

# EVALUATION GENETIQUE DES TAUREAUX NORMANDS PRODUCTION LAITIERE – MORPHOLOGIE - CARACTERES FONCTIONNELS

**Edition 21/30 Novembre 2021**

-----

Cette publication présente les index des taureaux NORMANDS calculés par GenEval, à partir des données extraites par le Centre de Traitement de l'Information de Jouy-en-Josas le 08 octobre 2021 pour les performances et le 22 octobre 2021 pour les typages de l'évaluation génomique.

## TABLE DES MATIERES

1. - EVALUATION GENETIQUE CONVENTIONNELLE .....	2
BASES DE L'INDEXATION .....	2
1.1 - LES INDEX DE PRODUCTION LAITIERE .....	2
1.1.1 - LE BLUP MODELE ANIMAL .....	2
1.1.2 - LES CARACTERES INDEXES .....	2
1.1.3 - LE MODELE D'ANALYSE ET LES DONNEES UTILISEES .....	2
1.1.4 - LA PRECISION DES INDEX DE PRODUCTION LAITIERE .....	3
1.2 - LES INDEX FONCTIONNELS COMBINES .....	4
1.2.1 - LES COMPTAGES CELLULAIRES (CEL).....	4
1.2.2 - LES MAMMITES CLINIQUES (MACL).....	5
1.2.3 - LA FERTILITE DES VACHES ET DES GENISSES (FER, FERG) .....	6
1.2.4 - L'INTERVALLE VELAGE PREMIERE INSEMINATION(IVIA1) .....	6
1.2.5 - LA LONGEVITE FONCTIONNELLE (LGF) .....	7
1.2.6 - LES CARACTERES FONCTIONNELS COMBINES ET LES SYNTHESSES FONCTIONNELLES .....	7
1.2.7 - LA PRECISION DES INDEX FONCTIONNELS .....	8
1.3 - AUTRES INDEX FONCTIONNELS : FACILITES ET VITALITES A LA NAISSANCE ET AU VELAGE.....	9
1.3.1- LES FACILITES DE NAISSANCE (NAI) ET DE VELAGE (VEL).....	9
1.3.2 - LES VITALITES A LA NAISSANCE (VIN) ET AU VELAGE (VIV) .....	10
1.3.3 - EXPRESSION ET UTILISATION DES INDEX NAI, VEL, VIN, VIV .....	10
1.4 - LES INDEX DES CARACTERES DE CARCASSE.....	10
1.4.1 - LES VEAUX DE BOUCHERIE .....	10
1.4.1 - LES JEUNES BOVINS.....	11
1.4.2 - SYNTHESE BOUCHERE.....	12
1.5 - LES INDEX MORPHOLOGIQUES.....	12
1.6 - L'INDEX SYNTHESE UNIQUE (ISU) .....	14
2. - EVALUATION GENOMIQUE .....	14
2.1 - METHODE D'EVALUATION GENOMIQUE.....	14
2.2 - TAUREAUX AVEC EVALUATION GENOMIQUE.....	15
3. - LES ORGANISMES ET ENTREPRISES DE SELECTION .....	16

*Méthodes d'évaluation développées par l'UMT eBIS (partenariat INRAe, IDELE et ALLICE).*

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



# 1. - EVALUATION GENETIQUE CONVENTIONNELLE

## 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.

La base mobile de l'année N regroupe les vaches nées durant les années N-8 à N-6 ayant :

- deux parents connus,
- une lactation contrôlée ou un pointage,
- un  $CD \geq 0.30$  pour les caractères dont l'index est publié pour les vaches.

Pour les facilités de naissance ou de vêlage et les vitalités à la naissance ou au vêlage depuis 2014, l'indexation est faite en base fixe regroupant les taureaux nés de 2002 à 2005 pour les 3 races principales et de 2000 à 2005 pour les 5 races régionales.

## 1.1 - LES INDEX DE PRODUCTION LAITIERE

### 1.1.1 - LE BLUP MODELE ANIMAL

Le modèle animal décrit les facteurs de variation de la lactation 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 ses lactations pour une femelle, 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 vaches 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 quels que soient leur sexe, leur âge, leur troupeau ou leur région d'origine, ainsi que la mesure du progrès génétique réalisé.

### 1.1.2 - LES CARACTERES INDEXES

Les caractères indexés sont :

- la quantité de matières protéiques (kg) ;
- la quantité de matières grasses (kg) ;
- la quantité de lait (kg) ;
- le taux protéique vrai en g/kg, inférieur de 5 % au taux azoté dénommé "% protéines" à l'étranger ;
- le taux butyreux en g/kg ;
- l'INEL.

Index de sélection laitière, il maximise la marge nette hors travail de l'atelier laitier. Établi avec une contrainte de coûts constants, en l'absence d'activités de substitution, il est défini comme :

$$\text{INEL} = 0,98 (\text{MP} + 0,2 \text{ MG} + \text{TP} + 0,5 \text{ TB})$$

### 1.1.3 - LE MODELE D'ANALYSE ET LES DONNEES UTILISEES

#### Données et paramètres génétiques

Pour estimer la valeur génétique d'un taureau, on tient compte des 3 premières lactations de ses filles (lactations commencées depuis au moins 90 jours, lactations en cours d'au moins 60 jours au moment de l'extraction). Les lactations de rang 1 dépassant

*Méthodes d'évaluation développées par l'UMT eBIS (partenariat INRAe, IDELE et ALLICE).*

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



180 jours ou terminées ont un poids de 1 contre 0,8 à celles de rangs 2 et 3 ; en effet ces dernières sont moins hérissables et ne correspondent pas exactement au même caractère qu'en 1<sup>ère</sup> lactation.

À chaque traitement on exploite l'ensemble des généalogies et des lactations 1 à 3 des vaches dont le 1<sup>er</sup> vêlage est postérieur au 01/09/79. L'hérissabilité (la part génétiquement transmissible des différences entre animaux) et la répétabilité (le degré de ressemblance entre deux lactations d'une même vache) sont supposées égales à 30 % et 50 % pour les quantités de matières, et à 50 % et 70% pour les taux. Les écarts-types génétiques en production adulte sont fixés à 590 kg de lait, 27 kg et 20 kg de matières grasses ou protéiques, 2,7 pm et 1,5 pm de taux butyreux ou protéique.

#### Modèle d'analyse

Les lactations sont soit extrapolées (lactations en cours ; lactations terminées de rang  $\geq 2$  et de durée inférieure à 305 jours), soit corrigées pour la durée. Une correction pour le rang de lactation standardise la variabilité et les transforme en lactations d'adultes.

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 la sélection conduisant à la réforme des vaches les moins productives ;
- les effets de milieu identifiés détaillés ci-dessous ;
- un résidu inexplicable.

Les effets de milieu sont :

- le milieu du troupeau, par campagne ;
- le rang de lactation par région et par campagne ;
- le mois de vêlage par rang de lactation, région et campagne ; on distingue les 1<sup>ères</sup> lactations des 2<sup>èmes</sup> et 3<sup>èmes</sup> lactations ;
- l'âge au vêlage par rang de lactation, par région et par campagne ;
- la durée de tarissement précédent pour les 2<sup>èmes</sup> ou 3<sup>èmes</sup> lactations, par région et par campagne.

L'hétérogénéité des variances, c'est-à-dire la variabilité des productions selon les années, les régions et les troupeaux, 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 à la région 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. Les index traduisent l'expression des valeurs génétiques dans un milieu dont la variabilité est celle de la campagne 1996.

Du fait de leur estimation simultanée, une répartition inégale des filles des taureaux selon les troupeaux, les rangs de lactation sera prise en considération au mieux.

### 1.1.4 - LA PRECISION DES INDEX DE PRODUCTION LAITIÈRE

Bien que tous ses apparentés interviennent dans l'évaluation d'un taureau, son index peut être décomposée en deux contributions correspondant à deux sources d'information distinctes :

- l'ascendance via la demi-somme des index des parents ;
- la descendance définie comme deux fois la supériorité moyenne des fils et des filles après correction pour la valeur de leur mère.

Pondérées par leurs précisions respectives, elles interviennent dans l'index avec les contributions suivantes :

#### CONTRIBUTION DE L'ASCENDANCE ET DE LA DESCENDANCE D'UN TAUREAU

Équivalent filles avec L1 terminée ou en cours $\geq 180$ jours	Ascendance %	Descendance %
0	100	0
20	26	74
50	12	88
75	9	91
100	7	93
500	1,4	98,6
1000	0,7	99,3

En moyenne la moitié de la supériorité génétique d'un taureau sera exprimée par ses filles dans leurs lactations.

Méthodes d'évaluation développées par l'UMT eBIS (partenariat INRAe, IDELE et ALLICE).

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



À 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.

#### Intervalle de confiance des index laitiers (au risque 10%)

CD	LAIT	QMG	QMP	TB*	TP*
0,5	770	32	25	2,8	1,6
0,6	689	28	22	2,5	1,5
0,7	596	24	19	2,2	1,3
0,8	487	20	15	1,8	1,0
0,9	344	14	11	1,3	0,7
0,95	244	10	8	0,9	0,5

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

Interprétation : la valeur génétique vraie d'un taureau indexé à + 1000kg de lait avec un CD de 0,70 se situe entre + 404kg (1000 - 596) et + 1596kg (1000 + 596) dans 90% des cas. Sa valeur la plus probable est +1000. 5 fois sur 100 elle sera inférieure à + 404kg, et 5 fois sur 100 elle sera supérieure à + 1596kg.

En l'absence d'évaluation génomique les index de production sont officiels si le CD est  $\geq 0,70$  et si le taureau a au moins 40 filles dans 30 troupeaux.

## 1.2 - LES INDEX FONCTIONNELS COMBINÉS

Les caractères ci-dessous sont d'abord indexés séparément, en général par un Blup modèle animal unicaractère qui produit des index non combinés et des performances corrigées (une performance moyenne par animal, corrigée pour tous les effets sauf l'effet génétique ; un poids traduisant la quantité d'information correspondante). Puis ils sont indexés ensemble par un Blup modèle animal multicaractère produisant des index combinés qui sont les index officiels.

### 1.2.1 - LES COMPTAGES CELLULAIRES (CEL)

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

#### Données

Les comptages cellulaires (CCS = comptages de cellules somatiques) sont connus exhaustivement depuis 1994 et partiellement depuis 1990. Le calcul intègre tous les CCS entre 5 et 450 jours de lactation pour les lactations 1 à 3 ayant débuté après le 01/09/1989.

La performance par lactation est construite ainsi :

① Transformation des CCS 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 et le rang de lactation. Elle permet l'utilisation des lactations anciennes avec quelques comptages et des lactations en cours. L'ajustement est calculé à partir des lactations saines (SCS moyen < 4).

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

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  $\sigma$  traduit la variabilité des SCS considérés à ce stade et rang de lactation.

④ Les SCSL sont transformés pour avoir une variabilité comparable entre rangs de lactation (SCSL \*1,15 en L1 ; SCSL \*1,08 en L2 ; SCSL \*1 en L3).

Méthodes d'évaluation développées par l'UMT eBIS (partenariat INRAe, IDELE et ALLICE).

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

## Modèle et paramètres génétiques

Une procédure BLUP modèle animal est utilisée.

Chaque lactation a un poids en fonction du nombre de CCS connus. Un minimum de 5 CCS est nécessaire pour obtenir un poids de 1. Les effets dans le modèle d'analyse sont les mêmes que pour la production laitière, sans considération des hétérogénéités de variance. L'héritabilité supposée du caractère est de 15 %, sa répétabilité est de 35 % et son écart-type est de 0.5 SCSL.

Une illustration est donnée avec les comptages cellulaires observés en première lactation. Les taureaux sont classés en 9 catégories selon la valeur de leur index CEL. Les troupeaux sont regroupés en 3 catégories correspondant à des niveaux cellulaires bas, moyens ou élevés d'après les effets troupeau\*année du modèle d'évaluation génétique ; ces catégories représentent 25, 50 et 25 % des troupeaux.

### TRADUCTION DE L'INDEX CEL DES TAUREAUX EN PERFORMANCES DE LEURS FILLES : POURCENTAGE DE CONTROLES A PLUS DE 300.000 CELLULES/ML EN PREMIERE LACTATION EN FONCTION DE LA CLASSE D'INDEX DES PERES (race NO)

Valeur des index des pères									
Niveau cellulaire du troupeau	< à -1,7	-1,7 à -1,3	-1,2 à -0,8	-0,7 à -0,3	-0,2 à +0,2	+0,3 à +0,8	0,9 à 1,2	1,3 à 1,8	> à 1,8
Excellent	8,3 %	6,3 %	6,1 %	4,7 %	4,6 %	4,1 %	3,5 %	2,4 %	0,0 %
Moyen	16,8 %	17,1 %	12,2 %	11,3 %	9,7 %	8,6 %	7,4 %	6,9 %	2,2 %
Mauvais	29,2 %	28,5 %	22,5 %	21,3 %	17,6 %	16,0 %	14,4 %	13,5 %	12,2 %

## 1.2.2 - LES MAMMITES CLINIQUES (MACL)

### Définition du caractère et sélection des données

L'information est de type 0/1 et elle est relevée par l'agent du contrôle laitier. Elle concerne les trois premières lactations et se résume ainsi : « au moins un évènement mammite clinique enregistré durant les 150 premiers jours de la lactation ». Pour la fiabilité de l'évaluation il faut être certain qu'une vache notée « 0 = pas de mammites cliniques » est une vache saine et non pas un animal non contrôlé.

Pour ce faire une sélection des données est nécessaire. Les données sont prises en compte depuis 1997 ; une sélection des lactations par troupeau\*campagne est faite : sont conservés les cheptels qui déclarent par campagne un minimum de 5 % de lactations avec un évènement mammite (toutes lactations confondues, avec des adaptations pour l'effectif du troupeau). Ce critère est responsable de la majorité des éliminations de données.

### Modèle et paramètres génétiques

L'évaluation est de type Blup modèle animal avec effet d'environnement permanent (pour tenir compte de la répétabilité des performances). Les effets de milieu sont :

- le mois de vêlage par campagne;
- le troupeau par campagne;
- la classe d'âge au vêlage pour un rang de lactation et une campagne donnés.

Le modèle considère l'hétérogénéité des variances pour les effets suivants :

- le rang de lactation par campagne;
- le département par campagne.

Ceci parce qu'un écart de valeur génétique entre animaux va se traduire par un écart de performances différent selon le rang de lactation, selon le département et selon l'année considérée.

Race	h <sup>2</sup> %	Répétabilité %	Ecart-type génétique %
Prim'Holstein, Brune,	1,8	5,5	4,12
Montbéliarde, Tarentaise,	2,3	5,5	4,35
Normande	2,1	6,2	4,69
Simmental	2,3	5,5	3,57
Abondance	2,3	5,5	2,64

Méthodes d'évaluation développées par l'UMT eBIS (partenariat INRAe, IDELE et ALLICE).

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

### 1.2.3 - LA FERTILITE DES VACHES ET DES GENISSES (FER, FERG)

L'objectif est d'évaluer la fertilité post-partum des filles des taureaux. L'index ne décrit pas la fécondance de la semence.

#### Données

La performance est le résultat (oui/non) de chaque I.A. réalisée depuis septembre 1995 dans les élevages au contrôle laitier. Pour celles intervenues six mois au moins avant l'indexation, les règles de détermination de l'I.A. fécondante sont :

- en présence d'un vêlage postérieur, l'IA fécondante est celle la plus en accord avec la durée de gestation de la race.
- en l'absence de vêlage postérieur, le statut de la dernière I.A est déterminé selon la première des règles auxquelles elle répond :
  - non fécondante, si l'IA est suivie d'un mouvement IPG (Identification Pérenne et Généralisée) avec une cause de sortie signalant la fin de la carrière (boucherie, mort, autoconsommation);
  - fécondante si l'IA est suivie d'un mouvement IPG avec une cause de sortie signalant la poursuite de l'élevage (élevage ou vente ; prêt ou pension) ;
  - fécondante si l'IA est récente (moins de 340 jours) ; on lui affecte alors une probabilité de gestation compte tenu de l'ancienneté de l'IA, du statut (nullipare ou non), de la race et du rang de l'IA. Cette probabilité est proche de 1 puisque les IA de moins de six mois ne sont pas utilisées.
  - fécondante si l'IA est ancienne (plus de 340 jours) et faite sur une vache avec une lactation inférieure ou égale à 260 jours ;
  - non fécondante si l'IA est ancienne (plus de 340 jours) et faite sur une vache avec une lactation supérieure à 260 jours.

Les autres IA d'une même séquence sont déclarées non fécondantes si elles sont antérieures, et éliminées si elles sont postérieures. Si dans une séquence aucune IA n'est fécondante, toutes les IA sont considérées comme non fécondantes ; et lorsque deux IA sont proches de 3 jours au plus, l'une d'elles est éliminée.

L'indexation concerne les génisses et les vaches jusqu'en 3<sup>ème</sup> lactation pour leurs trois premières IA dans chaque séquence.

Depuis la 1<sup>ère</sup> évaluation de 2016, les inséminations par l'éleveur sont prises en compte par un effet inséminateur particulier. On définit un inséminateur fictif regroupant toutes les IA faites par les éleveurs IPE (IA Par Eleveur) dans un département pendant une année.

#### Modèle et paramètres génétiques

Le déterminisme de la fertilité femelle est différent entre nullipares et vaches. Par suite deux caractères différents dont l'héritabilité est 2 % sont considérés et la fertilité des nullipares intervient comme un prédicteur de la fertilité post-partum ; Leur répétabilité et leur écart-type génétique sont fixés à 5% et à 7% respectivement. Deux autres caractères sont évalués officieusement et interviendront aussi comme prédicteurs, les taux de non-retour des vaches (TNRV) et des génisses (TNRG) entre 18 et 56 jours.

Des analyses séparées sont d'abord conduites avec des évaluations BLUP Modèle Animal. Les effets pris en compte sont, outre l'effet génétique de l'animal :

- le troupeau et l'inséminateur, par année ;
- le rang de vêlage précédant l'IA ;
- le mois d'insémination et le jour dans la semaine, par année et région ;
- l'intervalle vêlage - I.A. des vaches ou l'âge à l'insémination des nullipares, par année ;
- les taux de consanguinité de la mère et de son veau ;
- la race du taureau faisant l'insémination ;
- l'effet fécondant du taureau pour l'année (effet aléatoire) ;
- l'effet d'environnement permanent de la femelle (effet aléatoire) ;
- l'effet de la semence sexée par taureau et campagne (effet aléatoire).

### 1.2.4 - L'INTERVALLE VELAGE PREMIERE INSEMINATION(IVIA1)

Cet intervalle traduit l'aptitude génétique au retour en cyclicité post-partum, même s'il dépend aussi des décisions de mise à la reproduction. Le caractère indexé est l'intervalle en jours pour les vaches jusqu'en 3<sup>ème</sup> lactation. Le modèle d'indexation est aussi un modèle animal uni-caractère avec effet d'environnement permanent où interviennent les effets fixes suivants :

- le troupeau par année;
- le mois de vêlage par année et par région ;
- l'âge au vêlage,
- le rang du vêlage précédant l'IA.

*Méthodes d'évaluation développées par l'UMT eBIS (partenariat INRAe, IDELE et ALLICE).*

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



L'héritabilité du caractère est de 3% à 6% et la répétabilité est voisine de 10%.

	h <sup>2</sup> %	Répétabilité %	Ect génétique (jours)
Montbéliarde et autres races	3,7	8,8	5
Normande	3,4	8,1	5
Prim'Holstein	6,1	12,2	7,75

### 1.2.5 - LA LONGEVITE FONCTIONNELLE (LGF)

On considère qu'une réforme est volontaire si l'animal est éliminé à cause d'une faible production. L'objectif est de retarder la réforme involontaire, c'est à dire d'améliorer l'aptitude des filles d'un taureau à avoir une longue carrière indépendamment de leur production.

Les données utilisées sont les lactations 1 à 5, débutant après le 01/01/1988 avec le calcul de la durée de vie productive (DVP : de la date du 1<sup>er</sup> vêlage jusqu'au dernier contrôle connu) pour les vaches nées d'IA dans des troupeaux comportant au moins 5 vaches de la race.

Deux types d'observations existent au moment du constat de la DVP :

- les observations non censurées : l'animal est considéré comme réformé, aucun contrôle n'a eu lieu depuis plus de 5 mois ;
- les observations censurées : l'animal est considéré comme vivant. C'est le cas quand un contrôle laitier est survenu au cours des 5 mois qui précèdent la préparation des données, quand l'animal a disparu en même temps qu'une réduction d'au moins 50 % de l'effectif du cheptel, quand l'animal a changé de troupeau, ou quand il manque une lactation dans la séquence des 5 premières. Selon la race, 25 à 36% des données sont censurées et environ 5% sont tronquées (données enregistrées avant le 1<sup>er</sup> janvier 1988).

Les données censurées et non censurées sont traitées par une méthode d'analyse de survie, utilisant la notion de "risque de réforme", soit la probabilité d'un animal d'être réformé à un instant t, sachant qu'il est présent dans le troupeau la veille.

Le modèle père-grand-père maternel qui décrit ce risque de réforme d'une vache un jour donnée est le produit :

- D'un risque de base qui traduit le vieillissement des animaux avec l'âge. Il est établi par rang de lactation (1 à 5) et par stade de lactation (de 0 à 270j, 270 à 380j, après 380j) ;
- De l'exponentielle de la somme des effets suivants :
  - Le troupeau par année et trimestre pour prendre en compte l'évolution du risque de réforme intra-élevage ;
  - L'effet de la région par année ;
  - L'âge au 1<sup>er</sup> vêlage par classes de mois ;
  - La classe de variation de la taille du troupeau par année ;
  - Les effets génétiques du père et du grand-père maternel de la vache ;
  - L'année de naissance de la mère de la vache ;
  - L'appartenance de l'animal à des classes de :
    - Production laitière intra troupeau, par trimestre et par année (10 classes en distinguant les primipares des multipares) ;
    - TP intra troupeau, par année (idem à la production laitière) ;
    - TB intra troupeau, par année (idem à la production laitière).

Ces trois effets permettent d'identifier la longévité fonctionnelle non liée à des réformes volontaires sur le niveau de production.

L'héritabilité théorique maximale du caractère est de 11,7% pour la normande. L'héritabilité réelle, à cause des observations censurées des animaux encore en vie, est nettement plus faible.

### 1.2.6 - LES CARACTERES FONCTIONNELS COMBINES ET LES SYNTHESSES FONCTIONNELLES

Les caractères fonctionnels (CEL et MACL, FER FERG TNRV TNRG et IVIA1, LGF), la quantité de lait et des caractères morphologiques (jusqu'à sept postes dont la vitesse de traite, un poste d'aplombs, des postes de mamelle et de format) sont liés par des corrélations génétiques.

Méthodes d'évaluation développées par l'UMT eBIS (partenariat INRAe, IDELE et ALLICE).

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



## Corrélations génétiques entre caractères fonctionnels, morphologiques et laitiers (race NO)

	LAIT	CEL	LGF	FERG	FER	IVIA1	TNRG	TNRV	MACL	MO1	MO2	MO3	MO4	MO5	MO6
CEL	0														
LGF	-0,18	0,38													
FERG	0,06	-0,19	-0,24												
FER	-0,20	-0,25	-0,42	0,66											
IVIA1	0,26	0,07	0,23	0,01	-0,31										
TNRG	0,03	-0,16	-0,17	0,86	0,57	0,30									
TNRV	-0,11	-0,19	-0,26	0,53	0,75	0,13	0,64								
MACL	0,26	0,59	0,41	-0,10	-0,31	0,17	-0,14	-0,27							
MO1	0,16	0,08	0	-0,17	-0,14	0	-0,23	-0,15	0,14						
MO2	-0,03	-0,02	-0,18	-0,08	-0,06	0	0	0	0	0,04					
MO3	-0,38	-0,08	-0,03	-0,13	0,06	-0,32	-0,14	0	-0,23	0,04	0,24				
MO4	0,09	-0,11	-0,28	0,07	0,11	0	0	0	-0,07	-0,11	0,14	0,06			
MO5	-0,09	-0,19	-0,29	-0,07	0,05	0	0	0	-0,15	-0,08	0,20	0,15	0,55		
MO6	-0,22	-0,26	-0,37	0,01	0,24	-0,17	-0,01	0,13	-0,34	0,32	0,18	0,14	0,24	0,38	
MO7	0,09	0,29	-0,17	-0,04	0,05	0	0	0	0,12	0,10	0,13	-0,05	0,26	0,20	0,32

\* Dans ce tableau une valeur élevée est défavorable pour CEL (davantage de cellules), LGF (davantage de réformes), MACL (davantage de mammites) et IVIA1 (davantage de jours avant la 1ère IA).

\* MO1 hauteur au sacrum, MO2 synthèse aplombs, MO3 filet, MO4 attache avant, MO5 équilibre mamelle, MO6 distance plancher-jarret, MO7 vitesse de traite.

Un BLUP Modèle Animal approché, appliqué aux performances corrigées de l'indexation de chaque caractère, synthétise l'information du sujet et de ses apparentés, pour chaque caractère enrichi par ses prédicteurs. Il produit des index combinés (CELc, MACLc, FERc, FERGc, IVIA1c, LGFc) dont la précision (CD) est accrue par rapport aux index non combinés décrits précédemment. Ces index combinés sont les index polygéniques officiels (exception : Cel plutôt que Celc pour des raisons historiques) et sont utilisés pour calculer les index de synthèse.

Deux synthèses fonctionnelles sont définies, la santé de la mamelle (STMA) et la reproduction (REPRO) :

$$\text{STMA} = (0,6 * \text{CELc} + 0,4 * \text{MACLc}) / 0,90$$

$$\text{REPRO} = 1,36986 * (0,52 * \text{FERc} + 0,30 * \text{FERGc} + 0,18 * \text{IVIA1c})$$

### 1.2.7 - LA PRECISION DES INDEX FONCTIONNELS

Les index fonctionnels sont exprimés en base mobile de valeur 0, en unités d'écart-type génétique de valeur 1, et sont sauf exception compris entre -3 et +3. Un index positif est améliorateur du caractère (comptages cellulaires bas, moins de mammites cliniques, meilleure fertilité, IVIA1 plus court et longévité accrue). Ils sont publiés si leur CD atteint 0.50.

Méthodes d'évaluation développées par l'UMT eBIS (partenariat INRAe, IDELE et ALLICE).

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





## Intervalle de confiance des index fonctionnels (risque 10% d'être hors fourchette)

CD	Index fonctionnels
0.50	+/- 1,2
0.60	+/- 1,0
0.70	+/- 0,9
0.80	+/- 0,7
0.90	+/- 0,5

Interprétation : la valeur génétique vraie d'un taureau indexé à + 1,0 avec un CD de 0,70 se situe entre + 0,1 (1,0 – 0,9) et + 1,9 (1,0 + 0,9) dans 90% des cas. Sa valeur la plus probable est + 1,0. 5 fois sur 100 elle sera inférieure à + 0,1, et 5 fois sur 100 elle sera supérieure à + 1,9.

## 1.3 - AUTRES INDEX FONCTIONNELS : FACILITES ET VITALITES A LA NAISSANCE ET AU VELAGE

### 1.3.1- LES FACILITES DE NAISSANCE (NAI) ET DE VELAGE (VEL)

L'objectif est d'évaluer les conditions de naissance des veaux (effet direct) et les conditions de vêlage des filles des taureaux (effet direct et maternel), afin d'éviter des accouplements à risques sur des génisses.

#### Données

Les conditions de naissance d'un veau sont décrites par une note de 1 à 5 : 1 = vêlage sans aide, 2 = vêlage avec aide facile, 3 = vêlage avec aide difficile, 4 = césarienne, 5 = veau découpé. Etant donné la faible proportion de codes 3, 4 et 5, ils sont regroupés. Une sélection des données est faite pour les données antérieures à 1999 dont la collecte était moins exhaustive.

#### Modèle et paramètres génétiques

Les données sont analysées avec une méthodologie adaptée aux données discrètes, soit un modèle à seuils prenant en compte l'hétérogénéité des variances. La performance, exprimée dans l'échelle de la loi normale sous-jacente est expliquée par les facteurs suivants :

#### - Effets fixes:

- le mois de vêlage par année ;
- le sexe du veau par rang de vêlage (1 à 9) et classe d'âge de la mère au premier et au second vêlage ;
- le département par année ;

#### - Effets aléatoires:

- le troupeau par année et saison (novembre-avril et mai-octobre) ;
- le père du veau;
- le père de la vache;

La variance résiduelle dépend de l'année et du mois de vêlage, du sexe du veau, du département ainsi que du rang de vêlage et de l'âge au vêlage des mères. Ceci donne une plus grande flexibilité au modèle et le rend plus robuste aux caractéristiques des données.

H <sup>2</sup> du caractère sous-jacent	h <sup>2</sup> NAI %	h <sup>2</sup> VEL %
Prim'Holstein	5,6	3,2
Montbéliarde	7,8	3,7
Normande et autres races	7,4	4,3

Méthodes d'évaluation développées par l'UMT eBIS (partenariat INRAe, IDELE et ALLICE).

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

### 1.3.2 - LES VITALITES A LA NAISSANCE (VIN) ET AU VELAGE (VIV)

L'objectif est d'évaluer la mortalité des veaux d'un taureau (effet direct) ainsi que la mortalité des veaux au vêlage de ses filles (effets direct et maternel) dans les 48h suivant la naissance. On a choisi de restituer les mortalités sous la forme des caractères opposés qu'on appelle les « vitalités ».

#### Données

La mortalité est définie à partir de la date de naissance du veau né simple et de sa date de sortie IPG pour la cause « mort » dans les 2 jours qui suivent. Les veaux considérés sont nés à partir du 1<sup>er</sup> janvier 1999. Pour tenir compte de la mise en place progressive de l'IPG européenne et conserver des données assez exhaustives, on impose des contraintes supplémentaires : l'information est acceptée pour un département à partir de l'année où on a un taux minimal de 3% de veaux mort-nés (2,5% pour la montbéliarde), et acceptée pour un élevage à partir de l'année où on y déclare un veau mort-né.

#### Modèle et paramètres génétiques

Le modèle est analogue à celui des conditions de naissance et de vêlage des races principales, mais la prise en compte des variances hétérogènes ne se justifie pas. On considère que le même caractère s'exprime quel que soit l'âge ou le rang de vêlage de la mère.

Comme à l'étranger, la mortalité n'est pas corrigée pour les conditions de naissance ; par suite il y a une relation entre les caractères de mortalité et les caractères du vêlage. Les héritabilités du caractère sous-jacent sont de 4,1% pour la mortalité à la naissance et de 4,1% pour la mortalité au vêlage.

H <sup>2</sup> du caractère sous-jacent	h <sup>2</sup> VIN %	h <sup>2</sup> VIV %
Montbéliarde et autres races	5,9	5,8
Normande	4,1	4,1
Prim'Holstein	3,0	6,6

### 1.3.3 - EXPRESSION ET UTILISATION DES INDEX NAI, VEL, VIN, VIV

Les index NAI et VEL sont exprimés en % de vêlages faciles (codes 1 et 2) sur primipares vêlant en hiver avec un sex-ratio de 50%. La valeur du taureau moyen de la base fixe est par convention à 89%. Les recommandations d'utilisation sont :

NAI < 86	éviter sur génisses
NAI = 86 et 87	utiliser avec précaution sur génisses
87 < NAI < 91	normal
NAI = 91	plutôt conseillé sur génisses
NAI > 91	conseillé sur génisses
Filles de taureaux VEL < 87	accoupler avec des taureaux conseillés sur génisses
Filles de taureaux VEL = 87	accoupler de préférence avec des taureaux conseillés sur génisses

Les index VIN et VIV sont exprimés en % de veaux vivants après 48h, nés d'une mère primipare pour un sex-ratio de 50%. La valeur du taureau moyen de la base fixe est par convention à 92%. Les recommandations d'utilisation sont :

VIN/VIV ≤ 90	détériorateur
VIN/VIV = 92	normal
VIN/VIV ≥ 94	améliorateur
Filles de taureaux VIV ≤ 90	accoupler avec des taureaux de VIN ≥ 94
Filles de taureaux VIV = 91	accoupler avec des taureaux de VIN ≥ 93

Ils sont publiés si le CD atteint 0.50.

## 1.4 - LES INDEX DES CARACTERES DE CARCASSE

Les caractéristiques des carcasses sont issues de la base de données de Normabev.

### 1.4.1 - LES VEAUX DE BOUCHERIE

Les veaux de boucherie sont définis comme les animaux abattus entre 70j et 250j. Sont pris en compte les veaux filés de mère normande, qu'ils soient de race pure ou croisés nés d'un père de race à viande.

Méthodes d'évaluation développées par l'UMT eBIS (partenariat INRAe, IDELE et ALLICE).

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



### Modèle et paramètres génétiques

4 caractères sont évalués : l'âge à l'abattage, le poids et la conformation de carcasse et la couleur de viande. Le modèle d'indexation polygénique est un Blup modèle animal multicaractère, avec un effet d'environnement permanent de la mère sur l'âge à l'abattage, corrigeant pour les facteurs de milieu suivants :

- la race du père ;
- le sexe du veau ;
- l'âge au vêlage de la mère (par année, de 2 à 11 ans ou  $\geq 12$  ans) ;
- le groupe de contemporains défini par le troupeau engraisseur, l'année de naissance de veau et sa saison d'abattage (octobre-février ou mars-septembre).

Paramètres génétiques des caractères des veaux de boucherie de mère normande (écarts-types génétiques en colonne 1, héritabilités sur la diagonale, corrélations génétiques hors diagonale)

	Ect génétique	Poids carcasse	Age abattage	Conformation carcasse	Couleur de viande
Poids carcasse	7.92 kg	0.24	-0.03	0.68	0.05
Age abattage	2.81 j		0.09	0.16	0.51
Conformation carcasse	0.80 1/3 classe			0.34	-0.42
Couleur de viande	0.13 classe				0.11

### Les index publiés et leur expression

Les index de poids de carcasse et d'âge à l'abattage ne sont pas publiés ; pondérés par leurs valeurs économiques respectives (26% et 74 %) ils sont synthétisés dans l'index de croissance carcasse (ICRCvbf), publié avec les index de conformation de carcasse (CONFvbf) et de couleur de viande (COULvbf ; de foncée à claire). L'index d'aptitudes bouchères (IABvbf, en unités d'écart-type et en euros) synthétise les 4 index élémentaires compte-tenu de leurs valeurs économiques respectives (12%, 36%, 41% et 11%).

Les index sont exprimés par rapport à la base de référence mobile de chaque évaluation, valant 0 par convention, regroupant les veaux de mère normande nés au cours des 5 dernières années et disposant des 4 performances. L'unité d'expression est l'écart-type génétique pour les caractères élémentaires, et l'écart-type des index de la population de référence pour les caractères de synthèse.

Sont officiels les index polygéniques des taureaux dont le CD de IABvbf atteint 0.50, ayant au moins 25 veaux avec information complète.

## 1.4.1 - LES JEUNES BOVINS

Les jeunes bovins sont définis comme les animaux abattus entre 350j et 730j. Sont pris en compte dans l'indexation seulement les jeunes bovins de race pure.

### Modèle et paramètres génétiques

3 caractères sont évalués : l'âge à l'abattage, le poids de carcasses et la conformation. Le modèle d'indexation polygénique est un Blup modèle animal multicaractère corrigé pour les facteurs de milieu suivants :

- le mois de naissance ;
- le range de vêlage de la mère (primipare/multipare) \* classe d'âge de la mère (en mois) ;
- le groupe de contemporains défini par le troupeau d'abattage, la saison et l'année d'abattage.

Méthodes d'évaluation développées par l'UMT eBIS (partenariat INRAe, IDELE et ALLICE).

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



Paramètres génétiques des caractères des jeunes bovins normands (écarts-types génétiques en colonne 1, héritabilités sur la diagonale, corrélations génétiques hors diagonale)

	Écart-type génétique	Poids carcasse	Age abattage	Conformation carcasse
Poids carcasse	12.4 kg	0.12	-0.54	0.47
Age abattage	11.6 j		0.14	-0.02
Conformation carcasse	0.48 1/3 classe			0.26

#### *Les index publiés et leur expression*

Les index de poids de carcasse et d'âge à l'abattage ne sont pas publiés ; pondérés par leurs valeurs économiques respectives (79% et 21 %) ils sont synthétisés dans l'index de croissance carcasse (ICRCjbf), publié avec l'index de conformation de carcasse (CONFjbf). L'index d'aptitudes bouchères (IABjbf) en unités d'écart-type et en euros) synthétise les 3 index élémentaires compte-tenu de leurs valeurs économiques respectives (24%, 6%, 70%).

Les index sont exprimés par rapport à la base de référence mobile de chaque évaluation, valant 0 par convention, regroupant les jeunes bovins normands nés au cours des 7 dernières années et disposant des 3 performances. L'unité d'expression est l'écart-type génétique pour les caractères élémentaires, et l'écart-type des index de la population de référence pour les caractères de synthèse.

Sont officiels les index polygéniques des taureaux dont le CD de IABvbf atteint 0.50, ayant au moins 25 jeunes bovins pris en compte dans l'évaluation.

#### **1.4.2 - SYNTHÈSE BOUCHÈRE**

Les caractères de performances à l'abattage et les index morphologiques liés à la musculation de l'animal sont combinés dans une synthèse bouchère. Cette synthèse nécessite le calcul d'index combinés notamment pour les animaux sans performances propre (ex : les femelles) ou sans apparentement à un individu avec performance propre. La méthode utilisée est un BLUP Modèle Animal approché. À partir des performances corrigées de l'indexation de chaque caractère, il synthétise l'information du sujet et de ses apparentés pour chaque caractère enrichi par ses prédicteurs. Il produit des index combinés dont la précision (CD) est accrue par rapport aux index non combinés décrits précédemment. Ces index combinés ne sont pas officiels et ne servent que dans le calcul de la synthèse bouchère et de l'ISU.

La synthèse bouchère (SYBO) est définie comme suit :

$$\text{SYBO} = 1,973 * (0,1125 \text{ ICRCjbf} + 0,275 \text{ CONFjbf} + 0,1125 \text{ ICRCvbf} + 0,10 \text{ CONFvbf} + 0,025 \text{ COULvbf} + 0,225 \text{ MU} + 0,15 \text{ FT})$$

### 1.5 - LES INDEX MORPHOLOGIQUES

L'évaluation génétique des taureaux pour les caractères de format et de conformation s'appuie sur :

- *Une table de pointage linéaire*

Depuis l'automne 1995, les techniciens agréés par l'Organisme de Sélection décrivent, d'un extrême biologique à l'autre, le degré d'expression des caractères morphologiques ; cette note ne traduit pas nécessairement la désirabilité par rapport à un idéal. La vitesse de traite est collectée d'après l'avis de l'éleveur.

- *Le pointage des contemporaines d'étable*

Depuis octobre 1995, les filles des taureaux sont jugées en 1<sup>ère</sup> ou 2<sup>ème</sup> lactation en même temps que l'ensemble (troupeaux adhérents de l'OS) ou un échantillon prédéterminé de contemporaines (troupeaux non adhérents de l'OS).

*Méthodes d'évaluation développées par l'UMT eBIS (partenariat INRAe, IDELE et ALLICE).*

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



- *L'indexation BLUP modèle animal multicaractères*

Les taureaux sont évalués en tenant compte de l'information morphologique disponible et des relations de parenté entre animaux. L'information morphologique est corrigée pour les effets de l'âge au vêlage et du stade de lactation (par région et par campagne) en distinguant les 1<sup>ères</sup> et les 2<sup>èmes</sup> lactations, et en séparant les animaux mesurés à la toise des animaux notés de 1 à 9. S'ajoute l'effet de la visite qui traduit l'environnement commun à toutes les vaches vues le même jour dans le même élevage par le même technicien.

L'hétérogénéité des variances est prise en compte. On considère qu'un écart de valeur génétique entre animaux se traduit par un écart de performances différent selon les conditions de milieu. Le milieu est évalué pour sa variance résiduelle qui dépend de l'âge au vêlage et du stade de lactation (par région, selon que l'animal a été mesuré ou noté, en 1<sup>ère</sup> ou en 2<sup>ème</sup> lactation), ainsi que du technicien (par campagne, selon que l'animal a été mesuré ou noté). Ainsi le jugement est corrigé pour les facteurs de milieu mais aussi restitué dans un environnement standardisé.

L'analyse multicaractère accroît la fiabilité de l'évaluation en tenant compte des liaisons génétiques entre caractères.

- *Des index composites pour les caractéristiques générales de morphologie*

Ils synthétisent des index élémentaires selon les objectifs raciaux de sélection morphologique.

Index composites NO	Définition
Mamelle (MA)	<p><b>Si</b> - pour les femelles, « écart trayons » est connu - pour les mâles, nombre de filles avec MAVA &gt;28</p> <p><b>Alors :</b>  <math>MA = 1,20 * [0,10 AA + 0,05 AR + 0,20 EQ + 0,05 OR + 0,15 EA + 0,20 LI + 0,25 PJ]</math></p> <p><b>Sinon:</b> <math>MA_{v2} : 1,12 * (0,15 AA + 0,10 AR + 0,30 EQ + 0,30 OR + 0,15 LI)</math></p>
Format (FT)	$1,195 * [0,10 HS + 0,30 LP + 0,30 PP + 0,30 IS]$
Musculature (MU)	$1,164 * [0,25 Dessus + 0,25 Filet + 0,50 Culotte]$
Aplombs (APc)	<p><b>Si</b> - Génomique - pour les femelles, « état d'engraissement » est connu - pour les mâles, nombre de filles avec ETEN <math>\geq</math>28</p> <p><b>Alors :</b>  <math>APc = 1,259 * [0,23 AJ + 0,16 QA + 0,11 PI + 0,30 PA + 0,20 LO]</math></p> <p><b>Sinon :</b> restitution synthèse aplombs et son CD associé</p>
Morphologie (MO)	$1,650 * [0,45 MA + 0,15 FT + 0,15 MU + 0,25 Aplombs]$ avec $MA_{v2}$ alternative, MO devient : $1,68 * [0,45 MA1 + 0,15 FT + 0,15 MU + 0,25 Aplombs]$

L'évaluation génétique des taureaux est officielle si la précision atteint 0,70 avec 28 filles jugées. Le coefficient de détermination est fondé sur une héritabilité de 0,30. L'unité de mesure est l'écart-type génétique de valeur 1.

On notera que les index composites et l'index aplombs sont qualitatifs (de mauvais à bon) alors que les index élémentaires sont descriptifs (d'un extrême à l'autre).

Leur interprétation se fait de la façon suivante :

	H <sup>2</sup>	Index	Négatif	Positif
TR	0.25	Vitesse de traite	lente	rapide
HS	0.66	Hauteur sacrum	petit	grand
LP	0.26	Largeur poitrine	étroite	large
PP	0.55	Profondeur poitrine	faible	importante
LB	0.44	Longueur de bassin	court	long

*Méthodes d'évaluation développées par l'UMT eBIS (partenariat INRAe, IDELE et ALLICE).*

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



IS	0.47	Largeur ischions	étroit	large
IB	0.36	Inclinaison bassin	renversé	incliné
AJ	0.20	Angle du jarret	coudé	droit
AP	0.20	Aplombs	mauvais	bons
AA	0.28	Attache avant	courte	longue
EQ	0.27	Equilibre avant arrière	quartiers arrière bas	quartiers arrière hauts
PJ	0.31	Distance plancher jarret	plancher bas	plancher haut
AR	0.18	Attache arrière	basse	haute
OR	0.35	Orientation trayons	externe	interne
EA	0.38	Ecart avant trayons	large	étroit
LI	0.33	Ligament	absent	marqué
QA	0.22	Qualité articulation		
PI	0.14	Angle du pied		
PA	0.15	Parallélisme		
LO	0.11	Locomotion		
ET	0.15	État d'engraissement		

## 1.6 - L'INDEX SYNTHÈSE UNIQUE (ISU)

L'ISU a été redéfini en 2018 à partir des orientations de l'OS et des réponses à la sélection d'une population de jeunes taureaux en contexte génomique.

Il regroupe la synthèse bouchère, la synthèse morphologique et des index fonctionnels combinés (CELc, MACLc, FERc, FERGc, IVIA1c, LGFc) ainsi que la vitesse de traite TR. Il est exprimé en base mobile de moyenne 100 et d'écart-type 20 points.

L'ISU est défini comme :

$$\text{ISU} = 73 * [0,0225 \text{ ICRCjbf} + 0,055 \text{ CONFjbf} + 0,0225 \text{ ICRCvbf} + 0,02 \text{ CONFvbf} + 0,005 \text{ COULvbf} + 0,045 \text{ MU} + 0,03 \text{ FT} + 0,0725 \text{ MA} + 0,065 \text{ APc} + 0,00444 \text{ MG} + 0,007 \text{ MP} + 0,095 \text{ CELc} + 0,06 \text{ LGFc} + 0,07 \text{ FERc} + 0,04 \text{ FERGc} + 0,065 \text{ MACLc} + 0,025 \text{ IVIA1c} + 0,0475 \text{ TR}] + 100$$

## 2. - EVALUATION GENOMIQUE

Le programme de Sélection Assistée par Marqueurs (SAM) a été mis en place en 2001 afin d'optimiser les choix des jeunes animaux sans performances dans les étapes précoces de la sélection. Il a permis d'officialiser des index génomiques (évaluation SAM2 en 2009 ; 1<sup>er</sup> modèle d'évaluation génomique en 2010 ; 2<sup>ème</sup> modèle en 2015). Les populations de référence, initialement constituées de taureaux français génotypés et testés sur descendance en races Holstein, Montbéliarde et Normande, ont été ensuite augmentées par l'apport de taureaux étrangers génotypés et évalués par Interbull pour la Holstein et la Brune, grâce aux consortiums Eurogenomics (Holstein) et Intergenomics (Brune avec évaluation française depuis août 2014).

Depuis 2015, pour les races Montbéliarde et Normande dont l'effectif de taureaux testés croît modérément, la population de référence est augmentée par les femelles génotypées et avec performances, pour les caractères suffisamment héritables (production laitière, morphologie, comptages cellulaires).

L'évaluation génomique repose actuellement pour le LAIT sur des équations de prédiction valorisant 43 080 taureaux de race Holstein, 7 748 taureaux de race Brune, 3 874 taureaux et 184 993 vaches de race Montbéliarde, et 3 104 taureaux et 69 209 vaches de race Normande.

### 2.1 - METHODE D'EVALUATION GENOMIQUE

Les performances utilisées sont :

- pour les taureaux français et les caractères décrits par des modèles linéaires : les « DYD » (daughter yield deviations), égales à la moyenne pondérée des YD de leurs filles (yield deviations, performances moyennes après correction des effets non génétiques de l'évaluation classique) corrigées pour la valeur génétique de leurs mères. Dans le cas particulier des races normande et montbéliarde, cette moyenne n'inclut pas les YD de filles génotypées avec performances ;

*Méthodes d'évaluation développées par l'UMT eBIS (partenariat INRAe, IDELE et ALLICE).*

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



- Depuis 2015 pour les femelles montbéliardes et normandes génotypées avec performances propres, leur YD ;
- 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).

Le modèle d'évaluation développé en 2015 considère que ces performances peuvent être expliquées par l'effet des marqueurs de la puce 54k, réellement analysés ou imputés à partir d'une puce de densité plus basse (puce EuroG10k). Tous les animaux ont été imputés avec le logiciel FImpute qui s'est révélé le plus précis et le plus rapide actuellement.

Les facteurs explicatifs de ces performances sont :

- des QTL (Quantitative Trait Loci) à effets importants ou moyens, détectés par une méthode Bayes Cpi, au nombre de 3000 pour la plupart des caractères, au lieu de 700 au maximum dans le modèle précédent. La transmission de ces QTL est suivie par des haplotypes de 4 SNP dont la construction a été optimisée ; ils expliquent 70 à 80% de la variance génétique, contre 45-50% ou 55-60% précédemment pour les races nationales et internationales respectivement ;
- des QTL non détectés et à petits effets individuels dont on ne considère que la somme des effets au travers d'une matrice de parenté « génomique », qui remplace la matrice de parenté généalogique utilisée précédemment. Cette somme explique 20 à 30% de la variance génétique totale. La matrice de parenté génomique est construite à partir des SNP (Single Nucleotide Polymorphism) de la puce EuroG10K qui ont l'avantage d'être disponibles pour tous les animaux sans passer par une étape d'imputation ;
- un effet résiduel non expliqué.

Ce modèle garde la particularité de tracer précisément les QTL bien détectés en leur donnant une grosse part explicative de la variance génétique, part justifiée par leur détection dans la population raciale. Mais il se rapproche de la méthode standard du GBLUP en valorisant aussi directement les SNP répartis sur tout le génome.

Pour un animal particulier, on peut écrire sa valeur génomique comme suit :

$$G_i = \sum_{j=1}^J (H_{ij1} + H_{ij2}) + \sum_{k=1}^K (SNP_{ik1} + SNP_{ik2})$$

Où  $G_i$  est la valeur génétique de l'animal  $i$ ,  $H_{ij1}$  est l'effet de l'allèle paternel de l'haplotype du QTL  $j$ ,  $H_{ij2}$  est l'effet de l'allèle maternel de l'haplotype du QTL  $j$ ,  $SNP_{ik1}$  est l'effet de l'allèle paternel du SNP  $k$ ,  $SNP_{ik2}$  est l'effet de l'allèle maternel du SNP  $k$ . Les effets des allèles des QTL et des SNP sont sommés pour l'individu  $i$  qui les porte.

## 2.2 - TAUREAUX AVEC EVALUATION GENOMIQUE

Les index génomiques sont comparables aux index polygéniques et sont exprimés dans les mêmes unités par rapport aux mêmes bases. Quand ils existent, ils les remplacent en tant qu'index officiels.

Les entreprises de sélection investisseuses déclarent les taureaux qu'elles mettent en marché sur la base d'index génomiques. La publication des index est autorisée sous réserve que leur précision (CD) atteigne 0.50 et qu'ils proviennent d'un typage fiable. Ce seuil est abaissé à 0,35 pour les caractères fonctionnels peu héréditaires des races régionales et à 0,40 pour les caractères de performances à l'abattage pour la Normandie.

Les taureaux français mis « en confirmation sur descendance » après évaluation génomique, ou anciennement « en testage sur descendance » ont des index génomiques diffusés lors de l'arrivée en production de leurs filles. Les seuils de publication sont alors identiques à ceux des index polygéniques (CD, nombre de filles et/ou de troupeaux) ; mais pour les caractères fonctionnels dont la précision est améliorée par l'évaluation génomique, la publication dépend alors seulement du CD (avec aussi un CD minimal de 0,35 pour les races régionales).

*Méthodes d'évaluation développées par l'UMT eBIS (partenariat INRAe, IDELE et ALLICE).*

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



### 3. - LES ORGANISMES ET ENTREPRISES DE SELECTION

Le 1er novembre 2018, le règlement zootechnique européen est entré en vigueur, modifiant le dispositif actuel de la sélection en France. L'Organisme de Sélection (OS) en race Normande est le seul OS agréé. Les deux autres organismes intervenant dans la race sont des entreprises de sélection (ES). Elles sont listées par ordre alphabétique : Evolution XY et Origen Normande (nouvelle ES depuis 2017, issue de la fusion des programmes normands Origenplus et Gènes Diffusion). Les coordonnées de ces organismes sont disponibles dans le tableau suivant :

Organisme	Codes taureaux	Nom Organisme	Adresse	Coordonnées
OS		Organisme de sélection en Race Normande	Zone d'Activités Le Gué Thibout 61 700 DOMFRONT EN POIRAIE	Tel : 02 33 66 66 56 @ : <a href="mailto:contact@osnormande.fr">contact@osnormande.fr</a> web : <a href="http://www.lanormande.com">www.lanormande.com</a>
ES	C013	CIA CREPPELLE	Domaine de la Crespelle 35133 LA CHAPELLE JANSON	Tel : 02 99 95 22 61 @ : <a href="mailto:contact@cia-crespelle.com">contact@cia-crespelle.com</a> web : <a href="http://www.cia-crespelle.com">www.cia-crespelle.com</a>
ES	S916 S917 S918 S950	EVOLUTION X-Y	Rue Eric Tabarly CS 10040 35 530 NOYAL SUR VILAINE CEDEX	Tel : 02 99 87 90 90 @ : <a href="mailto:contact@evolution-xy.fr">contact@evolution-xy.fr</a> web : <a href="http://www.evolution-xy.fr">www.evolution-xy.fr</a>
ES	S956 S959 S112	ORIGEN NORMANDE	Domaine de Glatigny 50 rue Joseph Guilloneau – 14100 LISIEUX	Tel : 06 85 20 49 56 @ : <a href="mailto:m.chambrial@origenplus.com">m.chambrial@origenplus.com</a> web : <a href="http://www.origen-normande.com">www.origen-normande.com</a>

Méthodes d'évaluation développées par l'UMT eBIS (partenariat INRAe, IDELE et ALLICE).

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





## REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

-----

- Barbat A., Le Mezec P., Ducrocq V., Mattalia S., Fritz S., Boichard D., Ponsart C., Humblot P. (2010). Female fertility in French dairy breeds: Current situation and strategies for improvement. *J. Reprod. Dev.* 56: S15-S21
- Bonaïti B., D. Boichard, E. Verrier, V. Ducrocq, A. Barbat, M. Briend (1990). La méthode française d'évaluation génétique des reproducteurs laitiers. *I.N.R.A. Productions Animales*, 1990, 3 (2), 83 -92
- Boichard D., Bonaïti B., Barbat A. (1993). Effect of Holstein crossbreeding in the French black and white cattle population. *J Dairy Sci.*, 76, 1157-1162
- Boichard D et al (1995). Three methods to validate the estimation of genetic trend in dairy cattle. *J Dairy Sci.*, 78, 431-437
- Boichard D., A. Barbat, M. Briend (1997). Genetic evaluation for fertility in French dairy cattle. Gift workshop, November 23-25, Grub
- Boichard D. et R. Rupp (1997). Genetic analysis and genetic evaluation for somatic cell score in French dairy cattle. Gift workshop, June 8-10 1997, Uppsala
- Boichard D., A. Barbat, M. Briend (1998). Evaluation génétique des caractères de fertilité femelle chez les bovins laitiers. *Journées 3R*, 1998, 5, 103-106
- Boichard D, Fritz S, Rossignol MN, Guillaume F, Colleau JJ, Druet T (2006). Implementation of marker-assisted selection: practical lessons from dairy cattle. In 'Proceedings of the 8th world congress of genetics applied to livestock production, Belo Horizonte, Brazil'. Communication no. 22-11
- Boichard D. Guillaume F., Baur A. Croiseau P., Rossignol M.N., Boscher M.Y., Druet T. Genestout L., Colleau J.J., Journaux L., Ducrocq V., Fritz S. (2012). Genomic Selection in French Dairy Cattle. *Anim. Prod. Sci.*, 52: 115-120
- Brochard M., Boichard D., Ducrocq V., Fritz S. (2013). La sélection pour des vaches et une production laitière plus durables : acquis de la génétique et opportunités offertes par la sélection génomique. *Productions Animales*, 26, 145 :156
- Croiseau P, Legarra A, Guillaume F, Fritz S, Baur A, Colombani C, Robert-Granié C, Boichard D, Ducrocq V. (2011). Fine tuning genomic evaluations in dairy cattle through SNP pre-selection with the Elastic-Net algorithm. *Genet Res (Camb) Dec*; 93(6):409-17
- Druet, T., C. Schrooten, A.P.W. de Roos (2010). Imputation of genotypes from different single nucleotide polymorphism panels in dairy cattle. *J Dairy Sci* 93:5443–5454
- Ducrocq V. (1990). Les techniques d'évaluation génétique des bovins laitiers. *I.N.R.A. Productions Animales* 3 (1) 3-16
- Ducrocq V. (1993). Genetic parameters for type traits in the French Holstein breed based on a multiple-trait animal model. *Livestock Production Science*, 36 (1993) 143-156
- Ducrocq V. (2000). Calving ease evaluation of French dairy bulls with a heteroskedastic threshold model with direct and maternal effects. Interbull open meeting, May 14-15, Bled, Slovenia. *Interbull Bulletin n°25*, 123-130
- Ducrocq V., Mathevon M. (2000). Evaluation génétique des taureaux de races laitières sur les conditions de naissance de leurs veaux et les conditions de vêlage de leurs filles, pp. 165-168 in « 7èmes Rencontres autour des Recherches sur les Ruminants ». Paris, France, 6-7 Decembre 2000
- Ducrocq V., D. Boichard, A. Barbat et H. Larroque (2001). Intégration des caractères fonctionnels dans un index de sélection pour les races bovines laitières : de la théorie à la pratique. *Journées 3R*, 2001, 8, 333-336
- Ducrocq V. (2001). a) A two step procedure to get animal model solutions in Weibull survival models used for genetic evaluations on length of productive life. Interbull meeting, August 30-31, Budapest, Hungary. *Interbull Bulletin* 27, 147-152
- Ducrocq V. (2004). Illustration of a trend validation test for longevity evaluations. Interbull Meeting, May 29-31, Sousse, Tunisia
- Ducrocq V. (2005). An improved model for the French genetic evaluation of dairy bulls on length of productive life of their daughters. *Anim. Sci*, 80, 249-256
- Guillaume F., Boichard D., Ducrocq V., Fritz S. (2011). Utilisation de la sélection génomique chez les bovins laitiers. *Prod.Anim.*24 :363-368
- Govignon-Gion A., Dassonneville R., Balloche G., Ducrocq V. (2012). Genetic evaluation of mastitis in dairy cattle in France. Proceedings of the 2012 Interbull meeting, Cork, Ireland, May 28-31 2012. *Interbull Bulletin* 46, 121-126
- Huquet B., Leclerc H, Ducrocq V. (2012). Modelling and estimation of genotype by environment interactions for production traits in French dairy cattle. *Gen. Sel. Evol.* 44 :35
- Journaux L., Ledos H., Mathevon M., Mattalia S., Leudet O. (2002). Organization of recording and control of data used in France to evaluate calving ease and birth weight in dairy and beef cattle. ICAR Meeting 26-31<sup>st</sup> May 2002, Interlaken (Switzerland)  
*Méthodes d'évaluation développées par l'UMT eBIS (partenariat INRAe, IDELE et ALLICE).*  
*Index calculés par GenEval et publiés par l'Institut de l'Élevage sous la responsabilité des [Organismes de Sélection](#).*



- Lassen J., Sorensen M.K., Madsen P., Ducrocq V. (2007). Robustness of an approximate multitrait model and correction for selection bias. *Genet. Sel. Evol* 39: 353-357
- Lund M.S., de Roos A.P.W., de Vries A.G., Druet T., Ducrocq V., Fritz S., Guillaume F., Guldbandsen B., Liu Z., Reents R., Schrooten C., Seefried M., Su G. (2011). Common reference of four European Holstein populations increase reliability of Genomic Predictions. *Gen. Sel. Evol.*, 43 :43
- Meszaros G., Sölkner J., Ducrocq V. (2013). The Survival Kit: Software to analyze survival data including possibly correlated random effects. *Comput. Methods Programs Biomed* 110, 503-510
- Robert C. (1996). Etude de quelques problèmes liés à la mise en œuvre du REML en génétique quantitative. PhDThesis. Institut National Agronomique Paris-Grignon, 3-357
- Robert-Granié C., Ducrocq V., Foulley J.L. (1997). Heterogeneity of variance for type traits in the Montbéliarde cattle breed. *Genet. Sel. Evol.*, 29, 545-570
- Robert-Granié C., B. Bonaïti, D. Boichard, A. Barbat (1999). Accounting for variance heterogeneity in French dairy cattle genetic evaluation. *Livestock Production Science* 60, 34
- Robert-Granié C., Legarra A., Ducrocq V. (2011). Principes de base de la sélection génomique. *Prod.Anim.*24:331-340
- Rupp R., D. Boichard, A. Barbat (1997). Evaluation génétique des bovins laitiers sur les comptages de cellules somatiques pour l'amélioration de la résistance aux mammites. *Journées 3R*, 1997, 4, 211-214
- Van Raden P.M., Wiggans G.R. (1991). Derivation, calculation and use of national animal model information. *J. Dairy Sci.* 74: 2737-2746
- Yazdi M.H., Visscher P.M., Ducrocq V., Thompson R. (2002). Heritability, reliability of genetic evaluations and response to selection in proportional hazard models. *J. Dairy Sci.*, 85, 1563-1577

*Méthodes d'évaluation développées par l'UMT eBIS (partenariat INRAe, IDELE et ALLICE).*

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

