

Développement d'un programme de sélection génétique pour la brebis laitière au Québec (13-C-155)

Création de la première banque d'ADN - ovins laitiers & récolte de données laitières supplémentaires nécessaires au développement de GenOvis-ovins laitiers (13-C-219)

Rapport final englobant les 2 projets

Requérant :

Fédération des producteurs d'agneaux et moutons du Québec (FPAMQ)

Organismes partenaires :

Centre d'expertise en production ovine du Québec (CEPOQ)

Centre d'expertise en production laitière (Valacta)

Center for genetic improvement of livestock (CGIL)

Rédigé par :

Léda Villeneuve et Catherine Élement-Boulianne (CEPOQ)

Johanne Cameron, consultante & chargée de projet (CEPOQ)

Mélanie Larochelle, généticienne (CEPOQ)

Projets réalisés dans le cadre du programme

« Appui financier aux associations de producteurs désignées » du MAPAQ

Volet C « Appui à la réalisation de projets novateurs et structurants »

Mars 2016



Table des matières

Table des matières	2
1 Avant-propos	4
2 Objectifs	4
2.1 Projet 13-C-155	4
2.2 Projet 13-C-219	4
3 Portrait des données amassées au cours des 2 projets	5
3.1 Races et croisements	5
3.2 Production laitière et qualité du lait selon parité, races et croisements	7
3.3 Courbes de lactation	8
3.4 Traite AM vs PM	9
3.4.1 Facteur de corrélation entre les traites AM et PM	10
4 Étalonnage	10
5 Sondage réalisé auprès des producteurs ovins laitiers	10
6 Constat 2015	11
7 Développement de la base Web GenOvis ovins-laitiers	12
8 Évaluation génétique	13
9 Modèles de certificats génétiques laitiers	15
10 Régularisation des problématiques liées à la fusion des BD	19
11 Création de la banque d'ADN	19
12 Perspectives d'avenir	20
13 Diffusion des résultats	21
Annexe 1 : Rapport sur les différences entre les composantes laitières des traites AM vs PM	22
Annexe 2 : Rapport sur l'étalonnage de l'analyseur à IR pour la détermination de la composition des échantillons de lait de brebis.	24
Annexe 3 : Sondage	29
Annexe 4 : Rapport d'évaluation des caractères de production des brebis laitières (mai 2014)	33
Annexe 5 : Rapport d'évaluation des caractères de production des brebis laitières (juin 2014)	45
Annexe 6 : Rapport d'évaluation des caractères de production des brebis laitières (Juillet 2014)	62
Annexe 7 : Rapport d'évaluation des caractères de production des brebis laitières (Mai 2015)	84
Annexe 8 : Rapport partiel du premier calcul d'évaluation génétique	99
Annexe 9 : Conférence présentée lors de la RGA 2013 du CEPOQ	117

Annexe 10 : Conférence présentée aux producteurs participants (Décembre 2013) _____	123
Annexe 11 : Conférence présentée au Colloque brebis laitière le 8 octobre 2013 _____	139
Annexe 12 : Conférence présentée au Colloque brebis laitière le 16 octobre 2014 _____	151
Annexe 13 : Conférence présentée à la RGA 2015 du CEPOQ _____	169
Annexe 14 : Conférence présentée à la JRPO 2015 et en webinaires aux producteurs participants _____	174
Annexe 15 : Article de présentation de projet Ovin Québec Hiver 2014 _____	184
Annexe 16 : Article de présentation des résultats Ovin Québec Été 2016 _____	190

1 Avant-propos

Ce rapport final comprend la conclusion des projets sur le développement d'un programme de brebis laitières (13-C-155 et 13-C-219). Ceci avait été convenu avec M. Charles Fortier au MAPAQ en avril 2015. Les conciliations des dépenses pour les deux projets sont toutefois distinctes.

2 Objectifs

2.1 *Projet 13-C-155*

Objectif général :

Mettre en place un programme de sélection génétique adapté au secteur de la brebis laitière. Cet objectif pourra être réalisé par l'intégration de mesures précises des composantes réelles du lait de brebis (en termes de gras, protéines et quantité de lait produit par femelle). En évaluant adéquatement ces paramètres, il sera possible de connaître la courbe réelle de lactation des brebis, d'identifier les sujets améliorateurs pour des caractères d'incidence économique et de créer des indices de sélection laitière pour les sujets reproducteurs de ce secteur.

Objectifs spécifiques :

- Développer un système d'analyse permettant d'évaluer précisément les composantes du lait de brebis;
- Définir précisément la courbe de lactation des brebis laitières au Québec;
- Développer un programme d'évaluation génétique Nord-Américain pour la brebis laitière, en se basant sur les paramètres réels des composantes du lait de brebis et sur la courbe de production des ovins laitiers;
- Rendre ce programme génétique accessible aux éleveurs ovins laitiers par la mise en place d'un portail web où il est possible de déposer les informations sur leurs performances génétiques en ligne et en faire la consultation;
- Développer un partenariat de service durable avec Valacta pour la collecte et l'analyse des données laitières;
- Vulgariser les principes de génétique et de sélection ovine laitière auprès des éleveurs ovins laitiers du Québec.

2.2 *Projet 13-C-219*

Objectif général :

Pallier aux problématiques imprévues rencontrées dans le projet 13-C-155 par l'ajustement de la programmation au niveau des systèmes de saisies de données Valacta et du transfert de données entre ce système et ceux de GenOvis et Bergère et créer la première banque d'ADN - ovins laitiers. L'acquisition d'un plus grand nombre de données laitières permettra d'obtenir les données manquantes permettant de définir le pic de lactation; la résolution des éléments identifiés au cours du projet précédent permettra de valider et

corriger les données recueillies jusqu'à maintenant, et ainsi permettre une meilleure analyse de celles-ci. Enfin, ces modifications et améliorations permettront dans l'ensemble d'obtenir un programme génétique GenOvis-Brebis laitière encore plus performant, véridique, mais surtout dont la viabilité et l'utilisation à long terme sera améliorée puisque l'automatisation du transfert des données permettra de réduire les frais pour les producteurs utilisateurs.

Objectifs spécifiques :

- Optimiser la collecte des données laitières et valider les courbes de lactation déjà produites en s'assurant de prendre des tests de lait dès le début de la lactation des brebis afin de bien évaluer les pics de lactation;
- Établir un facteur de corrélation entre les échantillons prélevés en AM ou PM du lait pour obtenir des données ajustées;
- Pallier au problème de précision des données laitières en permettant une saisie des volumes/quantités de lait des brebis en millilitres ou en grammes, plutôt qu'en L et en Kg et permettre la saisie de code de commentaires;
- Améliorer la fusion entre les bases de données de Valacta et celles de GenOvis et Bergère pour permettre le transfert des données de base des animaux d'un logiciel à l'autre, évitant ainsi des saisies supplémentaires et les coûts associés;
- Créer la première banque d'ADN des ovins laitiers en vue d'analyses et de sélection génomique.

3 Portrait des données amassées au cours des 2 projets

3.1 Races et croisements

Entre mai 2013 et décembre 2014, les producteurs ovins laitiers participant au projet ont procédé à des contrôles laitiers mensuellement afin d'obtenir le rendement laitier des brebis et les composantes de leur lait. Au total ce sont plus de 10 000 données qui ont été amassées provenant de plus de 2200 femelles en lactation, soit près de la moitié du cheptel de brebis laitière au Québec (tableau 1). En plus de ces données laitières, les données de production des animaux ainsi que leur généalogie connue ont été utilisées pour monter la base de données nécessaire à l'élaboration d'un programme d'évaluation génétique. En effet, puisque l'objectif premier de ce projet était de développer un tel programme et non pas de simplement effectuer des analyses de lait, il était indispensable de relier les performances des individus mesurés à leur potentiel génétique. Afin d'assurer le développement d'un programme d'évaluation génétique fiable et complet, il était ainsi fondamental d'obtenir le maximum d'informations sur la généalogie des animaux, et ce, dans le but d'améliorer la précision des indices grâce à un plus grand nombre de données sur les ascendants ou sur les individus apparentés. Les producteurs devaient ainsi fournir la liste complète (identifiant ATQ) de toutes les brebis qui étaient évaluées lors du projet. Pour chacune de ces brebis, les éleveurs devaient fournir la date de naissance de l'animal, sa composition raciale, ses parents (idéalement la généalogie la plus complète), ses frères et ses sœurs. Pour assurer le développement de la courbe de lactation, les producteurs devaient également fournir la date d'agnelage de chaque animal et la date du début de la traite. Les paramètres environnementaux et de régie pouvant influencer la production et la composition du lait, les éleveurs devaient décrire le système de traite utilisé dans leur ferme, le nombre d'agneaux nés ou élevés sous la mère (lors de système mixte ou 30 jours) et finalement les aliments servis à la ferme.

Les races utilisées dans les troupeaux participants étaient composées exclusivement de femelles de génotype laitier (East-Friesian, Lacaune ou croisement de ces deux races).

Tableau 1. Race ou croisement des brebis évaluées au 31 décembre 2014

Race ou croisement des brebis évaluées		Nbre de données	Nbre de brebis	% des brebis
¾ Lacaune ou plus		663	136	6,1
½ à ¾ Lacaune		622	129	5,7
½ East-Friesian * ½ Lacaune		733	140	6,2
¾ East-Friesian ou plus		5597	1258	56,0
½ à ¾ East-Friesian		1304	269	12,0
Croisées	Croisées Lacaune ou East-Friesian	903	176	7,9
	Tout autre croisement	456	138	6,1
TOTAL		10 278	2246	
GRAND TOTAL avec père et mère identifiés dans les généalogies		16 070	2 914 sujets	

3.2 Production laitière et qualité du lait selon parité, races et croisements

Le tableau 2 présente les productions laitières et la qualité des composantes laitières en fonction des races et croisements identifiés.

Tableau 2. Production laitière – Effets races et croisements

Nombre de brebis		136	129	140	1258	269	314
Paramètres	Parité	CU (3/4 +)	CU (1/2 à 3/4)	1/2EF * 1/2CU	EF (3/4 +)	EF (1/2 - 3/4)	XX
LAIT (kg)	1	153	227	259	219	206	188
	2+	288	300	325	285	285	297
GRAS (%)	1	6,24	5,99	5,86	5,87	5,90	5,82
	2+	6,01	6,01	6,00	5,98	5,93	6,01
Protéine (%)	1	5,47	5,25	5,06	5,02	5,20	5,23
	2+	5,23	5,20	5,19	5,09	5,19	5,19
Urée mgN/dl	1	18,46	21,51	21,75	21,27	21,90	21,36
	2+	22,11	22,03	22,69	22,32	22,44	22,45
Lactose (%)	1	4,63	4,63	4,63	4,65	4,65	4,63
	2+	4,66	4,65	4,65	4,64	4,66	4,67
BHB	1	0,11	0,15	0,15	0,16	0,15	0,15
	2+	0,13	0,15	0,14	0,15	0,13	0,13

N'est pas présenté dans ce tableau, le compte de cellules somatiques qui globalement est beaucoup trop élevé avec une moyenne de plus de 600 000 (variant de 260 000 à plus d'un million de CCS selon les troupeaux). Il y a beaucoup de travail de vulgarisation à faire à ce niveau pour améliorer la situation, par exemple en améliorant les protocoles à la traite. Au niveau des éléments tels que Lactose, urée ou BHB, il n'y a globalement pas de différences entre les races, mais plutôt une petite différence entre les parités. Au niveau du gras et du taux de protéine, la moyenne des données est respectivement de 5,43 % et 5,12 %.

Au niveau de la production laitière en fonction de l'effet nombre né, la base de données actuelle demeure somme toute plutôt restreinte pour en conclure quoi que ce soit à ce niveau. Parmi les 10 200 quelques données, 50,6 % (5199) proviennent de portées de simple, 39,1 % (4017) proviennent de portées de double, 6,8 % (700) proviennent de portées de triplets et plus et 3,5 % des données sont inconnus.

3.3 Courbes de lactation

La courbe de lactation de la figure 1 regroupe les brebis qui en sont à leur 2e lactation. Aucun pic n'est observé.

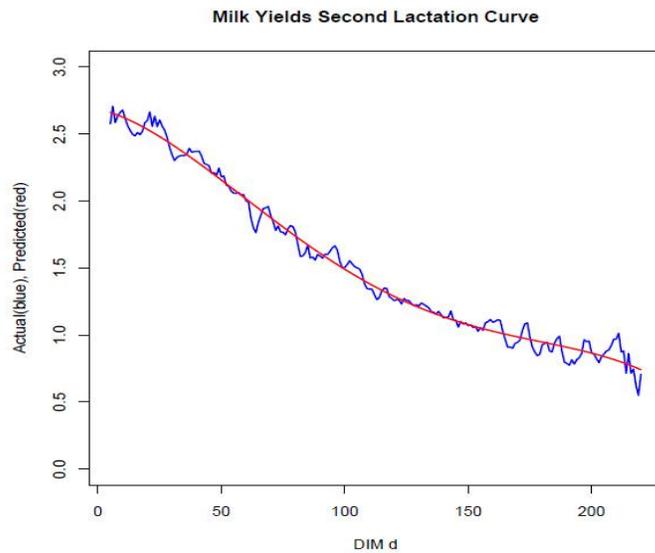


Figure 1. Rendement en lait des brebis de 2e lactation.

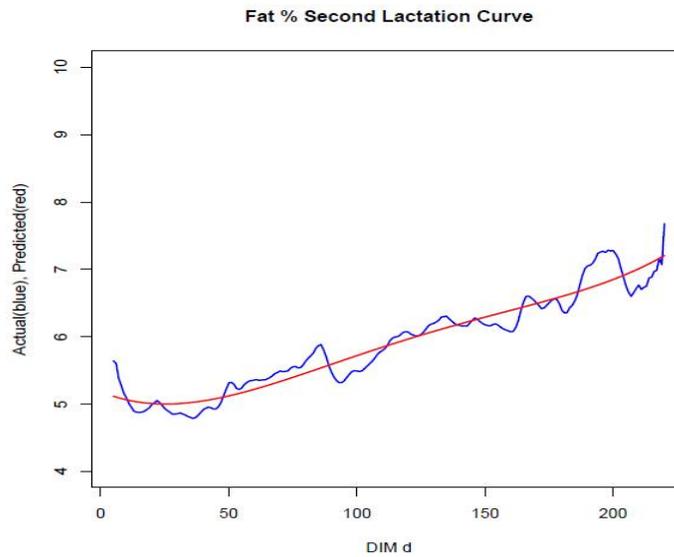


Figure 2. Courbe du niveau de gras du lait avec l'avancement de la 2e lactation des brebis.

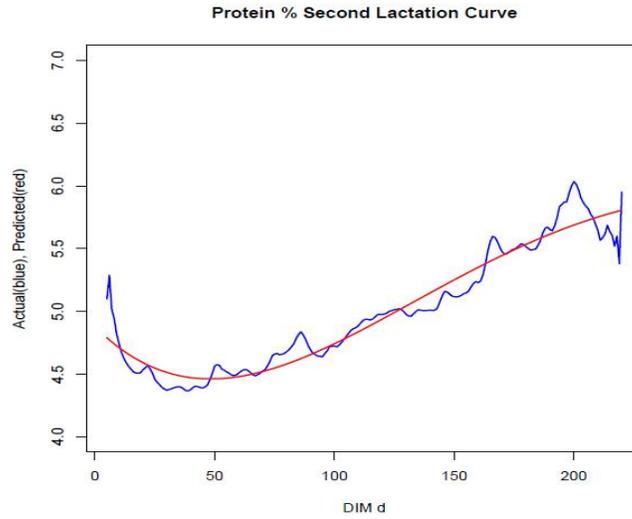


Figure 3. Courbe du niveau de protéine du lait avec l'avancement de la 2e lactation des brebis.

Tout comme le gras, le niveau de protéine augmente avec l'avancement de la production laitière.

3.4 *Traite AM vs PM*

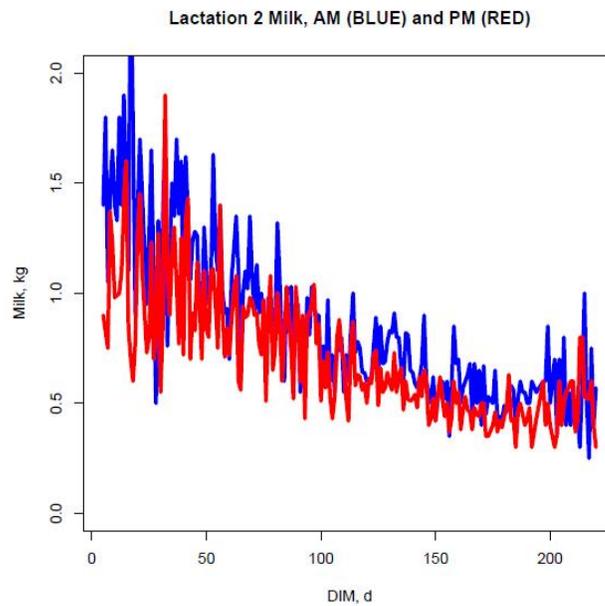


Figure 4. Courbe de lactation AM (bleue) vs PM (rouge) des brebis de 2e lactation.

3.4.1 Facteur de corrélation entre les traites AM et PM

Un des objectifs des projets était d'établir un facteur de corrélation entre les échantillons prélevés en AM ou PM du lait pour obtenir des données ajustées. Suite aux analyses des généticiens de Guelph, la conclusion fut qu'il n'y avait pas de différences face aux composantes laitières provenant d'un échantillon AM ou PM. Aucun ajustement n'est ainsi requis. De ce fait, un seul échantillon de lait des brebis laitières peut être pris lors des contrôles laitiers : soit AM, soit PM ou un *pool* des 2 traites peut être fait. (Voir Annexe 1 : Différence entre les différentes composantes laitières vs les traites AM ou PM (Juillet 2014))

4 Étalonage

Au début du projet, VALACTA utilisait les courbes d'étalonnages de lait de vache pour doser les composantes de lait de brebis, situation inadéquate vu qu'il y a des différences dans la composition et la structure des principales molécules du lait d'une espèce à l'autre et que ces différences peuvent influencer d'une façon significative leurs dosages.

Ainsi, au cours du projet, des échantillonnages de réservoirs à lait ont été faits (juin 2013, 7 avril 2014, 26 mai 2014, 7 juillet 2014, 25 août 2014 et 13 octobre 2014) afin de permettre aux laboratoires de VALACTA de procéder à un étalonage de l'analyseur à infrarouge pour la détermination de la composition des échantillons de lait de brebis. Le rapport du chimiste Rachid Kouaouci, M.Sc. est présenté en annexe 2.

Pour toutes les composantes analysées, un biais très important a été observé lorsque les courbes d'étalonnages de vaches sont utilisées. Malgré la recommandation du chimiste de procéder à des étalonnages réguliers, puisque la différence observée entre les 2 courbes (brebis vs vache) est linéaire, un facteur d'ajustement est utilisé chez VALACTA pour fournir aux producteurs les composantes laitières du lait de brebis. Les producteurs qui envoient des échantillons doivent simplement s'assurer de mentionner que les échantillons proviennent de lait de brebis.

5 Sondage réalisé auprès des producteurs ovins laitiers

Suite à la seconde année de collecte de lait subventionnée par les projets, le CEPOQ et ses partenaires ont voulu connaître l'intérêt des producteurs ovins laitiers face à la poursuite des contrôles laitiers. 100 % des répondants ont indiqué vouloir poursuivre des contrôles laitiers réguliers et 88 % disent vouloir le faire par des contrôles laitiers non supervisés (moins coûteux).

Par ailleurs, c'est aussi 100 % des répondants qui ont dit être prêt à prendre les pesées de lait le matin et le soir et de prendre un échantillon. Tous mentionnent aussi que 2 chiffres après la virgule seront notés pour la pesée de lait afin de rendre la donnée plus précise. De plus, ces producteurs sont également tous prêts à transférer leurs données de pesées chez Valacta à l'aide de fichiers électroniques produits par le bâton Syscan ou le logiciel Bergère, qui sont les 2 outils actuellement utilisés par ces producteurs. De même, ils se disent tous intéressés à envoyer les données d'agnelage à GenOvis par ces mêmes fichiers électroniques.

Le détail de ce sondage est présenté à l'annexe 3.

6 Constat 2015

La période couverte par le projet pour assumer une partie des coûts liés aux contrôles laitiers et des analyses de lait s'est terminée le 31 décembre 2014. Ainsi, suivant l'analyse du sondage (présenté à la section précédente), le CEPOQ et ses partenaires avaient bon espoir que les producteurs continueraient de fournir les données nécessaires à l'alimentation de la base de données servant à l'élaboration des évaluations génétiques. C'est-à-dire maintenir une adhésion à GenOvis et fournir les données d'agnelage complètes, fournir des pesées laitières et des données de composantes laitières obtenues suites aux analyses de lait chez VALACTA.

En 2015, le CEPOQ a permis aux entreprises participantes de fournir des données à GenOvis sans payer d'adhésion vu le retard dans le développement de la base web, retard occasionné par du temps consacré à la validation des données incomplètes plutôt qu'au développement de la base web.

Le constat réel de la situation en 2015 ne reflète pas les réponses du sondage malheureusement. Ainsi, la base de données ne reçoit plus autant de données que pendant le projet ou encore ces données sont incomplètes.

- Malgré la gratuité d'adhésion à GenOvis en 2015, seulement 3 producteurs ont continué d'envoyer leurs données complètes d'agnelage.
- Au niveau des données de pesées laitières, 5 producteurs en ont envoyé de temps en temps, 3 en ont envoyé tous les mois et 1 n'en a jamais envoyé.
- Au niveau des données d'analyses de lait (% gras, % protéine, CCS, % lactose) seulement 3 producteurs en ont fait faire en cours d'année.

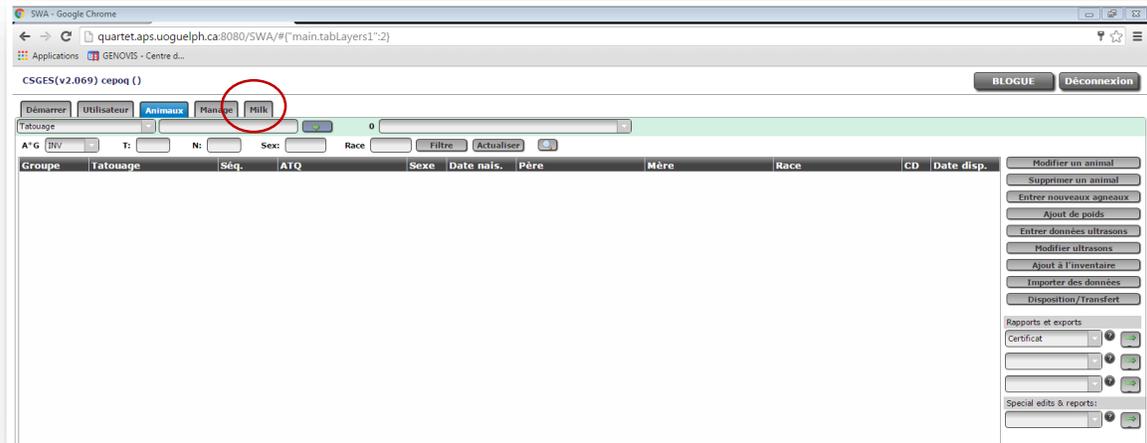
→ Et quand on regarde les producteurs sérieux de vouloir un programme d'amélioration génétique, c'est-à-dire ceux qui répondent aux trois critères et qui envoient leurs données d'agnelages complètes, les pesées laitières provenant de contrôles laitiers réguliers ET des résultats d'analyses de lait, aucun producteur, parmi les 9 participants, ne fournit ces 3 informations à la fois. Il y a toutefois un producteur qui envoie toutes ses données d'agnelage et les données de pesées laitières tous les mois (aucune analyse de lait par contre).

Ce constat est bien malheureux puisque depuis 3 ans le CEPOQ et ses partenaires travaillent avec acharnement pour développer le volet GenOvis ovin laitier. Malgré les réunions avec ces producteurs (physique ou webinaire) afin de rappeler la nécessité de fournir des données d'agnelage complètes dans un programme d'amélioration génétique, plusieurs d'entre eux n'ont pas encore compris l'importance de ceci. Rien ne sert d'envoyer des données de pesées laitières si on ne peut faire le lien avec la brebis, ses performances, ses filles, ses sœurs, etc. Tout est inter relié et la précision et la production des évaluations génétiques en dépendent. Ce constat et le fait que des données trop souvent incomplètes sont envoyées à Guelph, est la principale raison expliquant un ralentissement au niveau du développement de la base Web et expliquant pourquoi elle n'est pas encore au point. En effet, tout le temps consacré par l'informaticien de Guelph à s'assurer de la qualité des données avant d'effectuer l'intégration de ces dernières dans la base de données GenOvis à chaque fois qu'il était nécessaire de faire tourner de nouvelles évaluations génétiques a diminué énormément son temps disponible pour développer la base Web.

Le constat de 2015, et le fait que les données sont peu nombreuses à être intégrées à GenOvis, va faire en sorte que le développement de la base Web restera au ralenti et que le modèle optimal de calcul des évaluations génétiques ne sera pas utilisé à court terme. Les évaluations seront générées à partir du modèle simplifié. Les producteurs doivent se prendre en main. Ils ont eu tous les outils nécessaires au cours des 2 années de projet pour qu'ils poursuivent la collecte adéquate des données.

7 Développement de la base Web GenOvis ovins-laitiers

La plateforme Web n'est pas disponible, mais en bonne voie de l'être malgré tout. L'onglet « Milk » est prêt et c'est à cet endroit que les producteurs pourront accéder à leur dossier.



Étant donné que le programme en ligne GenOvis viande est disponible, quelques rapports de production sont tout de même disponibles pour les producteurs. Toutefois, aucun de ceux-ci ne contient d'informations sur les performances laitières intégrant les productions laitières des brebis. Les producteurs ovins laitiers qui transmettent adéquatement leurs données de productions (données d'agnelage) peuvent obtenir un portrait annuel par exemple du nombre d'agneaux nés/brebis, le nombre d'agneaux sevrés total, etc. Ces informations peuvent être intéressantes dans la mesure où les producteurs qui n'adhéraient pas à GenOvis auparavant ont maintenant une méthode de travail bien établie pour compiler les données d'agnelage de leurs animaux.

Lorsque le volet ovin-laitier sera complété, ils seront ainsi capables de visualiser, en plus de ces données de production, les données de production laitière et les composantes laitières des brebis individuellement, par race, par groupe, pour le troupeau... Les programmeurs ont également en main les différents modèles de rapports génétiques (présentés à la section 9).

La finalité de la programmation informatique pour ce volet est hors du contrôle du CEPOQ. Les programmeurs et les généticiens de Guelph ont mis beaucoup de temps et d'efforts pour permettre de rendre ce volet disponible aux termes du projet, mais malheureusement ce n'est pas encore complet.

Il faut savoir toutefois que la base en ligne, bien que non disponible, ne signifie pas que les producteurs n'ont pas accès aux évaluations génétiques de leurs animaux. En effet, comme il sera décrit à la prochaine section, des évaluations génétiques sont générées 3 à 4 fois par année et envoyées sous un format particulier aux producteurs. Ceux-ci ont d'ailleurs déjà reçu un rapport complet pour leur expliquer les concepts de ces évaluations génétiques et la façon de les comprendre et les utiliser.

8 Évaluation génétique

Au cours du projet, le généticien Larry Schaeffer a produit quelques rapports pour aider à la compréhension des évaluations génétiques. Ces rapports sont tous présentés en annexe :

- Évaluation des caractères de production des brebis laitières (13 mai 2014, annexe 4)
- Évaluation des caractères de production des brebis laitières (4 juin 2014, annexe 5)
- Évaluation des caractères de production des brebis laitières suite à la 2e évaluation génétique (juillet 2014, annexe 6)
- Évaluation des caractères de production des brebis laitières (27 mai 2015, annexe 7)

Un premier rapport suite à la première évaluation génétique a été produit au cours du projet et remis aux producteurs participants. Ce rapport est présenté à l'annexe 8 et visait à présenter les concepts de base pour comprendre les rapports d'évaluation génétique.

Dans le rapport produit le 13 mai 2014 par Larry Schaeffer, il explique les complications rencontrées quand est venu le temps de fusionner la base de données de Valacta avec la base de données de GenOvis. Le principal problème se situait au niveau de l'identification des animaux qui était différente dans chacune des bases de données. De plus, au départ, il mentionne avoir développé un modèle d'évaluation génétique trop complexe. Il a dû réviser ce modèle à cause du nombre restreint de données présentes dans la base de données. Le modèle opérationnel mis en place est temporaire et n'est pas optimal. Par contre, il pourra éventuellement être changé pour le modèle de départ une fois qu'il y aura plus de 20 000 individus dans la base de données avec de l'information pertinente. Il pourra alors remettre le modèle d'évaluation génétique optimal dont il voulait mettre en place au départ du projet. Les estimations des covariances et héritabilités ont été réalisées à partir des données présentes dans la base de données. Comme le nombre de données est restreint, celles-ci devront être révisées éventuellement avec l'augmentation du nombre d'informations disponibles dans la base de données afin de les préciser davantage. De plus, une lactation standard est assumée être du jour 5 suivant l'agnelage jusqu'au jour 220. Ainsi chacun des EBV (*Expected breeding value*) ou valeur d'élevage estimé (VÉE) est calculé pour cette période de lactation (exemple % de gras dans le lait). Pour chacune des courbes de lactation, on demande à avoir 5 données prises à des moments différents, mais dans le futur ce nombre pourrait être revu à la baisse.

Dans le rapport produit en juin 2014 par Larry Schaeffer, il décrit le développement et les résultats du système d'évaluation génétique permettant d'analyser les caractères de production des brebis laitières du Québec. Il reprend les points du rapport présenté le 13 mai 2014, mais en y recalculant les estimations de covariances et d'héritabilité ainsi que les corrélations génétiques entre les différents caractères de production. De plus, certaines informations sont ajoutées. En effet, il présente et discute des moyennes des performances pour les caractères de production en parité 1 versus en parité 2 et plus, des principales races soit les Lacaune, East-Friesian et tous les autres croisés. Il présente également les différences des moyennes de performances pour chacun des caractères de production pour la parité 1 et les parités 2 et plus, et ce, pour différents regroupements de mois de l'année et aussi en fonction du nombre d'agneaux nés. Un tableau présente aussi comment l'intervalle d'une traite à l'autre pour une brebis peut affecter la quantité de lait à la traite suivante. Les résultats obtenus présentent un manque de précision dans l'heure rapportée ou peuvent suggérer que l'intervalle entre les collectes de lait a besoin d'être spécifique pour chaque brebis et non seulement pour le troupeau en entier. De plus, il présente les performances des 5 meilleurs béliers et brebis avec 10 descendants ou plus ayant des données de lactation.

Dans le rapport produit en juillet 2014 par Larry Schaeffer, il décrit les résultats de la deuxième évaluation génétique produite en juillet 2014 pour les caractères de production des brebis laitières du Québec. Les

échantillons de lait du matin (AM) et de l'après-midi (PM) sont analysés séparément. Un des buts de ce rapport était de déterminer s'il y avait une différence dans la composition du lait recueilli en AM versus en PM. Et si oui, de définir un facteur d'ajustement pour corriger les valeurs soit sur une base AM ou une base PM. Suite à l'analyse, la conclusion est que la différence est très mineure et qu'il n'est pas nécessaire d'appliquer de facteurs d'ajustements pour les échantillons collectés en AM versus en PM. Lors de cette évaluation génétique, il a révisé et a remis en question plusieurs éléments de son modèle d'évaluation génétique utilisé lors de la première évaluation génétique en mai 2014. Il a ajouté des groupes de races, a modifié les regroupements années-saison des groupes d'agnelage. De plus, il a formé huit groupes d'intervalle de traite pour AM et PM et les a inclus dans le modèle d'évaluation génétique. Les covariances et héritabilités ont été révisées et comparées à ceux obtenus en avril 2014. Les changements sont mineurs à ce niveau. Il y a également une présentation des EBV moyens de chacun des caractères de production, et ce, pour chacun des troupeaux participants au projet. Il présente également les performances moyennes des caractères de production en fonction des groupes de races, des années et mois d'agnelage, du nombre d'agneaux nés, de l'intervalle entre les traites et ce, pour les parités 1 et les parités 2 et plus. Et finalement, il présente des courbes démontrant l'évolution de chacun des caractères de production entre 5 jours et 220 jours suivants l'agnelage.

Dans le rapport produit en mai 2015 par Larry Schaeffer et Bill Szkotnicki, ils mentionnent que plusieurs problèmes se posent avec les évaluations génétiques, et cela est relié au faible nombre de données utilisées pour les analyses et au modèle génétique trop complexe. Cependant comme mentionné dans les rapports précédents, le modèle a été très simplifié afin de rendre possible l'évaluation génétique. Les interactions entre d'importants facteurs ont dû être ignorées et seulement les principaux effets ont été inclus au modèle d'évaluation génétique. Lorsqu'il y aura plus de données dans le futur (plus d'animaux, plus de données, plus de troupeaux), le modèle pourra être révisé. Afin d'améliorer un peu plus le modèle optimal qui avait été établi en juillet 2014, le nombre de groupe de race a été augmenté à 10 par rapport aux évaluations antérieures où il y avait moins de groupes de races (7 et moins). Cela permet d'améliorer la précision des évaluations génétiques des différentes races. Le nombre de groupe concernant les intervalles entre les traites a été augmenté à 9 (un groupe de plus que lors de la dernière évaluation génétique en juillet 2014). De plus, des groupes d'âge des brebis à l'agnelage ont été ajoutés au modèle d'évaluation génétique. Quatre groupes d'âge ont été définis en parité 1 et trois groupes d'âge en parité 2. De plus, comme le nombre d'agneaux nés a une influence sur la quantité de lait produit, le modèle a été réajusté et il a été défini que pour la parité 1, il y aurait 3 groupes (1 agneau, 2 agneaux et 3 agneaux et plus) alors que pour les parités 2 et plus, il y aurait 4 groupes (1 agneau, 2 agneaux 3 agneaux et 4 agneaux et plus). Le modèle a été révisé en ce qui concerne les saisons. Deux saisons ont été définies dans le modèle. Toutefois après analyse, l'effet saison n'est pas estimé avec une très grande précision. De plus, la période de lactation a été divisée en 5 groupes (nombre de jours après l'agnelage) car la variation des quantités de lait produites n'est pas la même tout au long de la lactation. Lors de l'évaluation génétique, le même modèle a été utilisé pour les 9 caractères. Des courbes ont été estimées pour les parités 1 et les parités 2 et plus simultanément. Un modèle de régression aléatoire a été utilisé avec cinq covariables pour décrire les courbes de lactation. Les effets fixes dans le modèle sont l'année d'agnelage, le groupe d'âge, la saison, le groupe pour le nombre d'agneaux nés et le groupe pour les intervalles entre les traites. Les effets aléatoires étaient le groupe troupeau-année-saison, les effets permanents d'environnement de l'animal et les effets de génétique additive de l'animal. Un modèle plus complexe aurait inclus des interactions d'âge, de saison, du nombre d'agneaux nés et possiblement avec l'année d'agnelage et les groupes d'intervalle entre les traites. Cependant, de tels regroupements créaient trop de sous-classes avec seulement une donnée quotidienne. Ainsi, le modèle simplifié est recommandé pour les 3 prochaines années. Les estimations des proportions de la variance génétique sont élevées pour les caractères laitiers comparativement à la littérature. Toutefois les nouveaux estimés sont plus faibles que ceux des rapports précédents (en 2014). Les estimés devraient diminuer à leur vraie valeur avec l'augmentation du nombre de données et de troupeaux. Les estimations des corrélations génétiques sont similaires à ceux mentionnés dans le rapport de juillet 2014.

9 Modèles de certificats génétiques laitiers

Les 4 modèles suivants ont été envoyés aux programmeurs à CGIL pour éventuellement les rendre disponibles aux producteurs ovins laitiers lorsqu'ils iront sur la base web. Ces modèles nécessitent encore du travail de programmation afin d'être disponibles. Les 3 premiers modèles sont bilingues alors que les 4 modèles possèdent 2 versions, soit une en français et une en anglais (non présenté dans ce rapport).

Le premier modèle ci-contre présente un certificat individuel d'une brebis laitière. On y retrouve les informations de l'animal (ATQ, Tatou, date de naissance, sexe, race, pourcentage de consanguinité, # d'enregistrement, son nombre de parités, nombre d'agneaux, nombre de filles, un pointage au niveau de sa glande mammaire, son génotype à l'égard de la Tremblante, le nom du propriétaire et de l'éleveur).

La portion de gauche du certificat représente la généalogie de l'animal et la portion de droite son évaluation génétique.

Name	SOLIDAR ALOUETTE 3313A AAQR	Race / Breed:	CU	Nb parité / Nb Parity	3	Tremblante / Scrapie genotype	ARR / ARQ
ATQ	313313313	Consanguinité / Inbr	0,01	Nb agneaux / Nb lambs	5	Propriétaire / Owner:	Ferme Solidar
Tatoo	SOLI 3313A	Purité / Purity :	15 / 16	Nb filles / Nb daughters	3	Éleveur / Breeder:	Bergerie Les Roses
Date naiss./Birth date:	2014-12-01	SCEA / CLRC #	11111111	Udder score	3,5 60%		
Sexe/Sex:	F						

PEDIGREE INFORMATION	
Sire ID Birth Date / # progeny / # daughters with milk data - Acc EPDs : 24h milk / Fat% / Prot% / SCS Indexes : MFP / MP / MR / UDD	<p>Paternal Grandfather ID Birth Date / # progeny / # daughters with milk data - Acc EPDs : 24h milk / Fat% / Prot% / SCS Indexes : MFP / MP / MR / UDD</p> <p>Paternal Grandmother Birth Date / # progeny / # daughters with milk data - Acc EPDs : 24h milk / Fat% / Prot% / SCS Indexes : MFP / MP / MR / UDD</p> <p>Paternal Grandfather Birth Date / # progeny / # daughters with milk data - Acc EPDs : 24h milk / Fat% / Prot% / SCS Indexes : MFP / MP / MR / UDD</p> <p>Paternal Grandmother Birth Date / # progeny / # daughters with milk data - Acc EPDs : 24h milk / Fat% / Prot% / SCS Indexes : MFP / MP / MR / UDD</p>
Dam ID Birth Date / # progeny / # daughters with milk data - Acc EPDs : 24h milk / Fat% / Prot% / SCS Indexes : MFP / MP / MR / UDD	<p>Maternal Grandfather ID Birth Date / # progeny / # daughters with milk data - Acc EPDs : 24h milk / Fat% / Prot% / SCS Indexes : MFP / MP / MR / UDD</p> <p>Maternal Grandmother Birth Date / # progeny / # daughters with milk data - Acc EPDs : 24h milk / Fat% / Prot% / SCS Indexes : MFP / MP / MR / UDD</p> <p>Maternal Grandfather Birth Date / # progeny / # daughters with milk data - Acc EPDs : 24h milk / Fat% / Prot% / SCS Indexes : MFP / MP / MR / UDD</p> <p>Maternal Grandmother Birth Date / # progeny / # daughters with milk data - Acc EPDs : 24h milk / Fat% / Prot% / SCS Indexes : MFP / MP / MR / UDD</p>

EPDS																																					
Parity 1:	<table border="1"> <thead> <tr> <th>EPD</th> <th>%ile</th> <th>Écart à la moyenne de la race</th> <th>Race</th> </tr> <tr> <th>Fiabilité / Acc</th> <th>57%</th> <th>Breed average difference</th> <th>Breed</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>24h milk</td> <td>138,93</td> <td>97%</td> <td>111,12</td> </tr> <tr> <td>Fat%</td> <td>-0,27</td> <td>24%</td> <td>0,50</td> </tr> <tr> <td>Prot%</td> <td>-0,08</td> <td>42%</td> <td>0,16</td> </tr> <tr> <td>SCS</td> <td>-0,90</td> <td>4%</td> <td>1,20</td> </tr> <tr> <td>Lact%</td> <td>1,16</td> <td>80%</td> <td>1,10</td> </tr> <tr> <td>MUN</td> <td>0,25</td> <td>97%</td> <td>0,12</td> </tr> <tr> <td>BHB</td> <td>-0,04</td> <td>7%</td> <td>0,10</td> </tr> </tbody> </table>	EPD	%ile	Écart à la moyenne de la race	Race	Fiabilité / Acc	57%	Breed average difference	Breed	24h milk	138,93	97%	111,12	Fat%	-0,27	24%	0,50	Prot%	-0,08	42%	0,16	SCS	-0,90	4%	1,20	Lact%	1,16	80%	1,10	MUN	0,25	97%	0,12	BHB	-0,04	7%	0,10
EPD	%ile	Écart à la moyenne de la race	Race																																		
Fiabilité / Acc	57%	Breed average difference	Breed																																		
24h milk	138,93	97%	111,12																																		
Fat%	-0,27	24%	0,50																																		
Prot%	-0,08	42%	0,16																																		
SCS	-0,90	4%	1,20																																		
Lact%	1,16	80%	1,10																																		
MUN	0,25	97%	0,12																																		
BHB	-0,04	7%	0,10																																		
Parity 2:	<table border="1"> <thead> <tr> <th>EPD</th> <th>%ile</th> <th>Écart à la moyenne de la race</th> <th>Race</th> </tr> <tr> <th>Fiabilité / Acc</th> <th></th> <th>Breed average difference</th> <th>Breed</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>24h milk</td> <td>157,12</td> <td>95%</td> <td>140</td> </tr> <tr> <td>Fat%</td> <td>-0,15</td> <td>39%</td> <td>0,5</td> </tr> <tr> <td>Prot%</td> <td>-0,07</td> <td>45%</td> <td>0,16</td> </tr> <tr> <td>SCS</td> <td>-1,13</td> <td>4%</td> <td>1,21</td> </tr> <tr> <td>Lact%</td> <td>0,85</td> <td>75%</td> <td>1,11</td> </tr> <tr> <td>MUN</td> <td>0,19</td> <td>94%</td> <td>0,13</td> </tr> <tr> <td>BHB</td> <td>-0,09</td> <td>1%</td> <td>0,11</td> </tr> </tbody> </table>	EPD	%ile	Écart à la moyenne de la race	Race	Fiabilité / Acc		Breed average difference	Breed	24h milk	157,12	95%	140	Fat%	-0,15	39%	0,5	Prot%	-0,07	45%	0,16	SCS	-1,13	4%	1,21	Lact%	0,85	75%	1,11	MUN	0,19	94%	0,13	BHB	-0,09	1%	0,11
EPD	%ile	Écart à la moyenne de la race	Race																																		
Fiabilité / Acc		Breed average difference	Breed																																		
24h milk	157,12	95%	140																																		
Fat%	-0,15	39%	0,5																																		
Prot%	-0,07	45%	0,16																																		
SCS	-1,13	4%	1,21																																		
Lact%	0,85	75%	1,11																																		
MUN	0,19	94%	0,13																																		
BHB	-0,09	1%	0,11																																		

INDICES 3 INDEXES				
Acc	Index	%ile	Écart à la moyenne de la race	Race
MFP	57%	130	95%	Breed
MP	45%	115	80%	99
MR	15%	121	52%	102
				142

CONFORMATION DU PIS / UDDER STRUCTURE										
	Parité	1	2	3	4	5	6	7	8	Moy
Ligament/Suspensor		4	.	3	3					3
Trayons forme / Teat length		3	.	3	3					3
Trayon position/Teat placing		3	.	3	3					3
Largeur écusson / Udder width		4	.	5	4					4
Profondeur/Udder Depth		3	.	3	2					3
Texture / Udder Texture		5	.	5	4					5

PRODUCTION MESURÉE / PRODUCTION	
TEST DATE	JEL / DIM AM (kg) PM (kg) 24h (kg) G/F (%) P (%) SCS (%) L (%) MUN (%) BHB (%) Commentaires/Comments
2014-09-14	ST
2014-08-14	NS
2014-07-12	ST
	NS

Le 2e modèle est un rapport de performances génétiques de troupeau qui regrouperait l'ensemble des brebis de l'éleveur trié selon la préférence de ce dernier.

RAPPORT DE PERFORMANCES GÉNÉTIQUES DE TROUPEAU OVIN LAITIER DAIRY SHEEP FLOCK GENETIC PERFORMANCE REPORT PROGRAMME CANADIEN D'ÉVALUATION GÉNÉTIQUE DES OVINS - GENOVIS																													
Nom de troupeau / Flock name Ferme Solidar GenOvis # 11111 Rapport produit sur / Report sort by MFP / LGP																		Date d'émission du rapport 2014-12-12 Date of the report						Page 1					
Race / Breed																													
Rang	LGP	ATQ	TATOO	DATE NAISS	PÈRE ATQ	MÈRE ATQ	DERN.AGN.	JEL	# LACT	#TEST	#SUP	#AGN	#FILLES	FIAB	24h LAIT	%LAIT	GRAS	%GRAS	PROT	%PROT	CCS	%CCS	PL	PL	RM	RM	PIS	PIS%	
Rank	MFP	ATQ	TATOO	BIRTH DATE	SIRE ATQ	DAM ATQ	LAST.LAMB.	DIM	# LACT	#TDR	#SUP	#LAMBS	#DAUGH	ACC	24h milk	%MILK	FAT	%FAT	PROT	%PROT	SSC	%SSC	MP	MP	MR	MR	UDD	UDD%	
1																													
2																													
3																													
4																													
5																													
6																													
7																													
8																													
9																													
10																													
11																													
12																													
13																													
14																													
15																													
16																													
17																													
18																													
19																													

Enfin, le 4e modèle est un rapport d'évaluation de troupeau qui permet de dresser le portrait des performances de l'entreprise sur une période d'une année. Une version anglaise est également disponible, mais non présentée dans ce rapport.

RACE						RÉPARTITION DES MISE BASE																	
# Brebis agnelée au cours des 12 derniers mois _____						Mois	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	Total				
# Béliers utilisés lors des 12 derniers mois _____						# Agnelage																	
Date du dernier test _____						# Agneaux																	
						Moy né																	
						# TEST																	
PRODUCTIVITÉ SOMMAIRE						TYPE DE NAISSANCE				PRODUCTION LAITIÈRE													
Âge brebis	# Brebis	# Agnel.	#Agn né	Moy Int agn	#Parité moy	SIMPLE	DOUBLE	TRIPLE	QUAD+	MOY JEL	MIN JEL	MAX JEL	MOY LAIT	MIN LAIT	MAX LAIT	MOY GRAS (%)	MOY PROT (%)	MOY CSS	MOY LACTOSE	MOY URÉE	MOY BHB	PERSIT. MOY JOUR	COTE PIS MOY
1																							
2																							
3																							
4																							
5																							
6+																							
Dern. 12 mois																							
12 mois précéd.																							
Moy race																							

Dans le futur, des rapports semblables seront développés pour les béliers.

10 Régularisation des problématiques liées à la fusion des BD

Le projet 13-C-219 avait été mis de l'avant pour pallier aux nombreuses problématiques de fusion des bases de données du projet 13-C-155. Ces problématiques avaient occasionné beaucoup de retard au niveau du développement de la plateforme web de GenOvis ovins laitiers. Les bogues rencontrés auparavant sont pour la plupart réglés. La fusion des bases de données de VALACTA et GenOvis fonctionne assez bien. Lorsque des problèmes surviennent, cela provient du fait que les identifiants ATQ ne sont pas pris en intégralité (avec 9 chiffres) par les contrôleurs ou les producteurs lors de l'envoi des données de contrôles ou des données d'agnelage. Il y a donc là encore beaucoup de vulgarisation à faire pour que ces personnes comprennent l'importance de transmettre des données complètes avec les identifiants complets. De même, au niveau de la transmission des données d'agnelage il faut à l'avenir que les producteurs fournissent toutes les informations nécessaires au bon fonctionnement d'un programme d'amélioration génétique (ID complet, ID père et mère, nombre né, généalogie des parents, etc.).

De plus, lors des dernières fusions de base de données, une des principales erreurs rencontrées était que la date de contrôle dans Valacta et la date de pesée dans GenOvis n'était pas la même, mais à plus ou moins 2 jours. Ainsi, il faudra s'assurer auprès des producteurs que la date de contrôle soit la même que la date de pesée dans le futur.

11 Création de la banque d'ADN

La mise en place de la première banque d'ADN ovins-laitiers en Amérique du Nord a été créée dans ce projet. Au cours du mois de mars 2016, près de 1000 échantillons d'ADN ont été prélevés et sont maintenant entreposés dans les laboratoires du CEPOQ. Ces échantillons ont été pris à l'aide d'une pince Allflex spécialement conçue pour cela et le prélèvement consiste à prendre un échantillon de tissus d'oreille, lequel est stocké dans un petit tube.

Les échantillons d'ADN proviennent de 5 entreprises ovines laitières. L'ensemble des béliers a été prélevé et une grande majorité des brebis à la traite ainsi que plusieurs agnelles ont été échantillonnées.

Dans l'avenir, ces échantillons d'ADN pourront servir à réaliser des projets en génomique et lien avec les performances génétiques des sujets.



12 Perspectives d'avenir

Un partenariat CEPOQ-Valacta a été développé au cours des projets. En regard des résultats du sondage présenté précédemment et des besoins de précision du programme, voici les recommandations de l'équipe de travail :

- **En cas de pesées supervisées, alternées ou non supervisées**
 - Les pesées de lait et les échantillons de lait sont acheminés par le contrôleur à Valacta (pour le système Lacté), mais ces informations ne sont en aucun cas envoyées à GenOvis-CGIL (pas de perte de précision, pas de perte des heures de traite).
 - Le producteur télécharge lui-même les pesées de lait dans GenOvis (jusqu'à ce que le programme soit en fonction, les producteurs enverront leurs fichiers au CEPOQ).
 - Valacta retourne les rapports de fichiers électroniques et pdf au producteur. Ce dernier peut le télécharger dans son logiciel.
 - Valacta retourne au CEPOQ les résultats d'analyse d'échantillons de lait. Un fichier électronique est acheminé au CEPOQ. Seul le CEPOQ est autorisé à capturer les données d'échantillons de lait dans GenOvis. Les producteurs ne sont pas autorisés à le faire.
- **En cas d'utilisation du « Lab Service »**
 - Le producteur prend ses pesées de lait et télécharge lui-même les résultats de ces pesées de lait dans GenOvis (jusqu'à ce que le programme soit en fonction, les producteurs enverront leurs fichiers au CEPOQ).
 - Les échantillons de lait sont acheminés par le producteur à Valacta aux fins d'analyse.
 - Valacta retourne au CEPOQ les résultats d'analyse d'échantillons de lait. Un fichier électronique est acheminé au CEPOQ. Seul le CEPOQ est autorisé à capturer les données d'échantillons de lait dans GenOvis.
 - Valacta retourne les résultats de Lab Service au producteur. Actuellement, il s'agit d'un fichier pdf seulement. Est-ce possible, moyennant une tarification particulière aux clients, que ces derniers reçoivent un fichier électronique? C'est une demande récurrente des producteurs. Ces fichiers servent à être importés dans leur logiciel de bergerie, mais ne pourraient être téléchargés dans le système GenOvis – (nécessite membership à GenOvis).

C'est donc maintenant aux producteurs ovins laitiers de se prendre en main. Pour obtenir des évaluations génétiques justes et précises de leurs animaux ils doivent dans un premier temps adhérer à GenOvis et transmettre des données complètes d'agnelages. Ils doivent également prendre des pesées laitières de leurs brebis aux moins lors de 4 contrôles annuels. De plus, l'échantillonnage et l'analyse d'échantillons lors des contrôles sont requis. Les producteurs doivent également s'assurer de toujours transmettre les données avec un identifiant complet de 9 chiffres pour assurer une facilité de fusion des BD entre GenOvis – Bergère – Valacta. Au niveau des pesées laitières, cette donnée doit comprendre 2 chiffres après la virgule pour améliorer grandement la précision puisque chez la brebis les volumes produits sont petits.

En alimentant la base de données avec des données complètes, les producteurs se donnent les outils nécessaires pour obtenir des évaluations génétiques représentatives de leurs troupeaux. Puis, c'est avec les années que ces évaluations se préciseront davantage, soit au fur et à mesure que de nouvelles données seront entrées dans le système. Les deux années de projets étaient donc une période d'adaptation nécessaire

pour les producteurs qui doivent maintenant gagner en autonomie et poursuivre la collecte des données telles qu'il leur a été enseigné au cours des années de projets.

13 Diffusion des résultats

Au cours du projet, plusieurs conférences ont été données pour présenter le projet et l'avancement de celui-ci. Mme Johanne Cameron a ainsi participé aux événements suivants :

- Réunion générale annuelle du CEPOQ 2013 (annexe 9)
- Réunion destinée aux producteurs participants, 11 décembre 2013 (annexe 10)
- Colloque brebis laitière 8 octobre 2013 (annexe 11)
- Colloque brebis laitière 16 octobre 2014 (annexe 12)
- Réunion générale annuelle du CEPOQ 2015 (annexe 13)
- Journée de recherche en production ovine 4 juin 2015 (annexe 14)
- Webinaires destinés exclusivement aux participants du projet en juin 2015 (annexe 14)
- Conférence / formation finale sur les résultats des projets (à venir, 14 avril 2016).

Par ailleurs, un article de présentation de projet a été publié dans l'Ovin Québec Édition Hiver 2014 (annexe 15) alors qu'un article de présentation des résultats sera publié à l'édition de l'été 2016 (annexe 16).

Annexe 1 : Rapport sur les différences entre les composantes laitières des traites AM vs PM

Differences Between AM and PM Component Traits

July 22, 2014

Data were collected over 3 test dates within 2 flocks on the dairy sheep project in Quebec. Morning (AM) and evening (PM) milk samples were analyzed separately in the lab. The purpose was to determine if there were any differences in the component traits between AM and PM milkings, and if so, to derive adjustment factors to correct values to either an AM or PM basis.

There were data from 661 ewes and 896 test days with AM and PM components. The component traits are 1) fat percentage, 2) protein percentage, 3) somatic cell scores (SCS), 4) milk urea nitrogen (MUN), 5) lactose percentage, and 6) betahydroxybutylase (BHB). Usually the PM yield was taken before the AM yields. Differences between PM and AM samples was taken within ewe, within test day, so that differences in seasons, days in milk, and ewes was taken into account. The following table summarizes the results.

Table 1
Averages for PM and AM components
and the difference (PM - AM).

Component	PM Sample		AM Sample		(PM-AM)	
	mean	var	mean	var	mean	var
Fat %	5.08	1.42	5.51	1.14	-0.43	2.18
Prot %	4.63	0.19	4.63	0.19	0.00	0.03
SCS	11.73	4.95	11.94	5.39	-0.21	2.87
MUN	24.38	20.24	23.75	21.94	0.63	11.37
Lact %	4.83	0.06	4.82	0.06	0.01	0.03
BHB	0.14	0.00	0.14	0.01	0.00	0.00

The conclusion from these data is to not worry about differences in the component traits between AM and PM milk samples. The differences appear to be of minor importance. No adjustments of AM or PM samples are needed. The amount of data in this study is too small upon which to derive adjustment factors of reasonable accuracy for the component traits. Lastly, there is no need to collect and analyze milk samples separately for AM and PM milkings.

Annexe 2 : Rapport sur l'étalonnage de l'analyseur à IR pour la
détermination de la composition des échantillons de lait de brebis.

ÉTALONNAGE DE L'ANALYSEUR À INFRAROUGE POUR LA DÉTERMINATION DE LA COMPOSITION DES ÉCHANTILLONS DE LAIT DE BREBIS

Rachid Kouaouci, M. Sc., Chimiste

Le but visé par ce projet est de vérifier la pertinence de l'utilisation des étalons préparés avec du lait de brebis au lieu du lait de vaches pour la détermination de la composition des échantillons de lait provenant de cette espèce ovine. Par la même occasion, il faut évaluer l'impact des courbes d'étalonnage établies à partir de lait de vaches sur les teneurs des composants principaux du lait de brebis. Il faut rappeler qu'actuellement Valacta utilise les courbes d'étalonnage de lait de vaches pour doser les composants de lait de brebis. Cette situation n'est pas adéquate vu que qu'il y a des différences dans la composition et la structure des principales molécules du lait d'une espèce à l'autre et que ces différences peuvent influencer d'une façon significative leurs dosages. À cette fin, plusieurs séries d'échantillons ont été donc prélevées chez les producteurs de lait de brebis et utilisés comme étalons de lait pour étalonner l'analyseur à infrarouge. La composition exacte de ces étalons a été déterminée préalablement par des méthodes chimiques officielles puis comparée par la suite aux valeurs obtenues par l'analyseur à infrarouge.

Le tableau 1 résume l'impact de l'utilisation du lait de vache sur le dosage de la composition des échantillons de lait de brebis. Des biais très importants sont à noter et ce, pour tous les composants analysés. L'autre constatation est que les écarts observés pour un même composant sont relativement constants d'un échantillon à l'autre comme le montre les figures 1 à 3. Ces résultats illustrent clairement la nécessité d'utiliser des étalons de lait de brebis pour générer des courbes d'étalonnage. En effet, après que l'analyseur à infrarouge ait été étalonné avec des échantillons de lait de brebis, ces biais ont diminué considérablement, en valeur absolue, pour se situer à des niveaux très acceptables, semblables à ce que nous obtenons avec des étalons de lait de vaches. D'une façon générale, la moyenne de différence pour chaque composant devra être la plus proche possible de la valeur de zéro, ce qui équivaut à une très bonne corrélation entre l'analyseur à l'infrarouge et la méthode chimique.

Tableau 1 : Moyennes des différences entre les méthodes de référence et l'analyseur à infrarouge

	Matière grasse	Protéines	Lactose
Moyenne des différences avant étalonnage	-0.19	-0.17	0.13
Moyenne des différences après étalonnage	0.01	0.01	0.01

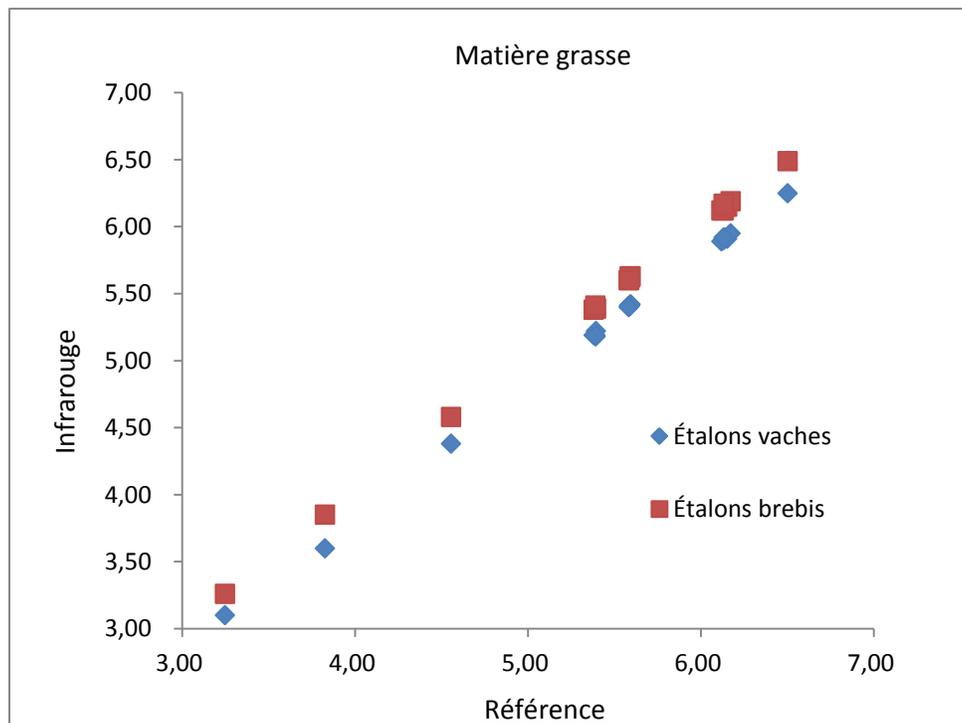


Figure 1 : Impact des étalons de lait de vaches sur les analyses de lait de brebis

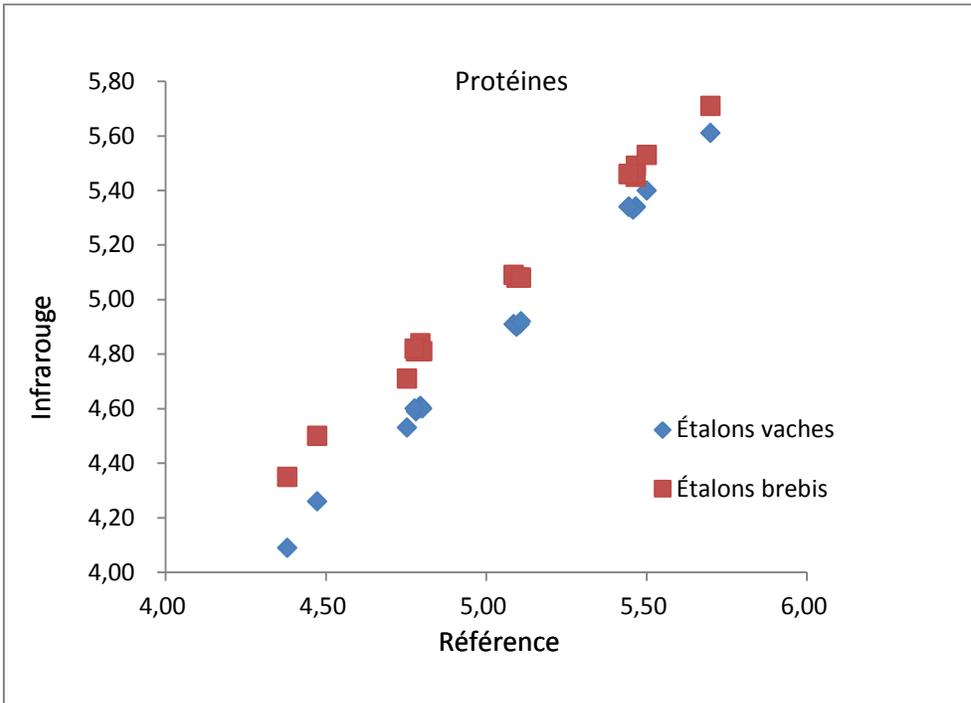


Figure 2 : Impact des étalons de lait de vaches sur les analyses de lait de brebis

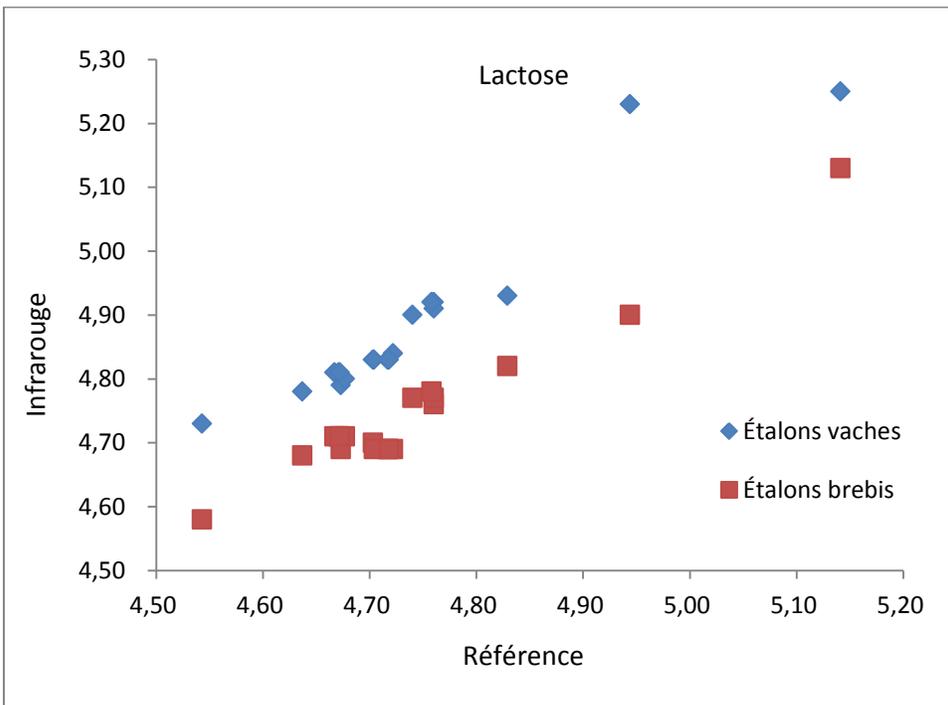


Figure 3 : Impact des étalons de lait de vaches sur les analyses de lait de brebis

Pour valider la courbe d'étalonnage bâtie à partir de lait de brebis, plusieurs séries d'échantillons de lait de brebis ont été analysées par les méthodes officielles de référence, puis comparées aux lectures de l'analyseur à infrarouge. Ce processus de validation s'est déroulé sur une période de plusieurs mois comme le montre le tableau 2. Tous les résultats obtenus démontrent encore une fois que lorsque les courbes d'étalonnage sont générées à partir d'étalons de lait de brebis, les moyennes des différences tendent plus vers des valeurs proches de zéro, ce qui se traduit par une plus grande exactitude des analyses.

Tableau 2 : Moyennes des différences entre les méthodes de référence et l'analyseur à infrarouge

Mois	Matière grasse	Protéines	Lactose
Novembre 2013	0.00	-0.01	0.01
Mai 2014	0.00	-0.01	0.00
Août 2014	0.01	0.01	0.00
Septembre 2014	*	*	*

**Échantillons en mauvaise condition*

En conclusion, nous recommandons fortement que les analyseurs dédiés pour les analyses de lait de brebis soient étalonnés avec des étalons de lait de brebis. L'implantation d'un tel système d'étalonnage permettra aux producteurs de lait de brebis d'avoir accès à des valeurs plus justes de la composition de leurs échantillons. Afin de s'assurer de la fiabilité d'un tel système, il faut que les analyseurs soient étalonnés à des intervalles réguliers, de préférence une fois aux trois (3) mois pour tenir compte des variations saisonnières. Cela requerra la coordination des prélèvements d'au moins 20 échantillons à chaque nouvelle saison, la préparation et les analyses par des méthodes chimiques des étalons de lait. Il est évident que l'implantation des étalonnages réguliers nécessitera des coûts additionnels lesquels devront être défrayés par les bénéficiaires d'un tel système.

Dans le cadre de ce projet, nous avons également exploré la possibilité d'inclure les autres composants qui sont analysés à Valacta, à savoir l'urée et le BHB. Les résultats que nous avons obtenus ne sont pas concluants vu que ces deux composants, plus particulièrement, requièrent, un très grand nombre d'échantillons pour bâtir des étalonnages robustes.

Date : 2014-10-29

Annexe 3 : Sondage

SONDAGE

SUR L'UTILISATION FUTURE DU PROGRAMME DE SÉLECTION GÉNÉTIQUE DES OVINS LAITIERS

1. Considérant qu'un minimum de 4 pesées de lait par brebis (avec échantillons) sont nécessaires pour obtenir une évaluation génétique valable, prévoyez-vous poursuivre les contrôles laitiers dans le but d'obtenir une évaluation génétique à la fin du projet?

A. NON, ça ne m'intéresse pas de poursuivre les contrôles laitiers

Notez qu'en répondant non, vous devez savoir que vous ne pourrez évaluer génétiquement vos sujets. Si vous avez répondu non, vous n'avez pas à remplir le reste du sondage.

100%

B. OUI, je ferais des contrôles réguliers et je prévois utiliser :

1. **Le contrôle supervisé** tous les mois avec un conseiller de Valacta;

2. **Le contrôle alterné** avec un conseiller de Valacta;

7/8

3. **Le contrôle non supervisé** de Valacta

(je ferai mes pesées de lait et ma collecte d'échantillons moi-même, un contrôleur de Valacta passera prendre ces informations et acheminera les échantillons)

1/8 (+2=

B3 ou B4)

4. **Seulement le service d'analyse d'échantillons** de Valacta (Lab Service)

(je ferai mes pesées de lait et ma collecte d'échantillons, mais j'enverrai moi-même les échantillons de lait) – *Notez qu'avec le « Lab service », Valacta nous a indiqué qu'aucun fichier électronique n'est retourné et les données ne sont pas entrées dans leur logiciel. Seule une copie papier présentant les résultats d'analyse vous est retournée et vous devrez saisir manuellement ces données dans Bergère ou directement dans GenOvis.*

2. **Nombre de pesées par contrôle et par brebis.** Considérant la réalité de votre entreprise et votre charge de travail, comment aimeriez-vous ou prévoyez-vous prendre vos pesées de lait lors des contrôles dans l'avenir?

8/8

A. Lorsque les brebis sont traitées deux fois par jour, je suis prêt à prendre la pesée du matin et la pesée du soir (AM et PM), ainsi qu'un échantillon de lait par contrôle;

B. Même si les brebis sont traitées deux fois par jour, je préférerais prendre une seule pesée de lait par jour (AM ou PM), ainsi qu'un échantillon de lait et indiquer que cette brebis est traitée 2 fois par jour ;

4/8

C. Lorsque les brebis sont traitées une fois par jour, je prendrai une pesée de lait et un échantillon sur ces femelles et je vais indiquer qu'il s'agit d'une pesée 24h.

3. **Mode de prise de données à la ferme.** Comment prévoyez-vous prendre vos pesées de lait lors de vos contrôles laitiers dans le futur?

A. Je prendrai tout manuellement en bergerie;

3/8

B. Je travaillerai avec le bâton Syscan en bergerie;

5/8

C. Je travaillerai avec Bergère mobile en bergerie;

D. Autre : _____

4. Considérant que la précision des analyses génétiques est améliorée avec plus de décimales après la virgule lors des pesées de lait, êtes-vous prêt à prendre cette information lors de vos pesées de lait dans le futur?

8/8

- A. Oui, je prendrai les deux chiffres après la virgule
- B. Non, je ne suis pas équipé avec une technologie (Bâton Syscan, Bergère mobile) me permettant de prendre en note et d'acheminer ces mesures rapidement.
** Notez que la prochaine version du Bergère Mobile vous permettra de prendre deux chiffres après la virgule.*

5. Considérant que la précision des analyses génétiques est améliorée lorsque l'heure exacte de la pesée de lait est prise pour chaque brebis lors de la traite, seriez-vous prêt à prendre cette mesure?

3/8

A. Oui, cette mesure se prend automatiquement avec mon outil électronique de lecture (ex : bâton Syscan, Psion) et je sais comment programmer mon outils pour recueillir cette information et l'acheminer avec mes pesées de lait.

4/8

B. Oui, je suis prêt à prendre cette mesure automatique avec mon outil de lecture, mais j'aurai besoin de savoir comment le faire.

C. Non, je ne suis pas intéressé à ajouter cette prise de donnée automatique à mon outils de lecture actuel;

D. Non, je n'ai pas d'outils de lecture et il sera impossible de prendre la pesée et l'heure/brebis manuellement.

1/8

E. Autre : Oui, mais trouver méthode, utilisation Bergère et numéro de patte (carrousel)

6. Par quel(s) moyen(s) aimeriez-vous acheminer vos données de pesées chez Valacta?

3/8

A. Format papier

5/8

B. Fichier électronique produit par mon bâton de lecture Syscan;

C. Fichier électronique produit par mon logiciel Bergère ;

D. Je veux envoyer uniquement des échantillons de lait chez Valacta, je n'enverrai aucune pesée de lait.

E. Autre : _____

7. Par quel(s) moyen(s) prévoyez-vous saisir et faire parvenir vos données d'agnelage à GenOvis?

1/8 (B)

A. J'utiliserai des carnets d'agnelage que je ferai parvenir au CEPOQ

7/8

B. Je vais transférer mes données d'agnelage par fichier électronique via Bergère

C. Autre : _____

8. Par quel(s) moyen(s) aimeriez-vous que vos données de production laitière (données Valacta) soient acheminées vers le logiciel d'évaluation génétique GenOvis?

3/8

A. Suite à mon contrôle, je souhaite que Valacta achemine automatiquement toutes mes données à GenOvis (pesées et composantes); - aussi à Bergère Attention, perte de précision possible – heure de traite et décimales perdues;

8/8

B. Suite à mon contrôle, je souhaite que Valacta achemine automatiquement seulement mes données d'analyse de qualité de lait à GenOvis (composantes seulement). Je vais me charger d'acheminer mon fichier électronique de pesées de lait à GenOvis (deux décimales + heures de traite). – aussi Bergère

3/8

C. Suite à mon contrôle maison et l'utilisation du lab service, je souhaite diriger mon fichier électronique de pesées de lait dans GenOvis (via Bergère ou autre). Je vais saisir manuellement mes composantes de lait dans GenOvis lors de la réception du rapport papier issu de Valacta

(Je sais que le lab service produit un rapport papier, mais j'aimerais connaître la possibilité d'obtenir un fichier électronique, ainsi que les frais pour obtenir ce type de données) ;

9. Sur mes rapports génétiques, j'aimerais avoir accès à un indice global de sélection permettant de sélectionner sur plusieurs aspects.

8/8

A. Oui

B. Non

Quels caractères aimeriez-vous voir dans un indice de sélection?

Compilation

A – Lait kg/kg gras/kg protéine/CSS

A – Lait, production et composante

A - Lait gras, protéine / conformation du pis

A – Lait –gras-protéine

A – Pas d'idée

A -

A – Lait-gras-protéine / conformation du pis / persistance lait / résistance mammite

A – Lait-gras-protéine / persistance de lait / code pour brebis avec un seul quartier

Autres demandes ou commentaires :

« Avant le projet, je faisais mes pesées et échantillons de réservoir ». La poursuite des échantillons de toutes les brebis dépendra du prix.

Analyse génétique très efficace. Les meilleures productrices ressortent. Souhaitent poursuivre échantillonnage régulier. Le prix et les fichiers électroniques sont essentiels pour eux.

Annexe 4 : Rapport d'évaluation des caractères de production des brebis
laitières (mai 2014)

Evaluation of Production Traits of Dairy Sheep

Larry Schaeffer

Guelph, ON, Canada

May 13, 2014

1 Introduction

This report describes the development of the genetic evaluation system for analyzing production traits in dairy sheep.

2 Data Collection

This project was started and led by CEPOQ. Flocks were recruited which had an interest in having genetic evaluations for their dairy ewes and rams. The flocks were on the Valacta milk recording program in Quebec. The test day records and milk samples flowed to Valacta, and from there the data were forwarded by Dr. Robert Moore to myself at the Centre for Genetic Improvement of Livestock (CGIL) at the University of Guelph.

Johanne Cameron was the main organizer and promoter for the project. In order to do genetic evaluations, and in order for producers to receive the evaluations, the producers needed to be enrolled in the GenOvis database. A great effort was made to enter historical data from the participating farms, in particular, pedigrees and lambings.

Eventually, data from Valacta had to be merged with data from the GenOvis database. This is when problems with animal identification arose. The ability to merge the two sources of data required that Valacta uses the 9 digit ATQ identification. Initially only 4 or 5 of the 9 digits were recorded on the records that were forwarded to CGIL, and this was inadequate to match animals to the GenOvis database. Another problem was that not all animals in the GenOvis database had ATQ numbers, but at least most of the ewes in the project had these.

The pedigrees were constructed using the animal tattoo IDs, also in the

GenOvis database. These simple problems required great effort from Johanne and her colleagues, and from Robert Moore at Valacta. I believe these efforts have been successful and very necessary to the results that follow.

Delma Kennedy (OMAFRA) found data from Wooldrift Farm dating back to 1997. The advantage of this data was that animals from this flock were ancestors to ewes in the Quebec flocks. Thus, the pedigree links were useful. The production data, however, was not as useful because days in milk were not available which made it necessary to find lambing dates. For much of the old data, lambing dates could not be found that were relevant to the test day dates in the data. There were many missing lambing dates. Consequently, the number of days in milk for over half of the test day data from this flock could not be calculated, which made them useless to the analyses. However, there were still a large number of records that could be included, but mostly from years 2013 and 2014.

3 Data Editing

3.1 Valacta Data

Dr. Moore sent 3 files to CGIL in early April 2014, as described below.

Table 1.

	File name	TD records	Description
1)	TD6482.xlsx	6482	Animals with both AM and PM yields
2)	TD724.xlsx	724	Animals with either AM or PM yield, 2x
3)	TD646.xlsx	646	Animals milking 1x per day

Records were omitted due to

- Abnormality Codes other than 1, 4, or 6, were omitted;
- ATQ ID less than 9 digits were omitted;
- All traits missing for a test day were omitted.
- Days in milk outside range of 5 to 220 days.

A total of 6,378 test day (TD) records remained. A file was created with space allocated for the following information. Not all of the information was

available in the Valacta or Wooldrift farm data. Later the ewes were matched to the data in the GenOvis database, to fill in the missing information.

Table 2.

aid	Tattoo ID from GenOvis database
atq	ATQ 9 digit ID
flock	Combination of province and GenOvis flock ID
breed	Breed code, not available yet (1,3:Lacaune, 2,4:East Friesian, 5:F1, 6:others)
bdat	Birthdate of animal, ewe
ldat	Lambing date for start of lactation
parity	Parity number (1 or 2+)
age	Age at lambing (months), may or may not be available
nborn	Not available yet
tdate	Test Day date
kdim	Days in milk
icode	Missing trait codes (1 to 511)
xp2a	Interval from PM to AM milkings, hrs
y(9)	Traits

The traits were AM milk yield, PM milk yield, 24h milk yield, fat %, protein %, lactose %, somatic cell score (SCS), milk urea nitrogen (MUN), and beta hydroxybutylase (BHB). SCS is the natural logarithm of somatic cell count.

3.2 Wooldrift Farm

The ewes in this data had only one 24 hour yield for each test day, and not any AM or PM yields. If the milk had been sampled, usually only fat % was available. The data were formatted into the same file structure as the Valacta data. There were 6,861 TD records available before matching with data in the GenOvis database. Days in milk were not recorded in these data, so lambing dates had to be found.

3.3 Matching To GenOvis Database

The 9 digit ATQ numbers were obtained on all ewes with lactation production records, from Valacta and Wooldrift farm. The ewes on this list were

retrieved from the database. Included in the retrieval was their sire and dam information, their breed codes, lambing dates, and number of lambs born.

Breeds codes were converted to a number from 1 to 6, where

Table 3.

Code	Breed Definitions	Number of ewes
1	3/4 or better Lacaune	123
2	3/4 or better East Friesian	1094
3	1/2 to 3/4 Lacaune	122
4	1/2 to 3/4 East Friesian	204
5	1/2 Lacaune by 1/2 East Friesian	129
6	Crossbreds	277

A total of 4,538 TD records had missing or bad lambing dates, which put the days in milk outside of the range of 5 to 220 days. The remaining records were 7,479. The number of lambs born was either 1, 2, or 3. Category 3 included 4 or 5 lambs, but there were too few of these to make their own categories. Category 4 was where the number born was not known. Intervals from PM milking to AM milking were categorized into 9 groups.

4 Coding For Model

4.1 Planned Model

The original model accounted for the following factors:

- **Flock-year-season** effects where years and seasons of lambing were separated for each flock. The seasons were going to be each month of lambing, but then this was reduced to two month seasons. There were a total of 46 different flock-year-seasons, and for Wooldrift farm, all years prior to 2013 were grouped with 2013.
- **Breed-Parity-Age-Season** effects which assumed that there were different age groups within parities 1 and 2, and two-month seasons of lambing, and that these differed by breed definitions. There were 180 possible levels of this factor.

- **Breed-Parity-Year-Season** effects assumed year-season of lambing effects were different for each breed-parity group. There were 144 possible levels for this factor.
- **Breed-Parity-Number Born** effects assumed that the effect of number of lambs born differed for each breed-parity group. There were 48 possible levels of this factor.
- **Breed-Parity-Milking Interval** effects for AM and PM yield traits only were to account for the time elapsed between milkings, and that this effect was different for each breed-parity group. There were 96 possible levels for this factor.
- **Animal Permanent Environmental** effects, for each animal having TD records, and these would differ depending on parity.
- **Animal Additive Genetic** effects, for each animal in the pedigree.
- **Residual** effects, where the variance of residual effects was allowed to change during the lactation. Five intervals were created based on phenotypic standard deviations of TD records of all traits. The intervals were 1) days 5 to 48; 2) days 49 to 76; 3) days 77 to 111; 4) days 112-146; and 5) days 147 to 220. Residual variance was largest in days 5 to 48 and became smaller through the lactation until the last period from day 147 to 220.
- Legendre polynomials (order 4, 5 covariates) were fit for each factor in the model. Different shapes of curves for each factor. Order 4 was used in dairy cattle, and thus, chosen for sheep.

The random factors of the model were **Flock-Year-Season**, **Animal Permanent Environmental**, and **Animal Additive Genetic**, and **Residual** effects. Covariance matrices had to be estimated for each random factor, and for residual effects there had to be five covariance matrices estimated for the five DIM groups.

4.2 Operational Model

Unfortunately, some of the subclasses for the fixed factors had too few observations, and this caused problems with estimation. For example, because five

regression coefficients needed to be estimated for each curve, that meant there should be a minimum of 6 observations per subclass for the fixed factors of the model. Many had less than 6 observations which led to estimation problems. Thus, the model was greatly simplified as follows:

- **Breed-Parity-Age-Season** effects were reduced to **Breed** effects and only four breed groups were used. Group 1 were Lacaune, 1/2 blood or greater, Group 2 were East Friesian 1/2 blood or greater, Group 3 were 1/2 CU by 1/2 EF, and Group 4 were all other breeds and crosses.
- **Breed-Parity-Year-Season** effects were reduced to **Year-Season** effects. Thus, the same year-season effects were assumed to affect all breeds and parities similarly.
- **Breed-Parity-Number born** effects were reduced to **Number Born** effects. The effects were assumed to be the same for each breed and parity.
- **Breed-Parity-Milking Interval** effects were reduced to **Milking Interval** effects, assumed the same for each breed and parity group. Milking interval effects applied only to AM or PM milk yield traits.
- All other factors were the same as in the planned model.

As the amount of TD records gets larger over time, to where there are 20,000 or more records, then the model can be expanded back to the planned model for these fixed factors. However, the number of observations per level of each factor needs to be checked before expanding.

Consequently, the operational model, at this point in time, is not the best model possible. The best model can not yet be applied given the amount of data available.

4.3 Coding

The levels of each factor need to be coded into consecutive numbers, i.e. $(1, 2, \dots, m)$, where m is the number of levels for a factor. So instead of breed, CU, parity 2, year 2013, and season Jan-Feb, this might be coded as a 5. It is easier to handle a single number in the genetic evaluation program rather than all of the parts of the subclass.

4.4 Pedigree and Animal Coding

Animals need to be ordered chronologically. That is, an animal should have a number that is greater than either number of its parents. Thus, in the genetic evaluation program we deal with parents before we encounter any of their progeny, or we could work in the opposite direction from youngest to oldest. The sorting is necessary to calculate inbreeding coefficients too. There were only 4 inbred individuals in the dataset. This is because the pedigrees were not traced back any further than the sire and dam of each ewe having a TD record. Pedigree linkages could be improved by filling in more of the unknown parents.

In the analyses of the growth and reproduction data in the meat sheep, all lambs are required to have sire and dam IDs. The data also cover more years of lambing, so that the amount of inbreeding is greater. Known pedigrees were not required for this project, but they should be a requirement of all new TD records going into the GenOvis database.

5 Genetic Evaluation Programs

The software for the genetic evaluations was written in February and March 2014, but was not tested at the time because the data were not ready. The data arrived on April 7, 2014 and the editing process had to be conducted. The software for the edits and running of these took place from April 7 to April 21. April 21 the data were ready. A full week was needed to make the data and software compatible to each other. By April 28, it was determined that the planned model needed to be reduced to the operational model. From April 28 to May 2, efforts were needed to ensure that the genetic evaluation software was running correctly. The first run was made over the weekend May 3. Results were checked and by May 8, EBVs for some rams were sent to Johanne Cameron. On May 9, the software was modified again, to make the software longer lasting. That is, the same software should be useful for the next ten to twenty years before any changes are needed. Only the dimensions of arrays need to be increased. A full test of the modified programs began May 12, 2014.

6 Estimates of Covariances and Heritabilities

The parameter files were estimated from the data within the genetic evaluation program. The program will be set up so that a new covariance matrix will be estimated at the end of each run.

The following results were obtained from the first run, and these should be taken with caution, because there were not a large number of records and not that many animals. The indications, however, are very promising. When enough data have accumulated, then a better estimation should be made using Bayesian methods.

Table 4 below contains the fraction of variances, by trait, attributable to genetics, permanent environment, and flock-year-seasons.

Table 4.
Proportions of variance due to genetics, permanent environmental effects (PE), and flock-year-seasons (FYS).

Trait	Parity 1			Parity 2		
	Genetics	PE	FYS	Genetics	PE	FYS
AM milk	.47	.30	.22	.49	.30	.20
PM milk	.47	.32	.21	.49	.32	.19
24 h milk	.46	.29	.25	.50	.28	.22
Fat %	.38	.25	.36	.40	.26	.34
Protein %	.49	.31	.20	.50	.30	.19
Lactose %	.45	.28	.27	.45	.27	.27
SCS	.39	.27	.31	.37	.25	.35
MUN	.48	.33	.19	.48	.32	.20
BHB	.50	.33	.17	.50	.32	.17

The heritabilities seem to be very high, and variation between flock-year-seasons is much lower. The repeatabilities of the traits are the sum of the genetic and PE fractions, thus between .70 and .80. The high heritabilities mean that high accuracies can be reached on genetic evaluations with just a few TD records per animal.

Another figure of interest would be the genetic correlation between parities 1 and 2 (and later) for each trait (Table 5).

Table 5.

Genetic correlations of traits between parities.

Trait	Correlation
AM milk	.70
PM milk	.49
24 h milk	.54
Fat %	.89
Protein %	.82
Lactose %	.86
SCS	.88
MUN	.69
BHB	.73

Thus, correlations between parities are pretty high, as one would expect, but they are still significantly less than one, especially for 24 h milk yield. Thus, there can be substantial variability within a cow for first parity milking ability and second parity, but for the component traits (fat, protein, lactose, and SCS) the genetic evaluations tend to be more similar between first and second parities.

Finally, the genetic correlations among the traits within parities is also of interest (Table 6). High correlations mean that one trait helps improve the accuracy of another trait. The correlation estimates, however, are only moderate in magnitude, and thus, observations on each trait are important.

Table 6.

Genetic correlations among traits within parities. Parity 1 above the diagonal, and parity 2 below the diagonal.

Traits	Milk	F%	P%	L%	SCS	MUN	BHB
Milk	-	.06	.02	.52	.19	.39	-.10
F%	-.08	-	.36	-.19	-.06	-.23	-.09
P%	-.15	.43	-	-.25	.07	-.16	.02
L%	.45	-.25	-.28	-	-.12	.15	-.24
SCS	.28	-.05	.05	-.04	-	-.23	-.05
MUN	.35	-.24	-.15	.18	-.22	-	.14
BHB	.01	-.07	-.02	-.22	.00	.12	-

Keep in mind that the covariance matrices are of order 90 by 90, so that there are many genetic correlations in the matrix, such as the correlation between milk yield in first parity with SCS in parity 2, or milk yield in parity 2 with SCS in parity 1, both of which may be different.

7 EBVs

Because of the random regression test day model, every animal obtains 5 regression coefficient estimates for each of the 9 traits in parity 1, and also for the 9 traits in parity 2. This means each animal has 90 estimates. These numbers would be confusing to producers and not very helpful in selecting animals or mates. Thus, the estimates have to be condensed to something meaningful for producers.

A standard lactation is assumed to go from day 5 after lambing until day 220. Some ewes milk much longer than 220 days, and others will milk less than 220 days. In dairy cattle the standard is from day 5 to day 305, even though many cows are now milking longer than 305 days.

Producers do not need separate EBVs for AM and PM milk yields. They were included to assist in getting accurate 24 h milk yields without using adjustment factors that were derived for dairy cattle. Milk yield EBVs are, therefore, the total amount of milk (genetically) produced from days 5 through 220, inclusively. The range in milk EBVs went from -147 kg of milk to +158 kg for first parity and from -189 kg to +252 kg for parity 2 and later.

For the other traits, using fat % as an example, a fat % value was calculated for each day from day 5 to day 220, and an average was calculated over that period. Hence the EBV for fat % ranged from -.85 to +.91 in first parity, or a range of nearly 2% from poorest to best ewe. Thus, if the average phenotypic fat % was 6.7 %, then an EBV of +.91 would give 7.61 % as an average.

The ranges of EBVs for all traits are given in Table 7.

Table 7.

Ranges in Estimated Breeding Values for production traits within parities.

Traits	Parity 1		Parity 2+	
	Low	High	Low	High
Milk, kg	-147	+158	-189	+252
F%	-.85	+.91	-1.17	+.90
P%	-.58	+.72	-.87	+.75
L%	-4.11	+7.41	-4.42	6.33
SCS	-.80	+.74	-.83	+.79
MUN	-.48	+.31	-.42	+.31
BHB	-.09	+.24	-.09	+.25

8 Accuracies of EBVs

Accuracies were calculated for each trait using the same selection index approximation as used in the evaluations for growth and reproduction. The factors going into the accuracies are

- The number of test day records on an animal.
- The number of female progeny that also have TD records.
- The sire and number of daughters it has.
- The dam and number of TD records it has.
- The dam and number of daughters it has.

Given the high heritabilities (as mentioned earlier) the accuracies for EBVs can be pretty good for ewes. Ewes having several daughters and 5 or more TD records can have accuracies around 60%. Rams with more than 20 daughters can reach accuracies close to 80%.

Genetic correlations between traits is not taken into account in the accuracy calculations. Thus, the accuracies are conservative estimates, and deliberately kept lower than they might actually be.

9 Further Work

Each lactation curve was assumed to be fit by 5 covariates of days in milk. One possibility is that 5 covariates may be too many. It may be sufficient to use only 4 or even 3 covariates. Five was chosen because that was the number needed in dairy cattle. However, for sheep, the curves seem to be more linear in shape. Thus, tests should be made to determine the best order for this model. This will be done in the next few weeks.

Annexe 5 : Rapport d'évaluation des caractères de production des brebis
laitières (juin 2014)

Evaluation of Production Traits of Dairy Sheep

Larry Schaeffer

Guelph, ON, Canada

June 4, 2014

1 Introduction

This report describes the development and results of the genetic evaluation system for analyzing production traits in dairy sheep from Quebec.

2 Data Collection

This project was started and led by CEPOQ. Flocks were recruited which had an interest in having genetic evaluations for their dairy ewes and rams. The flocks were on the Valacta milk recording program in Quebec. The test day records and milk samples flowed to Valacta, and from there the data were forwarded by Dr. Robert Moore to myself at the Centre for Genetic Improvement of Livestock (CGIL) at the University of Guelph.

Johanne Cameron was the main organizer and promoter for the project. In order to do genetic evaluations, and in order for producers to receive the evaluations, the producers needed to be enrolled in the GenOvis database. A great effort was made to enter historical data from the participating farms, in particular, pedigrees and lambings.

Eventually, data from Valacta had to be merged with data from the GenOvis database. This is when problems with animal identification arose. The ability to merge the two sources of data required that Valacta uses the 9 digit ATQ identification. Initially only 4 or 5 of the 9 digits were recorded on the records that were forwarded to CGIL, and this was inadequate to match animals to the GenOvis database. Another problem was that not all animals in the GenOvis database had ATQ numbers, but at least most of the ewes in the project had these.

The pedigrees were constructed using the animal tattoo IDs, also in the

GenOvis database. These simple problems required great effort from Johanne and her colleagues, and from Robert Moore at Valacta. I believe these efforts have been successful and very necessary to the results that follow.

Delma Kennedy (OMAFRA) found data from Wooldrift Farm dating back to 1997. The advantage of this data was that animals from this flock were ancestors to ewes in the Quebec flocks. Thus, the pedigree links were useful. The production data, however, was not as useful because days in milk were not available which made it necessary to find lambing dates. For much of the old data, lambing dates could not be found that were relevant to the test day dates in the data. There were many missing lambing dates. Consequently, the number of days in milk for over half of the test day data from this flock could not be calculated, which made them useless to the analyses. However, there were still a large number of records that could be included, but mostly from years 2013 and 2014.

3 Data Editing

3.1 Valacta Data

Dr. Moore sent 3 files to CGIL in early April 2014, as described below.

Table 1.

	File name	TD records	Description
1)	TD6482.xlsx	6482	Animals with both AM and PM yields
2)	TD724.xlsx	724	Animals with either AM or PM yield, 2x
3)	TD646.xlsx	646	Animals milking 1x per day

Records were omitted due to

- Abnormality Codes other than 1, 4, or 6, were omitted;
- ATQ ID less than 9 digits were omitted;
- All traits missing for a test day were omitted.
- Days in milk outside range of 5 to 220 days.

A total of 6,378 test day (TD) records remained. A file was created with space allocated for the following information. Not all of the information was

available in the Valacta or Wooldrift farm data. Later the ewes were matched to the data in the GenOvis database, to fill in the missing information.

Table 2.

aid	Tattoo ID from GenOvis database
atq	ATQ 9 digit ID
flock	Combination of province and GenOvis flock ID
breed	Breed code, not available yet (1,3:Lacaune, 2,4:East Friesian, 5:F1, 6:others)
bdat	Birthdate of animal, ewe
ldat	Lambing date for start of lactation
parity	Parity number (1 or 2+)
age	Age at lambing (months), may or may not be available
nborn	Not available yet
tdate	Test Day date
kdim	Days in milk
icode	Missing trait codes (1 to 511)
xp2a	Interval from PM to AM milkings, hrs
y(9)	Traits

The traits were AM milk yield, PM milk yield, 24h milk yield, fat %, protein %, lactose %, somatic cell score (SCS), milk urea nitrogen (MUN), and beta hydroxybutylase (BHB). SCS is the natural logarithm of somatic cell count.

3.2 Wooldrift Farm

The ewes in this data had only one 24 hour yield for each test day, and not any AM or PM yields. If the milk had been sampled, usually only fat % was available. The data were formatted into the same file structure as the Valacta data. There were 6,861 TD records available before matching with data in the GenOvis database. Days in milk were not recorded in these data, so lambing dates had to be found.

3.3 Matching To GenOvis Database

The 9 digit ATQ numbers were obtained on all ewes with lactation production records, from Valacta and Wooldrift farm. The ewes on this list were

retrieved from the database. Included in the retrieval was their sire and dam information, their breed codes, lambing dates, and number of lambs born.

Breeds codes were converted to a number from 1 to 6, where

Table 3.

Code	Breed Definitions	Number of ewes
1	3/4 or better Lacaune	123
2	3/4 or better East Friesian	1094
3	1/2 to 3/4 Lacaune	122
4	1/2 to 3/4 East Friesian	204
5	1/2 Lacaune by 1/2 East Friesian	129
6	Crossbreds	277

A total of 4,538 TD records had missing or bad lambing dates, which put the days in milk outside of the range of 5 to 220 days. The remaining records were 7,479. The number of lambs born was either 1, 2, or 3. Category 3 included 4 or 5 lambs, but there were too few of these to make their own categories. Category 4 was where the number born was not known. Intervals from PM milking to AM milking were categorized into 9 groups.

4 Coding For Model

4.1 Planned Model

The original model accounted for the following factors:

- **Flock-year-season** effects where years and seasons of lambing were separated for each flock. The seasons were going to be each month of lambing, but then this was reduced to two month seasons. There were a total of 46 different flock-year-seasons, and for Wooldrift farm, all years prior to 2013 were grouped with 2013.
- **Breed-Parity-Age-Season** effects which assumed that there were different age groups within parities 1 and 2, and two-month seasons of lambing, and that these differed by breed definitions. There were 180 possible levels of this factor.

- **Breed-Parity-Year-Season** effects assumed year-season of lambing effects were different for each breed-parity group. There were 144 possible levels for this factor.
- **Breed-Parity-Number Born** effects assumed that the effect of number of lambs born differed for each breed-parity group. There were 48 possible levels of this factor.
- **Breed-Parity-Milking Interval** effects for AM and PM yield traits only were to account for the time elapsed between milkings, and that this effect was different for each breed-parity group. There were 96 possible levels for this factor.
- **Animal Permanent Environmental** effects, for each animal having TD records, and these would differ depending on parity.
- **Animal Additive Genetic** effects, for each animal in the pedigree.
- **Residual** effects, where the variance of residual effects was allowed to change during the lactation. Five intervals were created based on phenotypic standard deviations of TD records of all traits. The intervals were 1) days 5 to 48; 2) days 49 to 76; 3) days 77 to 111; 4) days 112-146; and 5) days 147 to 220. Residual variance was largest in days 5 to 48 and became smaller through the lactation until the last period from day 147 to 220.
- Legendre polynomials (order 4, 5 covariates) were fit for each factor in the model. Different shapes of curves for each factor. Order 4 was used in dairy cattle, and thus, chosen for sheep.

The random factors of the model were **Flock-Year-Season**, **Animal Permanent Environmental**, and **Animal Additive Genetic**, and **Residual** effects. Covariance matrices had to be estimated for each random factor, and for residual effects there had to be five covariance matrices estimated for the five DIM groups.

4.2 Operational Model

Unfortunately, some of the subclasses for the fixed factors had too few observations, and this caused problems with estimation. For example, because five

regression coefficients needed to be estimated for each curve, that meant there should be a minimum of 6 observations per subclass for the fixed factors of the model. Many had less than 6 observations which led to estimation problems. Thus, the model was greatly simplified as follows:

- **Breed-Parity-Age-Season** effects were reduced to **Breed** effects and only four breed groups were used. Group 1 were Lacaune, 1/2 blood or greater, Group 2 were East Friesian 1/2 blood or greater, Group 3 were 1/2 CU by 1/2 EF, and Group 4 were all other breeds and crosses.
- **Breed-Parity-Year-Season** effects were reduced to **Year-Season** effects. Thus, the same year-season effects were assumed to affect all breeds and parities similarly.
- **Breed-Parity-Number born** effects were reduced to **Number Born** effects. The effects were assumed to be the same for each breed and parity.
- **Breed-Parity-Milking Interval** effects were reduced to **Milking Interval** effects, assumed the same for each breed and parity group. Milking interval effects applied only to AM or PM milk yield traits.
- All other factors were the same as in the planned model.

As the amount of TD records gets larger over time, to where there are 20,000 or more records, then the model can be expanded back to the planned model for these fixed factors. However, the number of observations per level of each factor needs to be checked before expanding.

Consequently, the operational model, at this point in time, is not the best model possible. The best model can not yet be applied given the amount of data available.

4.3 Coding

The levels of each factor need to be coded into consecutive numbers, i.e. $(1, 2, \dots, m)$, where m is the number of levels for a factor. So instead of breed, CU, parity 2, year 2013, and season Jan-Feb, this might be coded as a 5. It is easier to handle a single number in the genetic evaluation program rather than all of the parts of the subclass.

4.4 Pedigree and Animal Coding

Animals need to be ordered chronologically. That is, an animal should have a number that is greater than either number of its parents. Thus, in the genetic evaluation program we deal with parents before we encounter any of their progeny, or we could work in the opposite direction from youngest to oldest. The sorting is necessary to calculate inbreeding coefficients too. There were only 4 inbred individuals in the dataset. This is because the pedigrees were not traced back any further than the sire and dam of each ewe having a TD record. Pedigree linkages could be improved by filling in more of the unknown parents.

In the analyses of the growth and reproduction data in the meat sheep, all lambs are required to have sire and dam IDs. The data also cover more years of lambing, so that the amount of inbreeding is greater. Known pedigrees were not required for this project, but they should be a requirement of all new TD records going into the GenOvis database.

5 Genetic Evaluation Programs

The software for the genetic evaluations was written in February and March 2014, but was not tested at the time because the data were not ready. The data arrived on April 7, 2014 and the editing process had to be conducted. The software for the edits and running of these took place from April 7 to April 21. April 21 the data were ready. A full week was needed to make the data and software compatible to each other. By April 28, it was determined that the planned model needed to be reduced to the operational model. From April 28 to May 2, efforts were needed to ensure that the genetic evaluation software was running correctly. The first run was made over the weekend May 3. Results were checked and by May 8, EBVs for some rams were sent to Johanne Cameron. On May 9, the software was modified again, to make the software longer lasting. That is, the same software should be useful for the next ten to twenty years before any changes are needed. Only the dimensions of arrays need to be increased. A full test of the modified programs began May 12, 2014.

6 Estimates of Covariances and Heritabilities

The parameter files were estimated from the data within the genetic evaluation program. By changing one line of the program, the output will either be estimates of the variance-covariance matrices, or be the estimated breeding values of all animals in the pedigree file.

The following estimates of variances and covariances were obtained. Keep in mind that the amount of data and animals is small. These results should be taken with caution. The indications, however, are very promising. When enough data have accumulated, then a better estimation should follow.

Table 4 below contains the fraction of variances, by trait, attributable to genetics, permanent environment, and flock-year-seasons.

Table 4.
Proportions of variance due to genetics, permanent environmental effects (PE), and flock-year-seasons (FYS).

Trait	Parity 1			Parity 2		
	Genetics	PE	FYS	Genetics	PE	FYS
AM milk	.75	.03	.22	.74	.02	.25
PM milk	.56	.04	.39	.71	.02	.27
24 h milk	.74	.02	.23	.79	.01	.19
Fat %	.40	.03	.56	.54	.02	.44
Protein %	.76	.03	.21	.75	.03	.22
Lactose %	.61	.03	.36	.66	.02	.31
SCS	.77	.02	.20	.75	.01	.23
MUN	.68	.03	.28	.68	.03	.29
BHB	.56	.04	.40	.73	.02	.24

The heritabilities seem to be very high, and variation between flock-year-seasons is much lower. The permanent environmental (PE) effects have very low variability, but this could be due to not many relationships among animals. As the pedigrees become deeper, the partitioning of PE and genetic effects will become more accurate. So that the heritability will likely come down and the proportion due to PE effects should increase.

Another figure of interest would be the genetic correlation between parities 1 and 2 (and later) for each trait (Table 5).

Table 5.

Genetic correlations of traits between parities.

Trait	Correlation
AM milk	.85
PM milk	.83
24 h milk	.83
Fat %	.88
Protein %	.84
Lactose %	.92
SCS	.98
MUN	.89
BHB	.84

Thus, correlations between parities are pretty high, as one would expect, but they are still significantly less than one. Thus, there can be substantial variability within a cow for first parity milking ability and second parity, but the genetic evaluations tend to be similar between first and second parities.

Finally, the genetic correlations among the traits within parities is also of interest (Table 6). High correlations mean that one trait helps improve the accuracy of another trait. The correlation estimates, however, are only moderate in magnitude, and thus, observations on each trait are important.

Table 6.

Genetic correlations among traits within parities. Parity 1 above the diagonal, and parity 2 below the diagonal.

Traits	Milk	F%	P%	L%	SCS	MUN	BHB
Milk	-	-.22	-.25	.23	-.07	.23	-.21
F%	-.30	-	.57	-.05	.04	-.24	-.14
P%	-.32	.63	-	-.16	.02	-.15	-.02
L%	.16	-.12	-.12	-	-.05	.23	-.40
SCS	-.20	-.10	.04	-.04	-	-.27	.20
MUN	.15	-.17	-.29	.10	-.50	-	-.19
BHB	-.10	-.04	-.08	-.23	.34	-.34	-

Keep in mind that the covariance matrices are of order 90 by 90, so that there are many genetic correlations in the matrix, such as the correlation between milk yield in first parity with SCS in parity 2, or milk yield in parity 2 with SCS in parity 1, both of which may be different.

7 EBVs

Because of the random regression test day model, every animal obtains 5 regression coefficient estimates for each of the 9 traits in parity 1, and also for the 9 traits in parity 2. This means each animal has 90 estimates. These numbers would be confusing to producers and not very helpful in selecting animals or mates. Thus, the estimates have to be condensed to something meaningful for producers.

A standard lactation is assumed to go from day 5 after lambing until day 220. Some ewes milk much longer than 220 days, and others will milk less than 220 days. In dairy cattle the standard is from day 5 to day 305, even though many cows are now milking longer than 305 days.

Producers do not need separate EBVs for AM and PM milk yields. They were included to assist in getting accurate 24 h milk yields without using adjustment factors that were derived for dairy cattle. Milk yield EBVs are, therefore, the total amount of milk (genetically) produced from days 5 through 220, inclusively. The range in milk EBVs went from -147 kg of milk to +158 kg for first parity and from -189 kg to +252 kg for parity 2 and later.

For the other traits, using fat % as an example, a fat % value was calculated for each day from day 5 to day 220, and an average was calculated over that period. Hence the EBV for fat % ranged from -.85 to +.91 in first parity, or a range of nearly 2% from poorest to best ewe. Thus, if the average phenotypic fat % was 6.7 %, then an EBV of +.91 would give 7.61 % as an average.

Table 7.

Ranges in Estimated Breeding Values for production traits within parities.

Traits	Parity 1		Parity 2+	
	Low	High	Low	High
Milk, kg	-168	+187	-216	+302
F%	-1.22	+1.10	-1.39	+1.40
P%	-.80	+.82	-1.01	+1.04
L%	-4.27	+5.03	-5.28	7.00
SCS	-1.80	+2.14	-2.08	+2.78
MUN	-.56	+.40	-.50	+.35
BHB	-.09	+.20	-.13	+.43

8 Accuracies of EBVs

Accuracies were calculated for each trait using the same selection index approximation as used in the evaluations for growth and reproduction. The factors going into the accuracies are

- The number of test day records on an animal.
- The number of female progeny that also have TD records.
- The sire and number of daughters it has.
- The dam and number of TD records it has.
- The dam and number of daughters it has.

Given the high heritabilities (as mentioned earlier) the accuracies for EBVs can be pretty good for ewes. Ewes having several daughters and 5 or more TD records can have accuracies around 60%. Rams with more than 20 daughters can reach accuracies close to 80%.

Genetic correlations between traits is not taken into account in the accuracy calculations. Thus, the accuracies are conservative estimates, and deliberately kept lower than they might actually be.

9 Breed Averages

Estimates of breed averages by parity from the genetic evaluation model are given in Table 8. East Friesians seem to give more milk yield, but with lower fat and protein percentages than Lacaune. Crosses are somewhere between the two breeds. First parity Lacaune ewes seem to have slightly more somatic cell counts than East Friesians, but breeds are similar in second and later parities.

Table 8.

Breed averages for production traits from the genetic evaluation model.

CU = Lacaune 1/2 to full bred.

EF = East Friesian 1/2 to full bred.

XX = All other breeds and crosses.

Breed	Milk	F%	P%	L%	SCS	MUN	BHB
<i>Parity 1</i>							
CU	218	6.28	5.49	21.53	12.84	4.59	0.13
EF	219	5.96	5.05	21.15	11.89	4.69	0.16
XX	217	6.00	5.12	21.13	11.93	4.63	0.15
<i>Parity 2</i>							
CU	263	6.21	5.32	21.67	11.88	4.64	0.14
EF	300	6.01	5.12	22.50	12.04	4.65	0.16
XX	287	6.28	5.37	22.21	11.94	4.63	0.13

10 Year and Month of Lambing Differences

Table 9.

Year and month of lambing differences for production traits from the genetic evaluation model. Differences relative to 2013 (January and February).

Month	Milk	F%	P%	L%	SCS	MUN	BHB
<i>Parity 1</i>							
JAN-FEB	0	.00	.00	.00	.00	.00	.00
MAR-APR	-26	.66	.22	-1.30	.40	-.15	.00
MAY-AUG	-82	1.21	.35	-4.83	.16	-.31	.05
SEP-DEC	-33	.98	.38	1.88	-.28	-.06	.02
<i>Parity 2</i>							
JAN-FEB	0	.00	.00	.00	.00	.00	.00
MAR-APR	-15	.61	.17	-1.88	.53	-.15	.05
MAY-AUG	-82	1.03	.33	-5.03	-.01	-.28	.08
SEP-DEC	-21	.66	.13	1.18	.27	-.24	-.03

January and February lambing ewes seem to produce more milk than ewes lambing in later months. Fall lambing ewes tend to have higher average lactose percentages than January-February lambing ewes.

11 Effects of Number of Lambs Born

The effects of number of lambs born seem to be much smaller than the year-month of lambing effects. The results may be due to the small number of observations at this point. If this result continues as data are added, then this factor could be omitted from the model.

Table 10.

Effects of number of lambs born for production traits from the genetic evaluation model. Differences are from single lamb births.

No. Born	Milk	F%	P%	L%	SCS	MUN	BHB
<i>Parity 1</i>							
1	0	.00	.00	.00	.00	.00	.00
2	7	.01	.08	.37	-.08	-.05	.00
3-5	-19	.05	.12	-.15	.31	-.27	.02
??	11	-.01	-.09	-.16	.43	-.02	-.01
<i>Parity 2</i>							
1	0	.00	.00	.00	.00	.00	.00
2	4	.04	.06	-.05	-.06	-.02	.00
3-5	2	-.12	.05	.37	.11	.01	.00
??	-18	-.08	-.04	.19	-.08	.04	.00

12 Effects of Milking Interval on AM-PM Yields

The interval (in hours) from one milking to the next for a ewe can affect the amount of yield in the next milking. This is because the daily milk secretion rate in the mammary glands is fairly constant, but it declines over the lactation period. Thus, it is necessary to account for the interval, to the nearest hour, between evening (PM) and morning (AM) milkings. In the Valacta system, only the start times for all ewes at AM and PM milkings is usually recorded. The assumptions are that ewes are milked in much the same order from milking to milking so that the interval is the same for each ewe, or that milking all ewes does not take more than one hour.

Table 11.
Effects of milking interval (PM to AM milkings)
on AM and PM production from the
genetic evaluation model.

Differences are from 12 hr interval.

Interval	AM Milk	PM Milk
<i>Parity 1</i>		
11-12 h	0	0
13 h	-12	14
14 h	-22	29
15 h	-20	-3
16+ h	-10	4
<i>Parity 2</i>		
11-12 h	0	0
13 h	-19	18
14 h	-24	24
15 h	-14	5
16+ h	-11	-3

The results are contrary to what was expected. The longer the interval from PM to AM milkings, the AM yields were lower, more in second and later parities than in first parity. This may reflect inaccuracies in the recording of milking times, or may suggest that milking intervals need to be specific to each ewe, and not just to the entire flock. This variable should be checked more carefully before the next analyses.

13 Top 5 Rams and Ewes

Below are first parity EBVs for the top 5 rams and their accuracies, for rams with at least 10 daughters having test day records in this data.

Table 12
Top 5 Rams with 10 or more daughters.
First Parity EBVs.

Ram ID	Daus.	Acc.	Milk	F%	P%	L%	SCS	MUN	BHB
AXM233UC	28	36	102	-.55	-.19	.88	.05	.19	.01
SOLI95191WC	24	55	89	-.37	-.42	.42	1.63	-.04	.06
MDAF25795XC	30	74	86	-.44	-.18	1.95	-.20	.14	-.01
LBDN93522SC	31	60	79	-.42	-.37	1.47	-.16	.19	.01
4XRW34185WC	60	81	61	-.38	-.42	1.09	-.17	.00	-.01

Table 13
Top Ewes
First Parity EBVs.

Ewe ID	Daus.	TD recs.	Milk	F%	P%	L%	SCS	MUN	BHB
4XRW34148WC	1	5	139	-.65	-.27	2.10	.09	.17	-.04
LBDN43548YC	1	5	135	-.05	-.28	.34	-.86	-.01	.01
PICO53734WC	1	4	122	-.29	.11	1.68	-.12	.04	-.01
AXM313UC	2	4	118	-.42	-.23	.02	-.22	.00	.00
UOMB7023TC	3	3	115	.28	.18	.64	-.34	-.06	-.05

14 Further Work

Each lactation curve was assumed to be fit by 5 covariates of days in milk. One possibility is that 5 covariates may be too many. It may be sufficient to use only 4 or even 3 covariates. Five was chosen because that was the number needed in dairy cattle. However, for sheep, the curves seem to be more linear in shape. Thus, tests should be made to determine the best order for this model. This will be done in the next few weeks.

Annexe 6 : Rapport d'évaluation des caractères de production des brebis
laitières (Juillet 2014)

Evaluation of Production Traits of Dairy Sheep

The July 2014 Run

1 Introduction

This report describes the results of the 2nd genetic evaluation run in July 2014 for production traits in dairy sheep from Quebec.

The project was started and led by CEPOQ. Eight flocks were recruited which had an interest in having genetic evaluations for their dairy ewes and rams. The flocks were on the Valacta milk recording program in Quebec. The test day records and milk samples flowed to Valacta, and from there the data were forwarded to the Centre for Genetic Improvement of Livestock (CGIL) at the University of Guelph. The first set of records were for test days up until April 1, 2014, and the subsequent data were for test days up until July 1, 2014. One flock dropped out of the project between April and July.

2 Data

2.1 Valacta Data

Files of Data			
	File name	TD records	Description
1)	TD6482.xlsx	6482	Animals with both AM and PM yields
2)	TD724.xlsx	724	Animals with either AM or PM yield, 2x
3)	TD646.xlsx	646	Animals milking 1x per day
4)	TD24hJUL14.xlsx	234	1x milking per day (April-July)
5)	TDAPJUL14.xlsx	3055	Both AM and PM yields

2.2 CEPOQ Data Set 1

Data were specially collected over 3 test dates within 2 flocks on the dairy sheep project in Quebec. Morning (AM) and evening (PM) milk samples were analyzed separately in the lab. The purpose was to determine if there were any differences in the component traits between AM and PM milkings, and if so, to derive adjustment factors to correct values to either an AM or PM basis.

There were data from 661 ewes and 896 test days with AM and PM components. The component traits are 1) fat percentage, 2) protein percentage, 3) somatic cell scores (SCS), 4) milk urea nitrogen (MUN), 5) lactose percentage, and 6) betahydroxybutylase (BHB). Usually the PM yield was taken before the AM yields. The following table summarizes the results.

**Averages for PM and AM components
and the difference (PM - AM).**

Component	PM Sample		AM Sample		(PM-AM)	
	mean	var	mean	var	mean	var
Fat %	5.08	1.42	5.51	1.14	-0.43	2.18
Prot %	4.63	0.19	4.63	0.19	0.00	0.03
SCS	11.73	4.95	11.94	5.39	-0.21	2.87
MUN	24.38	20.24	23.75	21.94	0.63	11.37
Lact %	4.83	0.06	4.82	0.06	0.01	0.03
BHB	0.14	0.00	0.14	0.01	0.00	0.00

The conclusion was to not worry about differences in the component traits between AM and PM milk samples. The differences appear to be of minor importance. No adjustments of AM or PM samples are needed. The amount of data in this study was too small upon which to derive adjustment factors of reasonable accuracy for the component traits. Lastly, there is no need to collect and analyze milk samples separately for AM and PM milkings, in the future.

2.3 CEPOQ Data Set 2

For a period of time, in some flocks, milk weights were taken with two decimal places. This usually meant the addition or subtraction of 0.05 from most weights, but in some cases other numbers 1-9 were used in the second decimal place. There were 2,720 such records.

In addition, the intervals from PM to AM milkings were timed exactly for each ewe, instead of having PM and AM start times for the entire flock. Thus, the adjustment for milking interval could be more precise for each ewe within a flock.

The purpose of these data were to determine if they improved the accuracy of genetic evaluations. Thus, the usual data from Valacta was prepared

for the genetic evaluation program to give data set A, and at the end the milk weights and interval times from this specially collected data were substituted into the Valacta data set, replacing the original Valacta data for those particular test days and ewes, giving data set B.

The two sets of data (A and B) were run through the genetic evaluation program and the results were compared. The correlations between EBVs were very close to 1, so that the added accuracy in decimal places was not detectable. This could be due to the small number of such records, and also the fact that even with two decimal places of accuracy, that most weights remained at essentially one decimal place accuracy. This was on a general basis looking at all animals.

For individual ewes, the more precise time intervals between PM to AM milkings probably gave better adjustment of that animal's AM and PM milk weights. However, the amount of improvement was impossible to measure.

There does not seem to be strong evidence to support the collection of two decimal place phenotypes for milk yields, and there is no evidence in favour of individual time intervals although logically, such accuracy would be important if every flock and ewe were able to be monitored in this way. Practically, however, such effort is not cost effective. Thus, the recommendation has to be to continue to measure milk weights as currently done by Valacta and to use flock PM and AM milking start times instead of collecting times for individual ewes. **However, if milking technology improves and allows for two decimal digit weights (or in grams rather than kg), and if individual ewe milking intervals can be automatically recorded, then they should be utilized.**

3 Data Preparation For Genetic Evaluation

Records were omitted due to

Abnormality Codes other than 1, 4, or 6, were omitted;

ATQ ID less than 9 digits were omitted;

All traits missing for a test day were omitted.

Days in milk outside range of 5 to 220 days.

3.1 Breed Groups

The assignment of ewes to breed groups was changed slightly for the second run. In the first run, the assumption was made that all crossbred animals had some degree of either East Friesian or Lacaune breeds in them. Thus, the group of crossbreds was further split into crossbreds with EF or CU breeds in them and those that did not have either EF or CU in them. There were 7 groups in total.

However, during the running of the evaluation program it became necessary to combine the crossbred groups together again. The groups were as given in the table below.

Group	Ewes	Definition	TD records
1	136	$\geq \frac{3}{4}$ CU	663
2	1258	$\geq \frac{3}{4}$ EF	5597
3	129	$\frac{1}{2}$ CU	622
4	269	$\frac{1}{2}$ EF	1304
5	140	$\frac{1}{2}$ EF \times $\frac{1}{2}$ CU	733
6	176	CU or EF crosses	903
7	138	all other crosses	456

Groups 6 and 7 were combined for the genetic evaluation, as in the first run.

3.2 Year-Season of Lambing Groups

The plan was to keep each year-season of lambing group as separate, however, the last 3 year-season groups take some time to completely fill up with data. A season is two months. The original plan was to keep each month separate, but there were not enough records in some months so two month seasons were created. While year-seasons are filling up with new records, they can cause some instability to the solutions. Thus, a different plan was adopted.

Lambing years 2013 and 2014 were combined together as one year - see table below.

Year-Month of Lambing Number of Records

Year	Month	TD Recs	Year	Month	TD Recs	Year	Month	TD Recs
2013	1-2	1452	2014	1-2	1886	2013-2014	1-2	3338
2013	3-4	3010	2014	3-4	1344	2013-2014	3-4	4354
2013	5-6	1634	2014	5-6	411	2013-2014	5-6	2045
2013	7-8	124	2014	7-8	0	2013-2014	7-8	124
2013	9-10	249	2014	9-10	0	2013-2014	9-10	249
2013	11-12	168	2014	11-12	0	2013-2014	11-12	168

The number of records in June and July 2014 is expected to increase. One might argue that months 7 to 12 should be combined, or that December and January might be better to join than January and February. This will need to be studied later when more data have accumulated.

3.3 Number of Lambs Born

Number of lambs born was expected to have an effect on milk yields. In dairy goats for example, does that birthed 3 or 4 kids rather than 1 or 2 were found to give higher milk yields, and there seemed to be evidence in milking sheep for the same effect, in studies in France.

It was logical to assume that the effect of number of lambs born could be different depending on the parity number and breed group of the ewe. However, subdividing the data into these groups left very low numbers of records in some groups, and led to instability in the genetic evaluation solutions. **Thus, the effects of parity and breed group have been ignored, and only the overall effect of number of lambs born was considered in the model.** Below are the number of records per number of lambs born.

Number of Lambs Born

Lambs	TD records
1	5199
2	4017
3	700
4	362

3.4 Milking Intervals

Eight groups of milking intervals from PM to AM milking were formed and included in the model for AM and PM milk yields only.

3.5 Flock-Year-Season Groups

In the April run there were 43 flock-year-season groups. The groups were made manually by inspecting the number of records in each flock-year-month group. Then months with fewer than 50 records were joined to either preceding or succeeding months within that flock and year depending on numbers of records. Thus, the grouping was arbitrary, but with the intent of making the number of records in a flock-year-season greater than 50.

The same approach was used for the July run, and with the new data there were 68 flock-year-seasons created. Some of the flock-year-seasons for the old data were changed by making little smaller groups. There needs to be a more defined approach developed for this grouping procedure.

3.6 Animals

The were 2246 ewes with TD records in the July run. Locating the sires and dams of these ewes gave 2914 total animals to be evaluated. There are still many ewes with missing sire and/or dam identifications. However, there are now daughters of ewes that lambed in 2013 or earlier that have their own TD records in 2014. With these kinds of ties between the years, more accurate EBVs will be achieved.

4 Covariances and Heritabilities

Estimates of variance parameters from the April run of the programs were utilized in the July run. New estimates were obtained after the genetic evaluation run. Below are the estimates from April and the next table contains the more recent estimates.

Variance Parameters - APRIL 2014

Proportions of variance due to genetics, permanent environmental effects (PE), and flock-year-seasons (FYS). APRIL RUN.

Trait	Parity 1			Parity 2		
	Genetics	PE	FYS	Genetics	PE	FYS
AM milk	.75	.03	.22	.74	.02	.25
PM milk	.56	.04	.39	.71	.02	.27
24 h milk	.74	.02	.23	.79	.01	.19
Fat %	.40	.03	.56	.54	.02	.44
Protein %	.76	.03	.21	.75	.03	.22
Lactose %	.61	.03	.36	.66	.02	.31
SCS	.77	.02	.20	.75	.01	.23
MUN	.68	.03	.28	.68	.03	.29
BHB	.56	.04	.40	.73	.02	.24

Variance Parameters - JULY 2014

Proportions of variance due to genetics, permanent environmental effects (PE), and flock-year-seasons (FYS). JULY RUN.

Trait	Parity 1			Parity 2		
	Genetics	PE	FYS	Genetics	PE	FYS
AM milk	.72	.01	.27	.76	.01	.23
PM milk	.67	.01	.32	.71	.01	.28
24 h milk	.79	.01	.20	.81	.01	.18
Fat %	.36	.01	.63	.46	.01	.53
Protein %	.70	.01	.29	.59	.01	.40
Lactose %	.38	.01	.60	.48	.01	.52
SCS	.77	.01	.21	.79	.01	.19
MUN	.71	.01	.27	.76	.01	.22
BHB	.58	.02	.40	.55	.01	.43

Genetic correlation estimates have also changed slightly, as shown in the following tables.

Genetic correlations of traits between parities.

Trait	Correlation
AM milk	.53
PM milk	.58
24 h milk	.56
Fat %	.90
Protein %	.88
Lactose %	.87
SCS	.90
MUN	.79
BHB	.76

Genetic correlations among traits within parities.

Parity 1 above the diagonal, and parity 2 below the diagonal.

Traits	Milk	F%	P%	L%	SCS	MUN	BHB
Milk	-	-.12	-.21	.23	-.13	.26	-.19
F%	-.28	-	.59	.04	.05	-.19	-.14
P%	-.30	.64	-	-.11	-.02	-.25	-.17
L%	.09	-.04	-.07	-	-.04	.14	-.35
SCS	-.25	-.01	.06	-.08	-	-.23	.19
MUN	.16	-.17	-.27	.04	-.53	-	-.20
BHB	-.22	.06	-.04	-.28	.34	-.35	-

Keep in mind that the covariance matrices are of order 90 by 90, so that there are many genetic correlations in the matrix, such as the correlation between milk yield in first parity with SCS in parity 2, or milk yield in parity 2 with SCS in parity 1, both of which may be different.

5 Results of the July Run

Milk yield EBVs are the total amount of milk (genetically) produced from days 5 through 220, inclusively. All other traits are an average value through the lactation. Below are average EBVs by flocks.

Estimated Breeding Values for production traits
For Animals Lambing in 2014.

Flock	Ewes	Parity	24H	Fat%	Prot%	Lact%	SCS	MUN	BHB
43442	174	1	17.21	-0.01	0.04	0.13	-0.30	0.02	-0.01
		2	23.56	-0.01	0.07	0.09	-0.36	0.02	-0.02
43457	478	1	50.88	0.03	0.06	0.00	-0.23	0.02	0.00
		2	80.19	0.02	0.01	-0.05	-0.33	0.00	0.00
43458	166	1	13.95	-0.04	-0.12	0.29	-0.09	0.06	0.01
		2	35.70	-0.05	-0.18	0.51	-0.16	0.07	0.01
43459	91	1	-20.94	-0.43	-0.15	0.01	-0.27	-0.01	0.01
		2	-17.11	-0.42	-0.27	-0.17	-0.39	0.03	0.01
43460	254	1	-1.73	0.00	-0.03	0.21	0.01	0.01	0.00
		2	-6.72	0.01	-0.02	0.27	0.02	0.01	0.00
43461	198	1	0.60	-0.13	-0.08	0.20	-0.08	0.03	0.00
		2	2.73	-0.13	-0.09	0.17	-0.11	0.04	0.00
43462	423	1	12.63	-0.14	-0.07	-0.15	0.00	0.04	0.00
		2	20.86	-0.15	-0.08	-0.29	-0.01	0.03	0.00

6 Accuracies and Percentiles of EBVs

Accuracies and percentile rankings were calculated for each trait using the same selection index approximation as used in the evaluations for growth and reproduction. The factors going into the accuracies are

- The number of test day records on an animal.
- The number of female progeny that also have TD records.
- The sire and number of daughters it has.
- The dam and number of TD records it has.
- The dam and number of daughters it has.

Given the high heritabilities (as mentioned earlier) the accuracies for EBVs can be pretty good for ewes. **Ewes having several daughters and 5 or more TD records can have accuracies around 60%. Rams with more than 20 daughters can reach accuracies close to 80%.**

Genetic correlations between traits are not taken into account in the accuracy calculations. Thus, the accuracies are conservative estimates, and deliberately kept lower than they might actually be.

7 Breed Averages

Estimates of breed averages by parity from the genetic evaluation model are given below. East Friesians seem to give more milk yield, but with lower fat and protein percentages than Lacaune. Crosses are somewhere between the two breeds. First parity Lacaune ewes seem to have slightly more somatic cell counts than East Friesians, but breeds are similar in second and later parities.

Breed averages for production traits from the genetic evaluation model.

CU = Lacaune 1/2 to full bred.

EF = East Friesian 1/2 to full bred.

XX = All other breeds and crosses.

Breed	Milk	F%	P%	L%	SCS	MUN	BHB
<i>Parity 1</i>							
CU	153	6.24	5.47	18.46	11.51	4.63	0.11
EF	219	5.87	5.02	21.27	11.99	4.65	0.16
$\frac{1}{2}$ CU	227	5.99	5.25	21.51	12.25	4.63	0.15
$\frac{1}{2}$ EF	206	5.90	5.20	21.90	11.49	4.65	0.15
$\frac{1}{2}$ CU \times $\frac{1}{2}$ EF	259	5.86	5.06	21.75	12.15	4.63	0.15
XX	188	5.82	5.23	21.36	11.44	4.59	0.15
<i>Parity 2</i>							
CU	288	6.01	5.23	22.11	11.77	4.66	0.13
EF	285	5.98	5.09	22.32	12.19	4.64	0.15
$\frac{1}{2}$ CU	300	6.01	5.20	22.03	11.56	4.65	0.15
$\frac{1}{2}$ EF	285	5.93	5.19	22.44	12.01	4.66	0.14
$\frac{1}{2}$ CU \times $\frac{1}{2}$ EF	325	6.00	5.19	22.69	11.93	4.65	0.13
XX	297	6.01	5.19	22.45	11.94	4.67	0.14

8 Year and Month of Lambing Differences

Year and month of lambing differences for production traits from the genetic evaluation model. Differences relative to January and February lambings.

Month	Milk	F%	P%	L%	SCS	MUN	BHB
<i>Parity 1</i>							
JAN-FEB	0	.00	.00	.00	.00	.00	.00
MAR-APR	-47	.60	.23	-1.17	.21	-.16	.02
MAY-JUN	-82	.93	.37	-3.45	.25	-.28	.05
JUL-AUG	-66	.69	.20	-5.77	-.14	-.27	.08
SEP-OCT	-53	1.11	.26	-.**	-.27	-.21	-.01
NOV-DEC	6	.19	.16	-1.48	.22	-.07	-.08
<i>Parity 2</i>							
JAN-FEB	0	.00	.00	.00	.00	.00	.00
MAR-APR	-27	.49	.20	-1.58	.07	-.11	.03
MAY-JUN	-73	.85	.26	-3.41	.01	-.15	.06
JUL=AUG	-17	.40	.34	-6.14	-.67	-.21	.10
SEP-OCT	59	.26	-.16	-4.90	.26	.04	.02
NOV-DEC	-17	.37	.08	.47	.09	-.15	-.01

January and February lambing ewes seem to produce more milk than ewes lambing in later months. There are few observations in the SEP-OCT grouping.

9 Effects of Number of Lambs Born

The effects of number of lambs born seem to be much smaller than the year-month of lambing effects. The results may be due to the small number of observations at this point. If this result continues as data are added, then this factor could be omitted from the model.

Effects of number of lambs born for production traits from the genetic evaluation model. Differences are from single lamb births.

No. Born	Milk	F%	P%	L%	SCS	MUN	BHB
<i>Parity 1</i>							
1	0	.00	.00	.00	.00	.00	.00
2	0	-.07	.02	.05	.00	-.02	.00
3	-24	-.04	.09	-1.37	.83	-.21	.05
4	-3	.03	-.01	-.17	.08	-.04	.00
<i>Parity 2</i>							
1	0	.00	.00	.00	.00	.00	.00
2	3	.04	.05	.20	-.01	-.03	.00
3	-5	.02	.10	.39	.12	-.01	-.01
4	-65	.09	.13	2.33	-.45	-.03	-.01

10 Effects of Milking Interval on AM-PM Yields

The interval (in hours) from one milking to the next for a ewe can affect the amount of yield in the next milking. This is because the daily milk secretion rate in the mammary glands is fairly constant, but it declines over the lactation period. Thus, it is necessary to account for the interval, to the nearest hour, between evening (PM) and morning (AM) milkings. In the Valacta system, only the start times for all ewes at AM and PM milkings is usually recorded. The assumptions are that ewes are milked in much the same order from milking to milking so that the interval is the same for each ewe, or that milking all ewes does not take more than one hour.

Effects of milking interval (PM to AM milkings) on AM and PM production from the genetic evaluation model.

Differences are from first group.

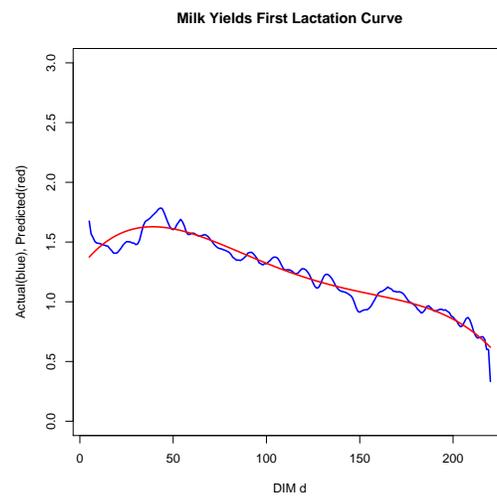
Group	AM Milk	PM Milk
<i>Parity 1</i>		
1	0	0
2	1	-21
3	-4	-14
4	-18	3
5	-7	-25
6	8	-35
7	8	-26
8	-4	-16
<i>Parity 2</i>		
1	0	0
2	-20	24
3	-26	30
4	-36	39
5	-22	22
6	4	-4
7	-2	0
8	-24	27

The results are contrary to expectations. The longer the interval from PM to AM milkings, the AM yields were lower, more in second and later parities than in first parity. This may reflect inaccuracies in the recording of milking

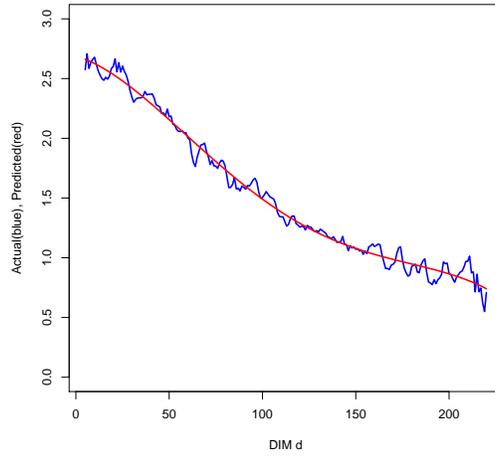
times, or may suggest that milking intervals need to be specific to each ewe, and not to the entire flock.

11 Study on Order of Fit

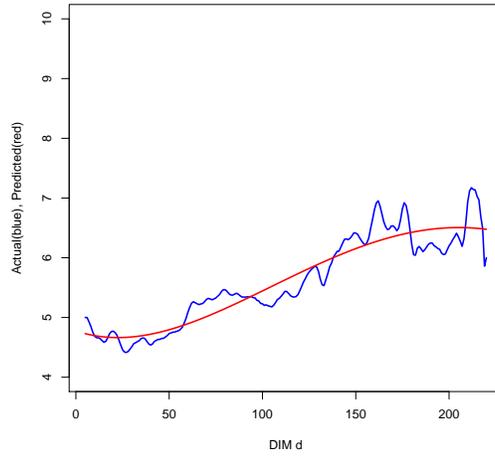
Each lactation curve was assumed to be fit by 5 covariates of days in milk. One possibility is that 5 covariates may be too many. Orders of fit with 3, 4, or 5 covariates were compared. Models with 5 covariates fit the data better in all cases. Graphs of the fit of the different curves are shown in the following figures.



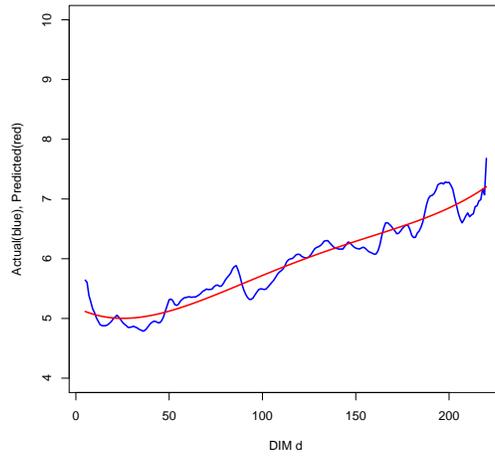
Milk Yields Second Lactation Curve



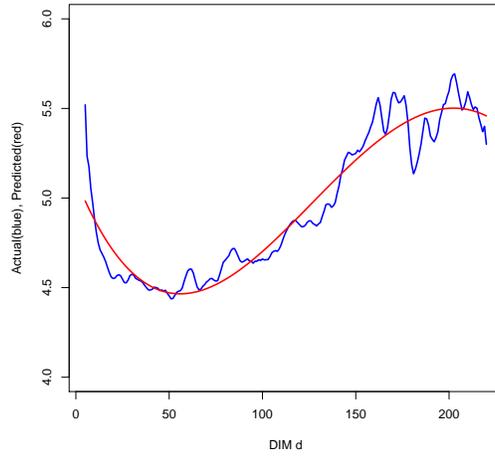
Fat % First Lactation Curve



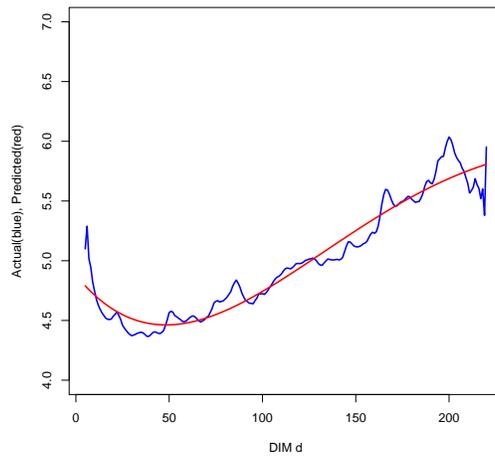
Fat % Second Lactation Curve



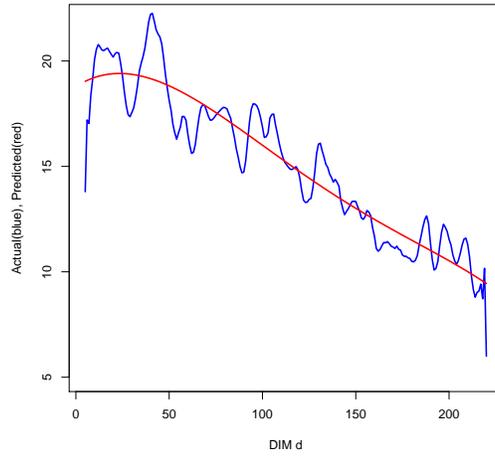
Protein % First Lactation Curve



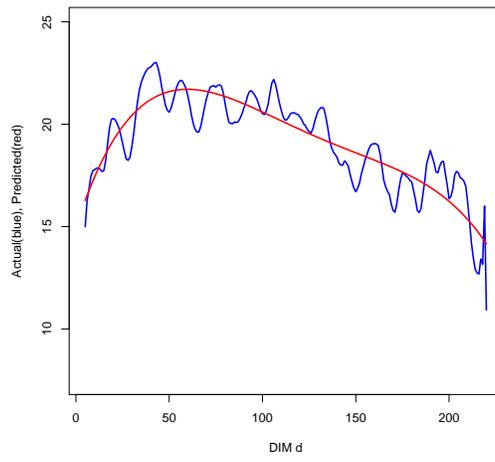
Protein % Second Lactation Curve



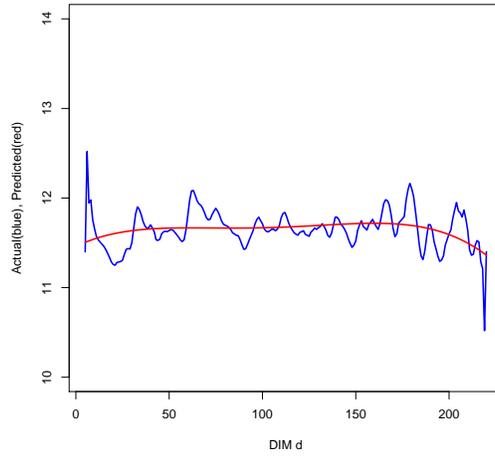
Lactose % First Lactation Curve



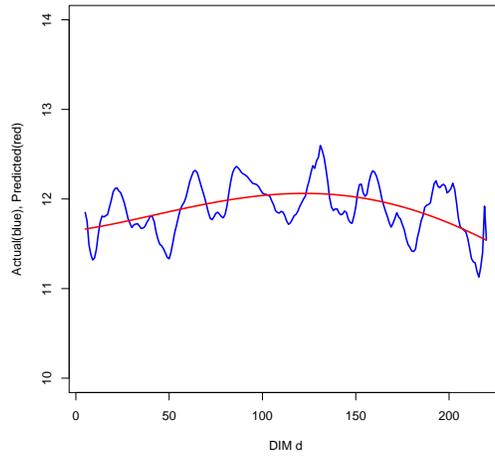
Lactose % Second Lactation Curve



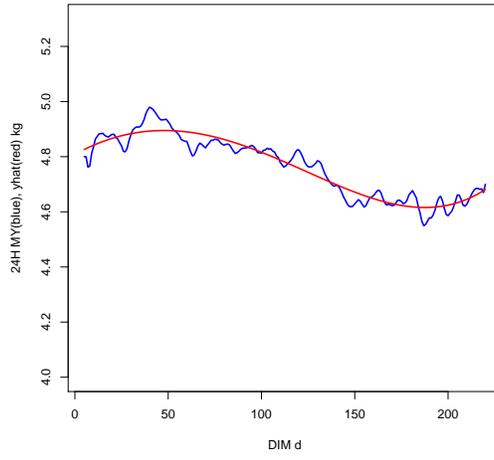
SCS First Lactation Curve



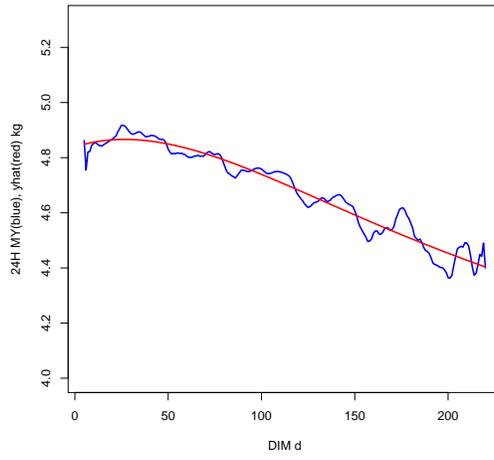
SCS Second Lactation Curve



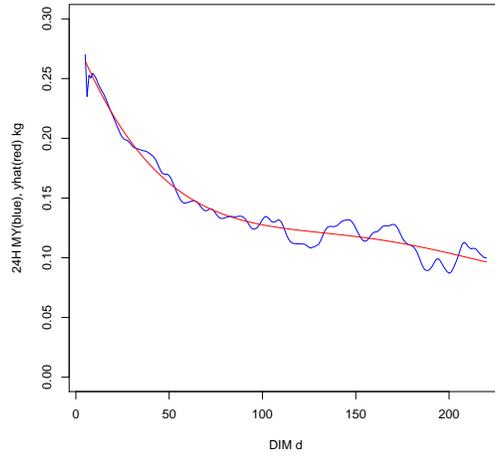
MUN First Lactation Curve



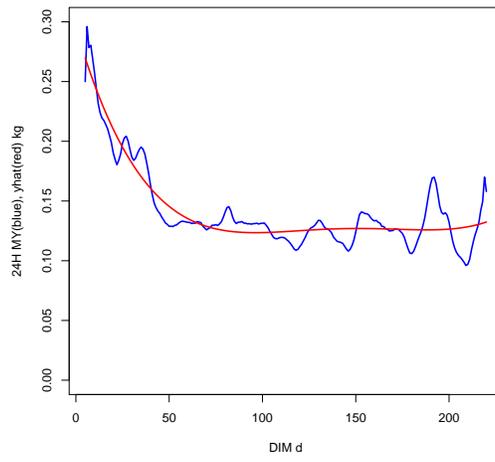
MUN Second Lactation Curve



BHB First Lactation Curve



BHB Second Lactation Curve



Annexe 7 : Rapport d'évaluation des caractères de production des brebis
laitières (Mai 2015)

Production Traits of Dairy Sheep

May 27, 2015

Larry Schaeffer and Bill Szkotnicki

1 Introduction

The Dairy Sheep project was started and led by CEPOQ. Eight flocks were initially recruited to collect test day records on milk weights, but also components of milk. The flocks were on the Valacta milk recording program in Quebec, but some flocks were able to provide milk records reported to two decimal places, and also had exact start and end milking times for each ewe. Milk samples still needed to be sent to Valacta for component testing.

The goal of the project, in the long term, was to have all of the data entered into the GenOvis database. Thus, in January 2015 we began the preparation of the existing data for inclusion into the database, and it has been entered successfully. CEPOQ have been correcting the data and adding in lambing information for ewes that was missing.

Afterwards, the genetic evaluation system had to be altered so that it could be run routinely without human intervention, but this is almost an impossible task because the problems with data collection and checking have not been completely ironed out.

This report describes the extract procedure for pulling data from the database for genetic evaluation purposes. The extract was designed to cover most of the editing process.

Several problems arose with the genetic evaluations, and these were related to having too few records for analyses, and a model that was too complex. Thus, the model was greatly simplified in order to make any genetic evaluations possible. Interactions between important factors had to be ignored, and only main effects were included in the model. As the data become more numerous in future years (more animals, more records, more flocks), then the model may be re-visited.



2 Data Extraction

A total of 19,302 test day records were extracted if ewes had a test day record with milk yield or components recorded (from any flock in the database). No limits were put on the actual yields, but this may be necessary in the future. Milk yields above 3 kg at one milking, for example are very rare. There was one record at 7 kg and another at 9 kg, which were obviously errors that were off by a factor of ten.

The earliest test day record was 1996/06/15 and the latest was 2014/11/06. After editing for days in milk between 5 and 220 days, there were 17,886 records. There were 6,427 records having only 1 test per day, 11,597 with AM and PM tests, and 37 with 24 hour milk yields only.

Some variables were created during the extraction and are described in the following sections.

2.1 Breeds

There were three main dairy breeds represented in the data. These were East Friesian(EF), Lacaune (CU), and British Milk (BM). Ewes were assigned to one of ten breed groups as shown in the next table.

Breed Groups

Group	Composition	Records
1	75% EF or better	10,669
2	75% CU or better	946
3	75% BM or better	23
4	50% EF × 50% CU	681
5	50% EF × 50% BM	30
6	50% CU × 50% BM	0
7	50-74% EF	2286
8	50-74% CU	934
9	50-74% BM	71
10	All other	1221

Breed groups were used to assign missing parents to phantom parent groups. Thus, if a ewe belonged to group 4, for example, its sire was unknown, and the ewe was from the latest generation, then the unknown sire was replaced by a Group 4 phantom sire belonging to the previous generation. Thus, every ewe with test day records had either a known sire and dam or a phantom sire or dam.

Below are tables of raw means for the different breed groups.

Breed Group Averages

Group	Composition	AM Milk	PM Milk	24h Milk
1	75% EF or better	.92	.73	1.54
2	75% CU or better	1.10	.66	1.20
3	75% BM or better	.88	.71	-
4	50% EF × 50% CU	.97	.71	.85
5	50% EF × 50% BM	.75	.56	-
6	50% CU × 50% BM	-	-	-
7	50-74% EF	.82	.56	1.03
8	50-74% CU	.96	.62	1.07
9	50-74% BM	.56	.45	.76
10	All other	.81	.55	.66

Breed Group Averages

Group	Composition	Fat %	Prot %	Lact %
1	75% EF or better	5.70	4.86	4.74
2	75% CU or better	5.51	5.04	4.73
3	75% BM or better	5.95	5.27	4.69
4	50% EF × 50% CU	5.88	5.20	4.68
5	50% EF × 50% BM	5.81	5.43	4.75
6	50% CU × 50% BM	-	-	-
7	50-74% EF	5.74	4.97	4.71
8	50-74% CU	5.58	5.01	4.73
9	50-74% BM	4.76	4.89	4.62
10	All other	5.80	4.90	4.71

Breed Group Averages

Group	Composition	SCS	MUN	BHB
1	75% EF or better	12.07	22.37	.14
2	75% CU or better	11.47	21.30	.16
3	75% BM or better	11.74	19.03	.21
4	50% EF × 50% CU	11.59	20.81	.14
5	50% EF × 50% BM	12.72	20.39	.14
6	50% CU × 50% BM	-	-	-
7	50-74% EF	11.45	21.75	.12
8	50-74% CU	11.17	22.06	.16
9	50-74% BM	9.87	22.55	.08
10	All other	11.35	21.64	.13

2.2 Milking Intervals

For test days with both AM and PM milk yields, the interval between milkings is important. Nine (9) interval groups were formed, as shown below. These are the times (in minutes) from morning milking to evening milking.

Group	Limits	Records
1	< 465 min	220
2	> 464 min	704
3	> 509 min	3370
4	> 559 min	1377
5	> 589 min	1847
6	> 623 min	1569
7	> 652 min	1749
8	> 675 min	459
9	1440 – 1441 min	6766

Below are the effects of milking intervals on AM milk yields over the entire lactation accumulated. The estimates shall become more accurate as data are accumulated.

Milking Intervals - Effects on AM yields, kg

Group	Limits	Parity 1	Parity 2
1	< 465 min	+43.09	+60.67
2	> 464 min	+4.73	+38.08
3	> 509 min	+6.95	+29.06
4	> 559 min	+10.62	+29.43
5	> 589 min	+16.02	+13.30
6	> 623 min	+6.46	+21.12
7	> 652 min	+10.38	+9.45
8	> 675 min	+6.89	-9.97
9	1440 – 1441 min	-.50	-.33

2.3 Age Groups

Age groups were formed within parities as shown below. Parity 1 had 7,447 records, and later parities had 10,614 records.

Age Groups

Group	Parity	Age	Records
1	1	< 366 d	666
2	1	> 365 d	2998
3	1	> 440 d	579
4	1	> 472 d	3204
5	2	< 710 d	721
6	2	> 709 d	1588
7	2	> 765 d	8305

What should be the allowable lower and upper ages for a first parity ewe? The difficulty is assigning parity number to newly enrolled animals, because it is not known if they have lambed previously without lambing dates in the database.

The following tables show estimated differences for each trait due to age. The milk yields are on a complete lactation basis from day 5 to 220 in milk, while the other traits are an average over the lactation (i.e. daily basis). Differences due to age of the ewe at lambing are small.

First Parity - age group differences

Trait	(Age2)-(Age1)	(Age3)-(Age1)	(Age4)-(Age1)
AM milk (220d)	-.86	.87	6.69
PM milk (220d)	.31	1.42	3.99
24h milk (220d)	-1.64	-3.76	-.82
Fat %	.05	.06	.11
Prot %	.04	.03	.03
Lact %	.00	.00	.00
SCS	.03	.11	.12
MUN	-.20	-.10	.10
BHB	.00	.00	.00

Second Parity - age group differences

Trait	(Age6)-(Age5)	(Age7)-(Age5)
AM milk (220d)	-.78	2.11
PM milk (220d)	1.79	1.82
24h milk (220d)	-3.90	1.76
Fat %	-.02	.11
Prot %	-.01	.02
Lact %	.00	.00
SCS	.23	.29
MUN	.05	-.08
BHB	.00	.00

2.4 Number Born

The number of lambs born to start a lactation has an influence on the amount of milk produced by the ewe. Up to 7 lambs were recorded in the dairy data. However, there were less than 10 such lambings amongst later parity ewes. For first parity dairy ewes, the upper limit was 4 and there were very few of those. Thus, parity one had three groups (1 lamb, 2 lambs, or 3 and more lambs). Later parities had four groups (1 lamb, 2 lambs, 3 lambs, or 4 and more lambs).

Number Born

Lambs	Records
1	5170
2	9873
3	2676
4+	342

Below are the estimated effects due to number of lambs born on each trait. There were not enough data in the group with 4 or more lambs born.

First Parity - Effects of number of lambs born

Trait	(2)-(1)	(3)-(1)	(4)-(1)
AM milk (220d)	2.92	3.01	-
PM milk (220d)	1.14	1.95	-
24h milk (220d)	-.03	1.16	-
Fat %	.00	.01	-
Prot %	.01	.02	-
Lact %	.00	.00	-
SCS	.06	.11	-
MUN	.11	.22	-
BHB	.00	.00	-

Second Parity - Effects of number of lambs born

Trait	(2)-(1)	(3)-(1)	(4)-(1)
AM milk (220d)	3.87	3.92	-
PM milk (220d)	1.55	3.98	-
24h milk (220d)	6.27	7.82	-
Fat %	-.03	-.04	-
Prot %	.01	.02	-
Lact %	.00	.00	-
SCS	.06	.11	-
MUN	.07	.11	-
BHB	.00	.00	-

There seem to be more milk produced by ewes with two lambs over ewes with one lamb, and also a slight increase of ewes with three lambs over ewes with two. There were not enough observations to know if this trend continues with 4 lambs born. In any case, these are small increases.

2.5 Seasons

Most lambs were born from December through May, but some were born from June through November although much fewer. Two seasons were used in the model. Season 1 had 16,895 test day records, and season 2 had 1166 records.

Effects of seasons (season 2 - season 1)

Trait	Parity 1	Parity 2
AM milk (220d)	1.07	-2.11
PM milk (220d)	.83	6.29
24h milk (220d)	.99	.29
Fat %	-.29	-.36
Prot %	-.10	-.05
Lact %	.04	.03
SCS	.02	-.12
MUN	.48	.57
BHB	.00	.00

Season 2 had very few records and the effects for parity one were greatly different for parity two ewes. This indicates that the season effects are not estimated very accurately.

2.6 Residual Groups

The lactation period was divided into 5 groups because the variances of yields are not the same throughout the lactation. Yields in the early part of lactation tend to be more variable because yields are higher than towards the end of lactation.

Residual Groups

Group	Days	Records
1	5-47	3459
2	48-75	2721
3	76-110	3691
4	111-145	3488
5	146-220	5943

3 Model

The same model was assumed for all nine traits. Separate curves were estimated for first and later parities, simultaneously. A random regression test day model was employed with 5 covariates used to describe lactation curves. The fixed factors of the model were Year of Lambing, Age group, Season, Number

Born group, and Interval group. The random factors were Flock-year-season groups, animal permanent environmental effects, and animal additive genetic effects.

Ninety parameters were estimated for each animal (and phantom parent), and each level of the fixed and other random factors.

Whenever an animal had both an AM and PM milk yield, then the 24 hour milk yield was declared missing. In the database the 24 hour yield is equal to the sum of the AM and PM yields, thus if you know two of the three, then you automatically know the third one. This dependency caused computational problems in calculating EBVs for ewes. Thus, the need to declare one of the three yields as unknown, and the 24 hour yield was chosen to be set as unknown, when both AM and PM yields were known.

A more complex model would have included interactions among age, season, and number born, and possibly with year of lambing and milking interval groups. However, such grouping would have created too many subclasses having only one test day record, which is not enough to estimate a 5 parameter curve. The simple model is recommended for the next three years until the number of test day records has more than doubled. The simplified model should suffice until that time.

4 Accuracies and Percentiles of EBVs

Accuracies and percentile rankings were calculated for each trait using the same selection index approximation as used in the evaluations for growth and reproduction. The factors going into the accuracies are

- The number of test day records on an animal.
- The number of female progeny that also have TD records.
- The sire and number of daughters it has.
- The dam and number of TD records it has.
- The dam and number of daughters it has.

Genetic correlations between traits are not taken into account in the accuracy calculations. Thus, the accuracies are conservative estimates, and deliberately kept lower than they might actually be.

4.1 Range and Average of EBVs

There were a total of 3,023 animals in the pedigree information, of which 145 were rams and 1277 were dams of ewes. Only 12 animals were inbred. There were 74 phantom parent groups required for animals with unknown parentage.

Information about EBVs				
Trait	Minimum	Maximum	Average	SD
Parity 1 Ewes				
Milk Yield, kg	-171	213	-10.8	46.0
Fat Yield, kg	-9.8	13.5	-0.7	2.7
Protein Yield, kg	-8.4	11.2	-0.4	2.3
Lactose Yield, kg	-7.9	10.3	-0.6	2.2
Fat %	-0.85	1.14	-0.01	0.29
Protein %	-0.64	1.04	0.06	0.21
Lactose %	-0.73	0.41	-0.03	0.12
SCS	-1.91	2.64	-0.01	0.46
MUN	-4.65	7.20	-0.20	1.28
BHB	-0.09	0.11	0.00	0.02
Persistency	0.56	0.96	0.82	0.04
Parity 2 and Later				
Milk Yield, kg	-267	333	-17.9	64.4
Fat Yield, kg	-15.8	17.3	-1.3	3.9
Protein Yield, kg	-13.2	15.0	-0.8	3.2
Lactose Yield, kg	-12.4	15.8	-0.9	3.0
Fat %	-1.13	1.41	-0.02	0.36
Protein %	-0.75	1.28	0.08	0.24
Lactose %	-0.68	0.32	-0.02	0.10
SCS	-2.05	2.90	-0.03	0.66
MUN	-6.34	9.97	-0.24	1.49
BHB	-0.08	0.12	-0.01	0.02
Persistency	0.34	0.95	0.72	0.06

Milk, fat, protein, and lactose yields are yields over the entire lactation from day 5 to 220 days. The percentages are the average daily percentage, as

for SCS, MUN, and BHB. Persistency is the only trait that does not have a mean close to zero. Note that persistency in parity 1 is better than in parity 2, but parity one ewes usually do not produce as much total milk as older ewes.

Compared to the two previous runs, the extraction of data from the database resulted in fewer records. Thus, some animals that were previously evaluated are no longer evaluated. This could change the evaluations of some animals to which they had been compared previously. The records in this run will always be included in future runs (unless they are corrected or removed from the database for other reasons).

4.2 Estimates of Variances

The estimates of the proportion of genetic variances out of the total variance remain high for the dairy traits. Barillet (1994) studied 130,409 ewes from 2,670 rams, and reported heritabilities of .30, .28, and .29 for milk, fat and protein yields for the Lacaune breed of France. Oravcova (2007) gave values of .15, .10, and .25 for milk, fat, and protein for 2,196 test day records (much less data than here) of Lacaune ewes from Slovakia. Bauer et al. (2012) studied Lacaune and East Friesian ewes in the Czech Republic with a data set of similar size to the Quebec population. They found a heritability for milk yield of .28. The work of Banos et al. (2005) with Chios sheep of Greece was more similar to the current analyses (in terms of models and methods), based on 42,675 test day records from 75 flocks. They utilized records from days 40 to 240 of lactation.

Proportions of Total Variation

Trait	Genetic	Perm. Env.	Flock-YS
Parity 1 Ewes			
AM Milk Yield, kg	.597	.207	.195
PM Milk Yield, kg	.594	.206	.199
24h Milk Yield, kg	.510	.228	.261
Fat %	.378	.153	.466
Protein %	.587	.155	.257
Lactose %	.699	.155	.145
SCS	.703	.113	.177
MUN	.425	.130	.443
BHB	.577	.217	.205
Parity 2 and Later			
AM Milk Yield, kg	.678	.160	.161
PM Milk Yield, kg	.681	.157	.162
24h Milk Yield, kg	.608	.173	.218
Fat %	.430	.151	.416
Protein %	.541	.141	.317
Lactose %	.696	.147	.155
SCS	.759	.062	.174
MUN	.487	.093	.417
BHB	.575	.206	.219

These estimates are lower than in previous reports. The estimates are expected to decrease to their true level as the number of test day records and flocks increase. More data means that there are more animals of differing genetic background, so there is a better reflection of the entire genetic pool for dairy production. At the moment only 145 different rams are represented and 1277 dams of ewes, and a good number of these are related to ancestors from Wooldrift Farm in Ontario.

Estimates of genetic correlations are similar to earlier reports, and do not vary.

5 To Be Done

- The EBVs have to be loaded into the database.
- Report forms have to be generated so that producers can look at their

results.

- Report forms for CEPOQ personnel are also needed.
- A test of the routine running of evaluations needs to be conducted.

Banos, G. , Arsenos, G., Abas, Z., Basdagianni, Z. 2005. Population parameter estimation of daily milk yield of the Chios sheep using test-day random regression models and Gibbs sampling. *Animal Science* 81:233-238.

Barillet, F. , Astruc, J. M., Lagriffoul, G. 1994. Genetic improvement of milk composition of dairy sheep: situation, results and prospects. *Renc. Rech. Ruminants* 1:133-138.

Bauer, J. , Milerski, M., Pribyl, J., Vostry, L. 2012. Estimation of genetic parameters and evaluations of test-day milk production in sheep. *Czech J. Anim. Sci.* 57(11):522-528.

Oravcova, M. 2007. Genetic evaluation for milk production traits in Slovakian Lacaune sheep. *Slovak J. Anim. Sci.* 40(4):172-179.

Annexe 8 : Rapport partiel du premier calcul d'évaluation génétique

PROJET BREBIS LAITIÈRE 2013-2015

PREMIER RAPPORT D'ÉVALUATION GÉNÉTIQUE

– CONCEPTS DE BASE POUR COMPRENDRE LES RAPPORTS –

CONTENU

INTRODUCTION.....	2
1. DONNÉES UTILISÉES POUR EFFECTUER LE PREMIER CALCUL.....	3
1.1. Données de production du Québec.....	3
1.2. Données de production de l'Ontario.....	4
1.3. Total des données utilisées dans le premier calcul d'évaluation génétique.....	4
2. FUSION DES BASES DE DONNÉES GENOVIS – VALACTA.....	4
3. PARAMÈTRES ANALYSÉS.....	5
4. MODÈLE D'ANALYSE GÉNÉTIQUE UTILISÉ.....	6
4.1. Le modèle d'analyse génétique visé, un modèle « idéal » et puissant.....	6
4.2. Le modèle d'analyse génétique actuellement utilisé et simplifié.....	7
4.3. Manque de profondeur des pedigrees et conséquences.....	7
5. PREMIÈRES VALEURS D'HÉRITABILITÉ CALCULÉES.....	8
6. CORRÉLATIONS ENTRE LES PARITÉS ET LES CARACTÈRES.....	9
6.1. Corrélations entre la parité #1 et les parités suivantes.....	9
6.2. Corrélations entre les caractères évalués.....	10
7. ÉVALUATION GÉNÉTIQUE LAITIÈRE = EBV DES CARACTÈRES.....	11
7.1. Des EBVs pour les ovins laitiers... qu'est-ce que c'est?.....	11
7.2. Les différents EBVs actuellement disponibles.....	11
7.3. Précision des EBV.....	12
8. MOYENNES DE PRODUCTION PAR CROISEMENT/RACE.....	13
8.1. Différence de production par année et mois de mise bas.....	13
8.2. Effet de l'intervalle entre les contrôles PM et AM sur la production de lait.....	14
9. COMMENT LIRE LE PREMIER RAPPORT DE PRODUCTION.....	15
10. LE TOP 5 DES MEILLEURS SUJETS LAITIERS (MÂLES / FEMELLES) ÉVALUÉS DANS LE PREMIER CALCUL GÉNÉTIQUE.....	17

INTRODUCTION

Vous retrouverez dans cet envoi la première sortie du calcul génétique des ovins laitiers du Québec. Attention, cet envoi vise à vous faire un premier suivi des évaluations génétiques en cours. Le format présenté (Bloc note), est issu de la programmation informatique du généticien et il ne s'agit en aucun cas des rapports que vous recevrez dans l'avenir, soit lorsque le projet sera terminé. Dans les prochaines semaines, nous travaillerons à la production d'un format de certificat individuel pour chaque animal, soit le même type de certificat retrouvé chez les bovins laitiers (pedigree complet, information de production, information génétique ...). Ainsi, pour le moment, toutes les femelles de votre troupeau se retrouvent sur ce fichier. Moins convivial, mais c'est le départ!

Nous vous faisons parvenir ce fichier pour obtenir vos commentaires. Dans le cadre du développement d'un premier programme génétique, il est essentiel d'avoir les commentaires des producteurs pour voir si cette première évaluation correspond au phénotype réel de vos animaux (production réelle). La question est donc : est-ce que vos meilleures brebis, sont les meilleures dans les données génétiques? Nous aimerions avoir vos commentaires. Nous sommes assez confiants, mais il y a si peu de données dans la base d'évaluation génétique que vos commentaires seront bien reçus.

Les lignes suivantes décrivent sommairement la façon dont le programme d'évaluation génétique a été construit, ses limites actuelles, les éléments qui doivent être pris de façon plus rigoureuse à la ferme pour améliorer la qualité des évaluations génétiques et finalement, ce document présente ce qui se retrouve sur vos rapports (comment interpréter les données). Notez que pour le moment, il n'y a pas d'indice global de sélection. Soit un indice permettant d'identifier les sujets les plus productifs en termes de quantité de lait et de gras et de protéine. Il faudra encore plus de données dans le système d'évaluation génétique pour construire ce type d'indice de sélection. Ainsi, pour le moment, les caractères sont tous évalués séparément, soit la quantité de lait, la quantité de protéine, la quantité de gras, les cellules somatiques ... La production de rapports de troupeau (dans les mois à venir), vous permettra de mieux situer votre troupeau et d'identifier les paramètres à améliorer d'un point de vue génétique.

1. DONNÉES UTILISÉES POUR EFFECTUER LE PREMIER CALCUL

Les données utilisées pour ce premier calcul génétique étaient constituées des performances des sujets du Québec ainsi que de données de performances d'un troupeau Ontarien (fortement lié au sujet du Québec). Ce troupeau est Wooldrift Farm, qui a accepté de nous fournir ses informations de production ainsi que le pedigree de ses animaux reproducteurs.

1.1. Données de production du Québec

Le tableau suivant présente le nombre de données initiales disponibles au Québec (Mai 2014).

Tableau 1. Nombre initial de données disponibles au Québec – données issues de contrôle laitier (pesées de lait – échantillons)

	Nombre de données
Animaux avec pesées de lait AM et PM	6482
Animaux avec une pesée de lait le matin ou le soir	724
Animaux avec une seule traite par jour	646
TOTAL	7852

Bien que le nombre de données de contrôle soit intéressant, plusieurs données ont dû être retirées pour différents types d'erreurs dans le programme d'évaluation génétique, soit :

- Une identification non appropriée de l'animal (ATQ);
- Le manque d'une date de mise bas - données d'agnelage non disponibles et essentielles ;
- Une pesée de lait manquante dans les rapports lors d'un contrôle;
- Les données mesurées lors d'un contrôle sur un animal ayant moins de 5 jours de lactation, ou plus de 220 jours de lactation. À noter, selon la moyenne des brebis échantillonnées et les principaux écarts observés dans les données, le programme d'évaluation génétique considère les données de lactation entre le 5^e et le 220^e jour de lactation. En dehors de ces écarts, les données du contrôle sont rejetées (brebis trop fraîche, durée de lactation dépassant la limite de l'évaluation pour le tracé de la courbe de lactation)

Suite au retrait de ces données, un total de 6378 données de contrôle laitier québécois ont permis d'être utilisées dans le premier calcul du programme d'évaluation génétique des ovins (juin 2014). Un bon nombre de données ont dû être éliminées du premier calcul, principalement pour des données manquantes. Il est donc essentiel de bien compléter les données pour le programme d'évaluation génétique (ex : données d'agnelage complètes avant un contrôle envoyé à GenOvis, identifiant ATQ correctement compilé...)

POUR NE PAS AVOIR DE DONNÉES ÉLIMINÉES DE L'ÉVALUATION GÉNÉTIQUE

- *Données d'agnelage complètes fournies à GenOvis avant chaque contrôle*
- *Identifiant ATQ adéquat et complet pour assurer la fusion Valacta-GenOvis*
- *Nombre de jour de lactation : les données considérées dans le programme génétique vont de 5 à 220 jours de lactation. Si les femelles sont hors de ces écarts, vous pouvez tout de même les contrôler, mais cette information ne sera pas prise en compte dans le tracé de la courbe de lactation de la femelle et son évaluation génétique.*

1.2. Données de production de l'Ontario

La Ferme Wooldrift Farm a fourni un fichier de données d'évaluation de performance, ainsi qu'un fichier de pedigree très complet. Toutefois, les données de performances (pesées de lait et composantes) n'étaient pas cumulées comme celles exigées dans le projet du Québec pour créer le système d'évaluation génétique (particulièrement pour les données plus lointaine : dates de mises bas absente, nombre né non indiqué, pesée projetée 24h, pas de test des composantes complètes pour toutes les femelles). Ainsi, la plupart des données de production n'ont pu être utilisées pour le calcul génétique, mis à part les données de 2013 et de 2014 qui étaient plus complètes. Le principal avantage d'avoir obtenu les données de la Ferme Wooldrift Farm a été de donner énormément de force aux analyses génétiques car les pedigrees étaient très complets, très précis et très profonds (plusieurs générations listées en détail). Ajoutons que la plupart des troupeaux du Québec sont liés à ce troupeau (béliers issus de cette génétique). Ceci a été un atout énorme pour améliorer la précision de l'évaluation génétique des ovins laitiers.

Au total, 6861 données de contrôle laitier étaient présentes dans le fichier de Wooldrift Farm. Ces données pouvaient être reliées à des données de pedigree dans la base de données GenOvis. Toutefois, comme indiqué précédemment, puisque les dates de mises bas n'étaient pas toujours disponibles, tout comme le nombre de jour en lait, il n'était pas possible de tracer de courbe de lactation pour plusieurs de ces femelles. Les pedigrees ont donc été plus utiles que les données de production laitière.

1.3. Total des données utilisées dans le premier calcul d'évaluation génétique

Suite au traitement des données du Québec et de l'Ontario, 7479 données de contrôle laitier ont pu être utilisées pour le premier calcul d'évaluation génétique. Dans les prochains mois, il sera essentiel de compléter les données d'agnelage, et ce, principalement pour récupérer les données québécoises qui ont dues être retirées du premier calcul. **Nous comptons sur la bonne participation des éleveurs pour redresser la situation pour les prochains calculs (mensuels).**

2. FUSION DES BASES DE DONNÉES GENOVIS – VALACTA

Il a été très complexe de fusionner les bases de données en cours de projet puisque les identifiants des brebis n'étaient pas similaires entre les bases de données de GenOvis et de Valacta. En 2014, lors du projet réalisé au Québec, l'obligation de prendre en note les 9 chiffres complet du numéro ATQ lors des contrôles laitier a permis de corriger le problème. Par ailleurs, Robert Moore (Valacta), Cathy Thériault Landry et Johanne Cameron du CEPOQ, ont dû vérifier l'ensemble des données de contrôle laitier de 2013 afin de compléter adéquatement les identifiants dans les deux bases de données.

Dans l'avenir, il sera essentiel et obligatoire de prendre l'identifiant ATQ complet, et ce, pour assurer la fusion des bases de données (sans frais et problèmes supplémentaires). Concernant la ferme Wooldrift, notons que les identifiants ATQ n'étaient pas pris. Toutefois les animaux avaient exactement le même identifiant dans le fichier de Valacta et dans le fichier GenOvis (tatouage). Pour ce troupeau, la fusion était donc sans problème. Afin d'assurer la fusion des bases de données, les identifiants pris par les contrôleurs dans les entreprises ovines laitières doivent être absolument similaires à ceux saisis dans GenOvis. Au Québec, l'identifiant ATQ semble être le moyen le plus efficace d'assurer une saisie de données limitant les erreurs, ce dernier sera donc obligatoire.

3. PARAMÈTRES ANALYSÉS

Les principaux traits analysés sont la quantité de lait AM (AM milk yield), la quantité de lait PM (PM milk yield), la quantité de lait 24h (24h milk yield), le pourcentage de gras (fat %), le pourcentage de protéine (protein %), le comptage de cellules somatique (SCS), l'urée (MUN) et les beta-hydroxybutyrate (BHB).

La période de lactation couverte par l'évaluation génétique couvre les jours de lactation 5 à 220. En dehors de cet écart, les données ne sont pas considérées dans le tracé de la courbe de lactation et le programme d'évaluation génétique. Notons qu'un minimum de 4 données complètes de contrôle laitier seraient nécessaires pour tracer une courbe de lactation adéquate et effectuer une analyse génétique pour un animal.

Les données suivantes ont été considérées dans le modèle du calcul génétique pour tous les animaux évalués :

- Tatouage complet de GenOvis
- Identifiant ATQ complet de GenOvis-Valacta
- Province de l'animal et identifiant du troupeau
- Race de l'animal ou code de race*
- Date de naissance de la brebis
- Date de mise bas, début de lactation de la brebis
- Nombre de parité (parité 1 ou parité 2 et+)
- Âge au premier agnelage (en mois – lorsque disponible)
- Nombre né (données manquantes pour plusieurs femelles à ce jour)*
- Date du test
- Nombre de jour en lait au test
- Intervalle entre le début du contrôle PM et le début du contrôle AM (Valacta)
- Caractères évalués (production lait, composantes)

Pour le nombre de race (code de race *), des codes de 1 à 6 ont été attribué en fonction de la composition génétique d'un animal. Le tableau suivant présente les codes de race utilisés dans le modèle génétique et le nombre de brebis de chacun de ces croisements :

Tableau 2. Code de race, composition génétique et nombre de sujets/croisement

Code	Composition génétique	Nombre de brebis
1	$\frac{3}{4}$ Lacaune ou plus	123
2	$\frac{3}{4}$ East-Friesian ou plus	1094
3	$\frac{1}{2}$ à $\frac{3}{4}$ Lacaune	122
4	$\frac{1}{2}$ à $\frac{3}{4}$ East-Friesian	204
5	$\frac{1}{2}$ Lacaune $\frac{1}{2}$ East-Friesian	129
6	Croisées	277

COMPOSANTES ESSENTIELLES DU PROGRAMME GÉNÉTIQUE

- Seule la période de 5 à 220 jours de lactation est considérée
- Un minimum de 4 échantillonnages complets sont requis / brebis (4 contrôles / brebis en lactation)
- Pas de données d'agnelage = pas d'évaluation génétique représentative pour l'animal
- Pas de nombre réel d'agneau né = manque de précision pour l'évaluation génétique de l'animal = estimation

Pour le nombre d'agneaux nés, la donnée inscrite dans le programme pour un animal peut être de 1, 2 ou 3. Notons que la catégorie 3 agneaux nés, considère aussi les portées de 4 ou 5 agneaux. Il s'agit donc d'une portée simple, double ou triplets et +. Une catégorie 4 a dû être créée, et ce, afin d'attribuer un nombre inconnu d'agneau (pour plusieurs brebis). Nous souhaitons que cette donnée soit toujours disponible dans le futur afin d'améliorer la précision de l'évaluation génétique des sujets ovins laitiers.

4. MODÈLE D'ANALYSE GÉNÉTIQUE UTILISÉ

4.1. Le modèle d'analyse génétique visé, un modèle « idéal » et puissant

Un modèle d'analyse génétique a été développé par le généticien pour évaluer les performances des sujets ovins laitiers. Ce modèle d'analyse très puissant permet de cerner les différents aspects génétiques en excluant adéquatement les paramètres environnementaux de l'évaluation génétique. Ce modèle considère de nombreux effets dans les analyses, et ce, dans le but de bien cerner le potentiel génétique de animaux. Entre-autre, ce système considère les aspects :

- *Effet Troupeau – Année d'évaluation – Saison d'agnelage* (une saison est composée de 2 mois de mise bas, ex : saison 1 = janvier/février, saison 2 = mars/avril ...)
- *Effet Race – Nombre de parité – Âge de la brebis – Saison d'agnelage*
- *Effet Race – Nombre de parité – Année d'évaluation – Saison d'agnelage*
- *Effet Race – Nombre de parité – Nombre d'agneau né*
- *Effet Race – Nombre de parité – Intervalle entre les deux traites PM-AM*
- *Effet Environnement permanent de l'animal*
- *Et autres aspects génétiques...*

Sommairement, ce type de modèle de calcul permet d'isoler tous les facteurs « environnementaux », tel que la ferme d'élevage, le type d'alimentation, l'année de mise bas, le nombre de lactation d'une femelle, l'effet de la saison de mise bas sur la production laitière (ex : été, performances réduites par la chaleur, ...), l'effet de la régie de traite spécifique d'un éleveur... et ainsi évaluer le réel potentiel génétique d'un animal. Ce premier modèle a donc été construit par le généticien et ce modèle de calcul est très puissant pour évaluer les performances génétiques des sujets laitiers.

Malheureusement, ce modèle opérationnel très puissant a dû être simplifié car le nombre de données n'est pas encore suffisant pour l'appliquer. Selon le généticien, ce modèle « idéal » pourra être utilisé dans l'avenir lorsqu'au moins 20 000 données fiables et entièrement complètes de contrôle laitier seront disponibles dans la base de données GenOvis. Ainsi, le modèle actuellement utilisé n'est pas le meilleur modèle, mais il permet d'obtenir une bonne idée du potentiel génétique des animaux. Afin d'avoir accès à un système génétique plus puissant et utiliser le modèle « idéal » développé par le généticien, il sera essentiel de poursuivre les contrôles laitiers dans le futur. Si on considère qu'au Québec seulement, près de 8000 données ont été cumulées sur

Le meilleur modèle d'analyse génétique ne peut pas encore être appliqué pour le moment

- *Besoin d'au moins 20000 données dans le programme GenOvis et Valacta*
- *Il faut encourager tous les éleveurs ovins laitiers à participer au contrôle laitier pour augmenter le nombre de données*
- *Il faut continuer à effectuer des contrôles laitiers, même après la fin du projet*
- *Si on poursuit à ce rythme, le programme génétique « idéal » pourrait être utilisé d'ici 3 à 4 ans, mais il faudra toutefois s'assurer de la qualité des données présentes dans chacun des effets.*

1½ an de projet, si les éleveurs poursuivent les contrôles laitiers à ce rythme, on pourrait utiliser ce modèle idéal d'évaluation génétique dans environ 3 à 4 ans.

4.2. Le modèle d'analyse génétique actuellement utilisé et simplifié

Étant donnée le faible nombre de données, les effets du modèle de calcul génétique ont dû être regroupés, et ce, afin d'avoir suffisamment de données dans chacune des catégories d'analyse pour produire un calcul adéquat. On retrouve ainsi beaucoup moins d'ajustement des effets de l'environnement que dans le modèle développé au départ. Dans le modèle actuel, un modèle simplifié, les effets d'ajustement suivant sont donc considérés :

- ***Effet Troupeau – Année d'évaluation – Saison d'agnelage***
- ***Effet Race – Nombre de parité – Âge – Saison = Réduit à effet race seulement***
 - o Le nombre de groupe de différentes compositions génétiques a été réduit.
On retrouve ainsi :
 - Groupe 1 : Lacaune, ½ Lacaune ou plus
 - Groupe 2 : East-Friesian, ½ East-Friesian ou plus
 - Groupe 3 : ½ Lacaune * ½ East-Friesian
 - Groupe 4 : Croisées et autres races ou composition génétique
- ***Effet Race – Nombre de parité – Année – Saison = Réduit à Année – Saison seulement***
Dans ce modèle simplifié, on assume que la saison et l'année de lactation affecte toutes les races et toutes les brebis de différentes parités de façon égale.
- ***Effet Race – Nombre de parité – Nombre né = Réduit à effet Nombre né seulement***
Dans ce modèle simplifié, on assume que le nombre né affecte également chaque race et toutes les brebis de différentes parités de façon égale.
- ***Effet Race – Nombre de parité – Intervalle entre les deux traites PM-AM = Réduit à Intervalle entre les deux traites PM-AM.***
- ***Et autres effets analysés similaires au modèle de départ***

Ainsi, il faut savoir que le modèle de calcul actuel n'est pas le meilleur modèle possible. Le modèle optimal pourra être utilisé seulement lorsque le nombre de données sera haussé dans la base de données génétique. Les évaluations génétiques de ce premier calcul sont donc beaucoup moins précises et puissantes que celle souhaitées. Il faut donc en tenir compte puisque ceci affecte l'héritabilité et la précision des caractères évalués.

4.3. Manque de profondeur des pedigrees et conséquences

Lors du démarrage du projet, les éleveurs étaient invités à fournir les informations sur les ancêtres de leurs animaux (père et mère, mais aussi grands-parents et arrière-grands-parents si connus). Toutefois, plusieurs ancêtres n'étaient pas connus par les éleveurs, ainsi les pedigrees des animaux sont souvent incomplets dans

la base de données. Ceci réduit inévitablement la précision des évaluations génétiques, puisqu'on perd potentiellement l'information d'individus possiblement liés génétiquement entre eux.

La précision de l'évaluation génétique pourrait être améliorée si les producteurs avaient la possibilité de compléter tous les pedigrees « troués » de vides. Par ailleurs, dans l'avenir, les producteurs devront cumuler toutes les informations sur leurs sujets pour obtenir de meilleures évaluations génétiques et ainsi progresser plus rapidement. Chez les brebis viandes, chaque animal évalués doit avoir une description complète de l'identifiant de son père et de sa mère. On retrouve aussi plus d'années d'évaluation génétique et des pedigrees plus complets chez l'ensemble des sujets évalués. Le niveau de consanguinité semble ainsi plus important en brebis viande qu'en brebis laitières, mais c'est simplement parce que les données de pedigree sont plus complètes. Les données de consanguinité réelles des brebis laitières pourraient donc varier et être plus élevées si les pedigrees étaient complets.

AVOIR DES PEDIGREES PLUS COMPLETS = POURSUIVRE LE TRAVAIL

- *Afin d'améliorer la précision, il serait important de compléter les pedigrees si vous avez l'information sur vos sujets;*
- *Dans le futur, il sera essentiel de fournir des pedigrees aussi complets que possible pour améliorer la qualité des évaluations génétiques.*

5. PREMIÈRES VALEURS D'HÉRITABILITÉ CALCULÉES

Les performances cumulées depuis l'an dernier ont permis de calculer l'héritabilité des caractères laitiers pour les différents paramètres mesurés. Dans le tableau qui suit, ces valeurs sont présentées en termes de proportion de la variance dans les mesures observées chez les animaux de la population. En somme, la proportion de la variance qui est due à la génétique représente l'héritabilité. Dans ce tableau, on retrouve aussi la proportion de la variance qui est due à *l'effet de l'environnement* et à *l'effet Troupeau/année/saison*. Comme on peut voir, l'héritabilité, soit la probabilité qu'un caractère apparent soit transmissible par la génétique, est excessivement élevée (> 50% pour presque tous les caractères). À noter que dans ce tableau, l'héritabilité est présentée pour la parité 1 (primipare) et pour les parités 2 et + (multipares), puisque ces effets ne pouvaient être isolés dans ce premier modèle génétique.

UN RAPPEL... L'héritabilité...

L'héritabilité est la probabilité qu'un caractère apparent soit transmis exclusivement par des facteurs génétiques. Exprimée en %, la valeur indique dans quelle proportion la variation observée entre les individus d'une population est le résultat de leur potentiel génétique, l'autre part étant explicable par des facteurs environnementaux. Une valeur d'héritabilité élevée indique qu'une plus grande proportion des différences observées est attribuable aux gènes et, par conséquent, que ce caractère est transmissible des parents aux descendants. Plus l'héritabilité est élevée, plus le progrès génétique peut être rapide.

< 20 % = Héritabilité faible (progrès lent)

21- 50 % = Héritabilité moyenne

> 50% = Héritabilité forte (progrès génétique rapide)

Bien que les valeurs d'héritabilité soient très élevées, il faut toutefois prendre ces valeurs avec une grande prudence. En effet, le faible nombre de données présentes dans la base de données est si faible et les liens entre les animaux des différents troupeaux relativement bons, ceci fait en sorte que les valeurs sont

excessivement élevées. Si on compare aux hérédités observées pour les brebis laitières en France, on devrait s'attendre à des valeurs beaucoup moins élevées. Selon le généticien, au fur et à mesure que les données s'accumuleront dans la base de données, les effets devraient se stabiliser et le niveau actuel d'hérédité devrait baisser fortement. À l'inverse, l'effet de l'environnement et l'effet du troupeau de la saison et de l'année de mise bas augmenteront. Il s'agit donc d'un premier calcul, en fonction des données actuellement disponibles. Selon lui, malgré tout, ces résultats sont très prometteurs pour faire progresser le secteur rapidement, mais pour ce faire, il faut poursuivre la collecte de données à long terme.

Tableau 3. Proportion de la variance due à la génétique (hérédité), à l'effet permanent de l'environnement (Env) et à l'effet « troupeau / année de mise bas /saison de mise bas (TAS)

Caractères	Parité 1			Parité 2 et +		
	Hérédité	Env	TAS	Hérédité	Env	TAS
AM milk .	0.75	0.03	0.22	0.74	0.02	0.25
PM milk	0.56	0.04	0.39	0.71	0.02	0.27
24 h milk	0.74	0.02	0.23	0.79	0.01	0.19
Fat %	0.40	0.03	0.56	0.54	0.02	0.44
Protein %	0.76	0.03	0.21	0.75	0.03	0.22
Lactose %	0.61	0.03	0.36	0.66	0.02	0.31
SCS	0.77	0.02	0.20	0.75	0.01	0.23
MUN	0.68	0.03	0.28	0.68	0.03	0.29
BHB	0.56	0.04	0.40	0.73	0.02	0.24

- AM milk et PM milk : pesée de lait AM ou PM
- 24h milk : production laitière de 24h (réelle – addition AM et PM)
- SCS = comptage cellules somatiques
- MUN = urée du lait
- BHB = Beta-hydroxy-butyrat (reflet du métabolisme du foie – acétonémie)
- Ex : pour la parité 2 et+, pour le caractère de production laitière 24h, 79% de la variance des performances pourrait être explicable par la génétique, 1% par les effets de l'environnement et 19% par l'effet de l'année de mise bas, la saison de naissance et le troupeau d'origine de l'animal

6. CORRÉLATIONS ENTRE LES PARITÉS ET LES CARACTÈRES

6.1. Corrélations entre la parité #1 et les parités suivantes

Les analyses ont démontrés une forte corrélation entre les performances des brebis à la parité 1 (primipare) et leurs performances lors des lactations subséquentes. En sommes, ces fortes corrélations suggèrent qu'une femelle excellente à la première lactation, sera fort probablement une très bonne laitière pour les années à venir, et l'inverse est aussi vrai. Toutefois, il faut faire attention à l'interprétation des données, en effet, puisque même si les corrélations sont très fortes entre les parités, la plupart des brebis évaluées dans ce premier calcul d'évaluation génétique ne présentent qu'une à deux lactations seulement. Au fur et à mesure que le nombre de brebis évaluées et le nombre de lactation s'ajouteront dans le programme, mieux sera la précision de ces corrélations.

Tableau 4. Corrélation génétique entre la parité 1 et les parités suivantes pour les différents caractères évalués.

Caractères	Corrélation
AM milk	0.85
PM milk	0.83
24h milk	0.83
Fat %	0.88
Protein %	0.84
Lactose %	0.92
SCS	0.98
MUN	0.89
BHB	0.84

6.2. Corrélations entre les caractères évalués

Les données cumulées ont permis de calculer les corrélations entre les différents caractères évalués, et ce, en fonction de la parité (primipares vs multipares). Les premiers calculs de corrélations entre caractère démontrent des liens modérés, et assez représentatifs de ce qui est habituellement observé habituellement chez les ovins laitiers. Le tableau 5 présente les corrélations entre les caractères pour la parité 1. Le tableau 6 présente les corrélations observées entre les caractères pour les parités 2 et suivantes (multipares)

UN RAPPEL... Qu'est-ce qu'une corrélation?

Une corrélation est une mesure de la variation de deux caractères, l'un par rapport à l'autre. La corrélation s'exprime par un coefficient situé entre -1 et +1. Les caractères qui sont négativement corrélés ont un comportement opposé, tandis que les caractères positivement corrélés évoluent dans le même sens. Par exemple, une corrélation positive élevée pourrait être présente entre la consommation de sucreries et le nombre de caries. À l'inverse, la corrélation pourrait être négative entre la fréquence du brossage de dent et le nombre de caries!

Les corrélations sont classées afin de connaître le degré de liaison entre deux variables :

- >0,80 très forte
- 0,60 et 0,80 forte
- 0,40 et 0,60 moyenne
- 0,20 et 0,40 faible
- < 0,20 très faible

Ainsi, une corrélation près de zéro, signifie que peu ou pas de liens n'existent entre les variables. (Ex. : le nombre d'accidents de la route et les gens qui ont les yeux bleus)

Tableau 5. Corrélation génétique entre les caractères pour la parité 1.

Caractères	Lait	Gras %	Protéine %	Lactose %	SCS	MUN	BHB
Lait	0	-0.22	-0.25	0.23	-0.07	0.23	-0.21
Gras %		0	0.57	-0.05	0.04	-0.24	-0.14
Protéine %			0	-0.16	0.02	-0.15	-0.02
Lactose %				0	-0.05	0.23	-0.40
SCS					0	-0.27	0.20
MUN						0	-0.19
BHB							0

Tableau 6. Corrélation génétique entre les caractères pour la parité 2 et +.

Caractères	Lait	Gras %	Protéine %	Lactose %	SCS	MUN	BHB
Lait	0						
Gras %	-0.30	0					
Protéine %	-0.32	0.63	0				
Lactose %	0.16	-0.12	-0.12	0			
SCS	-0.20	-0.10	0.04	-0.04	0		
MUN	0.15	-0.17	-0.29	0.10	-0.50	0	
BHB	-0.10	-0.04	-0.08	-0.23	0.34	-0.34	0

7. ÉVALUATION GÉNÉTIQUE LAITIÈRE = EBV DES CARACTÈRES

7.1. Des EBVs pour les ovins laitiers... qu'est-ce que c'est?

Pour les caractères de production laitière, le potentiel génétique des sujets, pour chacun des caractères évalués, est exprimé en **EBV** (Expected breeding value) ou en français, en Valeur d'élevage estimée (VÉE). La Valeur d'élevage estimée reflète le potentiel génétique d'un animal pour un caractère de production spécifique. L'unité de l'EBV ou de la Valeur d'élevage estimée représente la valeur du caractère sous-évaluation. Par exemple, pour la production laitière l'EBV ou la VÉE du lait est exprimée en kg de lait, alors que pour le pourcentage de gras et de protéine, l'unité est le % de gras et respectivement le % de protéine. La valeur de l'EBV représente le différentiel entre les performances génétiques d'un animal par rapport à la moyenne de la race.

Chez les brebis, pour les caractères reliés à la quantité de lait, de gras et de protéine, on recherche les valeurs positives les plus élevées (largement supérieures à la moyenne – donc des sujets très améliorateurs). Toutefois, pour le comptage de cellules somatiques, qui reflète la résistance à la mammite, on recherche des valeurs plus faibles et négatives, soit sous la moyenne de la race. Concernant les béliers, la différence entre deux sujets représente la différence prévue dans le rendement de leurs filles durant une lactation de 220 jours. Puisque la valeur d'élevage représente le potentiel génétique d'un animal, on peut estimer qu'il transmettra la moitié de cette performance à sa progéniture (la moitié de ses gènes seront transmis à ses descendants).

Puisque les valeurs d'EBV sont exprimées selon une valeur numérique exprimant le différentiel par rapport à la moyenne de la race (pour chaque caractère évalué), il est essentiel de se rapporter aux performances moyennes enregistrées pour la race. Ainsi, afin de faciliter l'identification des sujets « Élite » pour chacun des caractères, les **percentiles** sont disponibles. Le percentile place simplement l'animal dans sa position dans la population en fonction du caractère sous-évaluation. La moyenne de la race est au 50^e percentile. Par exemple, un animal ayant un percentile de 48% pour la production laitière, présente un potentiel génétique inférieur à la moyenne de sa race pour ce caractère. À l'inverse, un animal ayant un percentile de 94% pour la production de lait serait considéré comme un sujet « Élite » et fortement améliorateur pour la production de lait. Le principe de percentile s'applique pour chacun des caractères sous-évaluation. Ainsi, pour le lait, le gras et la protéine, on recherche des valeurs de percentile élevées. Pour le comptage de cellules somatique, on recherchera des animaux présentant des percentiles plutôt faibles (sous la moyenne), mais pas complètement nuls. On veut tout de même que ces derniers soient en mesure de répondre à une infection potentielle.

7.2. Les différents EBVs actuellement disponibles

Le modèle de calcul pour la production laitière des ovins laitiers considère une lactation démarrant à 5 jours et s'arrêtant à 220 jours. Évidemment, certaines brebis peuvent être en lactation beaucoup plus longtemps que 220 jours et d'autres auront une lactation beaucoup plus courte. Notons que le même type procédé de calcul est utilisé chez les bovins laitiers où le programme d'évaluation génétique considère une durée de lactation de 305 jours, et ce, même si désormais plusieurs vaches font des lactations beaucoup plus longues. Les EBV ou Valeurs d'élevage estimées sont donc basés sur la longueur de cette période de lactation.

Pour faire la sélection des meilleures productrices, en termes de qualité de lait, il n'est pas nécessaire de séparer les EBV de production laitière pour la production mesurée le matin (AM) et le soir (PM). La production de 24 heures réelle mesurée a donc été utilisée, et ce, dans le but de ne pas utiliser les facteurs d'ajustements utilisés chez les bovins laitiers. Notons que les généticiens travaillent présentement à analyser les performances cumulées au sein de certaines entreprises concernant les composantes AM et PM, ainsi que la nécessité de développer des facteurs d'ajustement pour des pesées de lait prises le matin ou le soir (en fonction de l'intervalle exact entre chaque traite pour chaque brebis). Ces éléments ne sont pas encore disponibles.

Comment lire les EBV? Pour la production de lait, l'EBV représente la quantité de lait totale (potentiel génétique) qu'un animal peut produire sur une lactation complète, soit du jour 5 au jour 220 inclusivement. Pour tous les autres caractères évalués, comme le pourcentage de gras par exemple, un pourcentage de gras a été calculé pour chacun des jours de lactation et une moyenne journalière était ensuite calculée pour la période (le taux de gras variant durant la lactation). Le niveau de l'EBV gras représente ainsi la moyenne de gras journalier (potentiel génétique) qu'un animal peut faire durant sa lactation et non la quantité de gras totale qu'il produira durant toute sa lactation.

Le tableau 7 présente les écarts observés par rapport à la moyenne pour les EBV (ou VÉE) de chacun des caractères évalués, et ce, pour la parité 1 et la parité 2 et +. Les valeurs les plus faibles représentent les individus les moins performants de la population, alors que les valeurs les plus élevées représentent les sujets Élites. Pour le comptage de cellules somatiques (SCS), les individus ayant les valeurs les plus élevés sont moins recherchés.

Tableau 7. Écarts observés pour les EBV pour chacun des caractères de production évalués en fonction de la parité.

Caractères	Parité 1		Parité 2 et +	
	Inférieur	Supérieur	Inférieur	Supérieur
Lait (kg)	- 168	+ 187	-216	+ 302
Gras %	- 1.22	+1.10	-1.39	+1.40
Protéine %	-0.80	+0.82	-1.01	+1.04
Lactose %	-4.27	+5.03	-5.28	7.00
SCS	-1.80	+2.14	2.08	+2.78
MUN	-0.56	+0.40	-0.50	+0.35
BHB	-0.09	+0.20	-0.13	+0.43

7.3. Précision des EBV

Les précisions des calculs génétiques ont été calculées pour chaque caractère en utilisant les mêmes calculs d'approximation que ceux utilisés dans les évaluations pour la croissance et la reproduction. Les facteurs retenus pour calculer la précision sont :

- Le nombre de jours de contrôle mesurés chez un animal ;
- Le nombre de filles qui ont aussi des données de contrôle laitier ;
- Le père et le nombre de filles issues de ce bélier ;
- La mère et le nombre de données de contrôle qu'elle a à son actif ;
- La mère et le nombre de filles qu'elle a (avec données de contrôle).

Compte tenu de l'héritabilité élevée de l'ensemble des caractères évalués (comme mentionné précédemment) les précisions des valeurs génétiques peuvent être assez bonnes pour les brebis. Ainsi, dans les rapports, les brebis ayant plusieurs filles et 5 jours de contrôle laitier ou plus peuvent avoir des précisions d'évaluation génétique aux environs de 60%. Les béliers ayant plus de 20 filles peuvent avoir une précision avoisinant 80%. Les corrélations génétiques entre les caractères ne sont pas prises en compte dans les calculs de précision. Ainsi, la précision des EBV représente un estimé prudent et ces valeurs ont été délibérément été maintenues inférieures à ce qu'elles pourraient en fait être (estimation prudente vue le faible nombre de données).

8. MOYENNES DE PRODUCTION PAR CROISEMENT/RACE

Les performances de production moyenne par race sont présentées au tableau 8. La race East-Friesian et ses croisements donne plus de lait, mais des niveaux de gras et de protéine inférieurs à la race Lacaune et ses croisement. Les sujets croisés ont des performances se situant entre celle des deux principales races laitières. Les femelles Lacaune (ou croisement Lacaune) de première parité semble présenter un niveau de cellules somatiques légèrement plus élevé que la race Friesian (et ses croisements), mais ce niveau devient similaires entre ses races aux lactations suivantes.

Tableau 8. Performances moyennes de production/race issues du modèle de calcul génétique

<i>Race</i>	<i>Lait (kg)</i>	<i>% gras</i>	<i>% protéine</i>	<i>% lactose</i>	<i>SCS</i>	<i>MUN</i>	<i>BHB</i>
Parité 1							
CU	218	6.28	5.49	21.53	12.84	4.59	0.13
EF	219	5.96	5.05	21.15	11.89	4.69	0.16
XX	217	6.00	5.12	21.13	11.93	4.63	0.15
Parité 2 et +							
CU	263	6.21	5.32	21.67	11.88	4.64	0.14
EF	300	6.01	5.12	22.50	12.04	4.65	0.16
XX	287	6.28	5.37	22.21	11.94	4.63	0.13

CU = 1/2 Lacaune à près de pur-sang Lacaune

EF = 1/2 East-Friesian à 100% East-Friesian

XX = Tout autre croisement ou race

8.1. Différence de production par année et mois de mise bas

Le tableau suivant présente les différences de production mensuelle par rapport aux premières mises bas survenant durant les mois de janvier et de février (2013). Les données mesurées jusqu'à maintenant suggèrent que la production laitière des brebis serait inférieure lorsque les agnelages surviennent plus tard au printemps. Les chaudes températures estivales pourraient expliquer ces baisses de performances. Les brebis mettant bas durant l'automne semblent avoir des pourcentages de lactose supérieurs aux femelles mettant bas en janvier et février.

Tableau 9. Différence de production mensuelles observées durant l'année 2013 (référence de comparaison – agnelage de janvier et février).

<i>Mois</i>	<i>Lait (kg)</i>	<i>% gras</i>	<i>% protéine</i>	<i>% lactose</i>	<i>SCS</i>	<i>MUN</i>	<i>BHB</i>
Parité 1							
Janvier-Février	0	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
MAR-APR	-26	0.66	0.22	-1.30	.40	-.15	0.00
MAY-AUG	-82	1.21	0.35	-4.83	0.16	-0.31	0.05
SEP-DEC	-33	0.98	0.38	1.88	-0.28	-0.06	0.02
Parité 2							
Janvier-Février	0	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
MAR-APR	-15	0.61	0.17	-1.88	0.53	-0.15	0.05
MAY-AUG	-82	1.03	0.33	-5.03	-0.01	-0.28	0.08
SEP-DEC	-21	0.66	0.13	1.18	0.27	-0.24	-0.03

8.2. Effet de l'intervalle entre les contrôles PM et AM sur la production de lait

L'intervalle (en heures) d'une traite à l'autre pour une brebis peut affecter le rendement en lait à la traite suivante. En effet, le taux de sécrétion de lait par jour dans les glandes mammaires est assez constant, mais la production diminue au cours de la période de lactation. Ainsi, il est nécessaire de tenir compte de l'intervalle, à l'heure près, entre le contrôle effectué le soir (PM) et celui effectué le matin (AM). Dans le système de Valacta, seules les heures de départ pour toutes les brebis à la traite le matin et le soir sont généralement enregistrées (comme dans les bovins laitiers). On émet généralement l'hypothèse que les brebis sont toujours traitées dans le même ordre le matin et le soir, de telle sorte que l'intervalle est le même pour chaque brebis. L'hypothèse tient également compte du fait que la traite de toutes les brebis ne prend pas plus d'une heure.

Les résultats d'analyse de production entre les pesées de lait AM et PM sont contraires à ce qui était attendu. Plus l'intervalle entre la pesée de lait PM et la pesée de lait AM étaient longs, plus faibles étaient les rendements en lait observés lors de la pesée du matin. Ceci pourrait refléter une inexactitude dans le moment du début réel de la traite, des durées de traite largement supérieur à 1 heure ou même suggérer que les intervalles de traite devraient être spécifiques à chaque brebis, et pas seulement à l'ensemble du troupeau. Cette variable doit être vérifiée plus attentivement avant le prochain calcul génétique. Cette analyse est présentement en cours grâce aux données mesurées par les bâtons de lecture Syscan dans plusieurs des entreprises. Il n'est donc pas impossible, dans l'avenir, que l'heure de traite de chaque brebis soit exigée afin d'améliorer la précision de l'évaluation génétique. Pour le moment, nous vous encourageons à programmer votre bâton Syscan afin de compiler cette donnée. Pour les producteurs utilisant le Psion, je ne crois pas que cette option soit disponible pour le moment et nous aviserons M. Kirouac de cette éventualité.

9. COMMENT LIRE LE PREMIER RAPPORT DE PRODUCTION

Le premier rapport d'évaluation génétique qui vous sera acheminé est loin de l'apparence de ce qui sera disponible à la fin de ce projet. Ce rapport vous est acheminé principalement pour vous informer de l'état d'avancement du projet et pour vous demander vos commentaires sur les performances de vos « meilleurs » sujets reproducteurs et de vos « pires » sujets reproducteurs. Le format final des certificats génétiques devrait être similaire à ce qui est observé chez les bovins laitiers. Pour le moment, ces rapports individuels de troupeaux sont extraits directement de la base de données du modèle de calcul d'évaluation génétique. **Les fichiers qui vous seront acheminés sont lisibles dans un format « bloc note ».** Lorsque vous recevrez ce fichier, ouvrez le à l'aide du Bloc note. La présentation sera alors la suivante :

Identifiant de l'animal évalué

Nombre de filles

Nombre de données de contrôle journalier

Acc : Accuracy, ou précision du caractère évalué
% : Percentile du caractère évalué

Identifiant GenOvis de votre troupeau

Nombre de parité

Identifiant de la mère

Identifiant du père

Date de naissance de l'animal évalué

Nombre d'agneaux

XXX 5812 ZC Sire:

Flock: 44444 XXX 156TC

B.20120321 Dam: 4XRH1111TC

parity: 1

lams 2

EBVs	Daus		Parity 1			Daus		Parity 2+		
	Recs		EBV	Acc	%	Recs		EBV	Acc	%
24h milk	0	3	138.93	57	97	0	1	157.85	51	95
Fat %	0	3	-0.27	57	24	0	1	-0.15	51	39
Prot %	0	3	-0.08	57	42	0	1	-0.07	51	45
Lact %	0	3	1.16	57	80	0	1	0.85	51	74
SCS	0	3	-0.90	57	4	0	1	-1.13	51	4
MUN	0	3	0.25	57	97	0	1	0.19	51	95
BHB	0	3	-0.04	57	7	0	1	-0.09	51	1

Testdate	dim	AM	PM	24h	F%	P%	L%	SCS	MUN	BHB
20130528	22	0.90	0.70	1.60	4.34	4.82	21.10	11.18	5.11	0.26
20130704	59	0.80	1.40	2.20	4.57	4.32	23.40	10.37	5.14	0.15
20130814	100	1.20	0.80	2.00	4.57	4.45	27.00	10.34	4.96	0.08
20140319	13	0.00	1.20	0.00	7.34	4.77	12.40	8.29	5.10	0.26

Données réelles mesurées lors des contrôles laitiers

Dim : days in milk (nombre de jours en lait lors du test)
AM et PM : quantité de lait mesurée AM et PM
24h : pesée de lait AM + PM
F% = % gras % P = % protéine
L% = % lactose SCS = cellules somatiques
MUN : urée BHB = beta hydroxy butyrate

La section dans l'encadré présente les EBV ou les valeurs d'élevage estimé. C'est l'évaluation génétique, le potentiel génétique de chaque animal. Globalement, cet animal a fait sa première lactation en 2013 et cette première lactation compte 3 contrôles laitiers. Ces trois contrôles réalisés en 2013 ont permis d'obtenir des données pour l'ensemble des caractères sous-évaluation (quantité de lait et composantes complètes). Cet

animal est présentement à sa seconde lactation et son premier contrôle a été réalisé le 19 mars 2014. Cet animal n'a, en ce moment, aucune femelle en production sous évaluation génétique. La donnée « *24h milk* » est mal définie, mais celle-ci représente la production laitière totale sur une lactation de 220 jrs, cet animal aurait donc une production +138.93 kg de lait supérieure à la moyenne à la parité 1 et de + 157.95 kg de lait supérieure à la moyenne à la parité 2. Il serait actuellement considéré comme un sujet Élite avec un percentile de 97% pour la production laitière à la parité 1 et avec un percentile de 95% lors de la parité 2 (projection).

Notez que pour le moment, la présentation des identifiants est illustrée selon le tatouage qui a été créé à partir du numéro ATQ de vos animaux. Il s'agit d'un paramètre de GenOvis. Le tatouage fictif GenOvis de vos animaux est généralement composé de vos lettres de troupeau ainsi que des 4 ou 5 derniers chiffres de l'identifiant ATQ. Si vous n'arrivez pas à reconnaître les identifiants de cette version préliminaire, vous pouvez communiquer avec le CEPOQ pour obtenir votre fichier d'inventaire qui comprendra toutes ces correspondances. L'identifiant ATQ de chaque animal sera présenté dans la version finale des certificats de performances.

Nous savons que ce n'est pas convivial, mais ne vous inquiétez pas, c'est loin d'être ce qui sera présenté à la fin du projet! Dans les prochains mois, l'équipe génétique, plus particulièrement Cathy Thériault-Landry, travaillera à la conception d'un certificat individuel de performance relativement similaire à ce qui est observé chez les bovins laitiers.

10. LE TOP 5 DES MEILLEURS SUJETS LAITIERS (MÂLES / FEMELLES) ÉVALUÉS DANS LE PREMIER CALCUL GÉNÉTIQUE

Le premier calcul d'évaluation génétique a permis de faire sortir les 5 meilleurs béliers et 5 meilleures brebis présentement sous évaluation génétique dans le projet. Ces données sont basées sur les valeurs génétiques de ces animaux pour la quantité de lait à la parité #1.

Pour être dans cette liste, les béliers doivent avoir produit au moins 10 filles. Les données des brebis sont basées sur leur propre EBVs pour la parité #1. Ce type de liste pourra être produit dans l'avenir selon vos besoins. Cette liste situe les sujets Élite de la population qui est présentement à l'évaluation et en fonction du modèle de calcul de données génétiques actuel.

Tableau 10. Le Top 5 des meilleurs béliers laitiers (béliers ayant produit 10 filles et plus).

Identification	Nb filles	Précision	Lait	Gras %	Prot. %	Lacto %	CCS	MUN	BHB
AXM233UC	28	36	102	-0.55	-0.19	0.88	0.05	0.19	0.01
SOLI95191WC	24	55	89	-0.37	-0.42	0.42	1.63	-0.04	0.06
MDAF25795XC	30	74	86	-0.44	-0.18	1.95	-0.20	0.14	-0.01
LBDN93522SC	31	60	79	-0.42	-0.37	1.47	-0.16	0.19	0.01
4XRW34185WC	60	81	61	-0.38	-0.42	1.09	-0.17	0.00	-0.01

Tableau 11. Le Top 5 des meilleures brebis (selon la production laitière à la parité #1).

Identification	Nb filles	#données	Lait	Gras %	Prot. %	Lacto %	CCS	MUN	BHB
4XRW34148WC	1	5	139	-0.65	-0.27	2.10	0.09	0.17	-0.04
LBDN43548YC	1	5	135	-0.05	-0.28	0.34	-0.86	-0.01	0.01
PICO53734WC	1	4	122	-0.29	0.11	1.68	-0.12	0.04	-0.01
AXM313UC	2	4	118	-0.42	-0.23	0.02	-0.22	0.00	0.00
UOMB7023TC	3	3	115	0.28	0.18	0.64	-0.34	-0.06	-0.05

Notez que ces listes évolueront toujours dans le temps, et ce, en fonction du progrès génétique, mais surtout en fonction de la quantité de données qui seront saisies dans le système génétique.

Annexe 9 : Conférence présentée lors de la RGA 2013 du CEPOQ

Développement d'un programme de sélection génétique pour la brebis laitière au Québec.

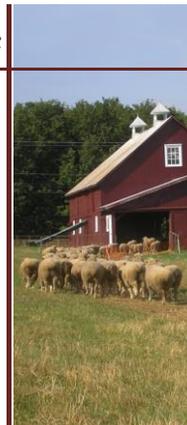


Johanne Cameron
agr. M.Sc
Chargée de projet



Secteur ovin laitier au Québec

- Secteur en plein développement
- Amélioration de la production avec des races laitières
- Sélection phénotype et production
- À la croisée des chemins...
 - Programme de sélection génétique
 - Analyses spécialisées des composantes
 - Courbe de production laitière



Financement :

Programme d'appui financier aux regroupements et aux associations de producteurs désignés (MAPAQ).

Volet C. Appui à la réalisation de projets novateurs et structurants.



RECHERCHE

Agriculture, Pêcheries
et Alimentation
Québec



Objectif général

Mettre en place un programme de sélection génétique adapté au secteur de la brebis laitière grâce à l'intégration de mesures précises des composantes du lait de brebis.



Objectifs spécifiques

- Développer un système d'analyse permettant d'évaluer précisément les composantes du lait de brebis;
- Définir la courbe de lactation des brebis laitières au Québec;
- Développer un programme d'évaluation génétique Nord-Américain pour la brebis laitière;



Objectifs spécifiques

- Rendre ce programme génétique accessible aux éleveurs ovins laitiers par la mise en place d'un portail web;
- Développer un partenariat de service durable avec Valacta;
- Vulgariser les principes de sélection génétique pour la brebis laitière auprès des éleveurs ovins laitiers du Québec.



Durée

- Mars 2013 – Février 2015

Projet novateur

- Une première en Amérique du nord
- Positionner le Québec comme chef de file, tant au point de vue de la qualité et de la précision des analyses de lait de brebis, que de la sélection génétique des ovins laitiers.
- Développement d'un cheptel ovin laitier très performant pour le secteur.



Méthodologie

Ce qui était possible selon le budget - producteurs ...

- Producteurs ovins laitiers participants = 8 producteurs laitiers
- Durée moyenne de la lactation 8 à 10 mois (~ 8-9 contrôles)
- Contrôle laitier officiel supervisé par Valacta (~15 000 éch.)
- Mais selon le nombre qui veulent participer... modification



Méthodologie

Ce qui était possible selon le budget - producteurs ...

- Budget **limité** dans le projet ...
- Ce que l'on propose = **partage des frais**
- Dans le meilleur des mondes : le **maximum de données**
 - Meilleure précision des données génétiques
 - Plus d'information dans la base de données pour les indices
 - Meilleure connexion entre les troupeaux laitiers



Ce qu'on propose

- Ouverture à tous les producteurs qui remplissent les exigences
- **Exigences pour les producteurs participants :**
 - Cheptel de brebis laitière au Québec
 - Contrôle laitier officiel supervisé par Valacta
 - Participation au contrôle laitier à tous les mois (durée traite)
 - Début des contrôles avril – décembre 2013 (budget limite du projet)
 - Disposer de lactomètres pour les pesées de lait
 - Deux contrôles/jour par mois de contrôle (AM / PM)
 - Le but de ces deux contrôles ... pour l'avenir



Autres exigences

- Liste complète (ATQ) de toutes les brebis en lactation du projet;
- Date de naissance de chaque brebis;
- Composition raciale de chaque brebis;
- Date d'agnelage de la brebis;
- Date du début de la traite;
- Nbre d'agneaux nés et identifiant des agneaux;
- Poids à la naissance des agneaux (si disponible);
- Nbre d'agneaux élevés sous la mère (système mixte ou 30 jours);
- Pds des agneaux au sevrage (système mixte ou 30 jours);
- Système de traite utilisé (un jour, mixte ou 30 jours);
- Aliments servis à la ferme (type de rations).



Autres exigences, si info disponibles

- Père et mère de chaque brebis;
- Grands-parents maternels et paternels de chaque brebis (généalogies complètes);
- Frères et sœurs présents dans le troupeau si possible;
- Nombre de parité de chaque brebis;
- Durée de lactation moyenne antérieure;
- Production moyenne antérieure (production de lait et qualité du lait si possible).
 - Si données disponibles chez Valacta, donner l'accord pour transmettre les données à CGIL.

L'équipe de recherche se donne le droit de rejeter les éleveurs qui ne collaborent pas au projet et qui ne rencontrent pas les exigences minimales, même en cours de projet.



Ce qu'on vous demande...

- Information sur généalogie des animaux (père, mère, race, ...)
 - Ces données seront cumulées dans la base de données
 - Données saisies par le CEPOQ
- Information complète sur les animaux à la traite
 - Système de traite
 - Identifiant complet, date agnelage et début de la traite
 - Nombre d'agneaux nés (ou élevés si mixte ou 30 jours)
- Information sur les rations servies (base de données)
- Participer activement au contrôle officiel supervisé
 - Deux traites/contrôle – contrôle 2013
 - Idéalement, disposer de balance (balances complémentaires Valacta)
- Participer aux échanges, idées, commentaires...



Chez Valacta

Votre lait...

- Contrôleur Valacta, responsable de la collecte des données
- Pesées et échantillons de lait pour analyses
- Analyses laitières spécialisées chez Valacta
 - ✓ Importation de trousses d'étalonnage de Cecalait (France) / mois
 - ✓ Ajustement de l'étalonnage en fonction du lait québécois
 - 12 échantillons de réservoir analysés en chimie humide / mois
 - ✓ Analyses représentatives des composantes du lait de brebis
 - ✓ Développement d'une nouvelle expertise pour Valacta



Chez Valacta

Votre lait...

- Analyses standard du lait (gras / protéines / cellules somatiques)
- Analyses urée du lait et lactose
 - Contribution Valacta 0,07\$ vs 0,35\$
- Acheminement des données vers CGIL à tous les mois



CGIL – Évaluation génétique

- CGIL (Larry Schaeffer) :
 - Développement du programme de sélection génétique des ovins
 - Précision des analyses génétiques = qualité des informations
= quantité d'information
- Deux contrôles/jour et le futur... facteurs d'ajustements



CGIL – Évaluation génétique

- CGIL : Outils pour les éleveurs ovins laitiers
 - Programme d'évaluation génétique (EPD, indices)
 - Base web en ligne (entièrement bilingue) ... nord américaine
 - Dépôt de vos données, consultation de vos données



CEPOQ – Formation

- CEPOQ (Fin du projet – Décembre 2014 – Janvier 2015)
 - Formation provinciale pour les éleveurs portant sur l'utilisation des indices et des EPD laitiers
 - Bonne pratique de gestion pour les mesures à la ferme
 - Articles de vulgarisation francophone et anglophone.



Le processus ...

- 2013 = Collecte de données avec partage des frais
- 2013 – 2014 : Intégration des données dans la base génétique et montage de la base de données génétiques
- Début 2015 : Base de données, portail web, formation

La suite

- Fin des contrôles déc. 2013 (budget)
- Pour 2014 ... souhaitons participation
- Pas mesures... pas de données génétiques

• Les avantages de ce projet :

- Met sur pieds la première base de données
- Cumule les informations sur généalogie (\$)
- Favorisera les liens entre les troupeaux (liés)
- La précision s'améliorera avec le nombre de sujets évalués et la qualité des données
- Permettra de mettre sur pied un programme adapté à vos besoins :
 - 2 traites par jour = facteurs d'ajustement



La suite

- Rien n'est parfait ...
 - Financement difficile en recherche...
 - Nous avons manqué les premières traites de l'année et ainsi le pic de certaines brebis.
- Mais ce projet a des forces et des idées!
 - Nous pouvons compter sur une équipe d'experts qui offre leurs services pour ce secteur en pleine effervescence;
 - Ce projet est considéré comme novateur et favorise les liens et l'échange entre plusieurs centre d'expertise au Québec et au Canada...
 - Il n'est pas exclu de travailler sur une phase II...
 - Mais débutons maintenant!



Démarrage

- Initialement = 8 producteurs **52 979\$**
- Maintenant propose... partage des frais
- Frais de développement d'expertise pour le secteur
- **Frais fixes – divisé également**
- **Frais variable selon la taille du troupeau**

Frais développement expertise

- Étalonnage de pré-calibrage Actilait-Cecalait
- Frais de transport des étalonnages
- Frais d'analyses de validation d'étalonnage (120 échantillons)

35 599\$
17 380\$


Frais fixes

35599\$

- Frais adhésion annuel au contrôle officiel supervisé = 498 \$/année
- Divisé entre le nb de participants **3984\$**

Frais variables

- Frais des contrôles (129\$/visite) 10 320\$
- Honoraire Valacta (34,50\$/h) 6210\$
- Honoraire calibration (34,50\$/h) 172\$
- Analyses lait standard (0,76\$/éch) 10 210\$
- Analyses urée+lactose (0,35\$/éch) 4702\$

**Divisé au pourcentage d'utilisation
Ce qui signifie, frais ~similaire/brebis**
31615\$


Si vous acceptez ...

- Couverture de plus de 60% des frais par le projet
- Données et contribution au développement
- Besoin d'information pour cibler le montant final



Pour finaliser le calcul

- Nombre de mois de traite : avril à décembre 2013, inclusivement;
- Nombre de brebis à la traite/mois, avril à décembre 2013, inclusivement;
- Nombre de trayeuses utilisées sur le quai de traite (pour planifier les balances);
- Nombre de balances disponibles sur votre ferme (pour planifier les calibrations);
- Durée moyenne de la traite/mois - selon vos installation (honoraires Valacta);

Merci!



Annexe 10 : Conférence présentée aux producteurs participants
(Décembre 2013)

Développement d'un programme de sélection génétique pour la brebis laitière au Québec.



Johanne Cameron
agr. M.Sc
Chargée de projet



Plan de la journée

- Introduction
- État d'avancement du projet I
- Problématiques rencontrées en 2013
- Quelques données préliminaires
- Le nouveau projet 2014
- Les obligations pour participer en 2014
- Les besoins de GenOvis (Cathy)
- Les outils de lecture (Tommy Lavoie)
- Le contrat de participation



Secteur ovin laitier au Québec

- Secteur en plein développement
- Demande grandissante pour les fromages fins de ce type
- Est-ce que les animaux sont sélectionnés pour répondre à la demande?
- Amélioration de la production avec des races laitières
- Sélection phénotype et production
- Est-ce que le gain génétique est réel?



La génétique laitière

- Production laitière influencée par
 - Alimentation
 - Stade de lactation
 - Régie
 - Système de traite
 - Facteurs génétiques
- Lait de brebis = transformation
- Qualité du lait vs quantité de lait
 - Corrélations génétique négatives
 - Quantité de lait vs TP $-0,47 \pm 0,05$
 - Quantité de lait vs TG $-0,34 \pm 0,07$

(Flamant et Morand-Fehr 1982, Treacher 1983 et 1989, Bocquier et Caja 1993, Caja et Bocquier 1998 ; Barillet et al., 1994)



La France...

- Berceau de l'amélioration génétique laitière ovine
- Avant 1985 : sélection quantitative
- 1985 : + sélection qualitative (gras, protéine)
- 2002 : + cellules somatiques (*résistance aux mammites*), conformation du pis et résistance à la Tremblante.
- Transmission des caractères
 - Héritabilité LAIT = 0,30
 - Héritabilité taux de gras = 0,35
 - Héritabilité taux de protéine = 0,46
 - Corrélation élevée entre TG et TP (0,63)
 - Sélection génétique possible

Barillet et al., 1994



La France ...

- Lacaune, schéma de sélection génétique
 - Grands troupeaux (810 000 Lacaune)
 - Sélection sur des paramètres ciblés (produit final)
 - Rapports QMG/QMP > 1,2... transformation
 - Insémination artificielle utilisée à grande échelle
 - Testage de plus de 400 béliers/année
- Progrès génétique impressionnant
 - Amélioration de 6,8 litres/an/brebis (Lacaune)
 - 0,19 grammes par litre de taux protéique
 - 0,23 grammes par litre de taux de matière grasse

Barillet et al., 1994 ; Genelex, septembre 2013



La France ...

• Élevages en sélection, production moyenne/brebis

- 1965 : 86 litres en 150 jours de traite
- 1975 : 135 litres en 158 jours de traite
- 1985 : 189 litres en 158 jours de traite
- 1995 : 263 litres en 165 jours de traite
- 2005 : 283 litres en 160 jours de traite

Traite exclusive, lactation totale de 350 à 370 litres

Avec considération du premier mois d'allaitement (agneaux) et la dernière phase de production (entre la fermeture des laiteries et le tarissement).

Barillet et al., 1994 ; Genelex, septembre 2013 ; UPRA Lacaune



Secteur ovin laitier au Québec

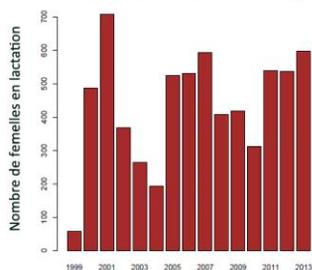
- Pas de programme génétique
- Insémination artificielle rare
- Troupeaux de petite taille
 - Peu de progéniture par bélier
 - Peu de race pure enregistrée
- Analyses sommaires des données historiques de Valacta (CGIL)
 - Deux races principales (EF – CU)
 - Beaucoup de croisées dans la bd
 - Même troupeau : races pures et croisées
 - Peu de troupeaux (14 ont fait de l'évaluation par le passé)

Et nous, où en sommes-nous?



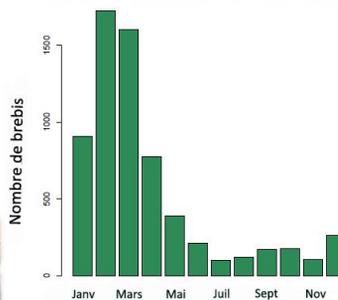
Analyse des données historiques

Distribution des lactations par année d'agnelage

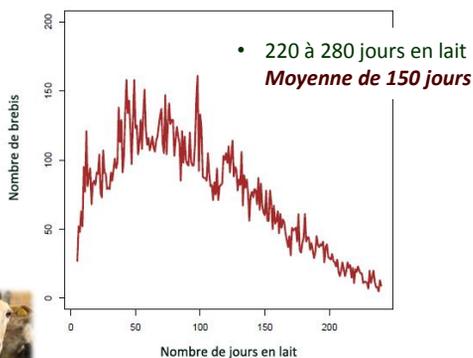


Production saisonnière

Distribution des lactations par mois d'agnelage

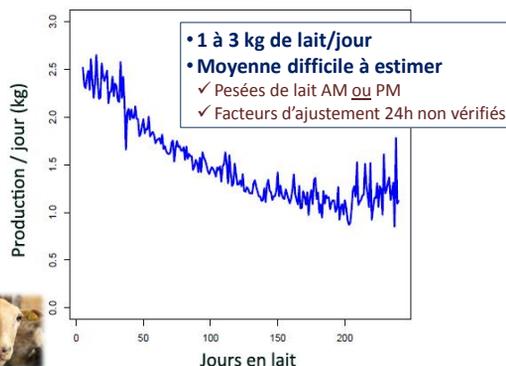


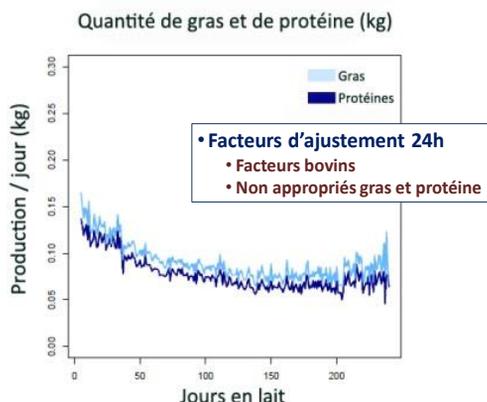
Nombre total de données de production selon le nombre de jour en lait



Courbe de lactation

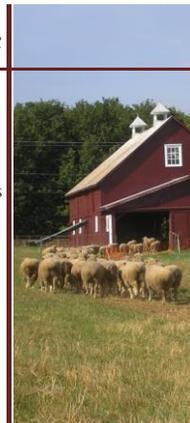
Quantité de lait (kg)





Secteur ovin laitier au Québec

- Les problématiques :
 - Sous utilisation du contrôle laitier
 - Coût \$ vs précision ...
 - Analyses non adaptées au lait de brebis
 - Pas de programme génétique ***
 - Pas de facteurs d'ajustement précis
 - Pas de données généalogiques
 - Bonne nouvelle sur ce point... **
 - Des informations essentielles = ND
 - Nombre de lactation ...
 - Nombre d'agneaux nés ...



Financement :
Programme d'appui financier aux regroupements et aux associations de producteurs désignés (MAPAQ).
Volet C. Appui à la réalisation de projets novateurs et structurants.

RECHERCHE

Objectif général

Projet I

Mettre en place un programme de sélection génétique adapté au secteur de la brebis laitière grâce à l'intégration de mesures précises des composantes du lait de brebis.



Objectifs spécifiques

Projet I

- Développer un système d'analyse permettant d'évaluer précisément les composantes du lait de brebis;
- Définir la courbe de lactation des brebis laitières au Québec;
- Développer un programme d'évaluation génétique Nord-Américain pour la brebis laitière;



Objectifs spécifiques

Projet I

- Rendre ce programme génétique accessible aux éleveurs ovins laitiers par la mise en place d'un portail web;
- Développer un partenariat de service durable avec Valacta;
- Vulgariser les principes de sélection génétique pour la brebis laitière auprès des éleveurs ovins laitiers du Québec.



Durée

Projet I

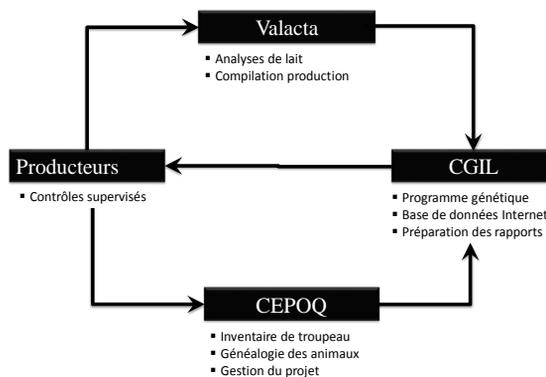
- Mars 2013 – Février 2015
- Contrôles financés de mai à déc. 2013

Projet novateur

- Une première en Amérique du nord
- Positionner le Québec comme chef de file, tant au point de vue de la qualité et de la précision des analyses de lait de brebis, que de la sélection génétique des ovins laitiers.
- Développement d'un cheptel ovin laitier très performant pour le secteur.



Projet I



Projet I

Producteurs

- 8 producteurs ovins laitiers participent en 2013
 - ✓ Durée moyenne de la lactation 8 à 10 mois (~ 8-9 contrôles)
 - ✓ Races présentes : Lacaune, East-Friesian, croisements EFUCU
 - ✓ Troupeaux dont la taille varie de 60 à 400 brebis
 - ✓ Production saisonnière, sauf pour un producteur
 - ✓ Système de traite débutant à l'agnelage (tous les producteurs)



Projet I

Producteurs

Ce qui était possible selon le budget - producteurs ...

- Budget limité dans le projet ...
- Partage des frais entre le projet et les producteurs
 - ✓ Analyses de lait complètes = projet
 - ✓ Analyses urée et lactose = projet et Valacta
 - ✓ Contrôle laitier et adhésion annuelle = projet
 - ✓ Honoraire Valacta : 55% projet et 45% producteur

Projet I



Producteurs

- Exigences pour les producteurs participants :
 - ✓ Cheptel de brebis laitière au Québec
 - ✓ Contrôle laitier **officiel supervisé** par Valacta
 - ✓ Participation au contrôle laitier à tous les mois (durée traite)
 - ✓ Début des contrôles mai – décembre 2013 (limite du budget)
 - ✓ Disposer de lactomètres pour les pesées de lait
 - ✓ Deux contrôles/jour par mois de contrôle (PM / AM)
 - ✓ Partager leurs commentaires pour amélioration/modification

Projet I



Producteurs

- Liste complète (ATQ) de toutes les brebis en lactation
- Date de naissance de chaque brebis
- Composition raciale de chaque brebis
- Date d'agnelage de la brebis
- Date du début de la traite
- **Nbre d'agneaux nés et identifiant des agneaux *****
- Poids à la naissance des agneaux (si disponible)
- Nbre d'agneaux élevés sous la mère (système mixte ou 30 jours)
- Pds des agneaux au sevrage (système mixte ou 30 jours)
- Système de traite utilisé (un jour, mixte ou 30 jours)
- Aliments servis à la ferme (type de rations)

CEPOQ
VALACTA

CEPOQ

CEPOQ

Projet I



Autres exigences

Programme **GÉNÉTIQUE**

- Père et mère de chaque brebis
- Grands-parents maternels et paternels de chaque brebis (généalogies complètes)
- Frères et sœurs présents dans le troupeau si possible
- Nombre de parité de chaque brebis
- Durée de lactation moyenne antérieure
- Production moyenne antérieure (production de lait et qualité du lait si possible)
 - Si données disponibles chez Valacta, donner l'accord pour transmettre les données à CGIL.

Projet I



État d'avancement producteurs

- Premiers contrôles réalisés en mai 2013
- La plupart des troupeaux déjà taris (fin oct-nov)
- Inventaire de troupeau acheminés au CEPOQ
- Quelques données de productivité antérieures en attente
- *Perte des pics de lactation pour plusieurs brebis...*
- *Dossier de production antérieur incomplet pour certains*

Chez les producteurs – Nombre de données

# Ferme	Nb échantillons	Nb pesées AM	Nb pesées PM	Nb pesées AM et PM
1	909	706	729	526
2	1208	1208	1208	1208
3	465	465	465	465
4	422	422	422	422
5	168	168	168	168
6	174	174	174	174
7	405	405	405	405
8	1529	1529	1259	1259
TOTAL	5280	5077	4830	4627

Nombre total de brebis échantillonnées = 1867

Projet I



Chez Valacta

- Analyses laitières spécialisées pour le lait de brebis
 - ✓ Juin 2013 = Premières analyses en chimie humide
 - Échantillons de réservoir et échantillons de lait
 - ✓ **Seconde validation octobre 2013**

Depuis juin 2013 = analyses représentatives



Projet I

Chez Valacta, à la ferme

Votre lait...

- Contrôleur Valacta, responsable de la collecte des données
 - Calibration des balances
 - Pesées de lait (AM et PM)
 - Échantillons de lait pour analyses (1 par jour)
 - Compilation des données des brebis contrôlées



Projet I

Chez Valacta

Votre lait...

- Analyses standard du lait (gras / protéines / cellules somatiques)
- Analyses de l'urée du lait et du lactose
- Acheminement des données vers CGIL sur une base régulière (mois)



Projet I

Au CEPOQ

- Compilation des inventaires, compilation terminée à l'été 2013
- Partenaire en cours de projet : M. Jacques Kirouac, Bergère*
- Reste des données de productivité antérieures (en attente)
- Quelques dossiers toujours incomplets
- Coordination de projet sur une base régulière
- **Gestion des problématiques ... on verra plus tard...**



Projet I

CEPOQ

- Coordination du projet / Suivi facturation / ... littérature
- Formation (Fin du projet – Décembre 2014 – Janvier 2015)
 - Formation provinciale pour les éleveurs portant sur l'utilisation des EPD et indices laitiers
 - Bonne pratique de gestion pour les mesures à la ferme
 - Articles de vulgarisation francophone et anglophone.



Projet I

CGIL – Évaluation génétique

- CGIL (Larry Schaeffer) :
 - Développement du programme de sélection génétique des ovins
 - Analyse complète des données, valeur d'héritabilité, précision
 - Calculs des EPD laitiers pour les différents caractères
 - Indices... étape ultérieure après le développement des EPD
 - Base de données en ligne – production de rapports ...



Projet I

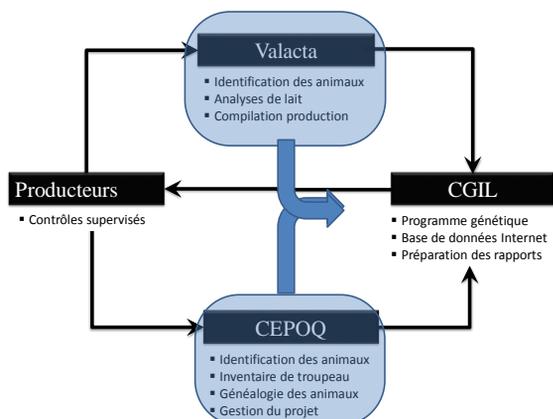
À CGIL

- Analyses des données historiques de Valacta en mai 2013
- Réception des données du projet 2013
 - Beaucoup de brebis « croisées dans la base de données »
 - EF*CU : dans Valacta = croisée ... dans GenOvis = EF *CU
- Programme génétique, prêt à recevoir les données
 - Estimation des caractères, durée de lactation standard, races (croisements)
 - Prêt... mais c'est ici que débute les problématiques...



Échéanciers ...

- 2013 = Collecte de données avec partage des frais
- 2013 – 2014 :
 - ✓ Intégration des données dans la base génétique GenOvis
 - ✓ Montage de la base de données génétiques
 - ✓ Production des rapports de performances
- Début 2015 : Base de données, portail web, formation



Problématiques

Fusion des bases de données

- **Identifiant des animaux**
 - GenOvis = **ATQ** + tatouage fictif
 - Ferme : # de régie personnel + **ATQ**
 - Valacta : # de régie personnel + **ATQ**
- **Dans les fermes, lors des contrôles :**
 - ATQ **incomplets** (4, 5 ou 7 chiffres)
 - Fusion = nécessite validation/temps
 - Inventaires transférés départ Bergère-Valacta
- **Actuellement...travail de correspondance**
 - Valacta - données GenOvis (ATQ complet)



Problématiques

- Fusion des bases de données
- En 2014 et pour l'avenir

*ATQ obligatoire

Lors de l'entrée sur le système Valacta

ATQ	# régie 1	# régie 2	# GenOvis	Valacta
314311111	Bibi 40	2012053010	Bibi 40Z	11111
314311112	Bibi 1112	---	Bibi 1112Z	11112



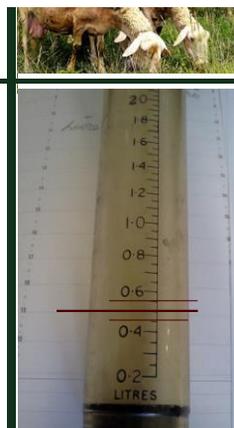
Problématiques

Perte des premiers mois de lactation

- Premiers contrôles = Mai 2013
- Début de lactation = Janvier 2013
- Perte de plusieurs pics de lactation
- Courbe de lactation imprécise

Précision des données

- Arrondissement des données au 50 ml
- ~0,450 ml vs 0,550ml = 0,500 ml
- * Limite de la précision des balances
- * Système de saisie de données?
- Peut affecter l'héritabilité des caractères



Problématiques

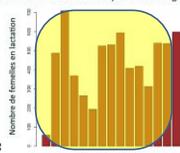
Précision des évaluations génétiques ... quantité de données

Programme d'évaluation génétique

- Quantité de données de production
- Qualité de données de production (AM-PM)
- Généalogie ***



Distribution des lactations par année d'agnelage



- **Données historiques Valacta**
 - ✓ Récupérer les généalogies ***
- **Un an de collecte de données (8 fermes)**
 - ✓ Augmenter le nombre de données/fermes
- **Qualité des données et long terme**
 - ✓ Contrôles AM-PM ... poursuivre
 - ✓ Participation d'un grand nombre de producteurs



Quelques données

- Bases de données non fusionnées
- Impossible de faire des moyennes / race
- Impossible d'avoir un portrait représentatif
- Fichier contenant les moyennes/jour



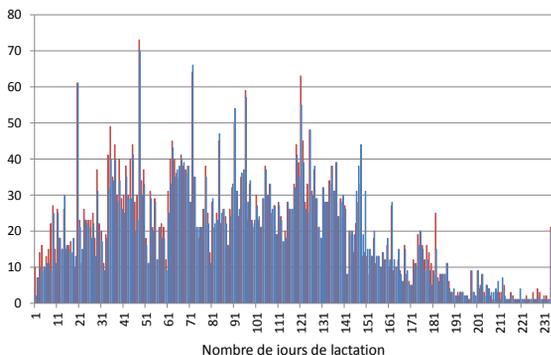
Données très préliminaires

- Nombre de brebis à la traite AM - PM
- Production moyenne journalière
- Taux de gras moyen (%)
- Taux de protéine moyen (%)
- Comptage de cellules somatiques (CCS)
- Urée du lait / non présentée

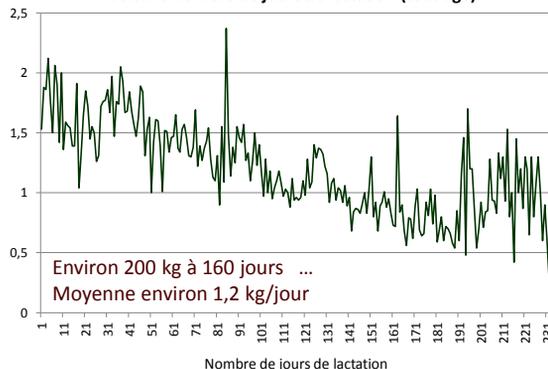


# Ferme	Première lactation	Deuxième lactation	Troisième lactation	Quatrième lactation et +
1	114	102	55	0
2	166	106	30	83
3	33	80	19	0
4	56	61	18	0
5	38	4	10	8
6	89	0	0	0
7	46	45	24	22
8	74	51	50	173
TOTAL	616	449	206	286

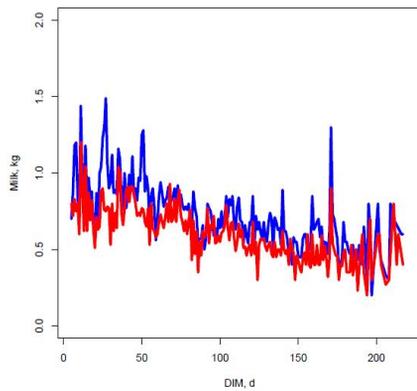
Nombre de brebis à la traite (AM - PM) selon le nombre de jours de lactation



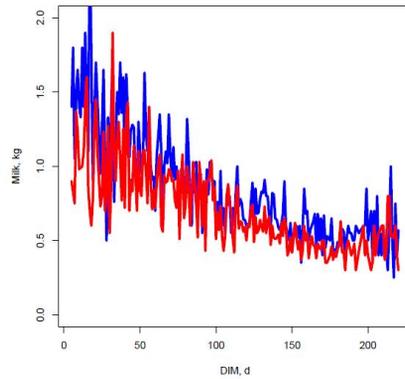
Production journalière moyenne en kg (AM et PM) selon le nombre de jours de lactation (tout âge)



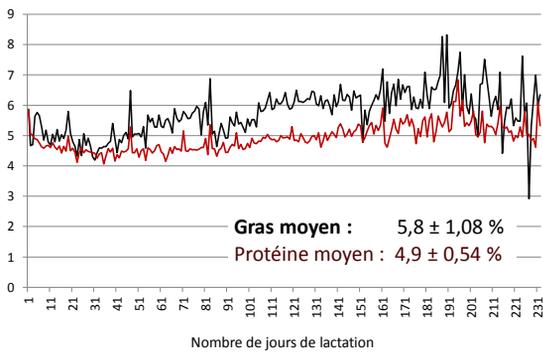
Lactation 1 Milk, AM (BLUE) and PM (RED)



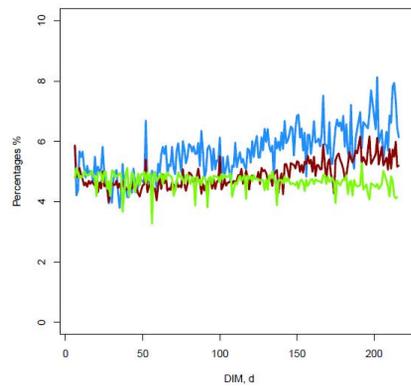
Lactation 2 Milk, AM (BLUE) and PM (RED)



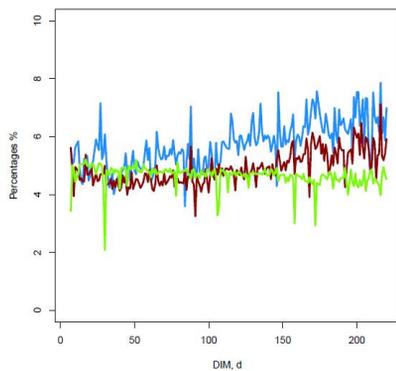
Taux de GRAS et de PROTÉINES (%)
Selon le nombre de jours de lactation (toutes brebis)



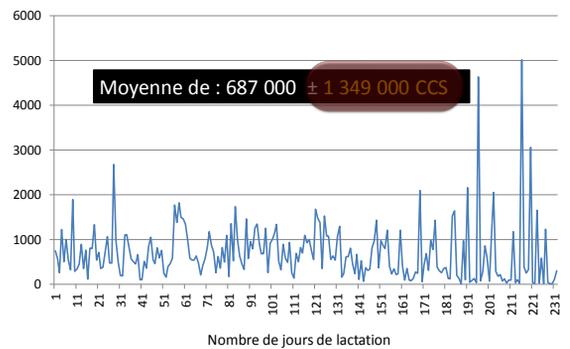
Fat(Blue), Protein(Red), Lactose(Green) Percentages, Lactation 1

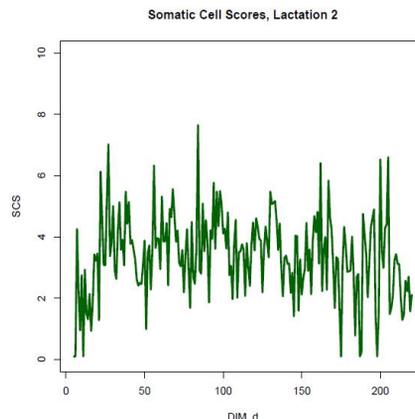
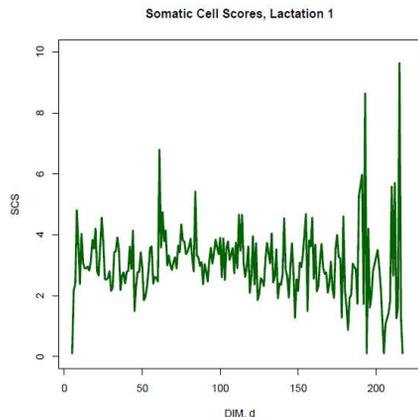


Fat(Blue), Protein(Red), Lactose(Green) Percentages, Lactation 2



Comptage de cellules somatiques
selon le nombre de jours de lactation (X 1000 / ml)





Cellules somatiques

- Infection bactérienne? Mammite?
- Stress (manipulation, tonte, alimentation ...)
- Niveaux élevés d'un contrôle à l'autre? Identification?
- Qualité du lait... transformation affectée

Le rôle du berger...selon le troupeau

- Réforme des brebis à taux élevé/lésion > 5 000 000 de cell/ml
- Trier, traire en dernier les 1 000 000 et 5 000 000 de cell/ml
- Éliminer ou les traiter au tarissement.
- Vérifier les procédures de traite

Lassonde, 2011



Sain : < 500 000 cell/ml
Seuil : ~ 650 000 cell/ml
Action : > 800 000 cell/ml



Projet 2014 - 2015

- Résoudre les problématiques rencontrés dans le projet en 2013 ...
- Les objectifs de ce projet :
 - Courbes de lactation complètes
 - Données d'agnelage « complètes »
 - Précision des données (lait et ferme)
 - Établir des facteurs d'ajustement précis
 - Amélioration fusion des bases de données
 - Augmenter le nombre de producteurs
 - Créer la première banque d'ADN



Comment ça va marcher

Premières exigences obligatoires

- **Producteurs ayant participé en 2013.**
 - Contrôle laitier alterné
 - Supervisé par Valacta à tous les mois
- **Nouveaux producteurs au projet 2014**
 - Contrôle officiel supervisé
 - Supervisé par Valacta à tous les mois
- **Participer au contrôle laitier tous les mois**
 - Période maximale de 12 mois (fin déc 2014)
 - Lactation plus courte = selon la ferme
 - Contrôles AM-PM ou PM-AM
- **Disposer de lactomètres (si possible)**
 - Le projet fournit un nombre minimal de balance
 - Priorité aux nouveaux producteurs 2014



Qu'est-ce qui est couvert

▪ Frais entièrement couverts par le projet:

- 100% des honoraires Valacta (34,50\$/h)
- 100% des frais de contrôles
 - 129 \$ /contrôle supervisé – *nouveaux/anciens*
 - 53,50 \$ /contrôle non supervisé – *anciens*
- 100% des analyses Urée-Lactose (0.35\$/éch.)
- 50% des analyses de lait standard (0,76\$/éch.)
 - Protéine, Gras, CCS = 0,38\$
- Prêt de balances comme dans la phase I
 - Selon le nb de brebis et le nb d'unité de traite
- Bâton de lecture Syscan*
 - 25% du montant ... bonne nouvelle très récente



Ce que ça vous coûte

▪ Frais mensuels Valacta

- 34,50\$ / mois
 - Contrôle non supervisé – anciens seulement
- 41,50\$ / mois
 - Contrôle supervisé – anciens et nouveaux

• 50% des analyses de lait standard

- Protéine, gras, CCS
 - 0,38\$ / échantillon



Beaucoup d'avantages pour vos entreprises ... mais ce n'est pas un projet d'analyse de lait
C'est un projet de développement pour **VOTRE** programme d'évaluation génétique ovins laitiers...
En 2014, on prépare l'avenir de vos évaluations génétiques laitières ...
Mais on sera **TRES TRES TRES TRES TRES STRICT**... Et intransigeant ...

Comment ça va marcher

EXIGENCES OBLIGATOIRES DU CONTRAT

Les producteurs doivent obligatoirement fournir les informations suivantes avant le premier contrôle

INVENTAIRE DE TROUPEAU :

Pour les producteurs ayant participé en 2013, ces informations sont nécessaires seulement pour les femelles dont les informations n'avaient pas déjà été envoyées à GenOvis, nouvelles brebis ou agnelles. Par ailleurs, les producteurs ayant participé en 2013 et n'ayant pas complété leur dossier doivent compléter les données manquantes avant le début des traites 2014.



Comment ça va marcher

INVENTAIRE DE TROUPEAU :

- ✓ Liste complète (**identifiant ATQ obligatoire**) de toutes les brebis en lactation durant le projet;
- ✓ Si la brebis porte un autre identifiant (ex: # de région), ces deux identifiants doivent être fournis au CEPOQ et à Valacta;
- ✓ Date de naissance de chaque brebis;
- ✓ Composition raciale de la brebis;
- ✓ Identifiant complet du père et race du père;
- ✓ Identifiant complet de la mère et race de la mère
- ✓ Si vous avez des données généalogiques complètes disponibles, prière de les fournir, ceci donne plus de précision au système
 - Ex. : copies d'enregistrement

**AVANT LES PREMIÈRES TRAITES...
PAS DANS LES SEMAINES SUIVANTES...**



Comment ça va marcher

Système de régie de traite utilisé (un jour, mixte ou 30 jours) ;

DONNÉES D'AGNELAGE COMPLÈTES 2014

- ✓ Identifiant
- ✓ Date
- ✓ Nom
- ✓ Identifiant
- ✓ Pds n
- ✓ En cas de système mixte ou 30 jours :
 - Disposition des agneaux
 - Date de mortalité, code de disposition
 - Nombre d'agneaux élevés sous la mère
 - Date du sevrage des agneaux
 - Poids des agneaux à la date du sevrage

Les producteurs ayant participé au projet en 2013 et n'ayant pas complété leur dossier (données d'agnelage 2013), doivent fournir ces données au CEPOQ et compléter les éléments manquant avant le début des traites en 2014.



Comment ça va marcher

Date du début de la traite en 2014 et projection des dates de contrôle

- Communication courriel
- Faire parvenir les fichiers de collecte de données****

LA procédure lors des contrôles 2014

- Pour producteurs et contrôleurs...



Finalemment...

☑ POUR AVOIR VOS DONNÉES

Bien préciser à Valacta que les données urée/lactose sont ajoutées aux analyses standards (protéine, gras, cellules somatiques + urée et lactose);

☑ À LA FIN DU PROJET

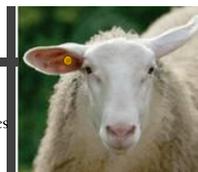
Aviser le responsable du projet lors du dernier contrôle pour éviter d'être facturés pour les mois suivants.



Autres éléments

▪ Les objectifs de ce projet :

- Amélioration de la fusion des bases de données
 - Bergère → Valacta → GenOvis → Bergère → Ferme
 - Ferme → Valacta → GenOvis → Ferme
 - S'assurer que tous les transferts sont adéquats
 - Pour l'avenir...
- Augmenter le nombre de producteurs
 - Plus de producteurs = plus de données = précision
- Créer la première banque d'ADN
 - Génomique ovine
 - Collecte d'échantillons d'ADN
 - Conseiller CEPOQ



Exigences pour la compilation de données dans le programme d'évaluation génétique GenOvis



Exigences GenOvis — Programme GÉNÉTIQUE

Les lettres de troupeau

Obligatoires

Pourquoi? Programme d'évaluation génétique canadien utilisant comme identifiant unique le tatouage.

Ex: CEPO45213A

Où? Société canadienne d'enregistrement des animaux numéro sans frais 1-877-833-7110 ou

1-613-731-7110, poste 5 pour le service en français.

Coût? 25\$ (valide pour toute la vie de l'entreprise)



Exigences GenOvis — Programme GÉNÉTIQUE

Inventaire de troupeau et généalogies

Fournir la liste des femelles en lactation et béliers reproducteurs au CEPOQ avant le premier contrôle laitier.

Informations obligatoires:

- ✓ Identifiant ATQ (9 derniers chiffres) de l'animal
- ✓ Date de naissance de l'animal
- ✓ Identifiant ATQ (9 derniers chiffres) de la mère
- ✓ Identifiant ATQ (9 derniers chiffres) du père ou race du père si inconnu
- ✓ Composition raciale de l'animal (aussi précise que possible, si connue)
- ✓ Numéro d'enregistrement des animaux enregistrés
- ✓ Généalogies complètes si disponibles



Exigences

Programme GÉNÉTIQUE

Inventaire de troupeau et généalogies (suite)

Outils de saisie proposés:

- ✓ Feuilles d'inventaire version papier (inclus dans la fiche)
- ✓ Feuilles d'inventaire en format Excel (disponibles dans la section Outils/Fiche de saisie du site Internet www.genovis.ca)
- ✓ Fichier d'importation *Fiche d'inventaire* compatible avec GenOvis (disponibles dans la section Outils/Fiche de saisie du site Internet www.genovis.ca)
- ✓ Fichier inventaire.csv extrait du logiciel BerGère
- ✓ Fichier maison respectant les exigences du projet



Exigences

Programme GÉNÉTIQUE

Données d'agnelages

À fournir au CEPOQ idéalement à chaque fin de mois.

Informations obligatoires:

- ✓ Système de traite utilisé (un jour, mixte ou 30 jours)
- ✓ Identifiant ATQ (9 derniers chiffres) de l'agneau
- ✓ Date de naissance de l'agneau
- ✓ Composition raciale de l'agneau (aussi précise que possible, si connue)
- ✓ Identifiant ATQ (9 derniers chiffres) de la mère
- ✓ Identifiant ATQ (9 derniers chiffres) du père ou la race du père si inconnu
- ✓ Sexe
- ✓ Nombre né et nombre élevé
- ✓ Nombre d'agneaux élevés sous la mère (en cas de système mixte ou 30 jours)
- ✓ Poids des agneaux lors du sevrage (en cas de système mixte ou 30 jours)



Exigences

Programme GÉNÉTIQUE

Données d'agnelages (suite)

Outils de saisie proposés:

- ✓ Fiche de saisie des agneaux version papier (incluse dans la fiche)
- ✓ Carnet de troupeau GenOvis (inclus dans la fiche)
- ✓ Fiche de saisie des agneaux en format Excel (disponible dans la section Outils/Fiche de saisie du site Internet www.genovis.ca)
- ✓ Logiciel Bergère ou Bergère mobile
- ✓ Fichier d'importation *Saisie des agneaux* compatible avec GenOvis (disponible dans la section Outils/Fiche de saisie du site Internet www.genovis.ca)
- ✓ À venir dans la prochaine version de BerGère dans le menu Exportation de données, un fichier d'exportation contenant les données d'agnelages pour le mois demandé.
- ✓ Fichier maison respectant les exigences du projet



Exigences

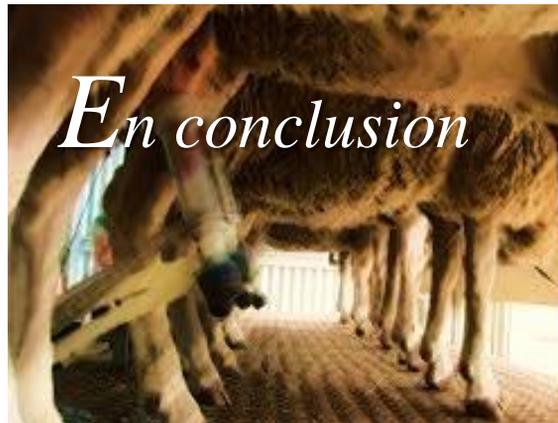
Programme GÉNÉTIQUE

Une fiche de suivi de la compilation des inventaires, des généalogies et des données d'agnelages pour chaque troupeau ayant participé à la phase 1 du projet a été placée dans votre fiche. Nous demandons votre collaboration afin de faire parvenir au CEPOQ les informations manquantes.



Autres éléments

- Le producteur participant au projet s'engage à respecter la totalité des exigences demandées par le projet et à respecter les procédures exigées lors des contrôles laitiers.
 - Voir documents et contrat
- NON RESPECT = AVIS pour se conformer
 - ✓ Si dans le mois suivant cet avis, la situation ne s'est pas corrigée,
 - ✓ Les frais reliés au(x) contrôle(s) laitier(s) où ce dernier a été fautif lui seront entièrement facturés.
 - ✓ L'équipe de recherche se réserve également le droit d'annuler complètement la participation du producteur au projet pour l'année 2014 et à reprendre le matériel fourni (balance, remboursement de la partie subventionnée du bâton de lecture).



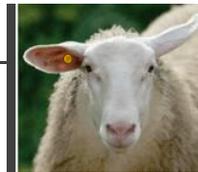
En conclusion

- Pour 2014 ... souhaitons participation
- Pas mesures... pas de données génétiques
- Pas de généalogie = pas de programme
- Les avantages de ce projet :
 - Met sur pieds la première base de données
 - Cumule les informations sur généalogie
 - Favoriser les liens entre les troupeaux (liés)
 - La précision s'améliorera avec le nombre de sujets évalués et la qualité des données



En conclusion

- Les contrôles laitiers (\$\$\$):
 - Valeur inestimable...
 - Des données exceptionnelles pour la régie
 - Des données essentielles pour la génétique
 - Des données exceptionnelles pour la sélection
 - Des données à utiliser (CCS)
- La participation est essentielle!
- Rappelez-vous le progrès de la Lacaune en France!

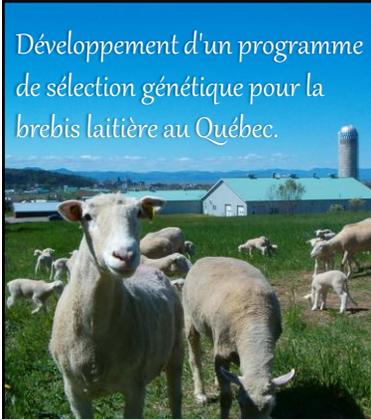


Merci!



Annexe 11 : Conférence présentée au Colloque brebis laitière le 8 octobre
2013

Développement d'un programme de sélection génétique pour la brebis laitière au Québec.




Johanne Cameron
agr. M.Sc
Chargée de projet



Plan de présentation

- Mise en contexte
- Description du projet
 - Objectifs et méthodologie
- État d'avancement
- Problématiques rencontrées
- La suite ...
- Quelques données très préliminaires
- Conclusion




Secteur ovin laitier au Québec

- Secteur en plein développement
- Demande grandissante pour les fromages fins de ce type
- Est-ce que les animaux sont sélectionnés pour répondre à la demande?
- Amélioration de la production avec des races laitières
- Sélection phénotype et production
- Est-ce que le gain génétique est réel?



La génétique laitière

- Production laitière influencée par
 - Alimentation
 - Stade de lactation
 - Régie
 - Système de traite
 - Facteurs génétiques
- Lait de brebis = transformation
- Qualité du lait vs quantité de lait
 - Corrélations génétique négatives
 - Quantité de lait vs TP $-0,47 \pm 0,05$
 - Quantité de lait vs TG $-0,34 \pm 0,07$

(Flamant et Morand-Fehr 1982, Treacher 1983 et 1989, Bocquier et Caja 1993, Caja et Bocquier 1998, Barillet et al., 1994)



La France...

- Berceau de l'amélioration génétique laitière ovine
- Avant 1985 : sélection quantitative
- 1985 : + sélection qualitative (gras, protéine)
- 2002 : + cellules somatiques (*résistance aux mammites*), conformation du pis et résistance à la Tremblante.
- Transmission des caractères
 - Héritabilité LAIT = 0,30
 - Héritabilité taux de gras = 0,35
 - Héritabilité taux de protéine = 0,46
 - Corrélation élevée entre TG et TP (0,63)
 - Sélection génétique possible

Barillet et al., 1994



La France ...

- Lacaune, schéma de sélection génétique
 - Grands troupeaux (810 000 Lacaune)
 - Sélection sur des paramètres ciblés (produit final)
 - Rapports QMG/QMP > 1,2... transformation
 - Insémination artificielle utilisée à grande échelle
 - Testage de plus de 400 béliers/année
- Progrès génétique impressionnant
 - Amélioration de 6,8 litres/an/brebis (Lacaune)
 - 0,19 grammes par litre de taux protéique
 - 0,23 grammes par litre de taux de matière grasse

Barillet et al., 1994 ; Genelex, septembre 2013



La France ...

- Élevages en sélection, production moyenne/brebis
 - 1965 : 86 litres en 150 jours de traite
 - 1975 : 135 litres en 158 jours de traite
 - 1985 : 189 litres en 158 jours de traite
 - 1995 : 263 litres en 165 jours de traite
 - 2005 : 283 litres en 160 jours de traite

Traite exclusive, lactation totale de 350 à 370 litres
 Avec considération du premier mois d'allaitement (agneaux) et la dernière phase de production (entre la fermeture des laiteries et le tarissement).

Barillet et al., 1994 ; Genelex, septembre 2013 ; UPRA Lacaune

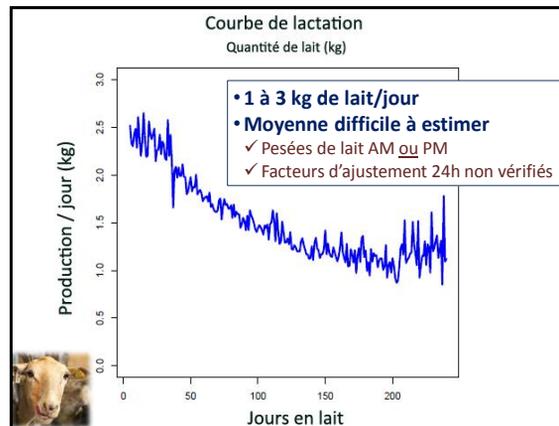
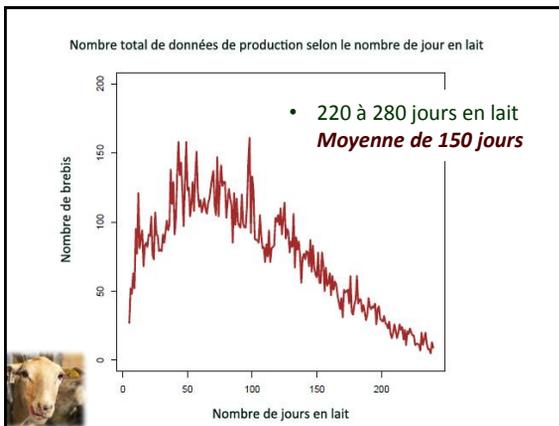
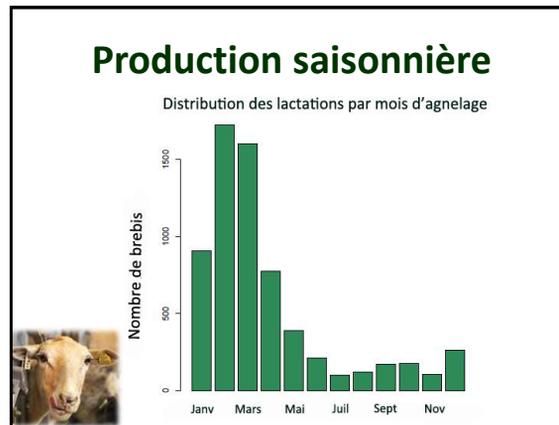
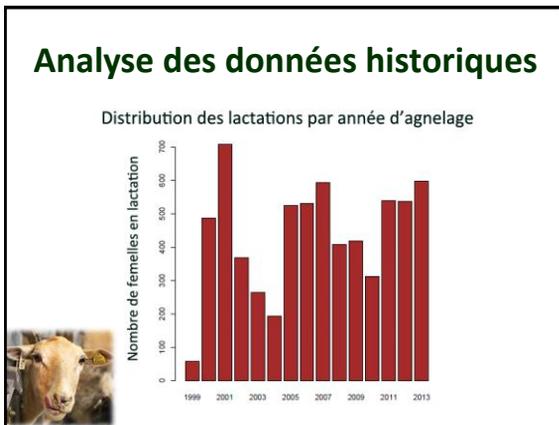
Lacaune :
 Production multipliée par 2,5 en 25 ans, en conservant les composantes recherchées

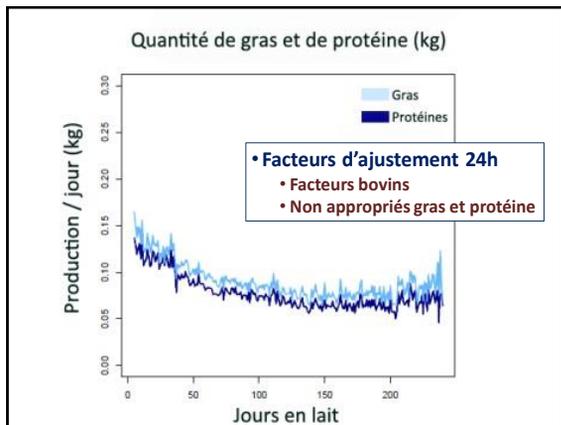


Secteur ovin laitier au Québec

- Pas de programme génétique
- Insémination artificielle rare
- Troupeaux de petite taille
 - Peu de progéniture par bélier
 - Peu de race pure enregistrée
- Analyses sommaires des données historiques de Valacta (CGIL)
 - Deux races principales (EF – CU)
 - Beaucoup de croisées dans la bd
 - Même troupeau : races pures et croisées
 - Peu de troupeaux (14 ont fait de l'évaluation par le passé)

Et nous, où en sommes-nous?



Secteur ovin laitier au Québec

• Les problématiques :

- Sous utilisation du contrôle laitier
 - Coût \$ vs précision ...
 - Analyses non adaptées au lait de brebis
- Pas de programme génétique ***
- Pas de facteurs d'ajustement précis
- Pas de données généalogiques
- Des informations essentielles = ND
 - Nombre de lactation ...
 - Nombre d'agneaux nés ...



Développement d'un programme de sélection génétique pour la brebis laitière au Québec.

Financement :

Programme d'appui financier aux regroupements et aux associations de producteurs désignés (MAPAQ).

Volet C. Appui à la réalisation de projets novateurs et structurants.



RECHERCHE



Objectif général

Mettre en place un programme de sélection génétique adapté au secteur de la brebis laitière grâce à l'intégration de mesures précises des composantes du lait de brebis.



Objectifs spécifiques

- Développer un système d'analyse permettant d'évaluer précisément les composantes du lait de brebis;
- Définir la courbe de lactation des brebis laitières au Québec;
- Développer un programme d'évaluation génétique Nord-Américain pour la brebis laitière;



Objectifs spécifiques

- Rendre ce programme génétique accessible aux éleveurs ovins laitiers par la mise en place d'un portail web;
- Développer un partenariat de service durable avec Valacta;
- Vulgariser les principes de sélection génétique pour la brebis laitière auprès des éleveurs ovins laitiers du Québec.

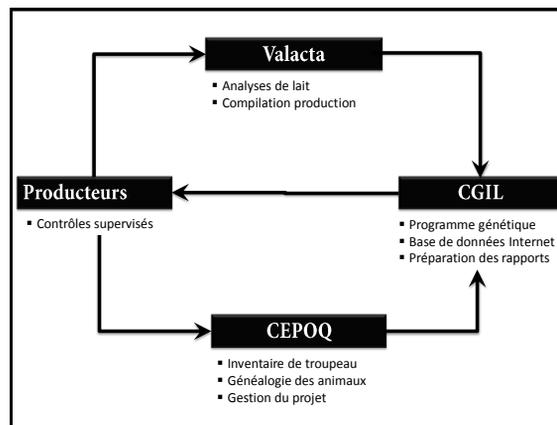
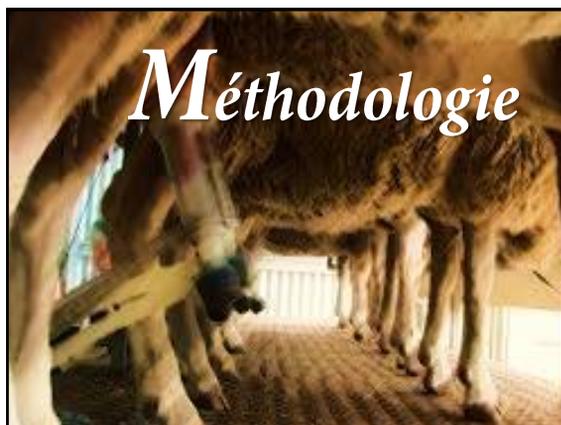


Durée

- Mars 2013 – Février 2015
- Contrôles financés de mai à déc. 2013

Projet novateur

- Une première en Amérique du nord
- Positionner le Québec comme chef de file, tant au point de vue de la qualité et de la précision des analyses de lait de brebis, que de la sélection génétique des ovins laitiers.
- Développement d'un cheptel ovin laitier très performant pour le secteur.



Producteurs

- Pour plus de précision = le maximum de producteurs et de données
 - Meilleure précision des données génétiques
 - Meilleure information pour le calculs des EPD
 - Meilleure connexion entre les troupeaux laitiers
- Dès réception du financement : contact des producteurs laitiers



Producteurs

- **8 producteurs ovins laitiers participent en 2013**
 - ✓ Durée moyenne de la lactation 8 à 10 mois (~ 8-9 contrôles)
 - ✓ Races présentes : Lacaune, East-Friesian, croisements EFCU
 - ✓ Troupeaux dont la taille varie de 60 à 400 brebis
 - ✓ Production saisonnière, sauf pour un producteur
 - ✓ Système de traite débutant à l'agnelage (tous les producteurs)



Producteurs

Ce qui était possible selon le budget - producteurs ...

- Budget limité dans le projet ...
- Partage des frais entre le projet et les producteurs
 - ✓ Analyses de lait complètes = projet
 - ✓ Analyses urée et lactose = projet et Valacta
 - ✓ Contrôle laitier et adhésion annuelle = projet
 - ✓ Honoraire Valacta : 55% projet et 45% producteur



Producteurs

- Exigences pour les producteurs participants :
 - ✓ Cheptel de brebis laitière au Québec
 - ✓ Contrôle laitier **officiel supervisé** par Valacta
 - ✓ Participation au contrôle laitier à tous les mois (durée traite)
 - ✓ Début des contrôles mai – décembre 2013 (limite du budget)
 - ✓ Disposer de lactomètres pour les pesées de lait
 - ✓ Deux contrôles/jour par mois de contrôle (PM / AM)
 - ✓ Partager leurs commentaires pour amélioration/modification



Producteurs

- Liste complète (ATQ) de toutes les brebis en lactation
- Date de naissance de chaque brebis
- Composition raciale de chaque brebis
- Date d'agnelage de la brebis
- Date du début de la traite
- Nbre d'agneaux nés et identifiant des agneaux ***
- Poids à la naissance des agneaux (si disponible)
- Nbre d'agneaux élevés sous la mère (système mixte ou 30 jours)
- Pds des agneaux au sevrage (système mixte ou 30 jours)
- Système de traite utilisé (un jour, mixte ou 30 jours)
- Aliments servis à la ferme (type de rations)

CEPOQ
VALACTA

CEPOQ

CEPOQ



Autres exigences

Programme GÉNÉTIQUE

- Père et mère de chaque brebis
- Grands-parents maternels et paternels de chaque brebis (généalogies complètes)
- Frères et sœurs présents dans le troupeau si possible
- Nombre de parité de chaque brebis
- Durée de lactation moyenne antérieure
- Production moyenne antérieure (production de lait et qualité du lait si possible)
 - Si données disponibles chez Valacta, donner l'accord pour transmettre les données à CGIL.



Chez Valacta

Votre lait...

- Analyses laitières spécialisées pour le lait de brebis
 - ✓ Ajustement de l'étalonnage en fonction du lait ovin québécois
 - ✓ Analyse en chimie humide
 - ✓ Analyses représentatives des composantes du lait de brebis
 - ✓ Courbe spécifique pour analyser adéquatement les composantes
 - ✓ Développement d'une nouvelle expertise pour Valacta



Chez Valacta

Votre lait...

- Contrôleur Valacta, responsable de la collecte des données
 - Calibration des balances
 - Pesées de lait (AM et PM)
 - Échantillons de lait pour analyses (1 par jour)
 - Compilation des données des brebis contrôlées



Chez Valacta

Votre lait...

- Analyses standard du lait (gras / protéines / cellules somatiques)
- Analyses de l'urée du lait et du lactose
- Acheminement des données vers CGIL sur une base régulière (mois)



CEPOQ

- Compilation des inventaires de troupeau dans GenOvis
 - ✓ Identification animal, date de naissance, père, mère, grand-parents...
- Compilation des données de productivité antérieure
 - ✓ Données complémentaires améliorant la précision des analyses



CEPOQ

- Coordination du projet / Suivi facturation / ... littérature
- Formation (Fin du projet – Décembre 2014 – Janvier 2015)
 - Formation provinciale pour les éleveurs portant sur l'utilisation des EPD et indices laitiers
 - Bonne pratique de gestion pour les mesures à la ferme
 - Articles de vulgarisation francophone et anglophone.



CGIL – Évaluation génétique

- CGIL (Larry Schaeffer) :
 - Développement du programme de sélection génétique des ovins
 - Analyse complète des données, valeur d'héritabilité
 - Calculs des EPD laitiers pour les différents caractères
 - Indices... étape ultérieure après le développement des EPD



CGIL – Évaluation génétique

- Outils pour les éleveurs ovins laitiers
 - Développement des rapports d'évaluation génétique
 - Base web en ligne (entièrement bilingue) ... nord américaine
 - Dépôt de vos données, consultation de vos données



Échéanciers ...

- 2013 = Collecte de données avec partage des frais
- 2013 – 2014 :
 - ✓ Intégration des données dans la base génétique GenOvis
 - ✓ Montage de la base de données génétiques
 - ✓ Production des rapports de performances
- Début 2015 : Base de données, portail web, formation



Chez les producteurs

- Premiers contrôles réalisés en mai 2013
- Certains troupeaux en tarissement ou sont déjà tari (fin oct-nov)
- Inventaire de troupeau acheminés au CEPOQ
- Quelques données de productivité antérieures en attente
- *Perte des pics de lactation pour plusieurs brebis...*

Chez les producteurs – Nombre de données

# Ferme	Nb échantillons	Nb pesées AM	Nb pesées PM	Nb pesées AM et PM
1	909	706	729	526
2	1208	1208	1208	1208
3	465	465	465	465
4	422	422	422	422
5	168	168	168	168
6	174	174	174	174
7	405	405	405	405
8	1529	1529	1259	1259
TOTAL	5280	5077	4830	4627

Nombre total de brebis échantillonnées = 1867



Chez Valacta

- Analyses laitières spécialisées pour le lait de brebis
 - ✓ Juin 2013 = Premières analyses en chimie humide
 - Échantillons de réservoir et échantillons de lait
 - ✓ Seconde validation automne 2013 ... septembre - octobre

Depuis juin 2013 = analyses représentatives



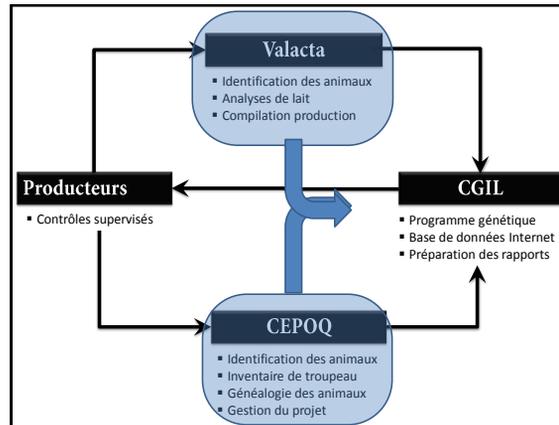
Au CEPOQ

- Compilation des inventaires, compilation terminée à l'été 2013
- Partenaire en cours de projet : M. Jacques Kirouac, Bergère*
- Reste quelques données de productivité antérieures (attente)
- Coordination de projet sur une base régulière
- *Gestion des problématiques ... on verra plus tard...*



À CGIL

- Analyses des données historiques de Valacta en mai 2013
- Réception des données du projet 2013
 - Beaucoup de brebis « croisées dans la base de données »
 - EF*CU : dans Valacta = croisée ... dans GenOvis = EF *CU
- Programme génétique, prêt à recevoir les données
 - Estimation des caractères, durée de lactation standard, races (croisements)
 - Prêt... mais c'est ici que débute les problématiques...



Problématiques

- Fusion des bases de données
 - Identifiant des animaux
 - GenOvis = **ATQ** + tatouage fictif
 - Ferme : # de régie personnel + **ATQ**
 - Valacta : # de régie personnel + **ATQ**
 - Dans les fermes, lors des contrôles :
 - ATQ incomplets (4, 5 ou 7 chiffres)
 - Fusion = nécessite validation/temps
 - Inventaires transférés départ Bergère-Valacta
 - Actuellement... travail de correspondance
 - Valacta - données GenOvis (ATQ complet)

Problématiques

- Fusion des bases de données
- Dans l'avenir ...

*ATQ obligatoire

Lors de l'entrée sur le système Valacta

ATQ	# régie 1	# régie 2	# GenOvis	Valacta
314311111	Bibi 40	2012053010	Bibi 40Z	11111
314311112	Bibi 1112	- - -	Bibi 1112Z	11112

Problématiques

- Perte des premiers mois de lactation
 - Premiers contrôles = Mai 2013
 - Début de lactation = Janvier 2013
 - Perte de plusieurs pics de lactation
 - Courbe de lactation imprécise
- Précision des données
 - Arrondissement des données au 50 ml
 - ~0,450 ml vs 0,550ml = 0,500 ml
 - * Limite de la précision des balances
 - * Système de saisie de données?
 - Peut affecter l'héritabilité des caractères

Problématiques

- Précision des évaluations génétiques ... quantité de données

Programme d'évaluation génétique

- Quantité de données de production
- Qualité de données de production (AM-PM)
- Généalogie ***

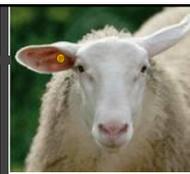
- Données historiques Valacta
 - ✓ Récupérer les généalogies
- Un an de collecte de données (8 fermes)
 - ✓ Augmenter le nombre de données/fermes
- Qualité des données et long terme
 - ✓ Contrôles AM-PM ... poursuivre
 - ✓ Participation d'un grand nombre de producteurs

Distribution des lactations par année d'agnelage



Projet déposé

- Dépôt d'un projet au Volet C (sept 2013)
- Résoudre les problématiques rencontrées
- **Les objectifs de ce projet :**
 - Courbes de lactation complètes
 - Débuter les contrôles au début de la lactation
 - Améliorer l'évaluation des caractères génétiques
 - Établir des facteurs d'ajustement précis
 - Gras et protéine AM et PM
 - Données ajustées plus précisément
 - Précision des données (lait et ferme)
 - Limitation des balances
 - Programmation des systèmes de collecte de données
 - Nombre d'agneaux nés... essentiel en 2014



Projet déposé

- **Les objectifs de ce projet :**
 - Amélioration de la fusion des bases de données
 - *Bergère → Valacta → GenOvis → Bergère → Ferme
 - *Ferme → Valacta → GenOvis → Ferme
 - *S'assurer que tous les transferts sont adéquats
 - *Pour l'avenir...
 - Augmenter le nombre de producteurs
 - *Plus de producteurs = plus de données = précision
 - *Contrôles alternés et contrôle supervisés (nouveau)
 - *Partage des frais (adhésion + 50% analyses - 30%)
 - *Contrat pour remplir les exigences du projet
 - Créer la première banque d'ADN
 - *Génomique ovine
 - *Collecte d'échantillons d'ADN

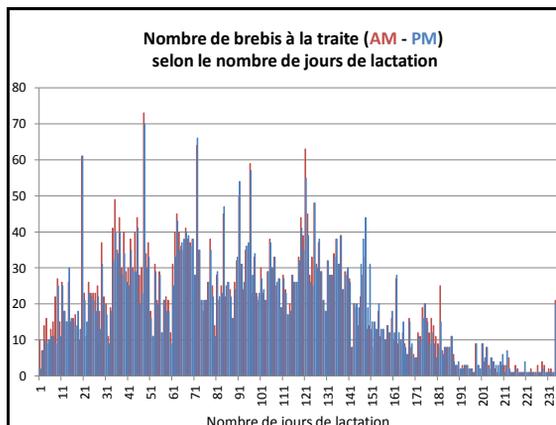


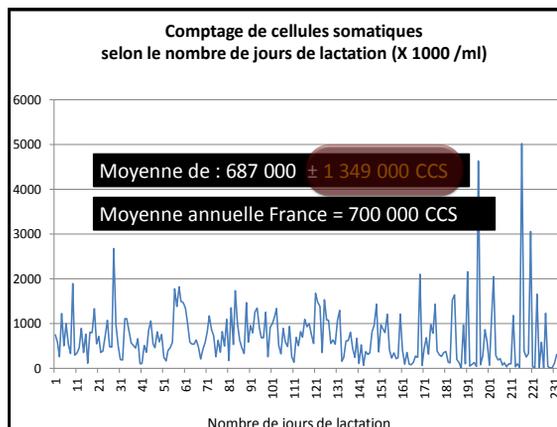
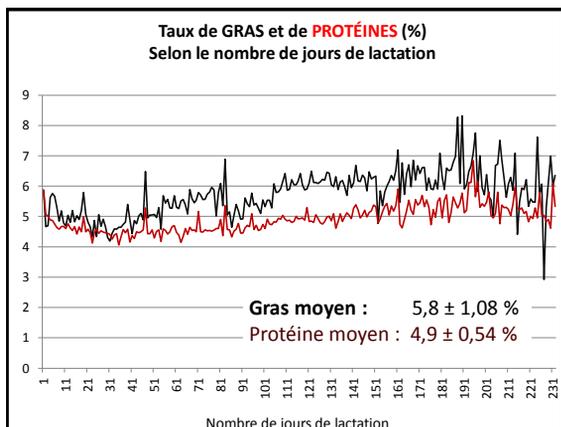
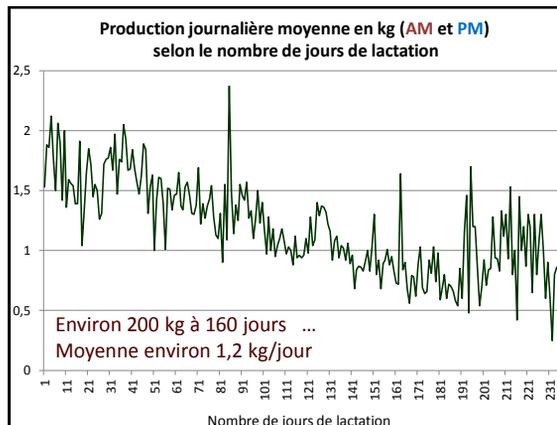
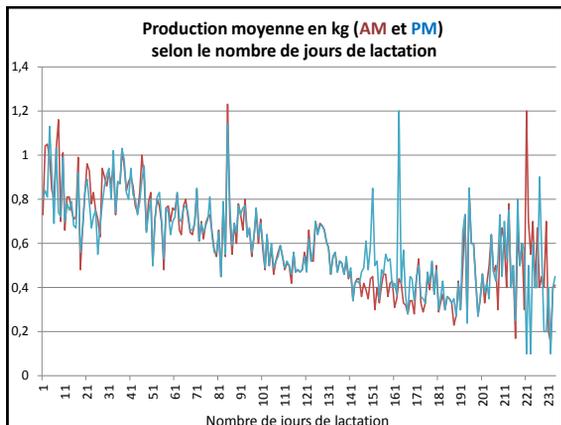
En attente de financement
 Dès réponse positive = rencontre obligatoire
 Début des contrôles = janvier 2014
 Exigences du projet à rencontrer = ATQ ...



Quelques données

- Bases de données non fusionnées
- Impossible de faire des moyennes / race
- Impossible d'avoir un portrait représentatif
- Fichier contenant les moyennes/jour
- **Données très préliminaires**
 - Nombre de brebis à la traite AM - PM
 - Production moyenne journalière
 - Taux de gras moyen (%)
 - Taux de protéine moyen (%)
 - Comptage de cellules somatiques (CCS)
 - Ulrée du lait / non présentée





Cellules somatiques

- Infection bactérienne? Mammite?
- Stress (manipulation, tonte, alimentation ...)
- Niveaux élevés d'un contrôle à l'autre? Identification?
- Qualité du lait... transformation affectée

• Le rôle du berger...selon le troupeau

- Réforme des brebis à taux élevé/lésion > 5 000 000 de cell/ml
- Trier, traire en dernier les 1 000 000 et 5 000 000 de cell/ml
- Éliminer ou les traiter au tarissement.
- Vérifier les procédures de traite




Sain : < 500 000 cell/ml
Seuil : ~ 650 000 cell/ml
Action : > 800 000 cell/ml

Lassonde, 2011



En conclusion

- Pour 2014 ... souhaitons participation
- Pas mesures... pas de données génétiques
- Pas de généalogie = pas de programme
- **Les avantages de ce projet :**
 - Met sur pieds la première base de données
 - Cumule les informations sur généalogie
 - Favorisera les liens entre les troupeaux (liés)
 - La précision s'améliorera avec le nombre de sujets évalués et la qualité des données



En conclusion

- **Les contrôles laitiers (\$\$\$):**
 - Valeur inestimable...
 - Des données exceptionnelles pour la régie
 - Des données essentielles pour la génétique
 - Des données exceptionnelles pour la sélection
 - Des données à utiliser (CCS)
- **La participation est essentielle!**
- **Rappelez-vous le progrès de la Lacaune en France!**

Pour le projet II ... appelez au CEPOQ!

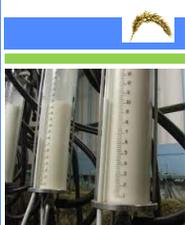


Annexe 12 : Conférence présentée au Colloque brebis laitière le 16 octobre
2014



2014

Développement d'un programme de sélection génétique pour la brebis laitière au Québec



Johanne Cameron
agr. M.Sc
Consultante,
Chargée de projets en
production ovine





AVANT TOUT...

REMERCIEMENTS

Cathy Thériault Landry, CEPOQ
Les producteurs participants
Larry Schaeffer, généticien, CGIL
Les contrôleurs et le personnel de Valacta
Robert Moore, Ph.D. Valacta
Caroline Brunelle, Valacta

Ferme Lait brebis du Nord
Bergerie Nouvelle-France
Bergerie La Comtoiserie
Ferme du Chien Blanc
Ferme Mouton Blanc
Ferme Fou du Berger
Ferme Solidar
Bergerie Les Roses
Bergerie laitière Sargy



Plan de présentation

- Introduction
- Rappel sur le(s) projet(s) et ses objectifs
- Les données utilisées
- Les résultats préliminaires
- Les rapports génétique
- La suite...



Introduction

- Secteur ovin laitier, en plein essor au Québec
- Demande grandissante pour les fromages fins
- Les besoins des producteurs/transformateurs :
 - Lait en quantité
 - Lait de qualité (gras, protéine, CCS)
- Comment identifier les meilleurs sujets ?
 - Pas de programme d'amélioration génétique
 - Régie interne ? Une option qui a ses limites ...
 - Choix de reproducteurs dans la population ???



Introduction

- Des données historiques disponibles chez Valacta ...
 - Deux races principalement évaluées (EF – CU)
 - Beaucoup de croisées ou génotype inconnu
 - Peu de troupeaux font des contrôles (14 par le passé)
- Des constats :
 - Sous utilisation du contrôle laitier = \$... précision
 - Pas de facteurs d'ajustement « ovins »
 - Troupeaux de petite taille (peu de progéniture/bélier)
 - Insémination artificielle rare
 - Pas de données généalogiques, pas de liens***
 - Des informations essentielles non disponibles
 - Nombre de lactation, nombre d'agneaux nés...



Introduction

- On part de loin mais ...
- Potentiel d'amélioration extraordinaire ...
- Caractères laitiers = héritabilité modérée à élevée
 - LAIT = 30%
 - GRAS = 35%
 - PROTÉINE = 46%
- Avec ces niveaux d'héritabilité ... amélioration rapide
- Ex: France + 6,8 litres/an/brebis (Lacaune)
 - 1965 : 86 litres en 150 jours de traite
 - 1975 : 135 litres en 158 jours de traite
 - 1985 : 189 litres en 158 jours de traite
 - 1995 : 263 litres en 165 jours de traite
 - 2005 : 283 litres en 160 jours de traite

Barillet et al., 1994





Financement :
 Programme d'appui financier aux regroupements et aux associations de producteurs désignés (MAPAQ).
 Volet C. Appui à la réalisation de projets novateurs et structurants.

RECHERCHE



Objectif général

Mettre en place un programme de sélection génétique adapté au secteur de la brebis laitière grâce à l'intégration de mesures précises des composantes du lait de brebis.

- Développer un système d'analyse permettant d'évaluer précisément les composantes du lait de brebis;
- Développer un programme d'évaluation génétique Nord-Américain pour la brebis laitière (bd en ligne) ;
- Définir la courbe de lactation des brebis laitières;
- Développer un partenariat de service avec Valacta;
- Vulgariser les principes de sélection génétique pour la brebis laitière auprès des éleveurs ovins laitiers du Québec.





Producteurs

- ✓ Inventaire de troupeau (généalogie complète)
- ✓ Données d'agnelage complètes (nbr né) – Système d'élevage (un jour, mixte, 30 jrs)
- ✓ Contrôles supervisés pour l'année 1 - Contrôles alternés pour l'année 2
- ✓ Pesées AM et PM + un échantillon de lait par contrôle (AM ou PM)
- ✓ Demande 2014 : précision accrue = 2 chiffres après la virgule
- ✓ Demande 2014 (2 producteurs) = échantillons AM et PM + hr de traite/brebis



Chez Valacta

- Contrôleur Valacta, responsable de la collecte des données
 - Calibration des balances, pesées de lait, échantillons, compilation données
- Laboratoire : analyses laitières spécialisées pour le lait de brebis
 - ✓ Ajustement de l'étalonnage en fonction du lait ovin québécois (chimie humide)
 - ✓ Analyses représentatives des composantes du lait de brebis
 - ✓ Gras, protéine, CCS, urée, lactose et BHB
- Acheminement des données vers CGIL sur une base régulière



CEPOQ

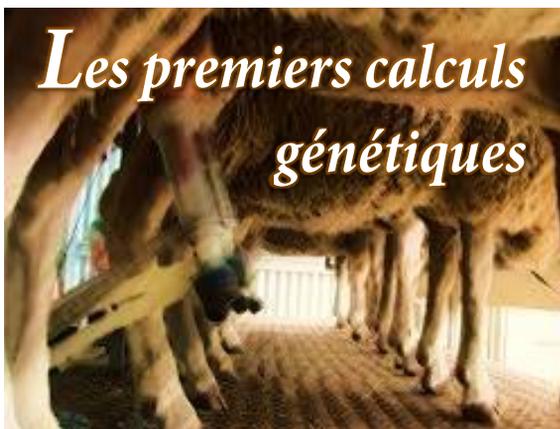
- Compilation des inventaires et des données d'agnelage dans GenOvis
- Compilation des données de productivité antérieures (ou Ontario)
 - ✓ Données complémentaires améliorant la précision des analyses
- Coordination du projet / suivis / facturation / ... littérature
- Formation, appui et vulgarisation
- Ajout au projet 2014 – 2015 : Collecte de tissus d'ADN (2015)





CGIL – Évaluation génétique

- Développement du programme de sélection génétique des ovins
- Analyses, calcul des valeurs d'héritabilité, de précision et de corrélations
- Production des EPD laitiers pour les différents caractères sous évaluation
- Évaluation des courbes de lactation
- Programme en ligne, certificats, rapports, etc.



Résultats préliminaires



• Fusion des bases de données

- Première fusion réussie en avril 2014



• Premiers calculs génétiques effectués à Guelph

- Juin et Août (analyses complètes des données)
- Septembre (analyses des données complémentaires)
 - ✓ Validation de la précision avec deux chiffres après la virgule
 - ✓ Analyse des composantes des échantillons AM vs PM
 - ✓ Validation de la précision avec les heures de traite spécifique

Modèle d'analyse génétique

■ Un modèle de type «Ferrari» a été développé ...

- Puissant, permet d'isoler tous les effets d'environnement
 - Effet Troupeau – Année – Mois d'agnelage
 - Effet Race – Nbre de parité – Âge de la brebis – Mois d'agnelage
 - Effet Race – Nbre de parité – Année d'évaluation – Mois d'agnelage
 - Effet Race – Nbre de parité – Nombre d'agneau né
 - Effet Race – Nbre de parité – Intervalle entre les deux traites PM-AM
 - Effet Environnement permanent de l'animal



Mais... besoin de plus de données ...

Besoin de plus de 20 000 données complètes (non rejetées)

À ce rythme, possible d'ici 3-4 ans

Alors il faut continuer!



Modèle d'analyse génétique

■ Le modèle actuel a dû être simplifié

- Modèle efficace mais moins puissant ...
 - Troupeau – Année – Saison d'agnelage
 - Race
 - Année d'évaluation – Mois d'agnelage
 - Nombre d'agneau né
 - Intervalle entre les deux traites PM-AM
 - Environnement permanent de l'animal



Ce qui a actuellement pour effet :

- Isole moins efficacement certains paramètres environnementaux
- Affecte la précision de l'évaluation, amène des biais
- Affecte le potentiel de transmission réel
- Il faut donc observer les résultats avec précautions



Les résultats préliminaires





Effets races et croisements

	Nbre de données	Nbre de brebis	% des brebis
% Lacaune ou plus	663	136	6,1
½ à % Lacaune	622	129	5,7
½ East-Friesian * ½ Lacaune	733	140	6,2
% East-Friesian ou plus	5597	1258	56,0
½ à % East-Friesian	1304	269	12,0
Croisées	1359	314	14,0
TOTAL	10 278	2246	

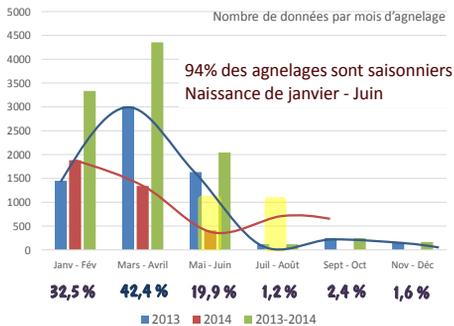
Effets races et croisements

Nombre de brebis		136	129	140	1258	269	314
Paramètres	Parité	CU (3/4+)	CU (½ à %)	½EF * ½CU	EF (3/4+)	EF (½ - %)	XX
LAIT (kg)	1	153	227	259	219	206	188
	2+	288	300	300	285	285	297
GRAS (%)	1	6,24	5,99	5,86	5,87	5,90	5,82
	2+	6,01	6,01	6,00	5,98	5,93	6,01
Protéine (%)	1	5,47	5,25	5,06	5,02	5,20	5,23
	2+	5,23	5,20	5,19	5,09	5,19	5,19
Lactose (%)							
Score cell. somatique							
Urée							
BHB							

Moyenne globale > 600 000



Effet saison de mise bas





Effets intervalle de traite

- **Intervalle de traite, données compilées à la ferme :**
 - En général: traite PM suivi d'une traite AM (heure de début indiquée)
 - Dans ce cas, le même intervalle s'applique à toute les brebis *
 - Ex : PM à 17h00 / AM à 6h00 = intervalle 13h PM à AM et 11h AM à PM)
- **On assume que :**
 - Relativement le même ordre de traite
 - La traite se fait ~ 1h
- Intervalle + long, Quantité de lait + grande (Tendance quantité lait AM > PM)
- Plusieurs contrôles avec données manquantes ou heures de traite inconnue

Intervalles PM à AM	
1	Moins de 12 heures
2	12 heures
3	13 heures
4	14 heures
5	15 heures
6	16 heures
7	17 heures
8	Plus de 17 h ou inconnue

Intervalle	Prod. AM (kg)	Prod. PM (kg)
PARITÉ 1		
< 12 h	0	0
12 heures		
13 heures		
14 heures		
15 heures		
16 heures		
17 heures		
> 17h, inconnu		
PARITÉ 2		
< 12 h	0	0
12 heures		
13 heures		
14 heures		
15 heures		
16 heures		
17 heures		
> 17h, inconnu		

- Observations ...**
- Effet inverse...
 - Plus faible en AM, Parité 2+
 - Pas de tendance claire
- Explications ...**
- Traite plus longue ~ 1h
 - Ordre de traite variable
 - > 1 à 2 heures de différences
 - Erreur mesure heures traite
 - Manque de précision...
- Solutions...**
- Heure exacte pour cque brebis
 - Possible avec automatisasion
 - Bénéfique...***
 - Échantillonnage AM/PM



Échantillonnage AM et PM

- Analyser les composantes de lait AM et PM (différences?)
- Vérifier le besoin de faire des ajustements si nécessaire
- **Nécessite l'heure exacte de l'échantillonnage pour chaque brebis**
- Deux entreprises ciblées pour répondre à cet objectif :
 - Ferme Mouton blanc et Bergerie Lait brebis du Nord
- Cinq tests/ferme prévus durant le projet (couvre l'année)
- En général: contrôles PM suivi d'un contrôle en AM
- Trois tests par ferme dans ces résultats
 - 661 brebis échantillonnées
 - 896 données de contrôles avec échantillons AM et PM
 - Analyse : gras, protéine, score cellules somatique, urée, lactose et BHB



Échantillonnage AM et PM

	Échantillons PM	Échantillons AM	Différence PM-AM
Gras (%)	5,08 ± 1,42	5,51 ± 1,14	-0,43 ± 2,18
Protéine (%)	4,63 ± 0,19	4,63 ± 0,19	0,00 ± 0,03
SCS	11,73 ± 4,95	11,94 ± 5,39	-0,21 ± 2,87

- Il reste des analyses (d'autres contrôles réalisés depuis juin)
- Pour le moment ...
 - Pas de différences importantes
 - Des ajustements AM / PM ne semblent pas nécessaires
- Intérêt pour le généticien... intervalle de traite dans fichier
 - Meilleur ajustement de la production laitière (précision accrue)
 - Si possible... favorable pour le programme d'évaluation génétique



Deux décimales sur les pesées de lait

- Fichiers Valacta, arrondis à 1 chiffre après la virgule (précision)
- Fichier Excel produit par Bâton ou Psion (envoyés au CEPOQ)
 - 2 chiffres après la virgule (1,52 vs 1,5 ... 1,57 vs 1,6)
 - Un peu plus de précision, mais pas dans tous les cas (1,50 ...)
 - 2720 données avec deux décimales
- Corrélations presque similaires entre 1 ou 2 décimales, mais
 - Manque de données pour voir l'impact réel sur l'évaluation génétique
 - Car, parfois pas précision dans les décimales (1,50 – 1,60 – 2,10...)
 - Dans le futur, si possible et sans frais supplémentaires, on continue...
- Intérêt pour le généticien... intervalle de traite dans fichier
 - Deux troupeaux avaient programmés leur bâton... ajoutée précision



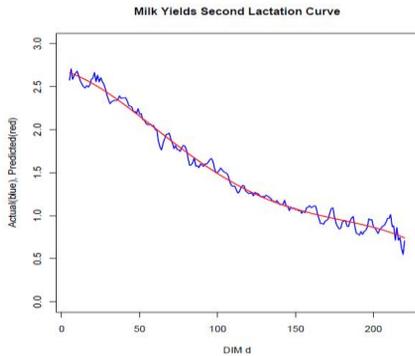
Courbes de lactation

- Courbes de lactation adéquate
 - Au départ, assume besoin de 5 covariables
 - Besoin de 4 contrôles complets
 - Tracé de la courbe de lactation 5 à 220 jrs



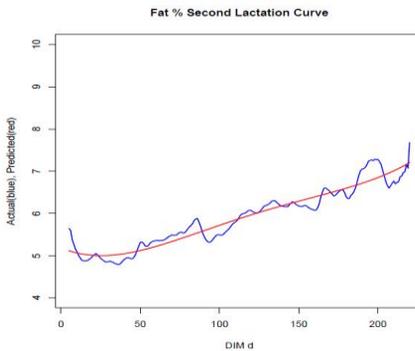


Courbes de lactation



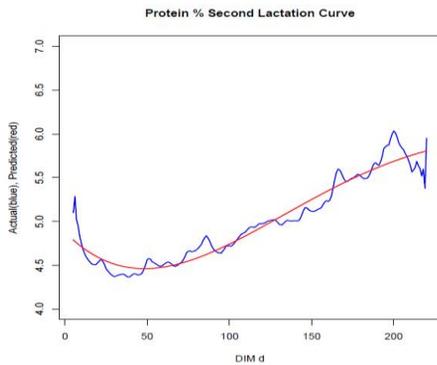


Courbes de lactation



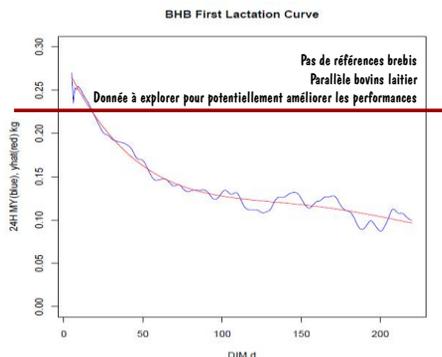


Courbes de lactation





Courbes de lactation







Rapports génétique

- Toutes ces données, toutes ces analyses = données génétiques
 - Évaluer les différences de production qui sont dues à la génétique
 - Évaluer héritabilité des caractères, potentiel de transmission génétique
 - Évaluer corrélations entre les différents paramètres
 - Évaluer précision de l'évaluation génétique
 - Produire valeurs d'élevage estimée (EBV) – données génétiques
 - EBV quantité de lait
 - EBV quantité de protéine
 - EBV quantité de gras ...
 - Produire PERCENTILE (rang dans la population)
- Premier rapport produit en juin, second en août
 - Pour le moment : meilleure productrices, très bonnes données génétiques
 - Analyses toujours en cours, avec ajouts de données

En conclusion

• Pour nous... ce qu'il reste à faire

- Analyses des nouvelles données (juillet à ...)
- Base de données en ligne
- Rapports de production facile à lire et à utiliser
- Indices de sélection ...
- Formation aux producteurs, à venir en 2015

• Vos données ouvrent la porte à des projets

- Saison et production laitière? Effet chaleur, luminosité?
- Préparation mise bas, bon départ de lactation?
 - Difficile de cerner un pic de lactation ?
 - Effet du nombre né vs préparation alimentaire (BHB)?
- Hétérosis des croisements? Modèles de production?



En conclusion

• L'avenir ... pour les producteurs

- Nécessaire de poursuivre la collecte, post-projet
- Nécessaire de s'assurer de la qualité des données
 - Données d'agnelage complète, identifiant, code d'erreur ...
- Nécessaire d'avoir des pedigrees complets et des descendants évalués

Pas de contrôles laitiers ... pas d'évaluation génétique
 Caractères laitiers hautement transmissible...
 Potentiel d'amélioration inestimable



Saisissez cette chance ...

Merci!



L'équipe génétique du CEPOQ





Valeur d'héritabilité

■ Rappel du concept d'héritabilité

- Probabilité qu'un caractère apparent soit transmis exclusivement par des facteurs génétiques (%)
- Indique dans quelle proportion la variation observée entre les individus d'une population est le résultat de leur potentiel génétique

< 20 % = Héritabilité faible (progrès lent)
21- 50 % = Héritabilité moyenne
> 50% = Héritabilité forte (progrès génétique rapide)

Annexe 13 : Conférence présentée à la RGA 2015 du CEPOQ



Profil des performances du cheptel ovin laitier québécois



Johanne Cameron
agr. M.Sc
Consultante,
Chargée de projets en production ovine



Développement d'un programme de sélection génétique pour la brebis laitière au Québec.

Financement : Programme d'appui financier aux regroupements et aux associations de producteurs désignés (MAPAQ).
Volet C. Appui à la réalisation de projets novateurs et structurants.



RECHERCHE

Agriculture, Pêcheries et Alimentation Québec

FÉDÉRATION DES PRODUCTEURS D'AGRICULTURE ET D'ÉLEVAGE DU QUÉBEC

CEPOQ
Centre d'expertise en production ovine au Québec

CGIL
centre for genetic improvement of livestock

CEFRQ

valacta

2014 – 8 producteurs
2015 – 9 producteurs



Effets races et croisements



Race ou croisement des brebis évaluées	Nbre de données	Nbre de brebis	% des brebis
1/2 Lacaune ou plus	663	136	6,1 %
1/2 à 3/4 Lacaune	622	129	11,8 %
1/2 East-Friesian * 1/2 Lacaune	733	140	6,2 %
1/2 East-Friesian ou plus	5597	1258	56,0 %
1/2 à 3/4 East-Friesian	1304	269	68 %
Croisées	1359	314	14,0
TOTAL	10 278	2246	
GRAND TOTAL - Avec pères et mères identifiés dans les généalogies	16070	2914 sujets	

Production - effets races et croisements

Nombre de brebis	136	129	140	1258	269	314	
Paramètres	Parité	CU (3/4 +)	CU (1/2 à 3/4)	1/2 EF * 1/2 CU	EF (3/4 +)	EF (1/2 - 3/4)	XX
LAIT (kg)	153	227	259	219	206	188	
GRAS (%)	28,8	30,0	30,0	28,5	28,5	29,7	
Protéine (%)	PARITÉ 2. = Observation un peu différente... Malgré production laitière supérieure, croisements contenant race Lacaune, maintien et même composantes supérieures*						
Urée mgN/dl							
Score cell. somatique	Moyenne globale > 600 000						
Lactose (%)							
BHB							

Production - Effet saison de mise bas



Période de mise bas	Laït (kg)	Gras (%)	Protéine (%)	Lactose (%)	SCS	Urée	BHB
PARITÉ 1							
Janv-Fév	0	0	0	0	0	0	0
Mars-avril	-27						
Mai-Juin	-82						
Juil-Août	-66						
Sept-Oct	-53						
Nov-Déc	6						
Paramètres zootecniques de production							
- Lactation d'été : effet négatif assez important							
- Chaleur?							
- Changements alimentaires?							
- Combinaison de facteurs?							
Janv-Fév	0						
Mars-avril	-27						
Mai-Juin	-73						
Juil-Août	-17						
Sept-Oct	53						
Nov-Déc	-17	0,37	0,08	-0,47	0,09	0,15	-0,01

Paramètres zootecniques de production

- Lactation d'été : effet négatif assez important
- Chaleur?
- Changements alimentaires?
- Combinaison de facteurs?

- Automne, manque de données ... baisse moins marquée
- Lumière ... effet moins marquée que littérature

... est-ce un effet de lumière? On ne sais pas... à explorer

Production - Effets nombre né

- Chèvres laitières, plus de lait lors de portées multiples (3, 4)
- Effets similaires rapportés chez les brebis (France)
- Prolificité : affectée par la race et le nombre de parités...
- Mais, pas encore assez de données pour évaluer chaque trait
- Nombre total de données dans GenOvis

Type de portée	Nombre de données	%
Simple	5199	50,6
Double	4017	39,1
Triplet et plus	700	6,8
Inconnu	362	3,5

Production - Effets nombre né

Portée	Lait (kg)	Gras (%)	Protéine (%)	Lactose (%)	CCS	Urée	BHB
PARITÉ 1							
Simple	0	0	0	0	0	0	0
Jumeau	0	-0,07	+0,02				
Triplet	-24	-0,04	+0,03				
Inconnu	-3	+0,03	-0,01				
PARITÉ 2+							
Simple	0	0	0	0	0	0	0
Jumeau	+3	+0,04	+0,05				
Triplet	-5	+0,02	+0,10				
Inconnu	-65	+0,09	+0,13				

- Effet inverse : pourrait être dû au manque de données? Ou mauvaise préparation?
- Si avec ajout de données, le résultat est similaire, ce paramètre pourrait être exclu de l'analyse... mais ça prend des données complètes

Effets intervalle de traite

- Intervalle de traite, données compilées à la ferme :
 - En général: traite PM suivi d'une traite AM (heure de début indiquée)
 - Dans ce cas, le même intervalle s'applique à toutes les brebis *
 - Ex : PM à 17h00 / AM à 6h00 = intervalle 13h PM à AM et 11h AM à PM)

- On assume que :

- Relativement le même ordre de traite
- La traite se fait ~ 1h
- Intervalle + long, Quantité de lait + grande (Tendance quantité lait AM > PM)



Intervalle	Prod. AM (kg)	Prod. PM (kg)
PARITÉ 1		
< 12 h	0	0
12 heures		
13 heures		
14 heures		
15 heures		
16 heures		
17 heures		
> 17h, inconnu		
PARITÉ 2		
< 12 h	0	0
12 heures		
13 heures		
14 heures		
15 heures		
16 heures		
17 heures		
> 17h, inconnu		

Observations ...

- Effet inverse...
- Plus faible en AM, Parité 2+
- Pas de tendance claire

Explications ...

- Traite plus longue ~ 1h
- Ordre de traite variable
- > 1 à 2 heures de différence
- Erreur mesure heures traite
- Manque de précision...

Solutions...

- Heure exacte / chaque brebis
- Possible avec automatisation
- Bénéfique...***

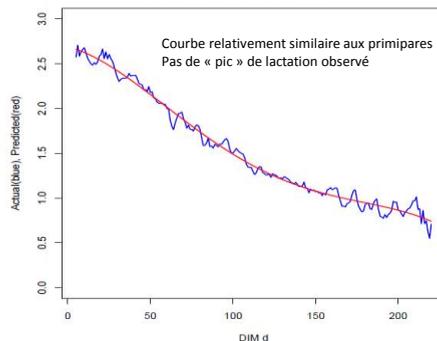
Courbes de lactation

- Courbes de lactation adéquate
 - Au départ, assume besoin de 5 covariables
 - Besoin **MINIMUM de 4 contrôles complets**
 - Tracé de la courbe de lactation 5 à 220 jrs

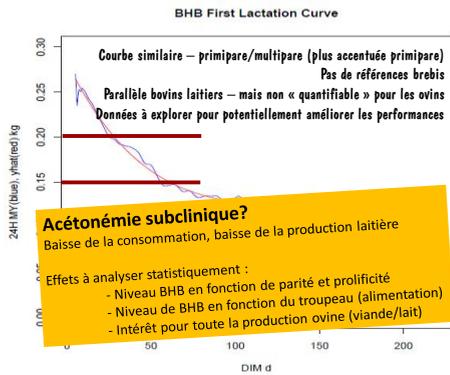


Courbes de lactation

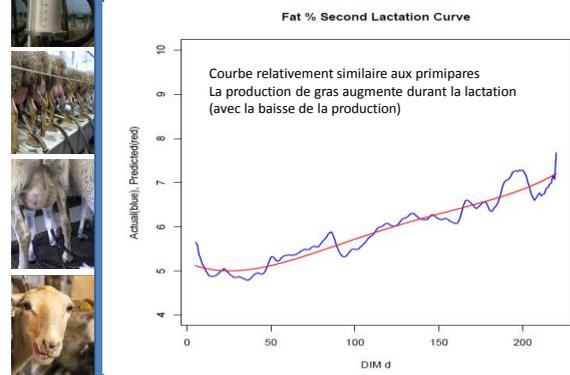
Milk Yields Second Lactation Curve



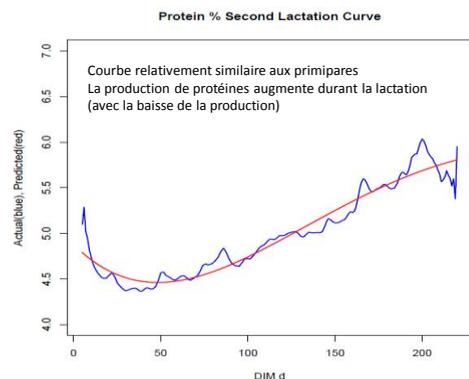
Courbes de lactation



Courbes de lactation



Courbes de lactation



En conclusion

• Co qu'il reste à faire

- Base de données en ligne (à venir)
- Rapports de production, en attente de Guelph
- Indices de sélection ...
- Formation aux producteurs, à venir en 2015
- Collecte d'ADN, fonction des évaluations génétiques

• Des données qui mènent à des projets

- Saison et production laitière? Effet chaleur, luminosité?
- Préparation mise bas, bon départ de lactation?
 - Difficile de cerner un pic de lactation ?
 - Effet du nombre né vs préparation alimentaire (BHB)?
- Hétérosis des croisements? Modèles de production?



REMERCIEMENTS

Cathy Thériault Landry, CEPOQ
 Les producteurs participants
 Larry Schaeffer, généticien, CGIL
 Jacques Kirouac, Bergère
 Les contrôleurs et le personnel de Valacta
 Robert Moore, Ph.D. Valacta
 Caroline Brunelle, Valacta

Ferme Lait brebis du Nord
 Bergerie Nouvelle-France
 Bergerie La Comtoiserie
 Ferme du Chien Blanc
 Ferme Mouton Blanc
 Ferme Fou du Berger
 Ferme Solidar
 Bergerie Les Roses
 Bergerie laitière Sargy



Merci!



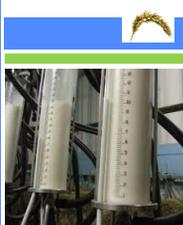
L'équipe génétique du CEPOQ

Annexe 14 : Conférence présentée à la JRPO 2015 et en webinaires aux
producteurs participants



2015

Développement d'un programme de sélection génétique pour la brebis laitière au Québec



Johanne Cameron
agr. M.Sc
Consultante,
Chargée de projets en
production ovine



AVANT TOUT...

REMERCIEMENTS

Cathy Thériault Landry, CEPOQ
Mélanie Larochelle, CEPOQ
Larry Schaeffer, généticien, CGIL
Bill Skotniki, programmeur, CGIL
Robert Moore, Ph.D. Valacta
Caroline Brunelle, Valacta
Jacques Kirouac, Bergère
Les contrôleurs et le personnel de Valacta

Ferme Lait brebis du Nord
Bergerie Nouvelle-France
Bergerie La Comtoiserie
Ferme du Chien Blanc
Ferme Mouton Blanc
Ferme Fou du Berger
Ferme Solidar
Bergerie Les Roses
Bergerie laitière Sargy



Plan de présentation

- Introduction
- Rappel sur le(s) projet(s) et ses objectifs
- Méthodologie
- Les résultats génétiques et analyses
- Les rapports génétiques
- Conclusion



Introduction

- Secteur ovin laitier, en plein essor au Québec
- Demande grandissante pour les fromages fins
- Les besoins des producteurs/transformateurs :
 - Lait de **qualité** (gras, protéine, CCS) en **quantité**
- Comment identifier les meilleurs sujets ?
 - Pas de programme d'amélioration génétique
 - Amélioration de la quantité ... races laitières
 - Sélection sur quantité... une option qui a ses limites ...
- **Qualité du lait vs quantité de lait**
 - **Corrélations génétique négatives**
 - Quantité de lait vs taux de protéine $-0,47 \pm 0,05$
 - Quantité de lait vs taux de gras $-0,34 \pm 0,07$



Introduction

- Des données historiques disponibles chez Valacta ...
 - Deux races principalement évaluées (EF – CU)
 - Beaucoup de croisées ou de génotypes inconnus
 - Peu de troupeaux font des contrôles (14 par le passé)
- Des constats :
 - Troupeaux de petite taille (peu de progénitures/bélier)
 - Sous utilisation du contrôle laitier = \$... précision
 - Pas de facteurs d'ajustement « ovins »
 - Insémination artificielle rare (peu de race pure)
 - Pas de données généalogiques, pas de liens***
 - Des informations essentielles non disponibles
 - Nombre de lactation, nombre d'agneaux nés...



Introduction

- On part de loin mais ...
- Il y a un potentiel d'amélioration extraordinaire ...
- Caractères laitiers = héritabilité modérée à élevée
 - LAIT = 32%
 - GRAS = 26%
 - PROTÉINE = 28%
 - Avec ces niveaux d'héritabilité ... amélioration rapide
- Ex: France + 6,8 litres/an/brebis (Lacaune)
 - 1965 : 86 litres en 150 jours de traite
 - 1975 : 135 litres en 158 jours de traite
 - 1985 : 189 litres en 158 jours de traite
 - 1995 : 263 litres en 165 jours de traite
 - 2005 : 283 litres en 160 jours de traite

Barillet et al., 2007





Financement :
 Programme d'appui financier aux regroupements et aux associations de producteurs désignés (MAPAQ).
 Volet C. Appui à la réalisation de projets novateurs et structurants.

RECHERCHE

Objectifs

Mettre en place un programme de sélection génétique adapté au secteur de la brebis laitière grâce à l'intégration de mesures précises des composantes du lait de brebis.

- Développer un système d'analyse permettant d'évaluer précisément les composantes du lait de brebis;
- Définir la courbe de lactation des brebis laitières;
- Développer un programme d'évaluation génétique Nord-Américain pour la brebis laitière (bd en ligne) ;
- Développer un partenariat de service avec Valacta;
- Vulgariser les principes de sélection génétique pour la brebis laitière auprès des éleveurs ovins laitiers du Québec.



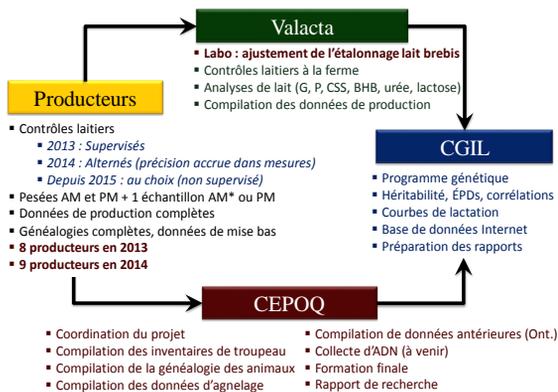
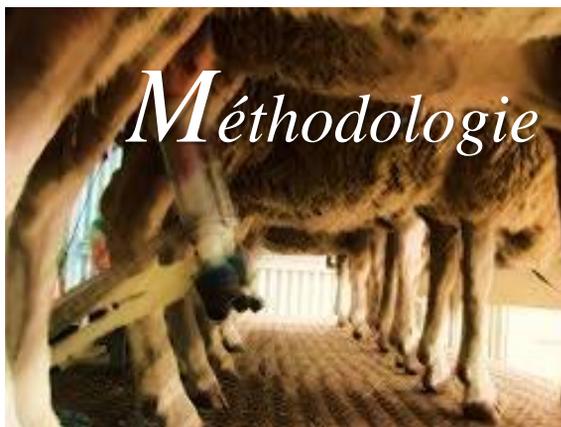
Durée

- Initialement = Mars 2013 – Février 2015
- Contrôles supervisés financés (mai à décembre 2013)
- Mais ... **problématiques importantes en 2013**



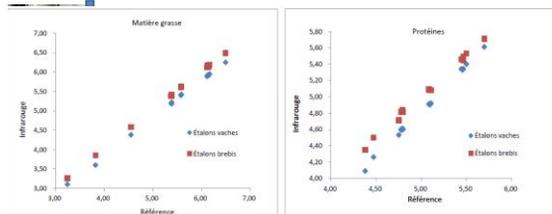
Problématiques rencontrées en 2013

- Problème de fusion entre les bases de données (identifiants)
- Perte du pic de production 2013 – données manquantes (départ tardif du projet)
- Manque de précision des données recueillies à la ferme (une décimale seulement)
- Besoin de plus de sujets et de généalogies dans la base de données
- Second projet ... mêmes objectifs que projet 2013 ... **AJOUTS**
 - Précisions (deux décimales), heures de traite précises et prélèvement d'ADN
 - Contrat avec les participants – ne pas avoir de données manquantes ...



Les premières étapes de travail

- Analyses d'étalonnage chez Valacta
- Le modèle d'analyse génétique
- Les données utilisées



Moyennes des différences entre les méthodes chimiques et analyseur IR

	Gras	Prot.	Lactose
Moyenne des différences avant étalonnage (<i>infra-rouge vache</i>)	-0,19	-0,17	0,13

- Par ailleurs, différences linéaires
- Nécessaire d'utiliser des étalons de lait de brebis ou facteurs de correction

Le modèle d'analyse génétique

■ Un modèle de type «Ferrari» a été développé ...

- Puissant, permet d'isoler tous les effets d'environnement
 - Effet Troupeau – Année – Mois d'agnelage
 - Effet Race – Nbre de parité – Âge de la brebis – Mois d'agnelage
 - Effet Race – Nbre de parité – Année d'évaluation – Mois d'agnelage
 - Effet Race – Nbre de parité – Nombre d'agneau né
 - Effet Race – Nbre de parité – Intervalle entre les deux traites PM-AM
 - Effet Environnement permanent de l'animal

Mais... besoin de plus de données ...

Besoin de plus de 20 000 données complètes (non rejetées)
 À ce rythme, possible d'ici 1 à 2 ans
 Alors il faut continuer!

Le modèle d'analyse génétique

■ Le modèle actuel a dû être simplifié

- Modèle efficace mais moins puissant ...
 - Troupeau – Année – Saison d'agnelage
 - Race *
 - Année d'évaluation – Saison d'agnelage *
 - Nombre d'agneau né *
 - Intervalle entre les deux traites PM-AM *
 - Environnement permanent de l'animal

Ce qui a actuellement pour effet :

- Isole moins efficacement certains paramètres environnementaux
- Affecte la précision de l'évaluation, amène des biais
- Affecte le potentiel de transmission réel (héritabilités élevées)
- Il faut donc observer les résultats avec précautions

La courbe de lactation ciblée

- Courbe de lactation complète
 - Au départ, assume besoin de 5 covariables
 - Besoin de 4 contrôles complets
 - Tracé de la courbe de lactation 5 à 220 jrs

Données utilisées

- Toutes les données recueillies, du 15 juin 1996 au 6 novembre 2014

Données du Québec et de l'Ontario - initial	19 302
Animaux avec pesées de lait AM et PM	11597
Animaux avec pesées de lait AM ou PM (traite 2x/jour)	6427
Animaux avec une seule traite par jour (production 24h)	37
TOTAL	18061

Plus de 60% des données proviennent du Québec
 Données Ontario – Excellentes connexions généalogiques

- Autres données rejetées, raisons de rejets :
 - ✓ Codes Valacta (trop fraîche, trop tôt, malade, pesée manquante ...)
 - ✓ Identifiants incomplets, données d'agnelage non disponible ***
 - ✓ Nombre de jours en lait hors de la courbe standard (5 à 220 jours)

17 886 données utilisées dans le dernier calcul

Données utilisées

- Nombre total de sujets évalués (Québec- Ontario) : 1996-2014

Brebis avec données de production	2878
Pères de femelles en production	145
Mères des brebis (avec ou sans données de production)	1277
Nombre total de sujets dans la base de données (pedigree)	3023

**Peu de sujets évalués pour le moment ...
La profondeur des pedigrees est essentielle**

- En 2013 : manque d'informations généalogiques (trous dans les pedigrees)
- En 2014 : des filles ont commencé à produire, des liens se créent avec les pères
- Amélioration de la précision avec liens accrus entre les individus et générations

**Essentiel de fournir des données généalogiques complètes et
données d'agnelage complètes sur une base régulière**



Effets races et croisements

	Nbre de données	% des données
½ East-Friesian ou plus	10 669	76,9%
¼ à ¾ East-Friesian	2286	15,6%
½ Lacaune ou plus	946	11,1%
¼ à ¾ Lacaune	934	5,5%
½ East-Friesian * ½ Lacaune	681	4,0%
½ British Milk Sheep ou plus	23	0,1%
¼ à ¾ British Milk Sheep	71	0,7%
½ East-Friesian * ¼ British Milk Sheep	30	0,2%
½ Lacaune * ½ British Milk Sheep	0	0,0%
Tous les autres croisements	1221	7,2%
TOTAL	16 861	

Production - effets races et croisements

Paramètres	EF (¾+)	EF (½-¾)	CU (¾+)	CU (½ à ¾)	½EF * ½CU	XX
LAIT (kg)						
Production journalière moyenne	0,92	0,82	1,10	0,96	0,97	0,81
24h	1,65	1,38	1,76	1,58	1,68	1,36
GRAS (%)	5,70	5,74	5,51	5,58	5,88	5,80
Protéine (%)	4,86	4,97	5,04	5,01	5,20	4,90
Score cell. somatique	12,07	11,45	11,47	11,17	11,59	11,35
Urée mgN/dl	22,37	21,75	21,30	22,06	20,81	21,64
Lactose (%)	4,74	4,71	4,73	4,73	4,68	4,71
BHB (mmol/l)	0,14	0,12	0,16	0,16	0,14	0,13

Performances laitières - races

• Effet des parités sur la production lait-gras-protéines

PARITÉ 1 :
Plus la quantité de lait est importante, plus les composantes sont à la baisse.
Mais un peu moins pour croisement contenant ½ à ¾ Lacaune

PARITÉ 2. = Observations un peu différentes...
Malgré une production laitière supérieure, les croisements contenant race Lacaune, maintien et même composantes légèrement supérieures

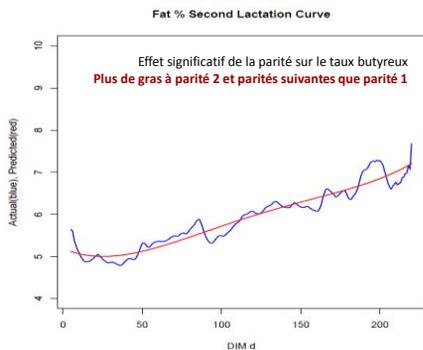
Moyenne globales	Production moyenne	Écarts	Effets significatifs*	
Lait (kg)	1,39 ± 0,79	0,10 à 5,80	R*T	P
Gras %	5,72 ± 1,31	1,63 à 13,33	R*T	P
Protéine %	4,92 ± 0,71	1,65 à 12,41	R*T	

* Effets significatifs (p<0,05) R = Race P = Parité T = Troupeau

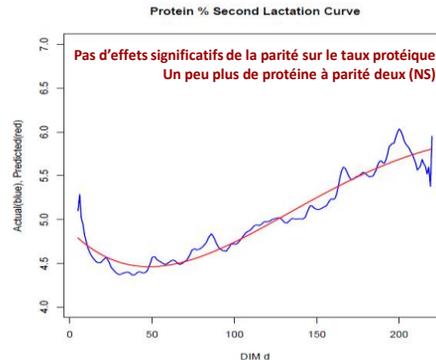
Courbes de lactation = lait

Milk Yields Second Lactation Curve

Courbes de lactation = gras



Courbes de lactation = protéines



Production - effets races et croisements

Paramètres	EF (3/4 +)	EF (½ - ¾)	CU (3/4 +)	CU (½ à ¾)	½EF * ½CU	XX
LAIT (kg)	0,92	0,82	1,10	0,96	0,97	0,81
Production journalière	0,73	0,56	0,66	0,62	0,71	0,55
	1,65	1,38	1,76	1,58	1,68	1,36
GRAS (%)	5,70	5,74	5,51	5,58	5,88	5,80
Protéine (%)	4,86	4,97	5,04	5,01	5,20	4,90
Score cell. somatique	12,07	11,45	11,47	11,17	11,59	11,35
Urée mgN/dl	22,37	21,75	21,30	22,06	20,81	21,64
Lactose (%)	4,74	4,71	4,73	4,73	4,68	4,71
BHB (mmol/l)	0,14	0,12	0,16	0,16	0,14	0,13

Comptage de cellules somatiques



- Niveaux trop élevés ...
- Moyenne totale de 736 000 CCS (écart de 1000 à 9 999 000)
- Québec seulement = 802 000 CCS**

Quelques données de la France sur le CSS ...

- Il n'est pas rare de rencontrer des moyennes de 1 000 000 CSS
- Mammites cliniques ovins < 5% vs bovins ~ 30%, mais beaucoup cas subcliniques
- CSS normalement plus élevé : multipares, stade de lactation, faibles productrices
- Une hausse de 100 000 de la moyenne CSS = une hausse 2% subcliniques
- 2 comptages CSS < 500 000 = pis sain - Supérieur à 1 000 000 = infection
- Rayon Roquefort – pénalité sur paiement du lait depuis 1993
 - Si moyenne supérieure à 800 000 CSS = pénalité sur paiement du lait
 - De 1993 à 2004 = baisse de 800 000 à 600 000 de CSS

Production - effets races et croisements

Paramètres	EF (3/4 +)	EF (½ - ¾)	CU (3/4 +)	CU (½ à ¾)	½EF * ½CU	XX
LAIT (kg)	0,92	0,82	1,10	0,96	0,97	0,81
Production journalière	0,73	0,56	0,66	0,62	0,71	0,55
	1,65	1,38	1,76	1,58	1,68	1,36
GRAS (%)	5,70	5,74	5,51	5,58	5,88	5,80
Protéine (%)	4,86	4,97	5,04	5,01	5,20	4,90
Score cell. somatique	12,07	11,45	11,47	11,17	11,59	11,35
Urée mgN/dl	22,37	21,75	21,30	22,06	20,81	21,64
Lactose (%)	4,74	4,71	4,73	4,73	4,68	4,71
BHB (mmol/l)	0,14	0,12	0,16	0,16	0,14	0,13

Urée



- Urée
- Effet significatif de la parité (plus d'urée à parité 2+)
- Effet significatif du troupeau ... 14,9 à 23,2 (seuil max 39,9)
- Effet significatif race * troupeau (trois troupeaux très élevés)

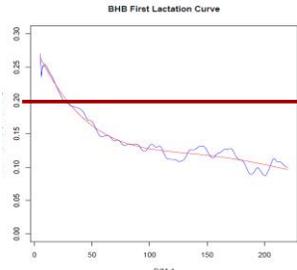
	Haut	FRANCE (mgN/dl)	QUÉBEC (mg/dl)*
		≥ 3,0	≥ 14
BOVINS	Idéal	20-30	10-15
	Trop haut	≥ 580	≥ 27,0
	Haut	500 – 580	23,4 à 27,0
OVINS***	Idéal	340 – 500	15,8 à 23,4
	Bas	250 – 340	11,6 à 15,8
	Trop bas	≤ 250	≤ 11,6

Certains troupeaux ont des moyennes d'urée beaucoup trop hautes. Ajustements alimentaires nécessaires.

* Pourcentage de N dans une mole d'urée

BHB

- CetoLab pour brebis laitières ? = niveaux qualitatifs seulement
- Niveaux quantitatifs (diagnostic) non déterminés comme bovins
CetoLab – développé pour bovins



- Niveaux de BHB (0 à 50 jrs)**
- Affectés significativement par :
 - Parité (plus à parité 1)
 - Transition, ration début lact?
 - **Effet significatif Troupeau**
 - Deux troupeaux avec près du double du niveau moyen des autres fermes (> 0,30)

Effet saison de mise bas

Période	Lait (kg)	Gras (%)	Protéine (%)	Lactose (%)	SCS	Urée	BHB
PARITÉ 1							
Janv-Fév	0	0	0	0	0	0	0
Mars-avril	-4						
Mai-Juin	-8,9						
Juil-Août	-6,6						
Sept-Oct	-5,5						
Nov-Déc	6						
Paramètres zootecniques de production							
Janv-Fév	0						
Mars-avril	-27						
Mai-Juin	-7,9						
Juil-Août	-17						
Sept-Oct	-5,4						
Nov-Déc	-17	0,37	0,08	0,04	0,09	0,15	0,04

- Lactation d'été : effet négatif assez important
 - Chaleur?
 - Changements alimentaires?
 - Combinaison de facteurs?
- Automne, manque de données ... baisse moins marquée
 - Lumière ... effet moins marquée que littérature
- ... est-ce un effet de lumière? On ne sais pas... à explorer

Effets nombre né

- Chèvres laitières, plus de lait lors de portées multiples (3, 4)
- Effets similaires rapportés chez les brebis (France)
- Prolificité : affectée par la race et le nombre de parité...
- Mais, pas encore assez de données pour évaluer chaque traits

Type de portée	Nombre de données	%
Simple	5170	28,6
Double	9873	54,7
Triplet	2676	14,8
Quadruplet et +	342	1,9

- Moyenne toutes races de 1,90 agneaux nés/agnelage
- CU = 1,82 nés/agnelage et EF = 1,84 nés/agnelage (faible...)
- Hybrides CU*EF = plus prolifiques avec près de 2,10 agn nés

Effets du nombre né

- Résultats des premières analyses génétiques = inverse
 - Manque de données dans le programme génétique
 - Données incomplètes et parfois le nombre né était inconnu
- Année 2014 – plus d'assiduité pour la prise de notes!
- Les données observées vont dans le sens de la littérature ...
 - LAIT : PORTÉE SIMPLE < JUMEAUX < TRIPLETS (Parité 1, 2)
 - GRAS : PAS D'EFFETS NOTABLES
 - PROTÉINE : PAS D'EFFETS NOTABLES
- PORTÉE DE QUADRUPLET... PAS ENCORE ASSEZ DE DONNÉES

Effets intervalle de traite

- Intervalle de traite, données compilées à la ferme :
 - En général: traite PM suivi d'une traite AM (heure de début indiquée)
 - Dans ce cas, le même intervalle s'applique à toutes les brebis *
 - Ex : PM à 17h00 / AM à 6h00 = intervalle 13h PM à AM et 11h AM à PM)

On assume que :

- Relativement le même ordre de traite
- La traite se fait ~ 1h
- Intervalle + long, Quantité de lait + grande (Tendance quantité lait AM > PM)



Effets intervalle de traite

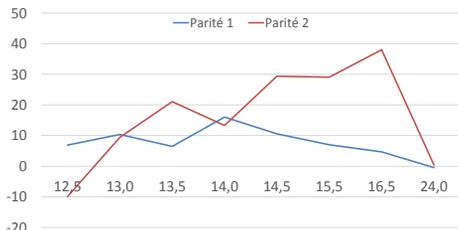
- Année 2013 - Observations ...
 - Effet inverse = Production + faible AM, même si intervalle + long
 - Explications ... traite plus longue que 1h pour certains troupeaux ... ordre de traite variable, manque de précision
- SOLUTION ... projet 2014
 - Heure exacte pour chaque brebis – bâton de lecture ou PSION



Psion Bergère Mobile

Effets intervalle de traite

Effet de l'intervalle de traite sur la production de lait AM
Effet cumulé sur la production AM durant toute la lactation



Plus grande précision dans les évaluations génétiques
Car ce facteur entre dans le modèle et est précisé



Rapports génétiques

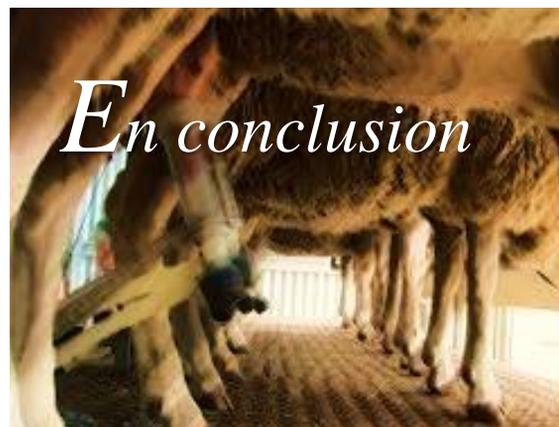
■ Ce qu'on peut observer actuellement ...

- Avec la 2e année... plus de profondeur de pedigrees, avec données
- HÉRITABILITÉ très élevée (trop élevée)

	FRANCE	QUÉBEC	
LAIT =	32%	60%	130 000 brebis - 2670 béliers
GRAS =	26%	43%	vs
PROTÉINE =	28%	54%	1277 brebis - 145 béliers

Le programme permet d'identifier les meilleures productrices
Mais surestime actuellement le potentiel génétique

- CORRÉLATION parité 1, vs parité 2 = bonne
- PRÉCISION = élevée, car hérabilité élevée
 - Des filles commencent à être évaluées = positif sur l'évaluation
- Consanguinité basse ... certains pedigrees incomplets



En conclusion

• Pour nous... ce qu'il reste à faire

- D'autres évaluations génétiques (données 2015)
- Automatisation des calculs - Base de données en ligne
- Rapports de production faciles à lire et à utiliser
- Échantillons d'ADN sur les fermes
- Formation aux producteurs, à venir en 2015

• Ces données ouvrent la porte à des projets

- Saison et production laitière? Effet chaleur, luminosité?
- Préparation mise bas, bon départ de lactation?
 - Difficile de cerner un pic de lactation?
 - Effet préparation alimentaire transition agnelage (BHB)?
- Hétérosis des croisements? Modèles de production?



Merci!



L'équipe génétique du CEPOQ





Rapports génétiques

- Toutes ces données, toutes ces analyses = données génétiques
 - Évaluer les différences de production qui sont dues à la génétique
 - Évaluer héritabilité des caractères, potentiel de transmission génétique
 - Évaluer corrélations entre les différents paramètres
 - Évaluer précision de l'évaluation génétique
 - Produire valeurs d'élevage estimée (EBV) – données génétiques
 - EBV quantité de lait
 - EBV quantité de protéine
 - EBV quantité de gras ...
 - Produire PERCENTILE (rang dans la population)
- Rapports produits en juin 2014, août 2014 et mai 2015
- Pour le moment : meilleure productrices, très bonnes données génétiques
- Analyses toujours en cours, avec ajouts de données



Rapports génétiques

XXX 5812 ZC		Flock: 44444		B.20120321		parity: 1		Tambus 2		
Sire:		XXX 156TC		Dam:		4XRH1111TC				
EBVs		Parity 1		Parity 2+						
	Daus	Recs	EBV	ACC	%	daus	recs	EBV	ACC	%
24h milk	0	3	138.93	57	97	0	1	157.85	51	95
Fat %	0	3	-0.27	57	24	0	1	-0.13	51	39
PROT %	0	3	-0.08	57	42	0	1	-0.07	51	45
Lact %	0	3	1.16	57	80	0	1	0.83	51	74
SCS	0	3	-0.90	57	4	0	1	-1.13	51	4
MUN	0	3	0.25	57	97	0	1	0.19	51	95
BHB	0	3	-0.04	57	7	0	1	-0.09	51	1
Testdate	dim	AM	PM	24h	F%	P%	L%	SCS	MUN	BHB
20130328	22	0.90	0.70	1.60	4.34	4.82	21.10	11.18	5.11	0.26
20130704	59	0.80	1.40	2.20	4.27	4.32	23.40	10.37	5.14	0.15
20130814	100	1.20	0.80	2.00	4.57	4.45	27.00	10.34	4.96	0.08
20140319	13	0.00	1.20	0.00	7.34	4.77	12.40	8.29	5.10	0.26

- La qualité de l'évaluation génétique repose sur :
 - Le nombre de données mesurées chez un animal ;
 - Le nombre filles de cet animal qui ont des données de contrôle laitier ;
 - Le père de cet animal et le nombre de filles issues de ce bélier ;
 - La mère et le nombre de données de contrôle qu'elle a à son actif ;
 - La mère et le nombre de filles qu'elle a (avec données de contrôle)



Valeur d'héritabilité

- Rappel du concept d'héritabilité
 - Probabilité qu'un caractère apparent soit transmis exclusivement par des facteurs génétiques (%)
 - Indique dans quelle proportion la variation observée entre les individus d'une population est le résultat de leur potentiel génétique

- < 20 % = Héritabilité faible (progrès lent)
- 21- 50 % = Héritabilité moyenne
- > 50 % = Héritabilité forte (progrès génétique rapide)



Production - effets races et croisements

Paramètres	136	129	140	1258	269	314
Parité	CU (3/4+)	CU (½ à ¾)	½EF * ¾CU	EF (3/4+)	EF (½ - ¾)	XX
Produit (kg)	153	227	259	219	206	188
GRAS (%)	2,88	3,00	3,25	2,85	2,85	2,97
Protéine (%)	6,24	5,99	5,86	5,87	5,90	5,82
Urée mgN/dl	6,01	6,01	6,00	5,98	5,93	6,01
Score cell. somatique	1	5,47	Lactose : niveau inférieur aux bovins laitiers (Relativement similaire entre race et entre parités)			
Lactose (%)	2+	5,23	Plus haut parité 2 – Plus élevée que vaches laitières Mais dans les normes brebis (15 – 23 mgN/dl)			
BHB (mmol/l)	1	4,6	Moyenne globale > 600 000 CSS Variation de 200 000 à 1100 000 CSS			
	2+	4,4	Relativement similaire entre parité et entre races Niveau sensiblement élevé pour moyenne de production			
	1	0,13	0,15	0,14	0,15	0,13

Performances laitières - races

• Un troupeau a plus d'influence sur le nombre de sujets et de sujets/race... effet sur interactions R*T

Croisements CU * EF

- Produisent plus de lait que les croisées EF et croisées
- Produisent plus de gras que les autres races ou croisements
- Produisent plus de protéines que les autres races ou croisements

Sujets avec haut pourcentage de EF

- Produisent plus de lait que les croisées EF et croisées
- Produisent moins de protéines que les autres croisements

Paramètres analysés

- Quantité de lait AM, Quantité de lait PM
- Quantité de lait 24h
- Pourcentage de gras
- Pourcentage de protéines
- Comptage de cellules somatique
- Urée
- Beta-hydroxybutyrate (BHB)



- Troupeau
- Race de l'animal ou croisement

Nombre né : 1, 2 ou 3 (3 et +)
Catégorie 4 = données manquantes (affecte l'évaluation)*

- Date du test, nombre de jours en lait
- Intervalle entre les contrôle PM vs AM ou AM vs PM

Production - effets races et croisements

Paramètres	EF (3/4+)	EF (½ - ¾)	CU (3/4+)	CU (½ à ¾)	½EF * ¾CU	XX
LAIT (kg)	0,92	0,82	1,10	0,96	0,97	0,81
Production journalière	0,73	0,56	0,66	0,62	0,71	0,55
GRAS (%)	1,65	1,38	1,76	1,58	1,68	1,36
Protéine (%)	5,70	5,74	5,51	5,58	5,88	5,80
Score cell. somatique	12,67	14,45	13,47	11,67	14,59	10,35
Urée mgN/dl	Lactose : niveaux inférieurs aux bovins laitiers (Valacta) Niveaux relativement similaires entre races et entre parités					
Lactose (%)	4,74	4,71	4,73	4,73	4,68	4,71
BHB (mmol/l)	0,14	0,12	0,16	0,16	0,14	0,13

Annexe 15 : Article de présentation de projet Ovin Québec Hiver 2014

Léda Villeneuve, agr. M.Sc. Coresponsable de la R & D, CEPOQ

Johanne Cameron, agr. M.Sc. Chargée de projets, CEPOQ

Ça bouge en R & D pour la **production ovine laitière** !



**Agriculture, Pêcheries
et Alimentation**

Québec



Financé par le MAPAQ grâce au programme d'appui financier aux regroupements et aux associations de producteurs désignés volet C : appui à la réalisation de projets novateurs et structurants le projet : **Développement d'un programme de sélection génétique pour la brebis laitière au Québec** a démarré en avril 2013. En novembre dernier, il a conduit à la rédaction d'un second projet : **Création de la première banque d'ADN - ovins laitiers & récolte de données laitières supplémentaires nécessaires au développement de GenOvis-ovins laitiers**, lui aussi financé par le même programme. Ces deux projets sont donc menés en parallèle, et ce, par une équipe composée du CEPOQ, de Valacta, de la FPAMQ, du Centre d'expertise fromagère du Québec (CEFQ) et du Centre for Genetic Improvement of Livestock (CGIL).

Pourquoi deux projets chez la brebis laitière ? Dans un premier temps, voyons pourquoi un premier projet était nécessaire. Nous décrirons ce qui a été fait au cours de ce projet et les raisons qui ont conduit à la réalisation du second projet.

Mise en contexte...

Le secteur de la brebis laitière est en pleine émergence au Québec. Il est essentiel de sélectionner des femelles produisant une quantité de lait suffisante répondant aux besoins des transformateurs. Toutefois, deux points affectent le potentiel de développement de cette industrie : **l'absence d'analyses adaptées au lait de brebis et d'un programme de sélection génétique**, dépendant des données de contrôle laitier. Au Qué-

bec, les analyses laitières sont effectuées par Valacta qui dispose de la meilleure expertise dans ce secteur. Toutefois, vu le faible effectif de brebis, les échantillons de lait sont évalués selon les courbes standard des bovins (analyses infrarouges). En raison du niveau de gras et de protéines du lait de brebis, qui est près du double de celui de la vache, les résultats sont erronés. La majorité des producteurs ont ainsi abandonné le contrôle laitier puisque les résultats n'étaient pas réels et ne leur donnaient pas d'indice pour sélectionner les meilleurs géniteurs. Devant cette situation, une partie des éleveurs effectuent leur sélection sur des caractéristiques phénotypiques et améliorent leur production en intégrant des races pures laitières. Générale-

ment, ce type de sélection, combiné à une amélioration de la régie d'élevage, permet d'améliorer la production laitière, mais celle-ci devient rapidement stagnante puisqu'elle ne permet pas d'identifier les sujets ayant le potentiel de transmettre les meilleures capacités laitières. D'autres éleveurs, qui disposent du matériel adéquat pour faire des pesées de lait à la ferme, base leur sélection sur les rendements laitiers. Bien qu'intéressant pour améliorer la productivité laitière totale des brebis, ce type de sélection met toutefois de côté l'importante notion de « qualité du lait ». En ce sens, de nombreuses études ont rapporté que la production et la composition du lait (gras, protéines, caséine et protéines du sérum)



étaient génétiquement corrélées négativement. Ainsi, une sélection axée uniquement sur la quantité de lait se fait au détriment de sa composition. Il faut rappeler qu'en élevage de brebis laitières, la composition du lait revêt une importance considérable, car l'essentiel de la production est destiné à la fabrication de fromages. Le revenu du producteur ou du producteur-transformateur résulte donc de la combinaison à la fois du volume de lait livré et de sa qualité. Comme pour les autres ruminants laitiers, la production et la composition du lait des brebis laitières sont affectées par l'alimentation, le stade de lactation, la régie, le système de traite, mais aussi par

les facteurs génétiques (Flamant et Morand-Fehr 1982, Treacher 1983 et 1989, Bocquier et Caja 1993, Caja et Bocquier 1998). Il est donc essentiel de disposer d'outils génétiques permettant d'identifier les brebis ayant un potentiel génétique élevé pour les deux critères : quantité et qualité. En France, l'accès à des analyses précises, à des registres de production et à un programme d'évaluation génétique performant a permis aux éleveurs d'ovins de race Lacaune de maintenir les composantes laitières tout en augmentant la production laitière des brebis de façon impressionnante (Barillet et al 1993). L'évolution a été telle, que dans cette race, la production a été multipliée par 2,5

en 25 ans, sans perdre les qualités des composantes, tant recherchées par les transformateurs. Au Québec, pour assurer le plein potentiel de développement de ce secteur, il s'avère essentiel d'avoir des outils précis pour l'analyse du lait, de même qu'un programme de sélection génétique performant.

Les objectifs...

Au terme de ces projets, un programme d'évaluation génétique, **GenOvis-ovins laitiers**, sera accessible aux producteurs de brebis laitières sur base Web. Plus spécifiquement, les deux projets regroupent les objectifs présentés au **tableau 1**.



*Tableau 1. Objectifs spécifiques des deux projets**

A. Développer un programme d'évaluation génétique basé sur les performances dans les fermes et détermination des courbes de lactation (projets 1 et 2).	
B. Développer un système d'analyse permettant d'évaluer précisément les composantes du lait de brebis (projet 1).	
Objectifs du projet 2 = sous-objectifs du projet 1 (A et B)	1. Optimiser la collecte des données laitières
	2. Pallier à la problématique de précision des données laitières
	3. Améliorer la fusion entre les bases de données de Valacta, de BerGère et de GenOvis
C. Développer et consolider un partenariat Valacta-CEPOQ (projets 1 et 2).	
D. Vulgariser les principes de génétique et de sélection ovine laitière auprès des éleveurs ovins laitiers du Québec (projets 1 et 2).	
E. Création de la première banque d'ADN- ovins laitiers (projet 2).	

*Projet 1 : Développement d'un programme de sélection génétique pour la brebis laitière au Québec

Projet 2 : Création de la première banque d'ADN - ovins laitiers & récolte de données laitières supplémentaires nécessaires au développement de *GenOvis-ovins laitiers*



Ce qui a été fait... et les problèmes rencontrés

Jusqu'à maintenant, huit producteurs ovins participent activement à ce projet. Dans un premier temps, ils ont fourni les données fondamentales relatives aux brebis à la traite afin d'élaborer le programme (liste ATQ, date de naissance, généalogie la plus complète, productivité laitière antérieure si disponible, composition raciale, date d'agnelage, date de début des traites, poids des agneaux à la naissance si disponible, nombre d'agneaux nés et ATQ de ceux-ci, système de traite utilisé, etc.) Afin d'augmenter le nombre de données de production, les producteurs ont été invités à fournir, lorsque disponibles, les données de production antérieures de leur troupeau.

Entre mai 2013 et décembre 2013, des contrôles laitiers mensuels ont eu lieu chez ces producteurs. Le démarrage tardif du projet en mai a causé une problématique puisque, connaissant la saison de production laitière saisonnière des brebis, les premiers mois de lactation (incluant la période de pic de lactation) entre janvier et avril n'ont pas fait l'objet de contrôles laitiers. Ainsi, les données de production et de composantes laitières pour cette période ne sont pas disponibles, d'où l'intérêt de refaire une année de collecte de données mais cette fois dès janvier 2014. Une année de collecte entière permettra de bien tracer la courbe de lactation des brebis laitières au Québec, information nécessaire dans la mise en place d'un programme



d'évaluation génétique. Dans un même ordre d'idée, plus le nombre de données est élevé, plus précises seront les analyses et la mise en place d'équations génétiques requises par le programme.

M. Larry Schaeffer, généticien à CGIL, développera ce programme. M. Schaeffer est reconnu internationalement : il est d'ailleurs le créateur des calculs du programme d'évaluation génétique des bovins laitiers.

En décembre dernier, l'équipe du projet a rencontré les producteurs ovins laitiers qui désirent s'impliquer dans le projet pour la prochaine année, afin de maintenir la participation des huit producteurs et d'en recruter de nouveaux. Le budget de ce projet est très avantageux pour les producteurs puisqu'environ 70 % des coûts liés aux contrôles et aux analyses de lait sont couverts.

Vous êtes producteurs ovins laitiers et n'avez pu assister à cette rencontre, mais vous êtes intéressés à participer? Il n'est pas trop tard mais faites vite ! Communiquez avec Johanne Cameron par courriel¹ pour obtenir davantage d'informations et pour connaître les exigences de participation.

À ce jour, plus de 5 200 échantillons de lait, provenant de plus de 1 500 brebis, ont été analysés pour les composantes laitières dans les laboratoires de Valacta. Ce nombre n'est toutefois pas suffisant pour développer un programme d'amélioration génétique, d'autant plus que la plupart de ces échantillons proviennent de brebis en milieu ou fin de lactation. En 2014, le projet sera ouvert à plus de producteurs. Avec une plus grande participation et la collecte de données sur des lactations complètes, nous

¹ johanne.cameron@cepoq.com



souhaitons hausser le nombre de données contenues dans la base d'analyse génétique et ainsi favoriser le calcul des ÉPD. Par ailleurs, en 2014 des échantillons de lait seront pris chez quelques producteurs le matin et le soir du contrôle (plutôt qu'une seule fois par jour), et ce, afin de permettre la détermination d'un facteur d'ajustement de la composition du lait en fonction du moment de la collecte de l'échantillon. Chez le bovin laitier, si l'écart entre la traite du soir et celle du matin est de plus de 12h, la traite du matin est généralement plus riche en composantes laitières. Le même phénomène est donc très probable chez la brebis laitière.

En créant un facteur d'ajustement, les producteurs pourraient alors échantillonner le lait le matin ou le soir et les composantes laitières (gras, protéine) seraient ajustées adéquatement en fonction du moment d'échantillonnage, tel qu'actuellement fait chez le bovin laitier.



Le travail est commencé à CGIL...

Du côté de CGIL, M. Schaeffer a déjà commencé la base de calcul d'analyse génétique. Ses programmes ont déjà reçu les données laitières obtenues lors de la dernière année pour ainsi évaluer les premiers ÉPD qu'il a développés. Actuellement, la plus grande problématique réside dans la difficulté de fusionner la base de données provenant du programme de performances de Valacta à celle de GenOvis. Le défi lié à cette fusion repose sur la question des identifiants ATQ. Ceux-ci se doivent d'être complets et comprendre neuf chiffres et un travail de validation doit être fait afin de faire correspondre les bons animaux entre les deux bases de données.

D'autre part, un manque de précision dans la collecte des données de production a été noté au cours du projet. Au Canada, les lactomètres utilisés pour effectuer les contrôles laitiers doivent être reconnus et accrédités pour l'échantillonnage du lait. Les modèles de lactomètres utilisés dans le cadre du projet (Waikato) sont spécifiquement développés pour les brebis et les chèvres et ont un degré de précision de 50 ml. La plus petite mesure étant de 0,2 litre, puis la graduation s'effectue aux 50 ml : 0,2 litre, 0,25 litre, 0,30 litre, 0,35 litre... Le problème rencontré ici n'est pas la précision des lactomètres, mais la précision du système utilisé par Valacta. En effet, le système de Valacta a été développé pour des vaches qui présentent d'importants volumes

de production de lait; ce système ne considère qu'un seul chiffre après la virgule. Ainsi, une brebis présentant une production près de la barre du 0,45 litre est ramenée à 0,4 litre. De façon similaire, une brebis ayant une production dépassant légèrement 0,45 litre, est ramené à 0,5 litre. Il peut ainsi y avoir une différence de 100 ml entre les différentes brebis mesurées et ces différences ne sont pas réelles. Ce n'est donc pas le lactomètre qui ne permet pas de mesurer la quantité précise de lait, mais plutôt le système informatique développé pour de fortes productrices laitières qui ne peut considérer qu'un seul chiffre après la virgule. Ceci représente une problématique majeure pour les brebis laitières puisque leur production est très faible, comparée au bovin laitier, et qu'une différence de 100 ml peut faire une différence importante entre deux brebis. Cet écart pourrait affecter la précision des calculs génétiques. Ainsi, en 2014, toutes les données saisies à la ferme devront compter deux chiffres après la virgule pour rencontrer le niveau de précision requis par le programme d'évaluation génétique. Dans l'avenir, les systèmes de collecte de données devront être ajustés afin de répondre au besoin de cette industrie. Notons que les données laitières prises au cours de 2013 ne sont pas entièrement perdues et qu'elles seront intégrées une fois le système modifié pour recevoir des valeurs de production considérant deux chiffres après la virgule.



Chez Valacta...

Le laboratoire a procédé à la première calibration de ses machines d'analyse, au début du mois de juin 2013, soit suite à la réception des premiers échantillons des producteurs participants au projet. Afin de procéder à la calibration, des échantillons de lait frais (échantillons de réservoir et échantillons de brebis) ont été récoltés au sein de différentes entreprises ovines et ces premiers ont tous été analysés en chimie humide (composantes complètes réelles). Le résultat de ces analyses a permis d'ajuster la calibration de la machine d'analyse. Ainsi, depuis le mois de juin 2013, les producteurs ovins laitiers du Québec bénéficient d'analyses réelles des composantes de leur lait de brebis. Valacta a procédé à une deuxième série d'analyses chimiques en octobre 2013 dans le but de valider la calibration durant la saison de traite. Bien que ces analyses chimiques aient permis d'ajuster la calibration et de mieux déterminer les composantes du lait de brebis, les nouvelles connaissances sur la saisonnalité de la production du lait de brebis au



Québec amènent des biais sur la précision et la validité de ces analyses au fil de la saison. En effet, puisque la plupart des troupeaux ont une régie de production similaire, soit saisonnière (la plupart des mises bas survenant entre les mois de janvier et de mars), il est fort probable que les composantes évoluent de façon relativement similaire durant la saison entre les troupeaux. Il aurait ainsi été souhaitable de procéder à plus de deux analyses chimiques visant à calibrer les courbes d'analyse. Des analyses réalisées à intervalle bimensuel sont ainsi prévues en 2014, et ce, grâce au financement obtenu par le nouveau projet.

Un projet à l'avant-garde...

Avec l'avènement de la génomique qui gagne en popularité, le second projet compte préparer une banque d'ADN, la première en Amérique du Nord. Bien que ce ne soit pas un objectif essentiel pour la mise en place du programme d'évaluation génétique, c'est un objectif qui se veut très intéressant et l'équipe de recherche y a vu une opportunité de réalisation. Dans l'avenir, des projets en génomique seront mis de l'avant et le secteur de la brebis laitière pourra en bénéficier.

Un programme et des services intéressants pour le printemps 2015

Au terme des projets, la mise en place d'un service d'analyses précis pour le lait de brebis laitière favorisera la participation des éleveurs ovins laitiers à ce service. Rappelons qu'actuellement, la forte majo-

rité des éleveurs ont abandonné ce service en raison des résultats non représentatifs de la qualité de leur lait. Pendant le projet, le nombre de participants ainsi que le nombre d'analyses effectuées seront des indicateurs de résultats. Pour 2014, les données de lactation devront être prises **dès le début** de lactation des brebis laitières, et ce, chez un nombre plus important de producteurs. Les améliorations entre les bases de données permettront de mettre en place un programme d'amélioration génétique encore plus complet et fiable, basé sur des données plus nombreuses et couvrant la période entière de lactation des brebis. La précision sera améliorée et cet aspect aura un impact direct pour la sélection des producteurs à très court terme. Par ailleurs, la mise en place du programme d'évaluation génétique et du portail Web permettra aux éleveurs de sélectionner les meilleurs géniteurs. Les caractères reliés à la production laitière présentant une héritabilité moyenne à élevée, une amélioration de la production et des composantes dans le futur est envisagée. Le partenariat de service CEPOQ-Valacta, combiné à des formations et à un encadrement adéquat des producteurs, vise à assurer une participation à long terme des producteurs à ce programme et aux contrôles laitiers.

D'ici à ce que tout ceci soit bien en place et disponible, bonne traite !



Annexe 16 : Article de présentation des résultats Ovin Québec Été 2016

Léda Villeneuve, agr. M.Sc. Coresponsable de la R & D, CEPOQ

Mélanie Larochelle, agr. M.Sc., généticienne, CEPOQ.

Le secteur de la **brebis laitière** maintenant doté d'un **programme d'amélioration génétique** !



**Agriculture, Pêcheries
et Alimentation**

Québec



Au cours des trois dernières années, deux projets en R&D dans le secteur de la brebis laitière ont été réalisés en parallèle afin de mettre en place un programme d'amélioration génétique pour ce secteur. Ainsi, grâce au financement du MAPAQ par son volet C du Programme d'appui financier aux regroupements et aux associations de producteurs désignés, à la participation des producteurs ovins laitiers et la collaboration des partenaires du projet, il est dorénavant possible pour un producteur de brebis laitières de sélectionner ses animaux en tenant compte de la production laitière et des composantes laitières de ses brebis, le tout, intégré dans des évaluations génétiques.

Mise en contexte

D'avril 2013 à décembre 2014, les producteurs ovins laitiers participants ont procédé à des contrôles laitiers mensuels en plus d'échantillonner le lait des brebis à la traite lors de ces contrôles. Ils devaient aussi fournir les données d'inventaire à GenOvis ainsi que toutes les données d'agnelage des brebis. En cours d'année 2013, les fusions entre les différentes bases de données (BerGère, GenOvis, Valacta) ont causé quelques maux de tête aux programmeurs de CGIL qui développaient le programme. Ces problématiques avaient justifié le financement du second projet (revoyez l'article en page 25 de l'édition hiver 2014 pour plus de détails).

Portrait des données amassées

Au total, ce sont plus de 10 000 données qui ont été amassées provenant de plus de 2 200 femelles en lactation, soit près de la moitié du cheptel de brebis laitière au Québec (**tableau 1**). En plus de ces données laitières, les données de production des animaux ainsi que leur généalogie connue ont été utilisées pour monter la base de données nécessaire à l'élaboration d'un programme d'évaluation génétique. L'objectif premier de ce projet étant de développer un tel programme et pas seulement d'effectuer des analyses de lait, il était indispensable de relier les performances des individus mesurées à leur potentiel génétique. Afin d'assurer le développement d'un programme d'évaluation génétique fiable et complet, il était ainsi fondamental d'obtenir le maximum

d'informations sur la généalogie des animaux, et ce, dans le but d'améliorer la précision des indices grâce à un plus grand nombre de données sur les ascendants ou sur les individus apparentés. Les producteurs devaient ainsi fournir la liste complète de toutes les brebis qui étaient évaluées lors du projet. Pour chacune de ces brebis, les éleveurs devaient fournir la date de naissance de l'animal, sa composition raciale, ses parents (idéalement la généalogie la plus complète), ses frères et sœurs. Pour assurer le développement de la courbe de lactation, les producteurs devaient également fournir la date d'agnelage de chaque animal et celle du début de la traite. Les paramètres environnementaux et de régie pouvant influencer la production et la composition du lait, les éleveurs devaient décrire le système

Tableau 1. Race ou croisement des brebis évaluées au 31 décembre 2014

Race ou croisement des brebis évaluées	Nbre de données	Nbre de brebis	% des brebis	
¾ Lacaune ou plus	663	136	6,1	
½ à ¾ Lacaune	622	129	5,7	
½ East-Friesian * ½ Lacaune	733	140	6,2	
¾ East-Friesian ou plus	5 597	1 258	56,0	
½ à ¾ East-Friesian	1 304	269	12,0	
Croisées	Croisées Lacaune ou East-Friesian	903	176	7,9
	Tout autre croisement	456	138	6,1
TOTAL		10 278	2246	
TOTAL avec père et mère identifiés dans les généalogies		16 070	2 914 sujets	

de traite utilisé dans leur ferme, le nombre d'agneaux nés ou élevés sous la mère (lors de système mixte ou 30 jours) et finalement les aliments servis à la ferme.

Les races utilisées dans les troupeaux participants étaient composées exclusivement de femelles de génotype laitier (East-Friesian, Lacaune ou croisement de ces deux races).

Les pesées laitières régulières ont permis de tracer la courbe de lactation des brebis laitières. La **figure 1** présente celle des brebis de 2^e lactation. Aucun pic de lait n'a pu être observé.

Les pourcentages de gras et de protéines augmentent tout au long de la période de lactation pendant que la production laitière est en diminution.

Des contrôles laitiers effectués le matin et le soir ont quant à eux permis de vérifier si les composantes laitières étaient bien différentes entre le moment de la traite. Le but est de savoir s'il fallait établir un facteur de corrélation entre les échantillons prélevés lors de la traite du matin ou celle du soir. Les analyses ont conclu qu'aucun ajustement n'était requis. Ainsi, le lait des brebis, pour l'analyse des composantes peut se faire à l'une ou l'autre des traites. Par ailleurs, chez Valacta, comme leur expertise et leur analyse laboratoire sont principalement axées sur la production des bovins laitiers, il a fallu, au cours des projets, procéder à un étalonnage de l'analyseur à infrarouge pour la détermination de la composition des échantillons de lait de brebis. Les étalonnages effectués ont montré un biais très important entre les courbes d'étalonnages de brebis laitières par rapport à celles des bovins laitiers. Néanmoins, comme la variation entre les 2 courbes était très linéaire, il est

possible pour VALACTA d'appliquer un facteur d'ajustement sur les composantes analysées provenant de lait de brebis. Ainsi, malgré la recommandation du chimiste qui consistait à faire des étalonnages à intervalles réguliers (ce qui aurait engendré des coûts supplémentaires pour le secteur ovin laitier), les producteurs doivent seulement s'assurer d'indiquer lors de l'envoi des échantillons de lait que c'est du lait de brebis. Au laboratoire, ils appliqueront alors le facteur d'ajustement et les producteurs pourront avoir confiance que les résultats d'analyses représenteront bien la qualité du lait de leurs brebis.

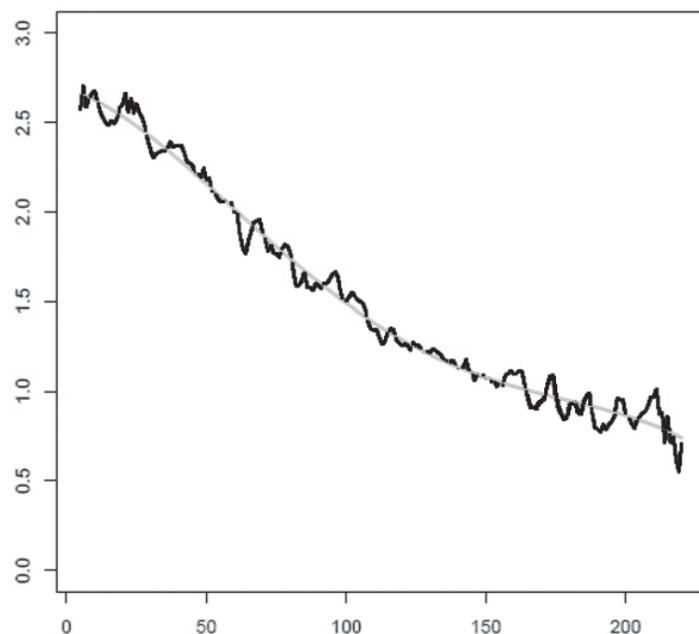


Figure 1. Rendement en lait (kg) en fonction du nombre de jours en lactation des brebis de 2^e lactation. La courbe noire représente les données brutes tandis que la courbe grise représente la tendance prévue.

Le programme d'amélioration génétique GenOvis-ovins laitiers

Ce qui est visé :

Le modèle d'analyse génétique visé a été développé par le généticien pour évaluer les performances des sujets ovins laitiers. Ce modèle considère de nombreux effets dans les analyses, et ce, dans le but de bien cerner le potentiel génétique des animaux. Entre autres, ce système considère les aspects suivants :

- Effet Troupeau – Année d'évaluation – Saison d'agnelage (une saison est composée de 2 mois de mise bas, ex : saison 1 = janvier/février, saison 2 = mars/avril ...)
- Effet Race – Nombre de parités – Âge de la brebis – Saison d'agnelage
- Effet Race – Nombre de parités – Année d'évaluation – Saison d'agnelages
- Effet Race – Nombre de parités – Nombre d'agneaux nés
- Effet Race – Nombre de parité – Intervalle entre les deux traites PM-AM
- Effet Environnement permanent de l'animal
- Et autres aspects génétiques...

Sommairement, ce type de modèle de calcul permet d'isoler tous les facteurs « environnementaux », tel que la ferme d'élevage, le type d'alimentation, l'année de mise bas, le nombre de lactations d'une femelle, l'effet de la saison de mise bas sur la production laitière (ex : été, performances réduites par la chaleur, ...), l'effet de la régie de traite spécifique d'un éleveur... et ainsi évaluer le réel potentiel génétique d'un animal. Toutefois, 10 000 données n'est pas encore suffisant pour profiter pleinement de ce modèle de calcul génétique. Il faudra au minimum doubler le nombre de données pour pouvoir utiliser ce modèle.

Si en 2 années de projets, 10 000 données ont été amassées en 2013 et 2014, il est possible de croire que si les éleveurs ovins laitiers continuaient de fournir des données complètes pour l'ensemble des animaux à la traite (données d'agnelage, pesées laitières et analyses de lait provenant d'au moins 4 contrôles laitiers) le modèle de calcul puissant POURRAIT être utilisé dès 2018.



En attendant que le modèle génétique optimal développé par le Dr Larry Schaeffer soit utilisé, un modèle simplifié a été conçu. Ce dernier permet d'obtenir une bonne idée du potentiel génétique des animaux.

Ce qui est utilisé...

Le nombre insuffisant de données, les effets du modèle de calcul génétique ont dû être regroupés, et ce, afin d'avoir suffisamment de données dans chacune des catégories d'analyse pour produire un calcul adéquat. On retrouve ainsi beaucoup moins d'ajustement des effets de l'environnement que dans le modèle développé au départ. Dans le modèle actuel, les effets d'ajustement suivants sont considérés :

- Effet Troupeau – Année d'évaluation – Saison d'agnelage
 - Effet Race – Nombre de parités – Âge – Saison = Réduit à effet race seulement
 - Le nombre de groupes de différentes compositions génétiques a été réduit. On retrouve ainsi :
 - Groupe 1 : Lacaune, ½ Lacaune ou plus
 - Groupe 2 : East-Friesian, ½ East-Friesian ou plus
 - Groupe 3 : ½ Lacaune * ½ East-Friesian
 - Groupe 4 : Croisées et autres races ou composition génétique
 - Effet Race – Nombre de parités – Année – Saison = Réduit à Année – Saison seulement
- Dans ce modèle simplifié, on assume que la saison et l'année de lactation affectent toutes les races et toutes les brebis de différentes parités de façon égale.

- Effet Race – Nombre de parités – Intervalle entre les deux traites PM-AM = Réduit à Intervalle entre les deux traites PM-AM.
- Et autres effets analysés similaires au modèle de départ.

Les évaluations génétiques issues de ce modèle simplifié sont moins précises et puissantes que celles souhaitées. Il faut donc en tenir compte car cela affecte l'héritabilité et la précision des caractères évalués. Les évaluations sont pour l'instant générées aux 3-4 mois. **À titre informatif, à ses débuts, GenOvis-viande ne génère pas des évaluations que quelques fois par année. Aujourd'hui, les données intégrées au programme sont nombreuses et les calculs génétiques sont générés à chaque semaine.**

Les modèles de certificats génétiques laitiers ont tous été réalisés et les programmeurs sont encore en train de les intégrer au programme d'amélioration génétique afin que les producteurs puissent, dans un avenir rapproché,

exporter eux-mêmes depuis la base Web, ces certificats.

La banque d'ADN

Un des objectifs du second projet était de mettre en place une banque d'ADN ovins-laitiers. Ainsi, en mars dernier, des échantillons de tissus d'oreilles ont été prélevés sur plus de 750 brebis et la majorité des béliers des 5 fermes ayant participé à la prise d'échantillon. À l'avenir, ces échantillons d'ADN pourront servir à réaliser des projets en génomique en lien avec les performances génétiques des sujets.

La base Web de GenOvis

Le lieu où les producteurs ovins laitiers pourront accéder aux divers certificats est prévu, mais il n'est pas encore disponible. Il reste encore du travail de programmation. La base Web GenOvis – viande sera améliorée au cours de l'année et le volet ovins-laitiers sera en développement en parallèle. En attendant, les producteurs peuvent accéder à leurs inventaires GenOvis complets et en faire la mise à jour.

Rapport d'évaluation de troupeau du au

Nom de ferme _____

RACE _____

Brebis agnelée au cours des 12 derniers mois _____

Béliers utilisés lors des 12 derniers mois _____

Date du dernier test _____

RÉPARTITION DES MISE BASE													
Mois	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	Total
# Agnelage													
# Agneaux													
Moy né													
# TEST													

PRODUCTIVITÉ SOMMAIRE				TYPE DE NAISSANCE				PRODUCTION LAITIÈRE																
Âge brebis	# Brebis	# Agnel.	# Agn. né	Moy Int agn	#Parité moy	SIMPLE	DOUBLE	TRIPLE	QUAD+	MOY JEL	MIN JEL	MAX JEL	MOY LAIT	MIN LAIT	MAX LAIT	MOY GRAS (N)	MOY PROT (N)	MOY CSS	MOY LACTOSE	MOY URÉE	MOY BHB	PERSIT. MOY JOUR	COTE PIS MOY	
1																								
2																								
3																								
4																								
5																								
6+																								
Dern. 12 mois																								
12 mois précéd.																								
Moy race																								



Perspectives...

Le programme d'amélioration génétique pour ovins laitiers gagnera en précision au fil des ans avec l'accès aux données supplémentaires provenant des troupeaux laitiers. Les projets étant terminés, les éleveurs ovins laitiers sont actuellement outillés et connaissent la procédure à suivre pour fournir des données fiables et précises nécessaires aux calculs des évaluations génétiques. Brièvement, pour permettre aux généticiens d'utiliser des données complètes, les éleveurs ovins laitiers devront remplir trois conditions :



- Adhérer à GenOvis annuellement et envoyer **toutes** les données d'agnelages et d'inventaires des brebis sur la traite et des béliers utilisés dans leur troupeau en fournissant également les informations sur la généalogie des animaux. S'assurer de toujours faire suivre les 9 chiffres ATQ.
- Faire un minimum de 4 contrôles par période de lactation de toutes les brebis sur la traite en prenant soin de noter la pesée laitière avec 2 chiffres après la virgule pour plus de précision et envoyer cette information à GenOvis.
- Prendre un échantillon de lait de chacune des brebis à la traite lors des 4 contrôles et faire faire les analyses de lait. Les résultats d'analyses devront être envoyés à GenOvis.

En alimentant la base de données avec des informations complètes, les producteurs se donnent les outils nécessaires pour obtenir des évaluations génétiques représentatives de leurs troupeaux. Puis, c'est avec les années que ces évaluations se préciseront davantage, soit au fur et à mesure que de nouvelles données seront entrées dans le système. Rappelons que le modèle de calcul génétique optimal sera utilisé pour générer les évaluations

génétiques quand la base de données contiendra au moins 20 000 données.

Pour terminer...

Le CEPOQ tient à remercier ses partenaires (FPAMQ, Valacta, CGIL, BerGère, CEFO) dans les 2 projets liés au développement du programme d'amélioration génétique des ovins laitiers. Merci également au MAPAQ pour le financement accordé dans ces 2 projets et bien sûr, merci aux producteurs ovins laitiers qui ont été très généreux de leur temps et qui ont permis d'amasser plus de 10 000 données au cours de ces années de projets, données nécessaires à l'élaboration du modèle de calcul des évaluations génétiques. Nous espérons que la collaboration développée entre tous ces partenaires soit maintenue au fil du temps et que le programme d'amélioration génétique développé pour le secteur ovin laitier gagne en popularité auprès des producteurs de brebis laitières. Les évaluations génétiques générées par ce programme deviendront plus précises et plus justes au fil du temps, soit avec l'augmentation de la base de données. 