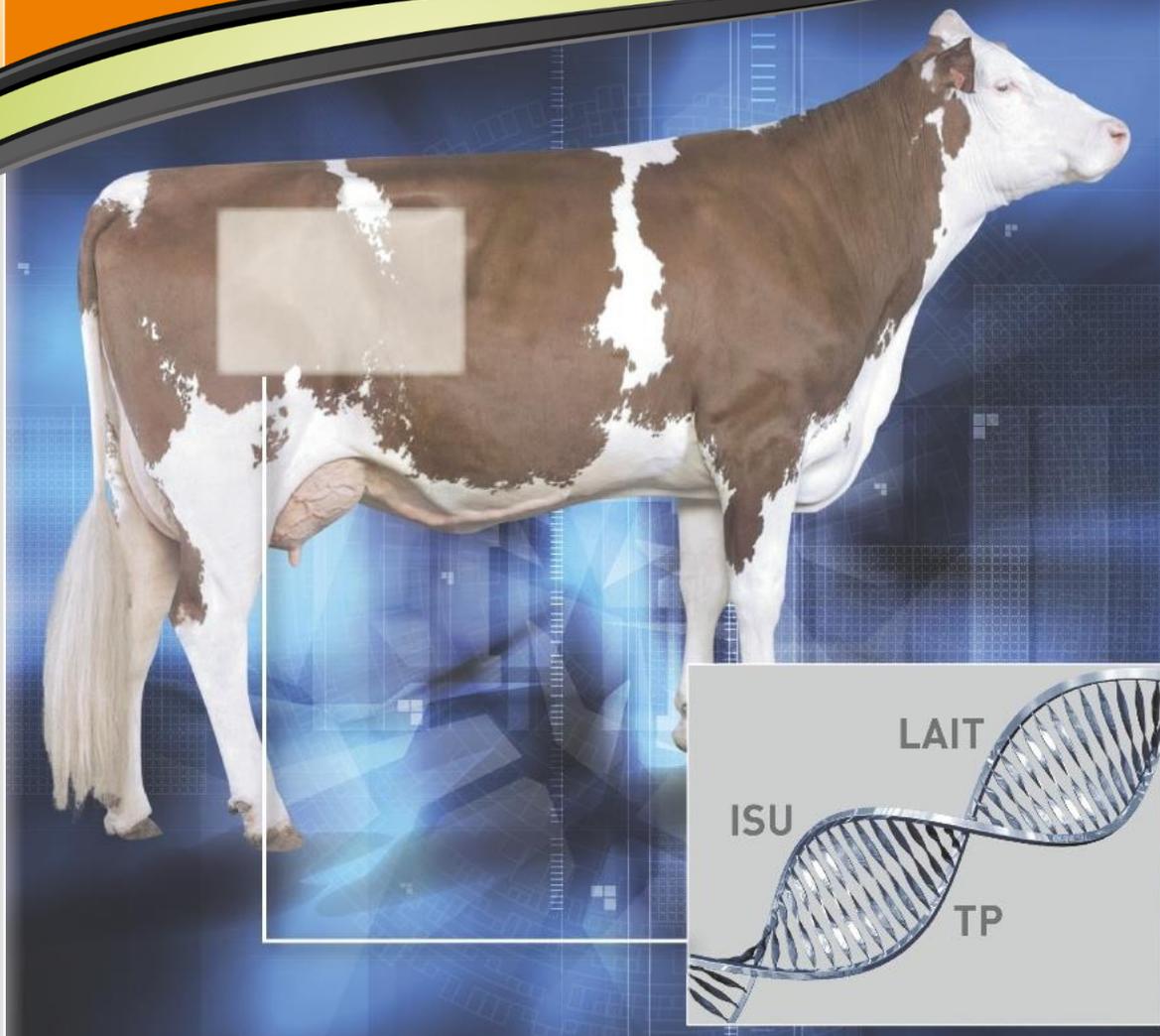


Nouvelle méthode d'indexation génomique



Un nouveau cap franchi en sélection génomique

Les éleveurs montbéliards attendaient depuis longtemps plus de précision dans les index génomiques, ce sera désormais chose faite à partir du 10 avril.

Avec la prise en compte des femelles génotypées dans le calcul d'index, la population de référence montbéliarde a ainsi été multipliée par 4. Elle n'avait pas évolué depuis 5 ans.

Et en plus, pour chaque caractère, on passe de 500 zones informatives dans le génome (QTL) à 3000 ! L'analyse du génome est plus fine.

Le gain final est d'environ 10 points de CD en Montbéliarde, gage d'une précision accrue.

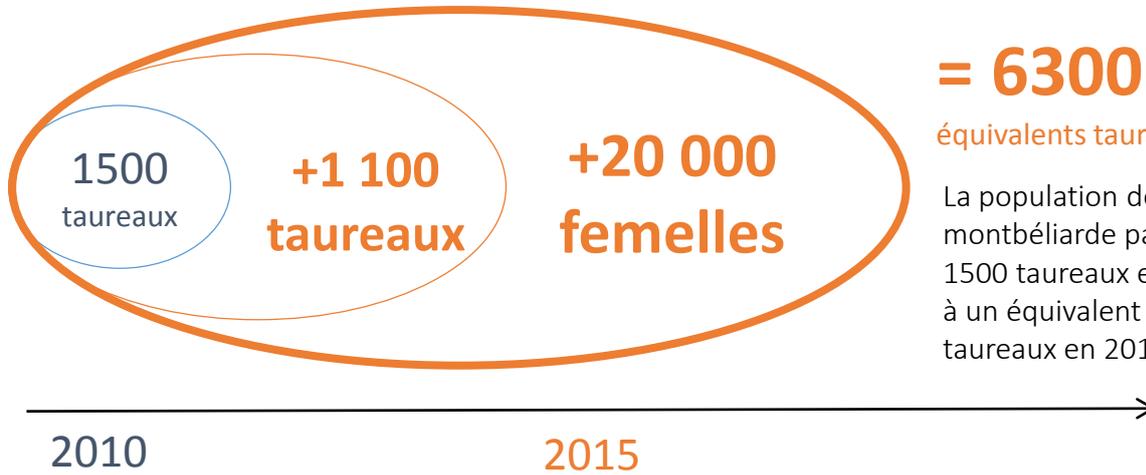
Pour plus de renseignements, n'hésitez pas à contacter votre coopérative.



x4

c'est l'augmentation de la taille de la population de référence Montbéliarde

Jusqu'à présent 1500 taureaux génotypés et indexés sur descendance servaient de population de référence pour calculer les index génomiques des jeunes candidat(e)s. Cette base vient d'être complétée par 1100 taureaux supplémentaires issus des dernières séries confirmées. De plus, 20000 femelles génotypées avec des performances (lactations et pointages) viennent renforcer cette population. Ce renfort est très puissant quand on sait que 5 femelles génotypées avec performances sont aussi informatives qu'un taureau indexé sur descendance.



x6

le nombre de régions informatives dans le génome (QTL) est multiplié par 6

Grâce à de nouvelles méthodes statistiques et à des moyens informatiques plus puissants, la lecture du génome devient plus précise. En 2010, 500 QTL (zone informatique du génome) étaient nécessaires pour évaluer un caractère (par exemple le lait). Aujourd'hui, pour un même caractère, ce sont plus de 3 000 QTL qui sont pris en compte !

De plus, il existait une part d'ascendance dans les anciens index, part qui disparaît totalement aujourd'hui. L'évaluation est désormais 100% génomique

évaluation génomique 2010			évaluation génomique 2015		
Composante	Source	% variance expliquée	Composante	Source	% variance expliquée
polygénique	pedigree	50%	génomique	10 000 SNP	25%
génomique	500 QTL	50%		3 000 QTL	75%

CD +10pts

Jeunes veaux (<1an)	CD Ancien modèle	CD Nouveau modèle
Prod. Laitière	58	68
Morphologie	54	67
Fertilité	51	60
Longévité	47	56