle que soit la race concernée, le nombre de taureaux disponibles dans la population de référence s'est lui aussi accru.

Un des enjeux de la nouvelle évaluation génomique a été de valoriser toute cette information nouvelle pour améliorer la détection des QTL influençant les caractères d'intérêt et accroître ainsi la précision des évaluations génomiques.

Effectif des populations de référence

Populations de référence	2010	2015	
	avec données production & cellules	avec données production & cellules	Avec données de morphologie
Holstein	16000 taureaux	30700 taureaux	30060 taureaux
Montbéliarde	1500 taureaux	2650 taureaux 22000 vaches	2620 taureaux 17500 vaches
Normande	1250 taureaux	2330 taureaux 11800 vaches	2230 taureaux 7950 vaches
Brune	-	6015 taureaux	5591 taureaux

## 1.2- Méthodologie de l'évaluation génomique

L'effort a porté sur la réduction des temps de calcul en amont de l'indexation (imputation et phasage, vérification des incompatibilités mendéliennes, extraction des haplotypes), la rénovation des listes de QTL pour chaque caractère et le calcul des index génomiques proprement dits.

Le modèle d'évaluation précédent supposait l'estimation conjointe de plusieurs centaines de QTL, suivis par des haplotypes de 3 à 5 SNP, et de quelques milliers d'effets polygéniques résiduels à partir des données de la population de référence. Ces performances sont à présent:

- pour les femelles: les « YD » (yield deviations) qui sont les performances corrigées pour tous les effets non génétiques de l'évaluation classique ;
- pour les taureaux français et les caractères décrits par des modèles linéaires : les « DYD » (Daughter Yield deviations), c'est-à-dire la moyenne des YD des filles qui ne sont pas individualisées par leur propre YD dans la population de référence ;
- pour les taureaux étrangers ou français, lorsque les caractères ne sont pas décrits par un modèle linéaire (cas de la longévité, des facilités de naissance...) : les index dérégressés (IDR, équivalents à des DYD).

A chaque mesure est associé un poids qui dépend de l'héritabilité, de la répétabilité du caractère et du nombre de performances (nombre de mesures, nombre de filles ou CD sur descendance pour les index dérégressés). Lorsqu'un taureau a des milliers de filles adultes, son poids sera très élevé au regard du poids d'une femelle ayant une performance propre. Pour éviter ce contraste trop important, les poids de ces animaux ont été bornés à ceux d'un CD de 0.99.

Le logiciel utilisé jusqu'alors (BLUP-QTL) était adapté à ce contexte mais son utilisation allait devenir problématique à terme avec l'augmentation rapide du nombre d'animaux génotypés. Des travaux de recherche de l'UMT3G, en particulier ceux ayant conduit à la publication « Genomic evaluation using QTL Information » au congrès mondial de génétique de Vancouver en 2014, ont conduit à privilégier un modèle légèrement différent dans lequel :

- le nombre de QTL par caractère est fortement augmenté, à 3000 QTL pour la plupart d'entre eux. Ces QTL sont détectés à partir d'une méthodologie plus fine (« Bayes Cpi », méthode Bayésienne considérant tous les QTL en même temps et non plus un par un) ;
- ces QTL sont suivis par des haplotypes de 4 SNP dont la construction a été optimisée pour privilégier une meilleure estimation des allèles des haplotypes. A chaque QTL est attribuée une variance génétique identique. De fait, certains QTL à fort effet sont suivis simultanément par plusieurs SNP détecté par le Bayes Cpi, et donc par plusieurs haplotypes, ce qui augmente d'autant leur contribution aux index génomiques ;
- l'effet polygénique résiduel, qui représente les effets génomiques non détectés par des QTL, c'est-à-dire la somme d'un grand nombre de petits QTL aux effets trop faibles pour être détectés, est toujours supposé suivre une loi normale. Mais sa variabilité ne dépend plus d'une matrice de parenté établie sur pedigree mais d'une matrice de parenté génomique basée sur la similarité des génotypes des animaux pris deux à deux.

Le modèle choisi s'écrit toujours sous la forme :

**(D)YD ou IDR = somme des effets de N haplotypes + effet polygénique résiduel + terme résiduel**

N est en moyenne multiplié par 6 par rapport à l'ancien modèle et la variabilité des effets polygéniques résiduels dépend des génotypes. En pratique, c'est un modèle différent mais totalement équivalent qu'on utilise :

**(D)YD ou IDR = somme des effets de N haplotypes + somme de M effets de SNP + terme résiduel**

En pratique les M SNP retenus sont ceux de la puce LD parce qu'ils ont des propriétés intéressantes (fréquences alléliques optimales, bonne répartition sur le génome, disponibilité pour tous les animaux sans nécessité de les imputer). Il en résulte un système d'équations de dimension constante quel que soit le nombre d'animaux génotypés.

Un nouveau logiciel a été écrit pour résoudre ce système en optimisant l'utilisation des ressources informatiques. Cette approche conduit à une réduction très importante des temps de calcul, compatible avec l'évaluation de centaines de milliers d'animaux.

L'idée sous-jacente au développement de ce nouveau modèle consiste à conserver les points forts de notre ancien modèle tout en renforçant ses points faibles. Schématiquement, l'ancien outil était parfaitement adapté à la modélisation des gros et moyens QTL grâce à l'utilisation d'haplotypes avec une part de variance adaptée. C'est le point faible du GBLUP, méthode très utilisée à l'international, qui inclut dans le modèle l'ensemble des marqueurs disponibles sur la puce avec une variance partagée par tous les marqueurs. Un QTL a donc une variance associée plus importante dans le modèle français que dans un GBLUP. Pour les petits QTL, l'ancien modèle présentait des limites car leur effet cumulé n'était représenté que par un effet polygénique résiduel auquel était associée une matrice de parenté généalogique (nécessitant par conséquent un pedigree bien connu pour être efficace). Pour contrer ce problème, la matrice de parenté généalogique associée à l'effet polygénique résiduel a été remplacée par une matrice de parenté génomique calculée à partir des marqueurs de la puce LD.

En résumé, le nouveau modèle présente une bonne efficacité d'estimation des effets QTL quelle que soit leur taille. Par ailleurs, l'utilisation de la puce LD est totalement compatible avec la chaîne de production des indicateurs provisoires IPVGeno, ce qui les rapproche des indexations officielles. Enfin le nouveau modèle se rapproche d'un GBLUP ce qui doit renforcer la cohérence entre les nouveaux index génomiques et ceux des autres pays. La spécificité française privilégiant l'utilisation d'haplotypes est cependant conservée car elle garantit une meilleure stabilité des évaluations d'une génération à la suivante et prépare une évolution future vers l'inclusion de mutations causales dans le modèle d'évaluation.

### **1.3- Prise en compte des performances des femelles génotypées**

Les performances des femelles influencent désormais directement leur index génomique propre. Mais cette prise en compte se fait selon deux modalités : soit elle est restreinte à la femelle elle-même ; soit elle contribue, en intégrant la population de référence, à l'estimation des effets génomiques et diffuse vers tous les apparentés, à hauteur de l'identité des QTL suivis et des SNP, et en particulier vers les jeunes descendants sans performances des deux sexes.

#### **1.3.1- Avec inclusion dans la population de référence (races nationales)**

Le développement du génotypage des femelles permet un gain réel d'efficacité. L'apport de leurs performances est intéressant surtout pour les caractères héritables, ceux de la production laitière, de la morphologie et les comptages cellulaires. Pour les caractères fonctionnels comme la fertilité, les mammites cliniques..., l'impact des performances des femelles serait faible au niveau racial ou individuel.

Le tableau suivant montre que pour la production laitière quantitative ( $h^2=0.30$ ,  $CD=0.70$ , soit une équivalence de 1 mâle avec descendance pour 5.4 vaches avec performance) cela multiplie la population utile des races montbéliardes et normande par 2.5 et 1.9 respectivement. Par contre pour la facilité de vêlage par exemple ( $h^2=0.05$ ,  $CD=0.60$ , soit une équivalence de 1 taureau pour 28.5 vaches) l'augmentation aurait été d'un facteur 1.3 et 1.2 seulement.

CD taureau hors ascendance	$h^2=0.05$	$h^2=0.1$	$h^2=0.2$	$h^2=0.3$	$h^2=0.4$	$h^2=0.5$
0.40	12.7	6	2.7	1.6	1	0.7
0.50	19	9	4	2.3	1.5	1
0.60	28.5	13.5	6	3.5	2.3	1.5
0.70	44.3	21	9.3	5.4	3.5	2.3
0.80	76	36	16	9.3	6	4
0.90	171	81	36	21	13.5	9

### 1.3.2- Sans inclusion dans la population de référence (races internationales)

Pour les races internationales à grands effectifs (Holstein et Brune) l'inclusion des femelles est moins nécessaire et techniquement plus compliquée à court terme car elle augmenterait beaucoup les temps de calcul. Par ailleurs les consortia internationaux auxquels nous participons ont décidé de ne pas inclure des performances des femelles, possiblement soumises à des traitements préférentiels ou simplement mal connues pour les vaches étrangères, afin de ne pas biaiser l'estimation des effets génomiques et de ne pas handicaper les animaux d'origine étrangère.

Pour la prise en compte des performances, on a préféré une approche de type « blending » qui intervient après l'indexation génomique proprement dite. Le « blending » est la combinaison de l'index génomique initial et de la performance moyenne corrigée des effets fixes selon la théorie des index de sélection. Il n'a aucun impact sur les animaux apparentés et en particulier les jeunes descendants des deux sexes. Cette évolution n'apporte donc une information qu'à la vache elle-même. Au-delà de l'augmentation générale des CD amenée par la méthode et visible sur les femelles sans performances, l'augmentation moyenne de CD apportée par les performances est minime pour la Holstein mais sensible pour les races nationales avec 1 à 4 points supplémentaires (cf. tableau 7 annexe 2). Il reste que les index génomiques après blending sont par construction plus représentatifs des performances observées que les index génomiques originaux.

Pour ces deux situations les effets directs sur les index et les CD des femelles figurent aux tableaux 7 et 9 de l'annexe 2 commentés dans le paragraphe des résultats. Il est plus difficile d'estimer l'impact sur les jeunes descendants vu la multiplicité des changements survenus.

### 1.4- Imputation de la puce basse densité vers la puce moyenne densité

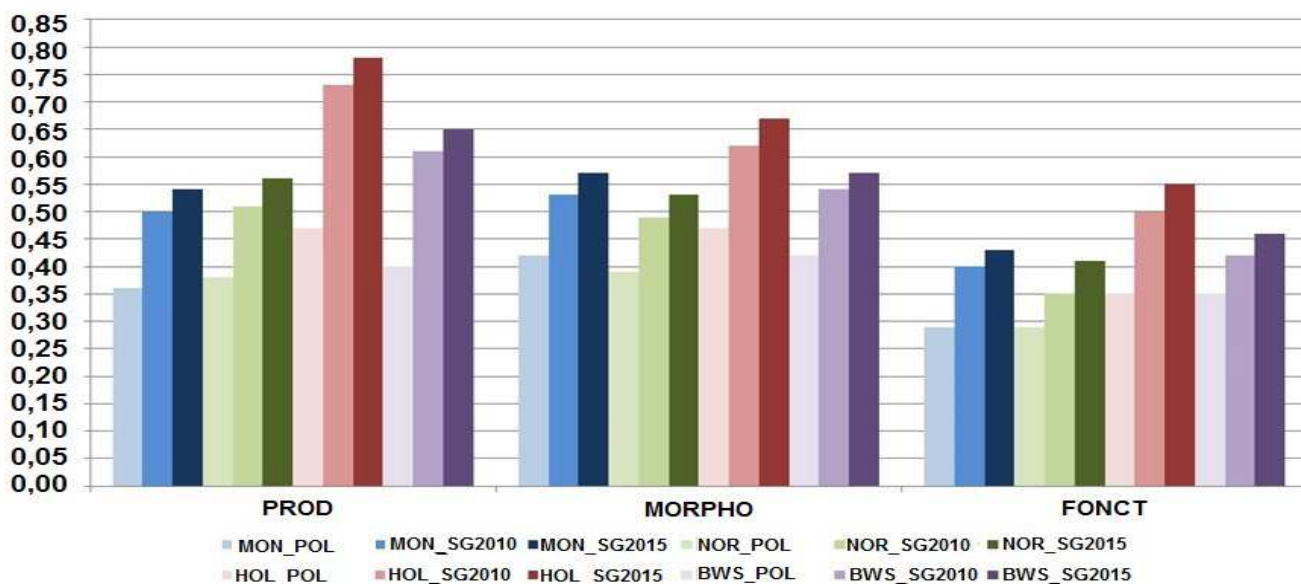
Depuis 2009 le phasage et l'imputation étaient faits avec le logiciel DagPhase. Cette étape était devenue trop longue et la qualité de phasage semblait décroître un peu avec le temps. Des tests comparatifs de différentes approches dans des conditions variées ont montré que le logiciel FImpute était à la fois précis et beaucoup plus rapide. Il a donc été retenu pour le calcul en routine. Tous les typages basse densité ont été ré-imputés sur la puce 50k. Pour toutes les races indexées le taux d'erreur d'imputation est maintenant inférieur à 1% et ce changement de logiciel conduit à la correction de 200 à 300 marqueurs SNP par individu en moyenne. L'incidence sur les évaluations génomiques est a priori faible, sauf cas particulier touchant un gros QTL.

## 2- VALIDATION DE LA METHODE D'EVALUATION GENOMIQUE

### 2.1- Validation par les performances des filles

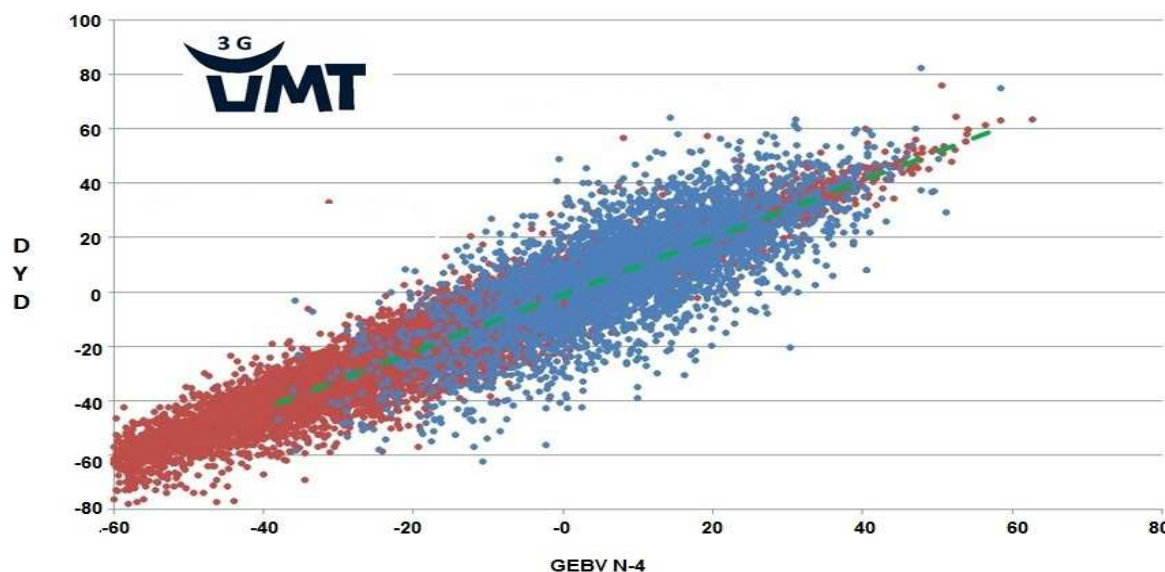
L'objectif est de prédire précocement la valeur de jeunes reproducteurs, à confirmer ultérieurement par les performances. La validation est fournie par la corrélation entre l'index initial 4 ans plus tôt (GEBV n-4) et la production des filles (DYD). On ne peut pas s'attendre à une corrélation proche de 1 parce que le jeune est évalué au départ avec une précision de 0.60 à 0.70 ; et parce que la preuve par les filles 4 ans après ne donne pas sa valeur génétique vraie mais une autre estimation indépendante dont la précision est comprise entre 0.50 à 0.80 selon le caractère et l'effectif de sa descendance. Le tableau suivant rappelle la supériorité de la sélection génomique sur la sélection sur ascendance parentale (notée POL) et montre la supériorité de la nouvelle méthode (notée SG2015) sur l'ancienne méthode (notée SG2010) pour les trois grandes familles de caractères. L'ordre de grandeur de la corrélation est conforme à ce qu'on sait de la précision des index classiques ainsi qu'à l'effectif des populations de référence.

Corrélations entre les index génomiques précoces (GEBV n-4) et la performance des filles (DYD)  
(400 à 500 taureaux BR MO ou NO, 3400 taureaux HO, nés depuis 2005 ou 2006 selon la race)



L'évaluation génomique a une tendance à exagérer les différences entre les jeunes candidats et par la suite, l'écart observé entre eux risque d'être moindre qu'on ne l'espérait. Ce phénomène est apprécié par la droite de tendance du nuage de points dont la pente doit être proche de 1 (par exemple une supériorité attendue de +100kg doit se traduire en moyenne par 100kg de lait supplémentaires des filles). Les équations de prédiction ont été précisément ajustées pour respecter cette contrainte dans la population de validation. Par ailleurs ce test, conduit par Interbull avec une marge de tolérance, a été passé avec succès en janvier 2015.

Un autre risque est la tendance à la surestimation des jeunes taureaux par rapport aux taureaux confirmés. Une explication possible serait que les effets des SNP sont mesurés avec des populations un peu anciennes et qu'ils sont moins valides pour les générations les plus récentes où la liaison des marqueurs SNP avec les gènes a été un peu altérée par les recombinaisons. Ceci se manifesterait alors par des droites de tendance des deux groupes, différentes par leur pente ou décalées. Les exemples suivants montrent que ce phénomène est en principe maîtrisé dans l'évaluation génomique.



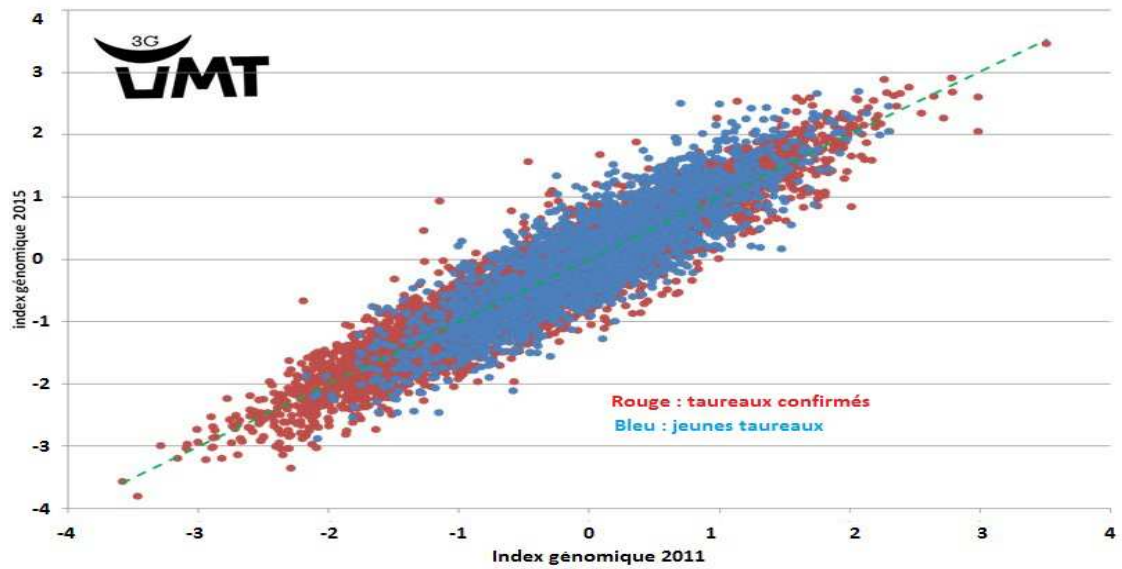
## 2.2- Cohérence avec les évaluations génomiques étrangères

La meilleure cohérence avec les index génomiques étrangers indiquée en fin de paragraphe 1.2 est effectivement observée. La conséquence sera un interclassement des jeunes taureaux français et étrangers plus précis avec les membres d'Eurogenomics et vraisemblablement aussi avec les autres pays.

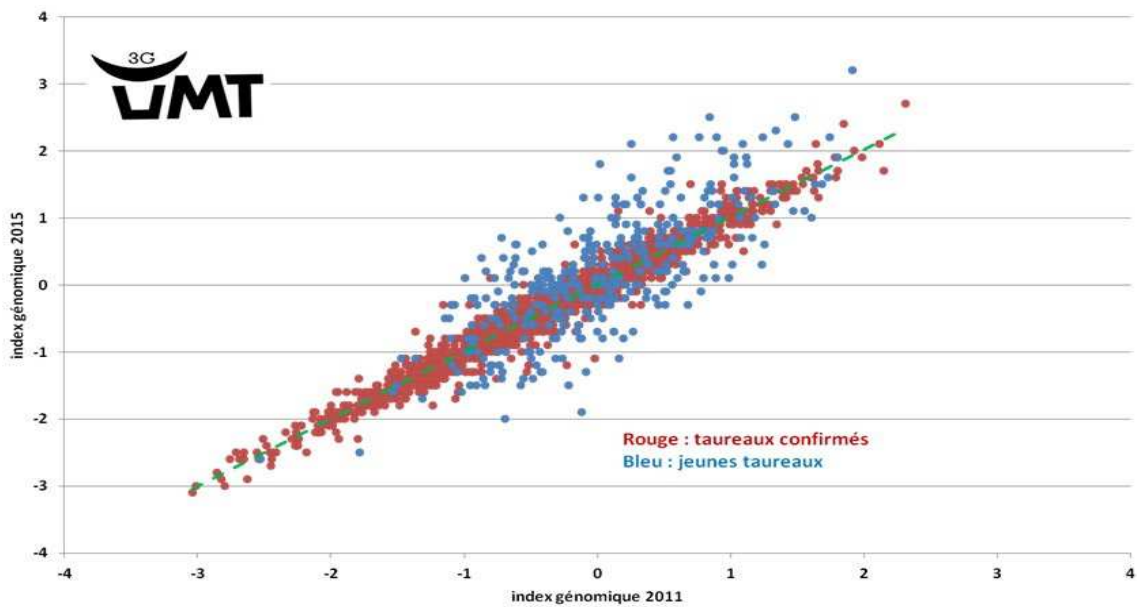
Corrélations des index génomiques français actuels (t1510) et précédents (t1430) avec des index génomiques étrangers

	DEU / FRA	FRA / NLD	DEU / NLD
QMP	0.80 <i>0.71</i>	0.81 <i>0.77</i>	0.83
QMG	0.87 <i>0.82</i>	0.87 <i>0.84</i>	0.89
Lait	0.87 <i>0.77</i>	0.88 <i>0.81</i>	0.88
Synt. production	0.80 <i>0.72</i>	0.81 <i>0.77</i>	
Synt. Santé mamelle	0.89 <i>0.80</i>	0.87 <i>0.78</i>	
Synt. Reproduction	0.80 <i>0.78</i>	0.79 <i>0.72</i>	
Synt. morphologie	0.87 <i>0.87</i>	0.79 <i>0.77</i>	

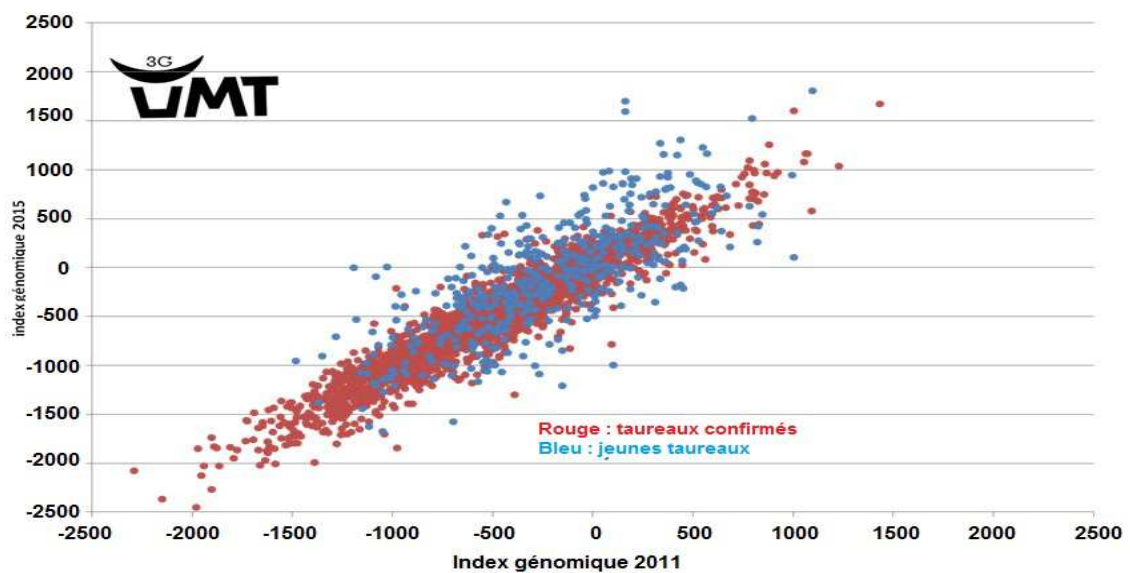
## Evolution des index génomiques de 2011 à 2015 - FER Holstein



## Evolution des index génomiques de 2011 à 2015 - DPJ Normande



## Evolution des index génomiques de 2011 à 2015 - LAIT Brune



### 3- COMPARAISON DES RESULTATS DES DEUX METHODES D'ÉVALUATION GENOMIQUE

L'évaluation nouvelle intègre à la fois des données supplémentaires (traitement Interbull de décembre 2014, traitement français de mars 2015) et une nouvelle méthode d'évaluation de la longévité. Néanmoins les tendances générales observées restent sans aucun doute vraies.

#### 3.1- Index des taureaux reproducteurs (nés depuis 2006)

##### 3.1.1- Précision CD des index (cf. tableaux 1 et 2)

La précision des index est nettement améliorée. C'est particulièrement visible pour les jeunes mâles ou femelles de moins d'un an dont les CD sont compris entre 0.65 et 0.68 pour la production et la morphologie des races nationales, avec des gains de l'ordre de 9 à 13 points ; ils atteignent 0.70 pour la Holstein avec des gains de 6 à 10 points. Pour l'ensemble des taureaux sans filles, les niveaux absolus de CD sont plus élevés et les gains sont moindres, en moyenne de 5 points pour la PH et de 6 à 7 points pour les races nationales. D'une façon générale ces dernières races bénéficient nettement de l'inclusion des femelles dans leur population de référence, y compris d'ailleurs pour des taureaux confirmés.

Les jeunes taureaux PH sont toujours évalués avec une précision moyenne équivalente qu'ils soient français ou étrangers, ce qui est souhaitable pour une race internationale. La précision des index des taureaux Holstein étrangers confirmés s'accroît aussi, sans doute grâce à la nouvelle définition de la composante « polygénique résiduelle » qui s'appuie sur les SNP bien connus plutôt que sur une estimation à partir de la parenté généalogique; par contre le CD moyen des taureaux confirmés français ne change pas.

##### 3.1.2- Index des jeunes taureaux (cf. tableau 3)

Le reclassement parmi les jeunes taureaux est très sensible avec des corrélations entre index de 0.74 et 0.78 pour l'ISU Holstein (0.80 pour la moyenne d'un large groupe de caractères), 0.68 pour l'ISU Normand (0.73 en moyenne) et 0.73 pour l'ISU Montbéliard (0.74 en moyenne). Le reclassement est logiquement plus sensible quand un grand nombre de femelles intègrent les populations de référence qui comprenait en 2010, 1250 à 1500 taureaux testés seulement.

Individuellement les variations d'index peuvent être très importantes, dans la fourchette de +/- 18 à +/-21 pts d'ISU et de +/-16 à +/-18 pts d'Inel selon la race et pour 95 % des taureaux environ. On observe aussi une augmentation systématique de la variabilité des index pour tous les caractères des jeunes taureaux des races nationales. Cette tendance ne se retrouve pas chez la Holstein, sauf pour des caractères fonctionnels comme les comptages cellulaires et surtout la fertilité, également les facilités de naissance/vêlage et les mortinatalités non reportées ici.

##### 3.1.3-Index des taureaux confirmés (cf. tableau 4)

Avec un changement de méthode on ne peut pas attendre la corrélation habituelle supérieure à 0.99 entre deux traitements consécutifs pour ces taureaux nés de 2006 à 2009. Globalement leur hiérarchie est assez bien conservée (pour l'ISU : des corrélations de 0.95/0.96 chez les races nationales et 0.91 chez la Holstein ; pour l'INEL : 0.97, 0.97, 0.94 et 0.92 respectivement). Pour ces groupes on vérifie que la variabilité des index est en général inchangée, à l'exception de celle de la fertilité qui augmente sensiblement, comme on l'avait déjà signalé pour les jeunes taureaux.

##### 3.1.4-Evolution comparée des groupes de taureaux (cf. tableau 5)

La supériorité moyenne des jeunes taureaux sans filles sur les taureaux avec descendance n'est pas remise en cause et ils prédomineront encore dans les palmarès. Dans les races nationales néanmoins on observe que cette supériorité est un peu réduite, de l'ordre de 2 à 3 points d'Inel ou d'Isu en moyenne. C'est sans doute inévitable parce que les taureaux mis en marché constituent une population très sélectionnée ; un changement de méthode n'identifiera pas exactement les mêmes « meilleurs mâles » et la population anciennement choisie va enregistrer davantage de baisses que de hausses d'index.

Le phénomène marquant pour la Holstein est la hausse moyenne des jeunes taureaux étrangers mis en marché en France ou dans les pays membres d'Eurogenomics, sans doute à cause de la nouvelle composante « polygénique résiduelle » qui dépend de la parenté génomique calculée équitablement pour tous les reproducteurs (+7.4 pts Inel et +5.3 pts ISU). Le mouvement des taureaux confirmés étrangers est un petit peu plus favorable que celui des taureaux confirmés français pour la même raison. Les jeunes taureaux français sont moins bien traités, non pas du fait de la production mais par l'accumulation de petits reculs (morphologie, longévité, comptages cellulaires). On voit aussi l'effet défavorable de la nouvelle évaluation de la longévité fonctionnelle sur les taureaux étrangers, signalé dans la note IBL 2015-3.



Un point particulier est signalé au tableau 6. La cohérence entre les index de quantité de lait, des taux et des quantités de matières est sensiblement améliorée par la nouvelle évaluation génomique, sans doute parce que beaucoup plus de QTL et tous les SNP sont potentiellement explicatifs des caractères de production. Tous les index laitiers sont estimés indépendamment en France alors que les index des taux découlent directement des index des quantités à l'étranger. Désormais, connaissant la quantité de lait et un taux, on estime plus précisément la quantité de matière et les cas particuliers de discordance des profils laitiers des taureaux seront plus rares.

### **3.2- Index des femelles génotypées**

On rappelle que la valorisation des performances des femelles génotypées est une nouveauté qui concerne les caractères héréditaires comme ceux de la production, de la morphologie et des comptages cellulaires; pour les autres caractères, seules les performances moyennes des descendance sont utilisées. D'autre part, la prise en compte se fait de deux façons : soit par l'inclusion de ces femelles dans la population de référence (Montbéliarde, Normande), soit par un traitement complémentaire de « blending » après l'indexation génomique sensu-stricto (Holstein ou Brune).

#### **3.2.1- Précision CD des index (cf. tableau 7)**

Pour les caractères non pris en compte du côté des femelles, les CD moyens des index sont très proches de ceux des jeunes taureaux sans filles et montrent les mêmes augmentations. Cette similitude vaut aussi pour les caractères pris en compte, quand ils n'ont pas été encore exprimés par les femelles (notation LO dans le tableau). Avec l'accumulation des performances individuelles, les CD progressent dans toutes les races mais plus vite pour les races nationales. Dans la population de référence, les individus apparentés s'enrichissent mutuellement, ce qui n'est pas le cas quand les performances ne bénéficient qu'à la femelle qui les a réalisées.

#### **3.2.2-Index des femelles (cf. tableau 8)**

Qu'il s'agisse des corrélations ou des variations des index avec le changement de méthode, les indicateurs présentés sont à nouveau assez comparables à ceux des jeunes taureaux sans filles. Par rapport à ces derniers, les femelles des races nationales montrent cependant une variabilité des index moins augmentée que chez les mâles, stable en particulier pour la synthèse et la production laitière quantitative.

#### **3.2.3-Effet de l'inclusion des performances des femelles (cf. tableau 9)**

Dans le modèle en vigueur jusqu'à présent les performances étaient rattachées aux taureaux sous forme d'une supériorité ou infériorité moyenne des filles (DYD). La performance moyenne d'une femelle (YD) n'était pas utilisée à titre individuel. Compte tenu de la précision respective des deux évaluations indépendantes que sont l'index génomique dans l'ancien modèle (noté Géno1) d'une part, et la performance corrigée (notée Perf) d'autre part, des corrélations limitées de l'ordre de 0.45 pour la production et un peu supérieures à 0.30 pour les comptages cellulaires étaient attendues ; c'est ce qu'on observe à peu de choses près en début de carrière pour les trois races au tableau 9.

Bien que le risque de biais sur les performances individuelles existe, on compte sur le développement du génotypage femelle et sur l'objectivité apportée par l'estimation des valeurs génétiques via les QTL et les SNP pour réduire ce risque. La prise en compte des performances propres renforcera aussi l'acceptabilité et la cohérence des index génomiques des femelles du point de vue des utilisateurs.

Contacts : [vincent.ducrocq@jouy.inra.fr](mailto:vincent.ducrocq@jouy.inra.fr) et [sebastien.fritz@alice.fr](mailto:sebastien.fritz@alice.fr)

## Comparaison index décembre 2014/ index mars 2015

Tableau 1 : CD moyens des taureaux et variations

	PH				NO		MO	
	ETR ≥100 f	FRA ≥100 f	ETR Sans f.	FRA Sans f.	FRA ≥80 f	FRA Sans f.	FRA ≥80 f	FRA Sans f.
Inel	88 +4	94 +1	74 +6	75 +5	93 +4	69 +7	94 +3	71 +7
Cel	90 +5	94 +1	73 +7	73 +6	92 +5	69 +6	93 +4	70 +6
Lgf	65 +3	73 +1	58 +5	59 +5	69 +3	60 +8	73 +3	59 +7
Ferv	74 +2	81 +3	65 +5	66 +5	74 +7	61 +7	76 +5	62 +6
Macl	78 +3	75 0	61 +5	61 +5	70 +2	59 +7	71 +2	59 +6
Morphologie	84 +4	91 +1	73 +6	73 +5	89 +5	68 +7	93 +3	70 +6

Tableau 2 : CD moyens des animaux de moins d'un an

	PH		NO		MO	
	ancien	nouveau	ancien	nouveau	ancien	nouveau
Inel	64	71	56	66	58	68
Ferv	56	62	48	58	51	60
Lgf	48	56	46	56	47	56
Morphologie	60	70	53	65	54	67

Tableau 3 : Evolution des index des taureaux confirmés (≥100 filles PH en lait ; ou ≥80 filles en lait)

	PH ETR			PH FRA			NO FRA			MO FRA		
	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3
Isu (pts)	0.91	9.1	106	0.91	7.7	107	0.95	5.3	107	0.96	4.2	97
Lait (kg)	0.94	215	100	0.95	151	100	0.97	85	101	0.97	102	94
TB (pm)	0.97	0.75	100	0.98	0.47	103	0.99	0.30	101	0.98	0.30	97
TP (pm)	0.97	0.35	100	0.98	0.24	100	0.98	0.19	99	0.98	0.19	97
Inel (pts)	0.92	7.1	101	0.94	5.2	100	0.97	3.5	101	0.97	3.7	95
Cel	0.93	0.37	104	0.95	0.30	104	0.97	0.19	99	0.98	0.20	97
Lgf	0.76	0.54	103	0.75	0.51	101	0.77	0.39	85	0.82	0.41	85
Ferv	0.83	0.49	136	0.87	0.43	126	0.90	0.30	115	0.90	0.29	117
Macl	0.89			0.83			0.91			0.90		
V. traite	0.92	0.32	101	0.91	0.32	101	0.96		106	0.96	0.20	101
Morphologie	0.95	0.30	99	0.94	0.30	100	0.95	0.21	101	0.98	0.15	97

1=corrélation entre index ; 2=écart-type des variations d'index ; 3=rapport % des écarts-types d'index

Tableau 4 : Evolution des index des taureaux sans filles en lait

	PH ETR			PH FRA			NO FRA			MO FRA		
	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3
Isu (pts)	0.74	11.5	103	0.78	10.4	110	0.68	10.1	116	0.73	9.0	118
Lait (kg)	0.83	321	95	0.77	286	103	0.70	220	111	0.66	231	117
TB (pm)	0.89	1.41	103	0.86	1.30	107	0.70	1.26	113	0.76	0.85	109
TP (pm)	0.86	0.68	108	0.82	0.62	113	0.77	0.59	116	0.77	0.52	105
Inel (pts)	0.79	9.8	97	0.79	9.2	99	0.71	8.5	116	0.70	8.0	122
Cel	0.76	0.52	110	0.78	0.51	116	0.68	0.42	109	0.79	0.50	114
Lgf	0.67	0.45	85	0.66	0.46	82	0.55	0.37	84	0.64	0.42	79
Ferv	0.67	0.52	132	0.70	0.50	131	0.75	0.37	137	0.73	0.32	115
Macl	0.78			0.77			0.78			0.76		
V. traite	0.74	0.42	106	0.78	0.40	110	0.74	0.38	118	0.60	0.46	123
Morphologie	0.86	0.44	100	0.84	0.42	107	0.73	0.35	134	0.83	0.33	107

1=corrélacion entre index ; 2=écart-type des variations d'index ; 3=rapport % des écarts-types d'index

Tableau 5 : Evolution des moyennes de groupes de taureaux

	PH				MO		NO	
	ETR confirmés	FRA confirmés	ETR sans filles	FRA sans filles	FRA confirmés	FRA sans filles	FRA confirmés	FRA sans filles
N	1721	831	2819	1308	117	304	264	230
Isu (pts)	+2.1	+1.4	+5.3	-2.9	+0.7	-3.1	0	-2.3
Lait (kg)	+101	+63	+231	+76	+2	-101	+6	-54
TB (pm)	-0.05	-0.08	-0.04	-0.05	-0.06	+0.03	+0.06	+0.17
TP (pm)	+0.12	+0.04	+0.14	+0.01	-0.01	-0.02	+0.04	+0.03
Inel (pts)	+3.9	+2.4	+7.4	+1.2	+0.4	-2.5	+0.2	-1.8
Cel	+0.04	0	+0.06	-0.08	+0.05	+0.01	-0.07	-0.14
Lgf	-0.27	+0.20	-0.33	-0.17	+0.03	-0.10	+0.04	-0.15
Ferv	-0.02	-0.02	+0.12	-0.01	+0.03	+0.05	-0.02	+0.03
V. traite	+0.03	+0.01	0	-0.03	-0.04	-0.01	0	+0.11
Morphologie	-0.04	-0.07	+0.01	-0.18	-0.03	-0.02	+0.01	+0.03

Tableau 6 : Cohérence des quantités de matières avec la quantité de lait et les taux

	QMG		QMP	
	nouveau	ancien	nouveau	ancien
Holstein (9049 Tx)				
Précision R <sup>2</sup> %	93	86	95	88
Ect d'erreur de prédiction kg	5.9	8.6	3.5	5.5
Normand (764 Tx)				
Précision R <sup>2</sup> %	96	85	94	91
Ect d'erreur de prédiction kg	3.7	6.9	2.9	3.8

## Comparaison index décembre 2014/ index mars 2015

Tableau 7 : CD moyens et variations

	PH		NO		MO	
	CD moyen	Variation CD	CD moyen	Variation CD	CD moyen	Variation CD
L0 - inel	74	+7	68	+9	70	+9
L1 – inel	77	+7	73	+10	74	+10
>L2 - inel	79	+7	77	+13	78	+13
L0 - cel	73	+7	68	+7	69	+7
L1 – cel	75	+7	71	+7	72	+7
>L2 - cel	76	+6	75	+10	75	+10
Morphologie avec pointage	76	+6	72	+9	74	+9
Morphologie sans pointage	73	+7	67	+8	69	+8
Lgf	60	+5	60	+8	59	+7
Ferv	66	+5	61	+8	62	+6
Macl	61	+5	59	+7	59	+6

Tableau 8 : Evolution des index des femelles génotypées

	PH			NO			MO		
	1	2	3	1	2	3	1	2	3
Isu (pts)	0.81	10.7	106	0.73	10.3	104	0.75	9.2	105
Lait (kg)	0.78	307	101	0.67	231	100	0.69	231	107
TB (pm)	0.88	1.32	105	0.74	1.19	106	0.77	0.90	107
TP (pm)	0.84	0.65	109	0.77	0.59	111	0.76	0.57	110
Inel (pts)	0.80	9.2	101	0.70	8.7	104	0.70	8.5	107
Cel	0.78	0.54	110	0.75	0.44	107	0.75	0.48	112
Lgf	0.67	0.47	80	0.65	0.39	78	0.65	0.41	81
Ferv	0.71	0.50	130	0.75	0.38	121	0.78	0.31	117
Macl	0.78	0.47	106	0.79	0.36	132	0.74	0.34	115
V. traite	0.79	0.43	109	0.72	0.39	123	0.68	0.45	135
Morphologie	0.85	0.43	103	0.77	0.36	119	0.79	0.35	113

1=corrélation entre index ; 2=écart-type des variations d'index ; 3=rappel % des écarts-types d'index

Tableau 9 : Inclusion des performances des femelles dans l'évaluation génomique

Corrélations entre index anciens GENO1, index nouveaux GENO2 et performances PERF

		Lait			Cel			Plancher Jarret	Hauteur Sacrum
		L1	L2	L3	L1	L2	L3		
PH	Géno1/perf	0.34	0.54	0.63	0.28	0.42	0.49	0.48	0.55
	Géno2/perf	0.55	0.70	0.76	0.39	0.55	0.60	0.68	0.77
NO	Géno1/perf	0.32	0.51	0.49	0.25	0.39	0.45	0.32	0.46
	Géno2/perf	0.54	0.73	0.78	0.44	0.59	0.65	0.58	0.80
MO	Géno1/perf	0.27	0.40	0.41	0.27	0.33	0.38	0.39	0.46
	Géno2/perf	0.50	0.63	0.69	0.43	0.52	0.60	0.65	0.80