

Evaluation génétique des taureaux de races laitières sur les conditions de naissance de leurs veaux et les conditions de vêlage de leurs filles

V. DUCROCQ (1), M. MATHEVON (2)

(1) INRA, Station de Génétique Quantitative et Appliquée, 78352 Jouy-en-Josas cedex

(2) Institut de l'Élevage, Station de Génétique Quantitative et Appliquée, 78352 Jouy-en-Josas cedex

RESUME – Les codes de conditions de naissance sont maintenant collectés de manière uniforme au niveau national grâce au bordereau de notification IPG/État-Civil. Cette évolution a permis la mise en place en races laitières d'une évaluation génétique en routine des taureaux sur les conditions de naissance de leurs veaux et les conditions de vêlage de leurs filles. Le modèle d'analyse retenu est un modèle à seuils adapté aux caractères comportant un très faible nombre de classes (3 ici : vêlage sans aide, avec aide facile, avec aide difficile) et décrivant le déterminisme complexe du caractère qui fait intervenir simultanément des effets directs et des effets maternels. Nous y avons ajouté la prise en compte des hétérogénéités de variance résiduelles induites par exemple par le sexe du veau, l'âge des mères ou la région, en appliquant la méthodologie proposée par Foulley et Gianola (1996). Cet article présente la démarche retenue pour le choix d'un modèle adéquat et sa validation, pour l'estimation des paramètres génétiques et pour l'évaluation génétique. Les héritabilités estimées sont faibles, de l'ordre de 5 % pour les conditions de naissance et de 3 % pour les conditions de vêlage, mais les effectifs de descendance de taureaux testage laissent espérer des index assez fiables. Un mode particulier d'expression des index a été retenu afin d'éviter une élimination trop sévère des taureaux aux caractéristiques génétiques défavorables. Ces index devraient en fait surtout servir à éviter les accouplements « à risques », en particulier sur génisses.

Genetic evaluation of dairy bulls on birth conditions of their progeny and calving conditions of their daughters

V. DUCROCQ (1), M. MATHEVON (2)

(1) INRA, Station de Génétique Quantitative et Appliquée, 78352 Jouy-en-Josas cedex

(2) Institut de l'Élevage, Station de Génétique Quantitative et Appliquée, 78352 Jouy-en-Josas cedex

SUMMARY – Birth condition scores are now uniformly collected in France with the use of a unique birth and identification document. This evolution has permitted the implementation of a routine genetic evaluation of dairy bulls on birth conditions of their progeny and on calving conditions of their daughters. The selected model of analysis is a threshold model adapted to traits with a small number of possible categories (3 here : calving with no assistance, with easy pulling, with difficult pulling) and describing the complex determinism of the trait which involves both direct and maternal effects. Heterogeneity of residual variances due for example to sex of calf, age of dam or region was also taken into consideration, applying the methodology proposed by Foulley and Gianola (1996). This paper presents the approach chosen for the selection of an adequate model and its validation, for the estimation of genetic parameters and for the genetic evaluation. The estimated heritabilities are low, of about 5 % for birth conditions and about 3 % for calving conditions, but given the size of progeny groups, reliable estimated breeding values can be expected. A particular way to express these breeding values was chosen in order to avoid a severe culling of bulls transmitting poor birth and calving conditions. Indeed, these breeding values should be mainly used to avoid "risky" matings, especially on heifers.

INTRODUCTION

A cause des pertes économiques qu'elles engendrent (mortalité des veaux, fertilité altérée des mères, coûts vétérinaires), il est souhaitable de réduire l'incidence des dystocias (ou difficultés de vêlage), même en races bovines laitières. Cette réduction peut passer par l'identification des taureaux aux caractéristiques génétiques extrêmes et leur utilisation judicieuse en insémination artificielle, par exemple en évitant systématiquement les accouplements "à risques", en particulier sur génisses. C'est là la principale motivation des évaluations génétiques sur les conditions de naissance réalisées en routine dans divers pays.

En France, ces conditions de naissance sont enregistrées en ferme par les éleveurs sous forme de codes sur une échelle subjective. L'information indirecte qu'apporterait la connaissance des poids à la naissance des veaux est malheureusement très rarement disponible en troupeaux laitiers. Une analyse statistique correcte des codes de conditions de naissance (CCN) suppose la prise en compte simultanée de la nature "discrète" des données (c'est-à-dire avec un très faible nombre de valeurs possibles) et du déterminisme génétique complexe du caractère combinant les effets directs du veau et les effets maternels de sa mère.

Une première étude française de faisabilité d'une évaluation génétique en bovins laitiers à partir des CCN a été réalisée au cours du travail de thèse de Manfredi (1990, voir aussi Manfredi et al. (1991), et Foulley et Manfredi (1991)). Manfredi a ainsi démontré l'applicabilité sur des fichiers de grande taille de Normandie de la méthodologie développée par Gianola et Foulley (1983) pour l'analyse génétique de données discrètes. Son travail a également clairement illustré l'importance de la qualité des données, elle-même fonction de l'existence d'un système de collecte exhaustif et fiable. En particulier, afin d'accroître la quantité d'information disponible et d'éviter d'éventuels biais lors des évaluations génétiques, il est apparu essentiel de disposer des CCN des veaux mâles et des veaux nés morts. La mise en place de la nouvelle Identification Bovine (IPG) et donc du bordereau unique de notification IPG/Etat-Civil en Septembre 1998 a permis d'améliorer tant qualitativement que quantitativement l'information centralisée au Centre de Traitement de l'Information Génétique (CTIG) de Jouy-en-Josas. Ceci a conduit à la mise en place en Juin 2000 d'une première indexation sur les conditions de naissance et de vêlage en bovins laitiers. Nous présentons ici les travaux ayant abouti à cette évaluation. Plusieurs aspects sont considérés : la recherche d'un modèle de description des effets non génétiques, la vérification de l'hypothèse d'un même déterminisme génétique pour les dystocias observées sur génisses et vaches adultes, l'estimation des paramètres génétiques, l'évaluation génétique elle-même, la présentation et l'utilisation des résultats.

1. MATÉRIEL ET MÉTHODES

1.1. DONNÉES

Les codes de conditions de naissance sont exprimés sur une échelle de 1 à 5 : 1 : sans aide ; 2 : aide facile ; 3 : aide difficile ; 4 : césarienne ; 5 : embryotomie. Etant données les incidences très faibles des deux dernières catégories, elles ont été regroupées avec la troisième catégorie. Les données de départ étaient les CCN depuis 1990 disponibles sur la base de données SIG (Système d'Information Génétique) du CTIG de Jouy-en-Josas. La qualité et l'exhaustivité de ces données étant extrêmement variables d'un département à l'autre, au moins avant Septembre 1998, un nombre important de données ont du être éliminées (cf. Ducrocq, 2000 et Institut de l'Elevage/INRA, 2000). Un fichier de 777559 enregistrements de veaux de race Normande a été créé pour la sélection d'un modèle de description des effets non génétiques. Pour l'estimation des paramètres génétiques, des éliminations supplémentaires ont été réalisées afin d'obtenir des fichiers ayant une structure de données satisfaisante. Compte tenu de la diffusion plus large de la race, le fichier Prim'Holstein incluait un plus grand nombre de départements pour lesquels l'information disponible semblait de moindre qualité avant la mise en place de

l'IPG. Aussi, les données Prim'Holstein utilisées pour l'estimation des paramètres génétiques n'ont été retenues qu'à partir de Septembre 1998. Le tableau 1 présente des caractéristiques élémentaires de ces fichiers.

Tableau 1
Caractéristiques des fichiers analysés

race	Normande		Montbéliarde	Prim'Holstein
	(1)	(2)	(2)	(2)
veaux	777559	577342	409220	671740
pères	4325	2877	4193	7282
mères	409784	286247	193532	571162
veaux/mère	1,90	2,02	2,11	1,18
% code 1	79,3	79,1	58,7	69,2
% code 2	17,2	17,4	35,9	25,3
% code 3	3,5	3,5	5,4	5,5

(1) Pour le choix du modèle d'analyse

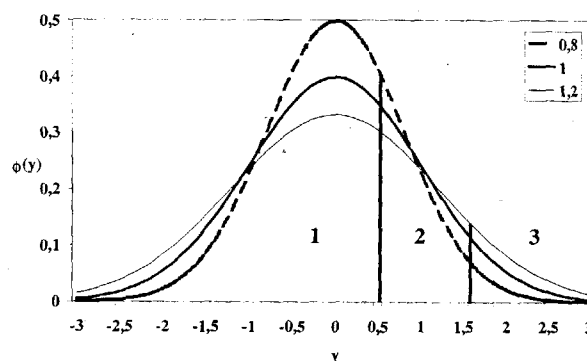
(2) Pour l'estimation des paramètres génétiques

1.2. MÉTHODES

Le tableau 1 met clairement en évidence le fait que l'incidence des vêlages difficiles est faible quelle que soit la race considérée. L'approche classique qui consiste à analyser les CCN Y_i à l'aide d'un modèle linéaire est donc incorrecte, en particulier parce qu'elle ignore la forte liaison qui existe entre la moyenne et la variance du caractère. On lui a préféré une approche postulant un « modèle à seuils », popularisé en génétique quantitative par Foulley et Gianola. Il suppose l'existence d'une variable sous-jacente y_i (pour l'animal i) non observable, distribuée selon une loi normale et qui conditionne la valeur observée Y_i suivant sa position par rapport à des seuils. Ainsi, dans l'exemple de la figure 1, si la variable sous-jacente a une valeur $y_i = 1$, la variable observée sera $Y_i = 2$. Un modèle linéaire classique (ou un modèle mixte en évaluation génétique) est posé pour décrire les paramètres de la distribution des y_i , et une fonction de lien probit est utilisée pour relier la variable sous-jacente y_i à l'observation Y_i .

Classiquement, la variance résiduelle de la variable sous-jacente est prise arbitrairement égale à 1, puisque cette variable n'est pas observable. Plus récemment, Foulley et Gianola (1996) ont montré qu'un meilleur ajustement des données pouvait être obtenu en permettant à cette variance de changer en fonction de variables dépendantes (les mêmes que pour les effets fixes ou d'autres). La flexibilité apportée par la définition de variances résiduelles hétérogènes pour un modèle à seuils est illustrée à la figure 1 pour 3 valeurs d'écart types résiduels σ_i (0,8, 1,0 et 1,2). Etant donnée la position (arbitraire) des seuils sur cette figure, on voit qu'un écart type résiduel plus élevé conduit à une incidence plus grande (aire sous la courbe à droite du deuxième seuil) du code 3 tout en maintenant l'incidence du code 2 à un niveau à peu près constant.

Figure 1
Illustration de l'effet d'une hétérogénéité d'écart type résiduel avec un modèle à seuils



Dans un premier temps, le fichier normand initial a servi à la recherche des facteurs environnementaux à inclure pour la

description des effets fixes et des sources d'hétérogénéité de variance résiduelle. Environ 40 modèles ont été comparés, combinant différents facteurs environnementaux "candidats" : sexe du veau, numéro de vêlage de la mère, âge au vêlage de la mère, département, année et mois de vêlage et leurs interactions. Après estimation des effets par maximum de vraisemblance, l'application de tests de rapport de vraisemblance a révélé que pratiquement tous les effets inclus étaient hautement significatifs. Pour favoriser des modèles plus économes en nombre de paramètres, nous avons eu recours à d'autres techniques de comparaison de modèles : comparaisons de critères d'information (critères d'Akaike et de Hannan et Quinn) et tests du χ^2 de Pearson. Ces approches, décrites de manière plus détaillée par ailleurs (Ducrocq, 2000), ont permis de retenir un modèle final moins compliqué et décrivant bien les effets environnementaux.

Ce modèle a été ensuite étendu à un modèle mixte en incluant les 4 effets aléatoires qu'avait retenus Manfredi (1990), à savoir les effets du père du veau, du père de la vache (grand-père maternel (gpm) du veau) de la mère intra gpm et de la combinaison troupeau-année-saison. Comme Foulley et Gianola (1996), on a supposé une corrélation intra-classe homogène, c'est-à-dire en particulier une héritabilité constante quel que soit le milieu d'expression. Un algorithme EM-REML a été utilisé pour l'estimation des paramètres génétiques (Foulley et Gianola, 1996).

Certains auteurs ayant suggéré que le déterminisme génétique des conditions de naissance diffère suivant que la mère est une génisse ou une vache adulte, deux sous-fichiers ont été créés en race Prim'Holstein suivant le type de mère. Les paramètres génétiques ont été estimés dans les deux sous-populations et la corrélation entre les index des mêmes taureaux obtenus à partir de ces deux sous-fichiers indépendants a été calculée. Une valeur élevée de cette corrélation permettrait de vérifier l'hypothèse d'un même caractère analysé quel que soit l'âge de la mère et de valider l'utilisation de l'ensemble des CCN pour l'indexation.

Enfin, les composantes de variances estimées ont servi à l'évaluation génétique proprement dite sur des fichiers complets de respectivement 817506, 920113 et 2775757 naissances en races Montbéliarde, Normande et Prim'Holstein. Tous les calculs ont été réalisés à l'aide d'un programme FORTRAN que nous avons développé.

2. RÉSULTATS

2.1. CHOIX D'UN MODÈLE

Le modèle finalement retenu comprend 1) pour la description des effets fixes : les interactions "sexe du veau x numéro de vêlage" (en distinguant par ailleurs 5 classes d'âge au premier vêlage et 2 classes au second), "département x année de vêlage" et "année x mois de vêlage" 2) pour la description de la variance résiduelle : les effets "sexe du veau", "numéro de vêlage", "département", "année de vêlage" et "mois de vêlage". Comme Foulley et Gianola (1996), la description des hétérogénéités de variance résiduelle a conduit à un bien meilleur ajustement des données avec nettement moins de paramètres à estimer (cf. Ducrocq, 2000).

2.2. PARAMÈTRES GÉNÉTIQUES

Le tableau 2 présente les estimées des paramètres génétiques dans les 3 races étudiées, lorsque le modèle ci-dessus est étendu pour inclure les 4 effets aléatoires. Les héritabilités des effets directs (conditions de naissance des veaux) et maternelles (conditions de vêlage des mères) sont de l'ordre de 5 % et 3 %, respectivement. Elles sont assez semblables entre races mais sont nettement plus faibles que celles obtenues par Manfredi (1990). Deux explications possibles peuvent être avancées : 1) une différence dans la méthode d'estimation : Manfredi avait utilisé la méthode approchée dite du "Tildehat" de van Randen et Jung (1988) alors qu'un algorithme EM-REML, probablement plus correct, a été retenu ici. 2) une différence de qualité des données : une hétérogénéité beaucoup plus importante dans l'exhaustivité et la distribution des CCN existe dans les fichiers analysés ici.

Les corrélations entre effets père du veau et père de la vache sont proches de 0,5 alors que les corrélations génétiques entre effet direct et effet maternel sont proches de 0 : une dégradation des facilités de vêlage suite à une éventuelle sélection sur les facilités de naissance n'est donc pas à craindre.

Tableau 2
Héritabilités (h^2) et corrélations (ρ) génétiques

race	Normande	Montbéliarde	Prim'Holstein
h^2 effet direct (%)	5,4	5,4	4,3
h^2 effet maternel (%)	3,1	2,6	3,4
ρ effet père- effet grand-père maternel	0,53	0,49	0,50
ρ effet direct-effet maternel	-0,04	-0,16	0,01

A partir de ces paramètres, il est possible de calculer des coefficients de détermination (CD) des index à partir d'une formule proposée par Foulley et Im (1989). Ces CD incluent l'information sur ascendance et sur descendance, mais pas l'information indirecte liée à la corrélation entre effets père et gpm.

L'analyse séparée des CCN de veaux issus de génisses et de vaches adultes en race Prim'Holstein a conduit à l'obtention de paramètres génétiques voisins (même héritabilité de l'effet direct, héritabilité maternelle un peu plus faible sur vaches adultes). Les corrélations brutes entre index calculés indépendamment à partir des deux sources d'informations est de 0,78 pour les conditions de naissance et 0,68 pour les conditions de vêlage lorsqu'on se limite aux taureaux ayant un CD d'au moins 0,50 pour les deux index. Les valeurs correspondantes lorsque cette limite de CD est portée à 0,70 sont de 0,84 et 0,76. En utilisant une approximation de la corrélation génétique vraie à partir des corrélations entre index due à Blanchard et al. (1983), on obtient une corrélation génétique approchée de 0,94 à la fois entre effets directs et entre effets maternels. Ces chiffres confirment que les dystocies observées sur génisses ou vaches adultes ont des déterminismes génétiques très voisins. Cette remarque est fondamentale : elle confirme l'intérêt de l'utilisation pour les plans d'accouplement sur génisses d'index des taureaux de testage obtenus à partir de CCN presque uniquement issus de mères adultes.

2.3. EVALUATION GÉNÉTIQUE

L'évaluation génétique des CCN en Juin 2000 a permis de calculer les index de facilité de naissance (NAI) et de vêlage (VEL) de respectivement 7574, 3620 et 18605 taureaux en races Montbéliarde, Normande et Prim'Holstein. Une présentation plus détaillée des données de base et des solutions des effets fixes et des facteurs d'hétérogénéité de variance est disponible dans d'autres documents (Ducrocq, 2000, Institut de l'Élevage/INRA, 2000). Les solutions génétiques obtenues sur l'échelle sous-jacente du modèle à seuils ont été tout d'abord exprimées en écart à la même base mobile que pour les autres caractères (égale en Juin 2000 à la valeur génétique moyenne des taureaux nés entre 1990 et 1993). Pour faciliter leur utilisation, ces solutions ont ensuite été exprimées en fréquence attendue de vêlages faciles (CCN 1 et 2) sur génisses en supposant un sexe ratio de 0,5 et avec une moyenne globale fixée après accord des partenaires professionnels à 89 % quelle que soit la race concernée.

Le tableau 3 illustre le type de résultats obtenus pour 6 taureaux de race Normande ayant de 1650 à 32512 CCN inclus dans leur évaluation. Le taureau A avait déjà la réputation d'être hors norme et par conséquent, n'était pratiquement jamais utilisé sur génisses (2,4 %). Il obtient le pire index NAI, bien que la fréquence observée de vêlages faciles soit du même ordre que pour le taureau B. En excluant ce taureau, le domaine de variation des index publiés est de 80 à 94.

Tableau 3
Exemples d'index publiés,
pour 6 taureaux de race Normande

Caractère ⁽¹⁾ / Taureau	Index en écart type génétique	Index Publié ⁽²⁾	Vêlages faciles observés ⁽³⁾ (%)	CCN ⁽⁴⁾ issus de génisses (%)
NAI				
A	-4,7	72	92,0	2,4
B	-2,8	80	91,9	24,3
C	+1,8	93	97,6	28,7
VEL				
D	-3,3	79	82,6	89,6
E	-2,1	83	92,6	29,7
F	+2,0	93	96,2	56,9

(1) NAI= facilité de naissance ; VEL : facilité de vêlage

(2) Fréquence attendue de vêlages faciles sur génisses (moyenne fixée à 89 %) avec un sexe ratio de 50 %

(3) Y compris sur vaches adultes

(4) CCN= codes de condition de naissance

Un CD de 0,50 suffisant pour une publication des index NAI est obtenu lorsqu'on dispose de 52 à 56 CCN de veaux issus d'un même taureau. Pour les index VEL, les valeurs minimales sont de 70 à 80 CCN issus de filles du taureau. Les chiffres correspondants pour un CD de 0,70 sont de 152 à 165 CCN pour les conditions de naissance et de 200 à 240 pour les conditions de vêlage. Ces valeurs sont facilement atteintes pour les conditions de naissance, même pour les taureaux de testage. Elles sont un peu plus longues à obtenir pour les conditions de vêlage.

3. DISCUSSION ET CONCLUSION

L'évaluation génétique annuelle des taureaux sur les conditions de naissance de leurs descendants et les conditions de vêlage de leurs filles est maintenant officielle. Nous avons clairement démontré que le modèle à seuils intégrant des hétérogénéités de variance résiduelle est applicable sur des fichiers de grande taille. Cette correction des hétérogénéités de variance permet une modélisation plus simple des facteurs environnementaux, un meilleur ajustement des données et probablement une meilleure prise en compte des différences de

qualité des données. Les estimées d'héritabilité sont faibles et devront certainement être recalculées à l'avenir lorsque la proportion de données très fiables sera plus importante. Elles ne sont malgré tout pas forcément surprenantes, compte tenu de la faible incidence observée des difficultés de vêlage en race laitière.

Ces index publiés ne doivent pas servir à proscrire systématiquement l'utilisation des « mauvais » taureaux. Une telle élimination aurait des conséquences néfastes sur le progrès génétique réalisable sur les autres caractères, qu'ils soient fonctionnels ou de production. C'est ce qui nous a conduit à privilégier un mode d'expression des index différent des autres caractères fonctionnels. Nous recommandons ainsi de les utiliser plutôt pour éviter les accouplements à risques. Un écart type génétique σ_G représentant très grossièrement de l'ordre de 2 points d'index NAI et VEL, on peut par exemple proposer la grille d'utilisation suivante :

- Index NAI inférieur à 87 (index $< -1\sigma_G$) : taureau dont l'utilisation est à éviter sur génisses ;
- Index NAI supérieur à 91 (index $> +1\sigma_G$) : taureau dont l'utilisation est conseillée sur génisses ;
- Index VEL inférieur à 87 (index $< -1\sigma_G$) : taureau dont les filles doivent être accouplées à des taureaux « conseillés sur génisses ».

Blanchard, P. J., Everett, R. W., Searle, S., 1983. J. Dairy Sci., 66, 1947-1954.

Ducrocq, V., 2000. Interbull Bulletin, 25, 123-130.

Foulley, J.L., Gianola, D., 1996. Genet. Sel. Evol., 28, 249-273.

Foulley, J.L., Im, S., 1989. Genet. Sel. Evol., 21, 359-376.

Foulley, J.L., Manfredi E., 1991. Genet. Sel. Evol., 23, 309-338.

Gianola, D., Foulley, J.L., 1983. Genet. Sel. Evol., 15, 201-224.

Harville, D.A., Mee, R.W., 1984. Biometrics, 40,393-408.

Institut de l'Elevage/INRA, 2000. Indexation Bovine Laitière. Note IBL 2000-3.

Manfredi, E., 1990. Analyse génétique des conditions de naissance chez les bovinés par le modèle à seuils. Thèse de Doctorat, Université Paris-Sud, Orsay.

Manfredi, E., Ducrocq, V., Foulley, J.L., 1991. J. Dairy Sci., 74, 1715-1723.

Van Raden, P.M., Jung Y.C., 1988. J. Dairy Sci., 71, 187-195.