

EVALUATION GENETIQUE ESPECE CAPRINE PRODUCTION LAITIERE – MORPHOLOGIE – CELLULES SOMATIQUES

Edition Septembre 2020

Cette publication présente le calcul des index (ou valeurs génétiques estimées) des reproducteurs caprins (boucs et chèvres) pour les caractères de production laitière, de comptage de cellules somatiques et de morphologie. La méthodologie a été élaborée par le Département de Génétique Animale d'INRAE en collaboration avec l'Institut de l'Elevage dans le cadre de l'UMT GPR (Génétique pour un Elevage Durable des Petits Ruminants). Les données ont été extraites par le Centre National de Traitement de l'Information Génétique d'INRAE. Les index sont calculés par GenEval et diffusés par l'Institut de l'Elevage sous la responsabilité de Capgènes.

TABLE DES MATIERES

1.1. Informations prises en compte	2
1.2. Population de référence	2
1.3. Sélection des génotypages.....	2
1.4. Calendrier des évaluations.....	3
2 - LES INDEX DE PRODUCTION LAITIERE.....	3
2.1. Données prises en compte	3
2.2. Modèle d'analyse	4
2.3. Diffusion des index	5
2.3.1. Bases d'édition.....	5
2.3.2. Notion de CD.....	5
2.3.3. Règles de diffusion	6
3 - LES INDEX CELLULES SOMATIQUES	6
3.1. Données prises en compte	6
3.2. Modèle d'analyse	7
3.3. Diffusion des index	7
3.3.1. Bases d'édition.....	7
3.3.2. Règles de diffusion	7
4 - LES INDEX MORPHOLOGIQUES.....	7
4.1. Données prises en compte	7
4.2. Modèle d'analyse	8
4.3. Diffusion des index	9
4.3.1. Bases d'édition.....	9
4.3.2. Règles de diffusion	9
5 - L'INDEX COMBINE CAPRIN (ICC)	9

Méthodes d'évaluation développées par l'UMT GPR (en partenariat avec INRAe et IDELE)
Index calculés par GenEval et publiés par l'Institut de l'Elevage sous la responsabilité des [Organismes de Sélection](#).

1 - PRINCIPE DE L'ÉVALUATION GÉNOMIQUE CAPRINE

La disponibilité de la puce à SNP Illumina 50 K en 2011 (Tosser-Klopp, 2014) puis la constitution d'une population de référence a conduit INRAE à développer un programme de recherche pour évaluer la faisabilité de la sélection génomique dans la population caprine (Carillier-Jacquin, 2015). Plusieurs méthodes d'évaluation ont été testées afin de rechercher la plus adaptée au contexte caprin. C'est finalement avec la méthode du « Single Step GBLUP », qui consiste à intégrer simultanément les performances et les informations génomiques dans le modèle d'évaluation, que les meilleurs gains de précision ont été obtenus (Carillier-Jacquin et al., 2017). Les chaînes d'indexation ont ensuite été élaborées par INRAE, puis testées dans le cadre de l'UMT GPR pour aboutir en septembre 2018 à la prise en compte de l'information génomique dans l'évaluation officielle.

Les logiciels de calcul utilisés sont ceux du package BLUPf90 (Miszta et al., 2002, Aguilar et al., 2010, 2011). Les Coefficients de Détermination (CD) des index génomiques ont été calculés selon la méthode approchée proposée par Miszta et al. (2013).

1.1. INFORMATIONS PRISES EN COMPTE

L'évaluation génomique permet de prédire la valeur génétique (appelée index) des animaux en prenant en compte :

- Toutes les performances validées,
- Toutes les relations de parenté avec l'ensemble des animaux de la population : ascendants, descendants ou collatéraux mâles et femelles, en remontant sur le plus de générations possibles,
- Les facteurs du milieu dans lequel sont réalisées les performances,
- L'information génomique pour les animaux génotypés.

Le modèle permet de distinguer ce qu'un animal va transmettre à sa descendance, des effets du milieu. Ainsi calculés, les index autorisent la comparaison objective d'animaux, quels que soient leur sexe, leur âge, leur troupeau ou leur région d'origine, ainsi que la mesure du progrès génétique réalisé.

1.2. POPULATION DE REFERENCE

L'évaluation génomique est basée sur l'utilisation d'une population de référence constituée d'animaux pour lesquels on dispose à la fois du génotype et des performances. Grâce à cette population de référence, il est possible d'établir des équations de prédiction qui permettent de faire le lien entre les allèles aux marqueurs et les phénotypes. Ces équations sont ensuite utilisées pour prédire l'index des animaux génotypés qui n'ont pas encore de performances.

En caprins, la population de référence est constituée exclusivement par les boucs d'IA, le phénotype étant constitué par les performances de leurs filles. Cette population s'enrichit au cours du temps, au fur et à mesure de l'arrivée de nouveaux boucs génotypés et des performances de leurs filles. Les effectifs (situation au traitement de juin 2020) sont décrits ci-dessous :

Races	Nombre de boucs		Millésimes		Premier millésime complet
	Population de référence (boucs avec filles)	Population génotypée	Population de référence	Population génotypée	
Saanen	601	1 044	1994-2018	1994-2020	1998
Alpine	784	1 406	1993-2018	1993-2020	1998

1.3. SÉLECTION DES GÉNOTYPAGES

La gestion des génotypages est réalisée par la SA VALOGENE : commande des puces à Illumina, relation avec le laboratoire d'analyse, puis envoi des données de génotypages. Une chaîne de traitement (phasage) permet ensuite de préparer les données pour l'évaluation génomique. Au cours de cette étape, un contrôle qualité est réalisé au cours duquel certains génotypages peuvent être exclus :

- Soit parce que le taux de génotypage ou « call rate global » est inférieur à 97%
- Soit parce qu'il y a incompatibilité entre le typage de l'animal et celui de son père (lorsque ce dernier est connu).

A partir de septembre 2020, la nouvelle version de la puce Illumina sera prise en compte pour l'évaluation génomique.

1.4. CALENDRIER DES EVALUATIONS

3 traitements d'indexation dits « officiels » sont réalisés chaque année et donnent lieu à une diffusion d'index :

- Traitement 01 pour l'indexation de janvier (ex : 202001 pour janvier 2020)
- Traitement 02 pour celle de juin (ex : 202002 pour juin 2020)
- Traitement 03 pour celle de septembre (ex : 202003 pour septembre 2020)

A chaque évaluation, l'ensemble des données disponibles (performances et généalogies) sont extraites de la base de données SIECL.

A ces 3 évaluations, viennent s'ajouter des traitements dits « IPVGENOS » qui permettent de fournir des index génomiques des jeunes boucs à Capgènes pour la gestion de leur schéma de sélection. La méthode de calcul est la même que pour les traitements officiels et l'ensemble des données disponibles à la date de traitement est utilisé. Ces évaluations ne donnent pas lieu à une diffusion d'index.

Le calendrier des évaluations officielles est mis à jour en fin d'année pour l'année à venir. Il est publié sur le site Web de GenEval et celui de l'UMT GPR :

<https://www.geneval.fr/indexations-races-caprines>

<http://www.umat-gpr.fr/>

2 - LES INDEX DE PRODUCTION LAITIERE

2.1. DONNÉES PRISES EN COMPTE

Les caractères indexés sont :

- la quantité de matière protéique (kg) ;
- la quantité de matière grasse (kg) ;
- la quantité de lait (kg) ;
- le taux protéique (g/kg),
- le taux butyreux (g/kg) ;

Les races indexées sont la Saanen, l'Alpine et la Poitevine, ainsi que les chèvres croisées.

Toutes les lactations disponibles et postérieures au 01/09/1979 sont prises en compte, à condition qu'elles respectent les règles de validation. Il existe deux types d'invalidation pour l'indexation :

- Les lactations invalidées car les règles imposées par le Règlement Technique du Contrôle Laitier (RTCL) ne sont pas respectées (causes A, I, J, 9).
- Les lactations exclues de l'évaluation génétique car la donnée n'est pas assez fiable ou n'apporte rien en terme d'information (cause G).

Les causes sont résumées dans le tableau ci-dessous :

Libellé	Commentaires
G – Rang lactation trop élevé	Seules les lactations de rang 1 à 10 sont prises en compte dans l'indexation.
U - Mutation en cours de lactation	L'effet élevage étant estimé à la lactation, il n'est pas possible de prendre en compte un changement d'élevage en cours de lactation.
J - Interval. moy début trop grand	Intervalle moyen entre la mise bas et le deuxième contrôle > 52 jours
I - Intervalle moyen trop grand	Intervalle moyen sur la lactation de référence (250 jours) > 52 jours
A - Non alternance laits contrôlés	Alternance non respectée pour le lait (protocole AT)
T – Dern ctl lact tarie trop tôt	Ecart entre date de début de lactation et dernier contrôle lactant < 33 jours (lactations taries)

Méthodes d'évaluation développées par l'UMT GPR (en partenariat avec INRAe et IDELE)
Index calculés par GenEval et publiés par l'Institut de l'Élevage sous la responsabilité des [Organismes de Sélection](#).



idele.fr



[UMT GPR](http://umat-gpr.fr/)



geneval.fr

R - Lactation trop récente	Ecart entre date de début de lactation et date d'indexation inférieure à 100 jours Cette cause a été supprimée depuis le traitement 202001.
D – Lactation en cours trop courte	Ecart entre la date de début de lactation et le dernier contrôle connu avec lait < 100 jours (lactation en cours)
L - Cumul lait hors borne	Lait<30 kg ou lait>4 000 kg
Q - Lait quotidien hors borne	Lait quotidien moyen (calculé sur la lactation) <5 hg ou > 70 hg
F - Nb. ctls lactants insuffisant	Nombre de contrôle<3 pour les lactations en cours
H - Non chronologie num contrôle	Les numéros de contrôle ne sont pas dans un order chronologique
9 – Non alternance taux contrôlés	Alternance non respectée pour les taux (protocole AZ)
M - Cumul MG hors borne	MG<1,05 kg ou MG>140 kg
N - Cumul MP hors borne	MP<0,81 kg ou MP>108 kg
X - TB moyen lactation hors borne	TB<120 dg/kg ou TB>550 dg/kg
Y - TP moyen lactation hors borne	TP<210 dg/kg ou TP>550 dg/kg
C – Groupe de contemporaines inférieur à 3	Si l'effectif des chèvres d'une classe troupeau*campagne*numéro de lactation est inférieur à 3 pour la production laitière, leur performance n'est pas prise en compte, afin d'augmenter la fiabilité de l'estimation de cet effet fixe.

Les règles sur l'intervalle moyen (causes I et J) s'appliquent pour les lactations démarrant à partir du 1^{er} août 2016 (les lactations antérieures à cette date sont soumises aux anciennes règles).

2.2. MODELE D'ANALYSE

Les lactations de durée inférieure à 250 jours sont soit extrapolées pour les lactations en cours, soit corrigées pour la durée pour les lactations terminées. Les lactations qui dépassent 250 jours sont tronquées à 250 jours.

Cette performance est ensuite expliquée 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 l'environnement commun entre les différentes performances d'un l'animal ;
- les effets de milieu identifiés détaillés ci-dessous ;
- un résidu inexpliqué.

Les effets de milieu sont :

- le troupeau, décliné par campagne* et rang de lactation (1, 2, 3 et plus);
- le mois de mise bas, décliné par région, campagne* et rang de lactation (1, 2, 3 et plus);
- l'âge à la mise bas, décliné par région, campagne* et rang de lactation pour les trois premières lactations et le rang de lactation pour les lactations de rang >3;
- la durée de tarissement précédent pour les lactations de rang 2 et les lactations de rang 3 et plus, décliné par région et campagne*.

*La campagne est définie du 1^{er} août n-1 au 31 juillet n, n étant l'année en cours.

En plus de ces effets de milieu qui permettent de corriger la moyenne des productions, le modèle d'évaluation corrige pour l'hétérogénéité des variances. En effet, la variance des performances est différente selon le troupeau, la campagne et le rang de lactation. Dans le modèle, la variance résiduelle est décomposée en deux parties : l'une propre à la région et l'autre propre au troupeau, pour la campagne et le rang de lactation considérés. 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 associé au troupeau, à la campagne et au rang de lactation de la performance.

L'héritabilité (la part génétiquement transmissible des différences entre animaux) et la répétabilité (le degré de ressemblance entre deux lactations d'une même chèvre) ont été estimées respectivement à 30 % et 50 % pour les quantités de matières, et à 50 % et 70% pour les taux.

Un poids différent est appliqué selon le rang de lactation afin de tenir compte des différences d'héritabilité en fonction du rang de lactation et du fait que ce n'est pas exactement le même caractère en première lactation et dans les lactations de rang supérieur. Les lactations de rang 1 ont un poids de 1, celle de rang 2 un poids de 0,9, celles de rang 3 et plus, un poids de 0,85.

L'évaluation est uni-caractère (les caractères sont indexés séparément) et multi-raciale (toutes les races sont indexées simultanément).

2.3. DIFFUSION DES INDEX

2.3.1. BASES D'EDITION

L'index mesure le niveau génétique d'un animal 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 une race.

La base mobile de l'année N regroupe les chèvres nées durant les années N-6 à N-3 ayant :

- deux parents connus
- une lactation contrôlée

Elle est définie par race : une pour les Saanen, une pour les Alpines, une pour les Poitevines. Pour les Croisées, la base Saanen est appliquée.

La base mobile est mise à jour à l'indexation de septembre.

2.3.2. NOTION DE CD

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. Plus il y a d'informations prises en compte pour calculer l'index (ascendants connus, nombre de filles pour les mâles, nombre de lactations pour les femelles), plus le CD est élevé.

Intervalle de confiance des index laitiers (au risque 10%) pour la race Alpine :

CD	LAIT	QMG	QMP	TB*	TP*
0,3	106	4,2	3,1	4,2	2,4
0,5	90	3,5	2,7	3,6	2,0
0,7	69	2,7	2,1	2,8	1,5
0,95	28	1,1	0,8	1,1	0,6

*les CD des index taux ne sont pas publiés ; des paramètres génétiques moyens sont utilisés.

Interprétation : L'intervalle de confiance au seuil de 90% est égal à $I \pm 1,645 \times \sqrt{1 - CD} \times \sigma_A$

I étant la valeur de l'index et σ_A l'écart type génétique du caractère considéré. Ainsi, la valeur génétique vraie d'un bouc indexé à +160 kg de lait avec un CD de 0,70 se situe entre +91 kg (160-69) et +229 kg (160+69) dans 90% des cas. Sa valeur la plus probable est +160. 5 fois sur 100 elle sera inférieure à +91kg, et 5 fois sur 100 elle sera supérieure à +229kg.

2.3.3. REGLES DE DIFFUSION

Pour être diffusé, un index doit être estimé avec suffisamment de précision. Les règles de diffusion pour tous les caractères de production sont les suivantes :

pour les mâles : CD QMP > 0,30 et au minimum 8 filles avec au moins une lactation indexée

pour les femelles : CD QMP > 0,30 et au moins une lactation indexée

Les 5 index élémentaires sont diffusés. Ils sont exprimés en unités physique du caractère. Un index synthétique, l'IPC (Index de Production Caprin) a été défini en 1999. Il est composé de quatre index élémentaires :

$$\text{IPC} = \text{MP} + 0,4 \text{ TP} + 0,2 \text{ MG} + 0,1 \text{ TB}$$

Depuis 2012, l'IPC est exprimé sur une base 100 avec un écart type de 20.

3 – LES INDEX CELLULES SOMATIQUES

L'objectif est d'améliorer la qualité du lait et la résistance aux mammites par une sélection indirecte sur les comptages cellulaires.

3.1. DONNEES PRISES EN COMPTE

Le calcul intègre tous les comptages cellulaires (CCS = comptages de cellules somatiques) entre 5 et 250 jours de lactation pour les lactations des rangs 1 à 3 ayant débuté après le 01/09/1999.

Les races indexées sont l'Alpine et la Saanen (les Croisées et les Poitevines ne sont pas évaluées).

La performance par lactation est construite de la façon suivante :

① Transformation des CCS en un score de cellules somatiques (SCS) pour avoir une distribution normale des performances :

	CCS	SCS		CCS	SCS
$\text{SCS} = \log_2 \left(\frac{\text{CCS}}{100000} \right) + 3$	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 et le rang de lactation. Elle permet l'utilisation des lactations anciennes avec quelques comptages et des lactations en cours. L'ajustement a été estimé à partir des lactations saines (SCS moyen < 4).

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

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 Les SCSL sont transformés pour avoir une variabilité similaire entre rangs de lactation (SCSL *1,15 en L1 ; SCSL *1,08 en L2 ; SCSL *1 en L3).

3.2. MODELE D'ANALYSE

Les CCS sont expliqués 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 l'environnement commun entre les différentes performances d'un l'animal ;
- les effets de milieu identifiés détaillés ci-dessous ;
- un résidu inexpliqué.

Les effets de milieu sont les mêmes que pour les caractères de production :

- le troupeau, décliné par campagne et rang de lactation (1, 2, 3 et plus);
- le mois de mise bas, décliné par région, campagne et rang de lactation (1, 2, 3 et plus);
- l'âge à la mise bas, décliné par région, campagne et rang de lactation pour les trois premières lactations et le rang de lactation pour les lactations de rang >3;
- la durée de tarissement précédent pour les lactations de rang 2 et les lactations de rang 3 et plus, décliné par région et campagne.

Il n'y a pas d'hétérogénéités de variance dans le modèle.

Chaque lactation a un poids en fonction du nombre de contrôles avec CCS connu. Un minimum de 4 CCS est nécessaire pour obtenir un poids de 1.

L'héritabilité du caractère prise en compte est de 19% en race Alpine et 21% en race Saanen, la répétabilité de 25% en race Alpine, 29% en race Saanen.

L'évaluation est uni-raciale (les deux races sont indexées séparément).

3.3. DIFFUSION DES INDEX

3.3.1. BASES D'EDITION

Les index sont exprimés en "base mobile". La base mobile de l'année N regroupe les chèvres nées durant les années N-6 à N-3 ayant :

- deux parents connus
- une lactation contrôlée pour les cellules

Elle est définie par race : une pour les Saanen, une pour les Alpines.

Les index cellules sont exprimés en unité d'écart-type génétique avec un sens inverse des CCS pour que les animaux avec un index positif soient améliorateurs. Les index sont exprimés en base 100 avec un écart type de 10.

3.3.2. REGLES DE DIFFUSION

Les règles de diffusion des index CCS sont les suivantes :

pour les mâles : CD CCS > 0,30 et au minimum 8 filles avec au moins une lactation indexée

pour les femelles : CD CCS > 0,25 et au moins une lactation indexée

4 - LES INDEX MORPHOLOGIQUES

4.1. DONNEES PRISES EN COMPTE

L'évaluation génétique des reproducteurs caprins pour les caractères de conformation s'appuie sur une table de pointage linéaire mise en place par l'Organisme et Entreprise de Sélection Cap gènes. Les techniciens réalisant le pointage morphologique attribuent une note (allant de 1 à 9) à 9 caractères de morphologie, relatifs au corps et aplombs et à la mamelle. Il y a deux caractères mesurés (en cm) : le tour de poitrine et la longueur des trayons.

Les races indexées sont l'Alpine et la Saanen (les Croisées et les Poitevines ne sont pas évaluées).

Méthodes d'évaluation développées par l'UMT GPR (en partenariat avec INRAe et IDELE)

Index calculés par GenEval et publiés par l'Institut de l'Elevage sous la responsabilité des [Organismes de Sélection](#).

Pour être pris en compte, un pointage doit être validé. Les règles d'invalidation sont résumées dans le tableau ci-dessous :

Libellé	Commentaires
1 – un des 5 postes de l'MC manquant	L'index de synthèse morphologique ne peut pas être calculé si un des 5 postes suivants est manquant: PRM, PLA, AAR, ORT, AVP. Cette clause ne s'applique qu'à des animaux anciens.
2 – numéro de lactation supérieur à 2	Seuls les pointages réalisés en première ou en deuxième lactation sont pris en compte.
3 – chèvre tarie au moment du pointage	Le pointage doit être réalisé avant la date de tarissement
4 – généalogie incomplète	Les deux parents de la chèvre pointée doivent être connus.
5- Effectif classe des effets du modèle <5	Si l'effectif des chèvres d'une classe d'un des effets du modèle est inférieur à 5, le pointage des animaux de cette classe n'est pas pris en compte. Cette clause permet d'augmenter la fiabilité des estimations des effets fixes.

Si une chèvre est pointée à plusieurs reprises, le pointage pris en compte est celui qui est postérieur et le plus proche de la date de première lactation, à condition qu'il soit valide. Sinon, c'est le premier pointage valide qui suit.

4.2. MODELE D'ANALYSE

Les notes de morphologies sont expliquées par trois groupes de facteurs :

- la valeur génétique de l'animal ;
- les effets de milieu identifiés détaillés ci-dessous ;
- un résidu inexplicé.

Il n'y a qu'une seule performance par animal, donc pas d'effet d'environnement permanent.

Les effets de milieu sont les suivants :

- l'âge de la chèvre à la date du pointage, décliné par année et rang de lactation ;
- le stade de lactation à la date du pointage, décliné par année et rang de lactation ;
- troupeau, décliné par année et rang de lactation, qui traduit l'environnement commun à toutes les chèvres vues le même jour dans le même élevage par le même technicien ;

Il n'y a pas d'hétérogénéités de variance dans le modèle.

Les héritabilités prises en compte sont résumées dans le tableau ci-dessous :

Abréviation	Postes de morphologie	h ² Alpine	h ² Saanen
PRM	Profil de la mamelle	0,41	0,35
PLA	Hauteur du plancher	0,34	0,37
AAR	Largeur de l'attache-arrière	0,38	0,40
AVP	Avant-pis	0,32	0,34
ORT	Orientation des trayons	0,38	0,35
TPO	Tour de poitrine	0,48	0,41
OUP	Ouverture des pieds	0,16	0,12
LOT	Longueur des trayons	0,50	0,46
FOT	Forme des trayons	0,38	0,36
INT	Inclinaison des trayons	0,22	0,20
FAP	Forme de l'arrière-pis	0,34	0,31

L'évaluation est multi-caractère (les 11 postes de morphologie sont évalués simultanément en prenant en compte les corrélations génétiques entre caractères) et uni- raciale (les deux races sont indexées séparément).

4.3. DIFFUSION DES INDEX

4.3.1. BASES D'EDITION

Les index sont exprimés en "base mobile". La base mobile de l'année N regroupe les chèvres nées durant les années N-6 à N-3 ayant :

- deux parents connus
- un pointage valide

Elle est définie par race : une pour les Saanen, une pour les Alpines.

Les index sont exprimés en unité d'écart-type génétique. Ils sont en base 100 avec un écart type de 10.

4.3.2. REGLES DE DIFFUSION

L'index des boucs d'IA est diffusé s'il est estimé à partir des données de pointage d'au moins 20 filles réparties dans 10 élevages minimum. L'index des femelles est diffusé si elles ont une performance propre (pointage) validée.

L'IMC (Index de Morphologie Caprin), mis à jour en 2012, synthétise cinq index élémentaires de morphologie :

$$\text{IMC} = \text{PRM} + \text{PLA} + \text{AAR} + \text{AVP} + \text{ORT}$$

PRM : Profil de la mamelle
PLA : Hauteur du plancher
AAR : Largeur de l'attache-arrière
AVP : Avant-pis
ORT : Orientation des trayons

Il est exprimé en base 100 avec un écart type de 10.

5 - L'INDEX COMBINE CAPRIN (ICC)

L'ICC est l'objectif global de sélection qui combine l'index de synthèse production (IPC) et l'index de synthèse morphologique (IMC). Il a été mis à jour en 2012. Une étude conduite en 2015 a montré qu'il est proche de l'optimum économique d'un élevage caprin type (Palhière et al., 2015). Il est défini par race et il est centré sur 0 :

Race Alpine :

$$\text{ICC} = \text{IPC} + 0,5 \text{ IMC}$$

Race Saanen :

$$\text{ICC} = \text{IPC} + 0,6 \text{ IMC}$$

Au niveau du schéma de sélection, pour réaliser les accouplements programmés afin de procréer les futurs boucs d'IA, Capgènes utilise un index de synthèse qui intègre les cellules somatiques (Clément et al., 2015).

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.
- Carillier-Jacquin C., 2015. Etude de la prédiction génomique chez les caprins : Intérêt et limites de la sélection génomique dans le cadre d'une population multiraciale à faible effectif. Thèse de doctorat, Ecole doctorale SEVAB, Toulouse.
http://oatao.univtoulouse.fr/14466/1/carillier_jacquin.pdf
- Carillier-Jacquin C., Larroque H., Robert-Granié C., 2017 Vers une sélection génomique chez les caprins laitiers. *INRA Productions Animales*, Paris: INRA, 30 (1), pp.19-30.
- Clément V., Ceglowski C., De Crémoux R., Martin P., Rupp R., 2015. Concentrations cellulaires dans les élevages caprins : état des lieux et mise en place d'un programme d'amélioration génétique. *Renc. Rech. Ruminants*, 22.
- Misztal I., Tsuruta S., Strabel T., Auvray B., Druet T., Lee DH., 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). Proc. 7th WCGALP, Montpellier, France. CD-ROM communication 28:07.
- Misztal I., Tsuruta S., Aguilar I., Legarra A., Van Raden PM., Lawlor TJ., 2013. Methods to approximate reliabilities in single-step genomic evaluation. *J. Dairy Sci.*, 96, 647-65.
- Palhière I., Clément V., Croué I., Pinard D., 2015. Un objectif de selection qui augmente le profit des éleveurs caprins. *Renc. Rech. Ruminants*, 22 : 99-102.
- Tosser-Klopp G, Bardou P, Bouchez O, Cabau C, Crooijmans R, Dong Y, et al., 2014. Design and characterization of a 52K SNP chip for goats. *PLoS One*, 9(1).