

Evaluation génétique des bovins laitiers sur les comptages de cellules somatiques pour l'amélioration de la résistance aux mammites

R. RUPP, D. BOICHARD

INRA, Station de Génétique Quantitative et Appliquée, 78352 Jouy-en-Josas Cedex

RÉSUMÉ – Cet article présente une analyse génétique des comptages de cellules somatiques dans les races bovines laitières françaises Holstein, Normande et Montbéliarde. Le caractère analysé est une moyenne pondérée par lactation des scores cellulaires observés à chaque contrôle laitier et ajustés pour le stade de lactation, le score cellulaire étant défini comme le logarithme en base 2 du comptage cellulaire. Le score cellulaire moyen présente une héritabilité modérée de 0,15, homogène entre lactations. La corrélation génétique entre lactations est élevée, supérieure à 0,80, tandis que la répétabilité est d'environ 0,35. La corrélation génétique entre score cellulaire et les caractères de production est légèrement positive (0,1 à 0,2), donc défavorable, tandis que la corrélation phénotypique est négative (-0,1). L'article présente également les caractéristiques de l'évaluation génétique des taureaux d'insémination artificielle sur le score cellulaire, publiée depuis juillet 1997. Ces index sont peu dépendants des index de production mais présentent une corrélation défavorable avec la vitesse de traite (-0,33) et favorable avec certains index de la mamelle, comme la distance plancher jarret (0,28). La relation entre index du père et niveau cellulaire de ses filles, comprise entre -10 000 et -50 000 cellules/ml par unité d'index du père, n'est pas linéaire. Elle augmente avec le numéro de lactation et avec le niveau cellulaire du troupeau.

Genetic evaluation of dairy cattle for somatic cell count to improve mastitis resistance

R. RUPP, D. BOICHARD

INRA, Station de Génétique Quantitative et Appliquée, 78352 Jouy-en-Josas Cedex

SUMMARY – A genetic analysis of somatic cell count was carried out in the Holstein, Normande, and Montbéliarde French dairy cattle breeds. The analysed trait was defined by a weighted average of test-day somatic cell scores adjusted for days in milk. Test-day somatic cell score was defined as the logarithm of the somatic cell count. The average somatic cell score had a moderate heritability (0.15), homogeneous across lactations. The genetic correlation between lactation measures was high (>0.80), whereas the repeatability was 0.35. The genetic correlation with production was slightly positive (0.1-0.2), ie unfavourable, whereas the phenotypic correlation was slightly negative (-0.1). This paper also presents the main characteristics of the artificial insemination bull genetic evaluation, first published in July 1997. These proofs were found to be independent of production. The relationship with milking speed was found to be unfavourable (-0.33), whereas it was favourable with some udder traits, as udder depth (0.28). The relationship between sire evaluation and somatic cell counts of his daughters was not linear and varied from -10,000 to -50,000 cells/ml per sire proof unit. This relationship increased with parity and average cell level of the herd.

INTRODUCTION

Divers caractères fonctionnels (longévité, résistance aux maladies, fertilité...) prennent une importance économique croissante dans le contexte actuel de recherche de réduction des coûts de production. Ces caractères sont génétiquement défavorablement corrélés avec les caractères de production, de sorte qu'ils tendent sans doute à se détériorer sous l'effet de la sélection laitière. L'objectif de sélection des bovins laitiers est donc progressivement adapté pour prendre en compte de nouveaux caractères fonctionnels, en vue de ralentir leur dégradation, voire de les améliorer. Dans un premier temps, en 1995, le système d'information a été complété au niveau national par les données concernant différents caractères fonctionnels, dont les comptages de cellules somatiques (CCS), permettant d'une part une analyse génétique à grande échelle de ces caractères et d'autre part la mise en place d'une évaluation génétique des reproducteurs.

Divers arguments militent en faveur de la prise en compte des CCS dans l'objectif de sélection. En premier lieu, les CCS ont une importance économique propre, de par leur prise en compte dans le système de paiement du lait. Par ailleurs, les données sont disponibles de façon quasi-exhaustive dans la population bovine au contrôle laitier. De plus, ce sont les seuls critères disponibles à grande échelle pour détecter les mammites subcliniques. Enfin, d'après la bibliographie récente (McDaniel et al., 1993; Philipsson et al., 1995), bien que mammites cliniques et subcliniques correspondent à des pathologies distinctes, la corrélation génétique entre comptages cellulaires moyens par lactation et incidence de mammites cliniques est élevée, indiquant qu'une partie des mécanismes génétiques de résistance de la mamelle sont communs aux deux caractères. Ce dernier point peut être illustré de la façon suivante. A l'échelle d'une lactation, les CCS, généralement non disponibles au moment du vêlage et mesurés sur un rythme mensuel, ne permettent de détecter que 20 à 30 % des mammites cliniques. Mais entre descendance, l'incidence moyenne de mammites cliniques a une corrélation de 0,7 avec le niveau cellulaire moyen. Une sélection des taureaux pour diminuer les CCS induit donc une réduction de l'incidence des mammites cliniques.

Cet article présente les résultats d'une première analyse génétique des CCS, ainsi que les caractéristiques de l'évaluation génétique mise en place en juillet 1997.

1. DÉFINITION DU CARACTÈRE

Les CCS individuels sont mesurés en routine au contrôle laitier depuis 1984 et sont un outil indispensable de maîtrise sanitaire du troupeau. A des fins génétiques, l'information est disponible dans la base de données nationale de façon partielle depuis 1990 et quasi exhaustive depuis 1993. Les CCS présentent une distribution très dissymétrique avec une grande majorité de comptages inférieurs à 100 000 cellules par millilitre (c/ml) et une minorité de comptages potentiellement très élevés. Cette distribution, peu propice à une modélisation et à une analyse génétique, est normalisée par une transformation logarithmique des CCS. Le critère obtenu, le Score Cellulaire Somatique (SCS) est défini par $SCS = \log_2 (CCS/100\ 000) + 3$. Les SCS prennent des valeurs généralement comprises entre 0 et 9. La valeur 3 correspond à un CCS de 100 000 c/ml et une augmentation de 1 du SCS correspond à un doublement du CCS.

En raison du nombre de contrôles élémentaires (plus de 100 millions dans la base nationale), la priorité a été donnée à l'analyse des résultats par lactation. Suivant Wiggans et Shook (1987), le critère par lactation choisi est défini par la moyenne pondérée des SCS ajustés pour le stade de lactation. Les facteurs d'ajustement, estimés à partir d'un large échan-

tillon de lactations 'saines' (définies par un SCS moyen inférieur à 4), visent à corriger l'effet de dilution des cellules par le volume de lait. Cet ajustement permet d'une part d'extrapoler les lactations en cours et d'autre part de pallier le défaut de périodicité stricte des contrôles. Les SCS sont pondérés de sorte à accorder un poids plus important aux contrôles les plus corrélés avec la moyenne et les moins variables d'un individu à l'autre. Les poids sont définis par le rapport R/s, analogue à un coefficient de régression, où R est la corrélation entre le contrôle considéré et la moyenne des autres contrôles et s est l'écart type des SCS à un stade de lactation donné. Le comportement du critère ajusté et pondéré (LSCS) a été comparé avec la moyenne brute des SCS (MSCS) en simulant des lactations en cours, à 120 et 200 jours, à partir de lactations complètes. Les résultats, présentés au tableau 1, montrent que les ajustements et poids permettent d'améliorer sensiblement l'efficacité de prédiction de la moyenne.

Tableau 1
Comparaison des critères MSCS et LSCS en lactations complète et en cours.

	Critère	Moyenne	Corrélation avec MSCS en lactation complète
Lactation complète	MSCS	2,61	1
	LSCS	2,65	0,996
Lactation 120 jours	MSCS	2,37	0,871
	LSCS	2,63	0,882
Lactation 200 jours	MSCS	2,46	0,968
	LSCS	2,64	0,975

MSCS : moyenne brute des scores cellulaires par lactation

LSCS : moyenne pondérée par lactation des scores cellulaires ajustés pour le stade de lactation

2. ESTIMATION DES PARAMÈTRES GÉNÉTIQUES

Deux analyses ont été réalisées, dans les trois races Holstein, Normande et Montbéliarde. L'analyse des premières lactations, de grande envergure, porte sur les données de 1994 à 1996. La seconde vise plus spécifiquement à analyser le déterminisme génétique des LSCS au cours de trois lactations successives et concerne les vaches en première lactation en 1994, ayant donc eu la possibilité de réaliser trois lactations. Les effectifs considérés sont présentés au tableau 2.

Tableau 2
Effectifs considérés pour l'estimation des paramètres génétiques

	Montbéliarde	Normande	Holstein	
Analyse en 1 ^{ère} lactation	Taureaux de testage	473	526	2 330
	Femelles	236 628	256 265	1 429 410
Analyse entre lactations	Taureaux de testage	196	225	1 093
	Femelles	97 429	106 627	596 905

Les estimations d'héritabilité (tableau 3) sont comprises entre 0,14 et 0,15 en première lactation, elles sont semblables dans les trois races et sont conformes aux données de la littérature (voir Mrode et Swanson, 1995, pour une revue récente). L'écart type génétique en première lactation est proche de 0,4 SCS et semble légèrement plus élevé en race Holstein (0,44). Au cours des lactations suivantes, l'héritabilité est stable en race Holstein, tandis que les évolutions opposées observées dans les deux autres races sont probablement dues aux échantillons de taille plus faible. L'écart type génétique augmente avec le numéro de lactation (de 0,44 à 0,50 entre les lactations 1 et 3 en race Holstein), reflétant une augmentation de la variabilité phénotypique et la relative stabilité de l'héritabilité.

Tableau 3
Estimations d'héritabilité de LSCS selon le numéro de lactation.

	Montbéliarde	Normande	Holstein
Héritabilité en 1 ^{ère} lactation	0,138	0,145	0,143
Héritabilité au cours des lactations successives			
Lactation 1	0,128	0,134	0,163
Lactation 2	0,108	0,180	0,151
Lactation 3	0,094	0,180	0,151

Les corrélations phénotypiques entre les différentes mesures de LSCS au cours des lactations successives sont maximales (0,40) entre les lactations 2 et 3 et minimales (0,30) entre les lactations 1 et 3, la répétabilité moyenne étant de 0,35. Suivant les races, les corrélations génétiques varient de 0,83 à 0,89 entre lactations 1 et 2, de 0,88 à 1,00 entre lactations 2 et 3 et de 0,69 à 0,91 entre lactations 1 et 3. A l'exception de la corrélation entre lactations 1 et 3 en race Holstein (0,69), toutes ces estimations sont supérieures à 0,8, montrant que le déterminisme génétique des SCS est assez proche d'une lactation à l'autre.

Les corrélations génétiques et phénotypiques avec les caractères de production sont présentées au tableau 4. Conformément à la littérature (Mrode et Swanson, 1995), les corrélations phénotypiques sont légèrement négatives, reflétant la perte de production lorsque survient une mammite, alors que les corrélations génétiques sont légèrement positives, indiquant un antagonisme entre production laitière et résistance aux mammites. Cette opposition génétique est plus élevée pour la quantité de matière protéique que pour la quantité de matière grasse. D'autre part, elle augmente légèrement avec le numéro de lactation pour atteindre 0,28 en troisième lactation en race Holstein.

Tableau 4
Corrélations génétiques (Rg) et phénotypiques (Rp)
entre LSCS et les caractères de production
(analyse en 1^{re} lactation)

	Montbéliarde		Normande		Holstein	
	Rg	Rp	Rg	Rp	Rg	Rp
Lait	0,17	-0,08	0,17	-0,10	0,10	-0,13
Protéine	0,18	-0,08	0,13	-0,09	0,09	-0,13
Matière grasse	0,20	-0,06	0,17	-0,06	0,15	-0,13

3. EVALUATION GÉNÉTIQUE DES TAUREAUX

3.1. MÉTHODES ET RÉSULTATS

L'évaluation génétique des taureaux pour LSCS prend en compte toutes les lactations de rang 1 à 3 débutées après le 1^{er} septembre 1989 avec au moins un contrôle avec cellules. Le modèle d'évaluation est un BLUP modèle animal, comparable à celui utilisé pour les caractères de production laitière. Les facteurs de correction (effets fixés) sont la combinaison troupeau x année et trois effets définis intra année, région et numéro de lactation : l'âge au vêlage, le mois de vêlage et la durée de tarissement. L'héritabilité et la répétabilité sont respectivement de 0,15 et 0,35.

Les index des taureaux, c'est-à-dire leurs estimations de valeur génétique, sont exprimés en écart type génétique, sur une base mobile, et prennent donc des valeurs généralement comprises entre -3 et +3. Le signe est inversé, de sorte que les index positifs correspondent à des comptages cellulaires plus faibles.

Le recul est encore limité pour bien estimer l'évolution génétique au cours des dernières années. Cependant, six cohortes de taureaux (nés de 1986 à 1991) sont évaluées précisément avec les données disponibles. Une légère dégradation est observée en race Montbéliarde, de l'ordre d'un quart d'écart type génétique en 6 ans, tandis qu'aucune évolution claire n'est observée en races Normande et Holstein.

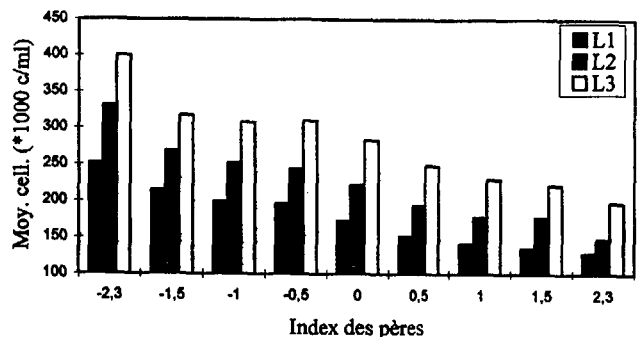
Les index SCS des taureaux sont relativement indépendants des index de production laitière (lait, taux et quantités de matière grasse et de matière protéique) en race Montbéliarde, alors qu'en races Holstein et Normande une légère opposition est observée entre index de quantités et index SCS (corrélations de -0,08 et -0,09 entre SCS et INEL). En race Holstein, les corrélations entre index SCS et différents index de morphologie de la mamelle (distance plancher jarret, équilibre, hauteur de l'attache arrière et index composite mamelle) sont favorables et atteignent respectivement 0,28,

0,20, 0,14 et 0,23. Par contre, les corrélations des SCS avec la profondeur de sillon et les trayons (longueur, implantation, et écart) sont inférieures à 0,1. Les efforts portés sur l'amélioration de la morphologie de la mamelle pourraient expliquer la dégradation des SCS moins importante que celle prévue en réponse à l'amélioration des caractères de production. Une relation nette (-0,33) est observée entre index SCS et vitesse de traite, confirmant ainsi que les descendance présentant une vitesse de traite élevée en moyenne ont également plus de cellules.

3.2. INTERPRÉTATION DES INDEX

Les index ont un mode d'expression assez abstrait avec des valeurs comprises entre -3 et +3. D'autre part, ils sont établis à partir des scores cellulaires, dont la relation avec les comptages de cellules somatiques n'est pas linéaire. Contrairement aux index de production laitière, l'effet d'une variation d'index SCS sur les comptages cellulaires dépend d'une part du niveau d'index et d'autre part du niveau cellulaire moyen observé dans l'environnement considéré. Pour faciliter l'utilisation des index, la grille d'interprétation proposée présente les relations entre l'index du taureau et les CCS réellement observés aux différents contrôles de ses filles. Ainsi, la moyenne cellulaire des contrôles laitiers des filles, le pourcentage de contrôles supérieurs à 300 000 ou 800 000 c/ml et le pourcentage de lactations considérées comme infectées ont été calculés par classe d'index des pères, dans les trois races Holstein, Normande et Montbéliarde et pour les trois premières lactations. Les résultats exhaustifs sont présentés dans la 'lettre d'Indexation Bovine Laitière 97-5' (1997). La figure 1 présente la moyenne cellulaire des contrôles des filles en fonction de l'index du père et du numéro de lactation en race Holstein.

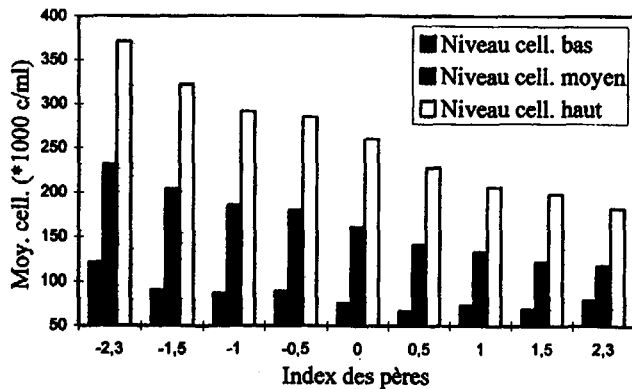
Figure 1
Moyenne cellulaire des filles, en fonction du numéro de lactation et de l'index moyen des pères
- race HOLSTEIN -



Le niveau cellulaire moyen est similaire en Holstein et Normande, mais nettement inférieur en Montbéliarde. Il augmente avec le numéro de lactation. Dans les 3 races et au cours des 3 lactations, le niveau cellulaire des filles diminue lorsque l'index du père augmente mais l'effet en terme de nombre de cellules n'est pas linéaire. Il varie de -10 000 à -50 000 c/ml par unité d'index et il est d'autant plus important que l'index est mauvais et que la moyenne cellulaire est élevée. Ainsi, l'effet de l'index est légèrement plus élevé en Holstein et Normande qu'en Montbéliarde. Il est nettement plus élevé chez les adultes que chez les primipares.

Les pourcentages de contrôles supérieurs à 300 000 c/ml suivent la même évolution. En race Holstein, autour d'une moyenne de 12, 16 et 23 % en lactations 1, 2 et 3, ils diminuent respectivement de 2, 4 et 5 % par unité d'index du père. De même, le pourcentage de contrôles inférieurs à 50 000 c/ml, en moyenne de 38, 35 et 29 % en lactations 1 à 3, augmente de 4 à 5 % par unité d'index du taureau.

Figure 2
Moyenne cellulaire des filles en 1^{re} lactation, en fonction de l'index moyen des pères et du niveau cellulaire du troupeau - race HOLSTEIN -



L'impact d'une variation d'index SCS sur les comptages de cellules somatiques a également été étudié en fonction du niveau cellulaire du troupeau dans lequel se trouvent les filles. Pour cela, les élevages ont été classés, à partir des effets troupeau x année du modèle d'évaluation génétique, en 3 catégories correspondant à des niveaux cellulaires bas, moyen ou élevé. Ces catégories représentent respectivement 25, 50 et 25 % des troupeaux environ. La figure 2 présente la moyenne cellulaire des contrôles des filles en première lactation en fonction du niveau d'index du père et du niveau cellulaire du troupeau en race Holstein. Dans les troupeaux à niveau cellulaire bas, l'effet du père est limité, à l'exception des index très faibles. Au contraire, dans les troupeaux à niveau cellulaire élevé, la moyenne cellulaire des filles diminue progressivement, et de façon marquée, sur toute la gamme d'index des pères. Ce résultat très général est retrouvé dans les trois races, les trois lactations et sur l'ensemble des critères considérés.

En conclusion, 1) très logiquement, plus l'index du père est élevé, plus le niveau cellulaire moyen des filles est bas ; 2) mais cet effet n'est pas linéaire, puisque les index très négatifs entraînent une élévation forte du niveau cellulaire alors que les différences sont plus réduites pour des index non extrêmes ; 3) enfin, l'effet de l'index est de type multiplicatif et, en conséquence, il est d'autant plus important que le niveau cellulaire augmente. L'effet de l'index sur les CCS

augmente donc avec le numéro de lactation et avec le niveau cellulaire moyen du troupeau.

CONCLUSION

La sélection laitière pratiquée dans le passé a probablement entraîné une augmentation des CCS et de l'incidence des mammites cliniques, même si l'amélioration de la qualité des mamelles a limité cette évolution défavorable. Les CCS, utilisés depuis longtemps pour la maîtrise de la qualité sanitaire du lait, sont intégrés depuis juillet 1997 dans l'objectif de sélection. L'héritabilité modérée (0,15) de la moyenne par lactation des scores cellulaires (LSCS) permet de prévoir une efficacité satisfaisante de la sélection contre les mammites subcliniques. D'autre part, la corrélation génétique entre LSCS et incidence de mammites cliniques est forte (0,7), de sorte que l'augmentation de l'incidence des mammites cliniques devrait être sensiblement ralentie.

En pratique, plutôt qu'une sélection par seuil, la solution optimale consiste à définir un objectif de sélection où chaque caractère est pondéré par son poids économique. D'après Colleau et Le Bihan-Duval (1995), le poids d'un écart type génétique de SCS est d'environ 1/5 du poids d'un écart type d'INEL. Une simulation sur les taureaux nés de 1988 à 1992 montre qu'en sélectionnant les 10% meilleurs sur cet objectif (INEL + 4 SCS), les SCS sont diminués de 0.06 à 0.20 écart type génétique selon les races, alors qu'une augmentation est observée en sélectionnant sur l'INEL uniquement.

Cette étude ne constitue qu'une phase préliminaire. Dans le futur, les relations doivent être explicitées plus précisément entre production, CCS, mammites cliniques, morphologie de la mamelle, vitesse de traite et longévité pour définir plus précisément l'objectif de sélection. En particulier, deux questions restent en suspens. 1) Dans l'immédiat, la sélection sur les CCS devrait surtout diminuer la proportion de comptages élevés, ce qui ne peut être que bénéfique. Mais à terme, il convient d'évaluer très précisément le risque associé à des CCS très bas sur l'apparition de mammites cliniques. 2) D'autre part, Colleau et Le Bihan-Duval (1995) ont montré que la sélection sur les CCS ne permet que de ralentir l'augmentation de la fréquence des mammites cliniques. Pour arrêter totalement l'augmentation de l'incidence de cette pathologie, il est indispensable de prendre en compte les mammites cliniques en plus des CCS. Pour ces deux points cruciaux, le développement d'un recueil de données fiable et exhaustif des mammites cliniques apparaît très souhaitable.

RÉFÉRENCES

COLLEAU J.J., LE BIHAN-DUVAL E., 1995. *J. Dairy Sci.*, 78, 659-671.

EMANUELSON U., DANELL B., PHILIPSSON J., 1988. *J. Dairy Sci.*, 71, 467-476.

INDEXATION BOVINE LAITIÈRE, 1997, INRA-Institut de l'Élevage, 97-5, 11 p.

LUND T., MIGLIOR F., DEKKERS J.C.M., BURNSIDE E.B., 1994. *Livestock Prod. Sci.*, 39, 243-251.

McDANIEL B.T., ADKINSON R.W., SCHUTZ M.M., 1993. *J. Dairy Sci.*, 76 (Suppl. 1), 467(Abstr.).

MRODE R.A., SWANSON G.J.T., 1996. *Anim. Breed. Abstr.*, 64, 847-857.

PHILIPSSON J., RAL G., BERGLUND B., 1995. *Livest. Prod. Sci.*, 41, 195-200.

SERIEYS F., 1985. *Rec. Med. Vet.*, 161, 553-566.

WIGGANS G.R., SHOOK G.E., 1987. *J. Dairy Sci.*, 77, 2666-2672.