

1451

12 JE - CEREOP
12 / 03 / 86



EVALUATION GENETIQUE DES TROTTEURS FRANCAIS
D'APRES LEURS GAINS

par

B. LANGLOIS

Station de Génétique quantitative et appliquée
Centre National de la Recherche Zootechnique
78 350 - JOUY-EN-JOSAS

12ème journée de la recherche chevaline
organisée par le CEREOPA,
PARIS, 12 mars 1986

1451

RESUME : Evaluation génétique des Trotteurs Français d'après leurs gains.

L'exposé s'attache après un récapitulatif des travaux français sur la génétique du Trotteur à exposer une méthode d'indexation fondée sur l'utilisation des gains en course.

On propose le calcul d'un indice annuel qui est un "coefficient de réussite" normalisé par une transformation logarithmique et s'exprimant sous forme de points de moyenne 100 et d'écart-type 20. Les Gains annuels par départ sont exprimés en pourcentage de la variable pour les chevaux de même catégorie d'âge, de sexe et d'année. La distribution de ce rapport est ensuite normalisée, standardisée par classe d'âge et exprimée en points comme nous l'avons vu.

Ces valeurs servent ensuite à indexer les reproducteurs par l'adaptation des méthodes classiques relatives aux croisements au hasard à des situations inhabituelles de croisements assortis.

Les étalons sont évalués d'après la moyenne de leurs performances, la moyenne de leurs descendants et la moyenne de leurs conjointes; les poulinières seulement par leurs propres performances; les chevaux dépourvus de gains par un indice d'ascendance calculé d'après les indices de leurs deux parents.

On discute enfin des avantages et des inconvénients de la solution proposée.

MOTS CLES : CHEVAL - TROT - INDICES GENETIQUES - GAINS

ABSTRACT : Genetic evaluation of French Trotters from their race earnings.

The text summarise french works on the genetic of Trotters and explains an indexation method based on the use of race earnings.

We propose to compute an annual index which is rather similar to ESTES' "earning index" but normalized by a Logarithmic transformation and expressed in points of mean 100 and standard deviation 20. Individual yearly average earning per start is expressed as a percentage of the mean of the corresponding variable for the horses of the same age-sex-year group. The distribution of this ratio is then made normal, standardized for each class of age and expressed in points as we see.

These values are then used for the genetic evaluation of breeding animals by an adaptation of the classical methods relative to random mating to the unusual situation of assortative mating.

Stallions are estimated from the mean of their own performances, the mean of their offsprings and the mean of their mated mares; mares only from their own performances; horses without any earning by a pedigree index computed from the indexes of their two parents.

We finally discuss on the advantages and disadvantages of the proposed solution.

KEY WORDS : HORSE - TROTTERING - GENETIC INDEX - EARNING

EVALUATION GENETIQUE DES TROTTEURS FRANCAIS D'APRES LEURS GAINS

INTRODUCTION

Les travaux de génétique quantitative sur le Trotteur ont débuté à l'I.N.R.A. en 1980 en collaboration étroite avec les Haras nationaux, la SECF et le GAET. Après quelques études préliminaires (DESCOQS, 1976; de RICHTER, 1977) ils ont fait l'objet de publications techniques d'une plus ou moins grande diffusion (THERY, 1981; LANGLOIS, 1982, 1983a, b et c, 1984a et b, 1985a, b et c). Elles témoignent de la progression de nos connaissances dans le domaine de l'amélioration génétique de cette population. Des indices de sélection provisoires ont même été calculés. Des listes ont été distribuées pour avis à de nombreux responsables lors de plusieurs réunions. Nous en arrivons maintenant à la définition d'une méthode de routine pour la qualification objective des reproducteurs.

Après un résumé des résultats acquis, c'est l'exposé simplifié de cette méthode que nous nous proposons de réaliser ici.

I. RESUME DES RESULTATS ACQUIS

Les critères disponibles pour évaluer les performances des Trotteurs dérivent soit des chronométrages soit des gains. Les chronométrages sont exprimés sous la forme d'une réduction kilométrique dont les facteurs de variation sont nombreux. L'âge du cheval, le mois de la course, l'année, le sexe du cheval, le mode attelé ou monté, le départ à l'autostart ou aux élastiques, la distance, l'hippodrome et surtout le niveau de la course ont une influence importante. Il apparaît néanmoins que la gestion de cette information par l'intermédiaire du record est efficace pour la sélection (héritabilités comprises entre 0.25 et 0.35). Elle permet donc d'effacer en grande partie la forte incidence des effets de milieu précités, chaque cheval ayant semble-t-il un jour ou l'autre la possibilité de s'exprimer dans les meilleures conditions. Remarquons en outre que l'incidence négligeable de l'effet du classement sur la "réduction kilométrique", semble indiquer que ce critère représente beaucoup plus un niveau de course qu'une mesure directe des possibilités de l'animal dans l'absolu. En ce sens ce mode d'appréciation ne diffère pas fondamentalement du gain. En effet celui-ci donne une idée du niveau moyen des courses dans lesquelles le cheval est capable de se placer.

Il faut toutefois, nous l'avons maintes fois montré, l'utiliser sous forme logarithmique pour qu'il reflète efficacement les performances réalisées. Après correction pour les effets de l'année, de l'âge et du sexe les estimations de l'héritabilité des critères de gains ont été trouvées entre 0.15 et 0.30. Le Gain annuel (Log G) et surtout le Gain moyen annuel par départ (Log G/D) qui est plus héritable paraissent donc convenir au même titre que les records pour conduire la sélection.

Les corrélations génétiques entre record et critères de gains évaluées de l'ordre de - 0.80 sont fortes mais diffèrent toutefois de - 1. La corrélation phénotypique correspondante de l'ordre de - 0.70 est un peu inférieure mais reste élevée. Ces deux critères nous paraissent donc bien dans l'ensemble rendre compte de la même aptitude.

Dans le même ordre d'idées, les corrélations génétiques obtenues pour un même critère à différents âges, voisines de 1 pour les records sont de l'ordre de 0.80 pour le Gain annuel (Log G) et de 0.90 pour le Gain moyen par départ (Log G/D). Elles sont dans ce cas très sensiblement supérieures aux corrélations phénotypiques qu'on peut évaluer de l'ordre de 0.80 pour les records, de l'ordre de 0.30 pour les Gains (Log G) et de l'ordre de 0.40 pour les Gains par départ (Log G/D).

Il nous est donc apparu que l'utilisation du seul record absolu du cheval paraissait suffisante pour rendre compte de la carrière en termes de chronométrage.

En revanche pour les critères de gain, l'utilisation de toutes les années de performances disponibles ne paraît pas dépourvue d'intérêt étant donnée l'importance des corrélations génétiques (0.80 - 0.90) et la faiblesse relative des corrélations phénotypiques (0.30 - 0.40).

La mise en oeuvre expérimentale de techniques d'indexation des reproducteurs sur propres performances comme sur descendance de façon indépendante sur le record absolu d'une part et les Gains moyens annuels par départ (Log G/D) d'autre part, a permis de pencher en faveur de l'utilisation du Gain moyen par départ : meilleure cohérence des résultats dans les divers recoupements qui ont été testés et finalement meilleure précision des estimations. De plus, les classements issus de l'utilisation de l'un ou l'autre des critères n'apparaissent pas fondamentalement différents. On relève cependant de légers écarts. Le record ne caractérise en effet que le potentiel de vitesse sans tenir compte d'autres aspects comme la régularité et la longévité sportive qui sont mieux prises en considération par les gains. Ces derniers plus dépendants de l'adaptation des chevaux à notre programme de courses reflètent donc un peu mieux nos objectifs de production qui sont sensiblement différents de ceux du Trotteur Américain plus axés sur la vitesse et la précocité.

Figure 1
Distribution du coefficient de
réussite annuel

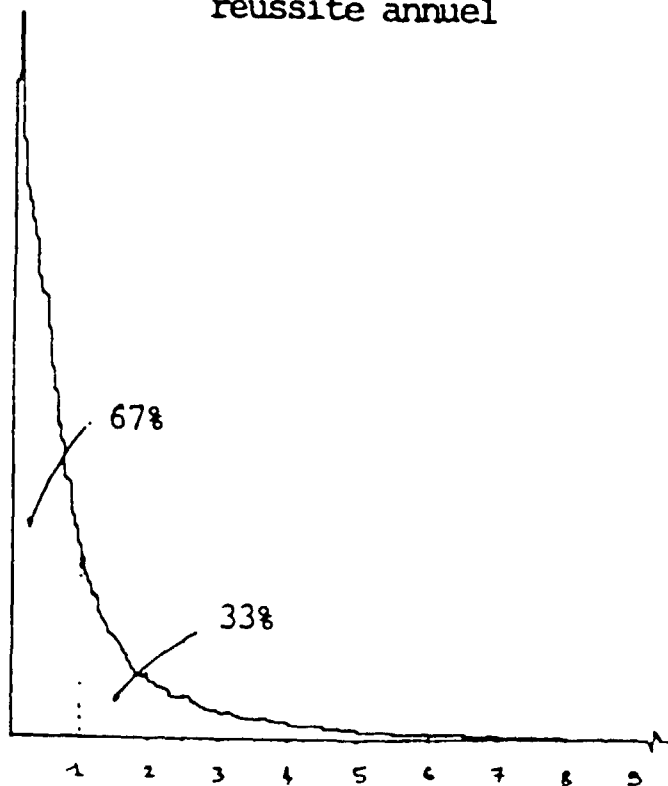
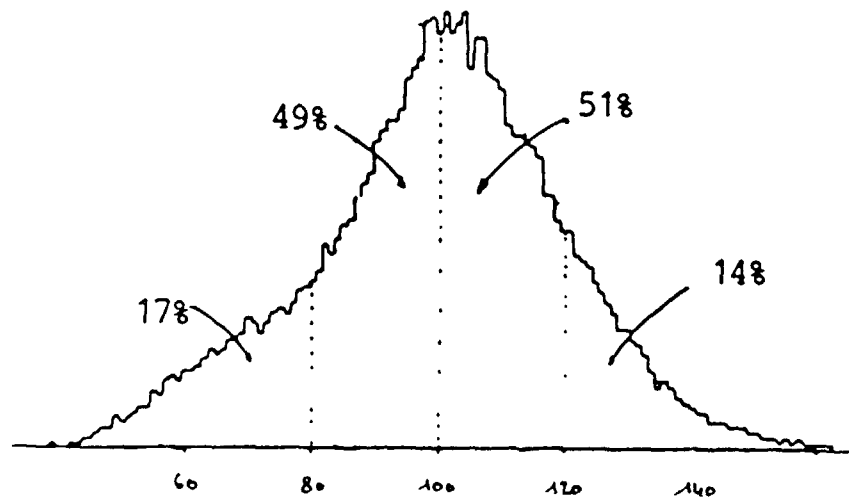


Figure 2
Distribution des indices
annuels



Le développement d'une méthode d'indexation à partir des gains comporte en outre un autre avantage qui est d'ordre psychologique et pratique. En effet, les éleveurs de Trotteurs sont habitués de longue date à utiliser le record absolu des chevaux pour porter leurs appréciations. Il est de ce fait très difficile d'intervenir dans ce domaine pour modifier les usages, même si cela se justifie. Le gain en revanche est très peu utilisé. Il permet donc de développer une nouvelle méthodologie plus performante, sans que l'inertie des habitudes ne vienne entraver son épanouissement.

II. LES ETAPES DE L'INDEXATION

a. Calcul d'un indice annuel

A l'issue de chaque année de course on calcule pour chaque cheval gagnant un Gain moyen par départ (G/D) à partir de son Gain de l'année (G) et du nombre correspondant de ses départs en course (D).

On exprime ensuite ce Gain moyen par départ (G/D) en pourcentage de la moyenne de cette variable pour les chevaux de même classe d'âge (2 ans, 3 ans, 4 ans, 5 ans, 6 ans et plus), de sexe (femelles, males plus hongres) et d'année. Les distributions de ces "coefficients de réussite annuels" sont ensuite normalisées (Figures 1 et 2) par une transformation Logarithme naturel et standardisées par classe d'âge. Pour une plus grande commodité d'emploi on multiplie par 20, on ajoute 100 et on arrondit pour obtenir un nombre entier.

Le résultat de ces transformations donne "l'indice annuel". Dans cette présentation les chevaux se répartissent à peu près par moitié autour de la valeur 100, un individu au dessus de 120 fait partie des 15% meilleurs, un cheval en dessous de 80 se situe dans les 15% moins bons. On peut ainsi comparer les gains obtenus à des âges différents et sur une très longue période de temps. La valeur de l'indice permet également de situer immédiatement les performances de l'animal par rapport à ses contemporains. Le détail pratique de ces calculs est fourni annexe I.

b. L'indexation proprement dite

On sait que les informations sur la valeur génétique d'un individu se situent chronologiquement dans l'ordre suivant : ascendance ("Indice pedigree"), performances propres ("Indice sur performances"), performances des descendants ("Indice sur descendance"). On sait aussi que la précision de la connaissance de cette valeur génétique ira croissante de l'indice d'ascendance à l'indice sur descendance, le poids des premières informations s'estompant de plus en plus à mesure que les nouvelles sont prises en compte.

Pour un étalon qui peut disposer d'une importante progéniture, c'est en général la moyenne phénotypique de ses descendants qui contribue le plus à la connaissance de sa valeur génétique. En revanche pour une poulinière dont le nombre de descendants est le plus souvent réduit, le niveau de ses propres performances sera d'une manière générale l'information la plus intéressante. L'indice d'ascendance ou de pedigree qui suppose que les parents soient eux-mêmes indicés n'a d'intérêt que lorsqu'on ne dispose pas d'une autre information. C'est le cas par exemple des foals, des yearlings et de beaucoup de poulinières.

Par ailleurs dans le contrôle de la descendance lorsque la moyenne génétique des conjoints d'un reproducteur risque de dévier sensiblement par rapport à la moyenne il y a lieu d'en tenir compte dans l'indexation. Nous proposons donc :

- d'indexer un étalon d'après la moyenne de ses indices annuels, le double de la moyenne des moyennes des indices annuels de ses descendants (*) et la moyenne des moyennes des indices annuels de ses conjointes.

- d'indexer une poulinière uniquement d'après la moyenne de ses indices annuels. Le nombre moyen de ses descendants connus étant de l'ordre de 2,5, il n'apporte que peu d'informations. Il faudrait de plus la corriger pour la valeur des étalons correspondants. Cela complique beaucoup les opérations pour un faible gain de précision et n'apparaît donc pas souhaitable.

- l'élaboration d'un indice d'ascendance peut ensuite être entreprise à partir des indices des parents.

Le choix des variables prédictrices de la valeur génétique d'un individu étant fait, l'on procède à son estimation par régression linéaire selon les méthodes classiques.

Dans le cas où l'on utilise un seul prédicteur comme la moyenne P des performances de l'individu, l'indice I s'écrit :

$$I = b (P - \bar{P})$$

où b est le coefficient de régression de la valeur génétique A en son prédicteur P dont la moyenne est \bar{P} .

$$b = \text{Cov}(A,P) \text{Var}(P)^{-1}$$

(*) chaque étalon ne fournit en effet que la moitié de la valeur génétique à chacun de ses descendants.

Si l'on considère maintenant qu'il y a 3 prédicteurs de A : P la moyenne des propres performances, 2D, le double de la moyenne des descendants et M la moyenne des conjointes, l'expression :

$$I = \text{Cov}(A,P) \text{Var}(P)^{-1} (P - \bar{P})$$

devient une équation matricielle où :

$\text{Cov}(A,P)$ est le vecteur ligne (1x3) des covariances des prédicteurs avec la valeur génétique recherchée.

$\text{Var}(P)^{-1}$ est l'inverse de la matrice (3x3) de variance covariance des prédicteurs P, 2D et M.

$(P - \bar{P})$ est le vecteur colonne (3x1) des écarts des prédicteurs à leur moyenne.

L'indice de l'étalon s'établira alors sous la forme :

$$I = b_1 (P - \bar{P}) + b_2 (D - \bar{D}) + b_3 (M - \bar{M})$$

où b_1 , b_2 , et b_3 désignent les coefficients de régression partiels.

Nous voyons que cette méthode suppose la connaissance de la matrice de variance et covariance des variables phénotypiques prédictrices choisies et de la variable génétique prédite. Sa détermination comporte deux aspects :

- expliciter en fonction d'un modèle génétique les covariances de la valeur génétique à prédire avec ses différents estimateurs phénotypiques.
- traduire ensuite les autres variances et covariances en fonction des effectifs disponibles pour chaque animal et d'un nombre relativement restreint de paramètres mesurés une fois pour toutes.

On trouvera annexe II la manière dont cela été réalisé et l'on se reportera à des travaux antérieurs (LANGLOIS, 1981) pour les fondements méthodologiques.

Les paramètres utilisés sont :

- ceux qui définissent la qualité de l'information utilisée. Il s'agit de l'héritabilité ($h^2 = 0.21$ pour Log G/D) et de la répétabilité ($r = 0.38$).

- un second groupe définit la structure de reproduction, il s'agit de la corrélation entre conjoints ($c = 0.15$) et de la corrélation moyenne des mères accouplées à un même étalon ($t_m = 0.11$).

- la corrélation moyenne entre descendants d'un même étalon peut être déduite des précédentes mais il est préférable de l'estimer en cas d'effets de milieu commun aux descendants d'un même père. Notre évaluation fournit $t_d = 0.06$.

En simplifiant l'exposé de la méthode on peut dire que l'on compare les estimateurs du cheval à leur moyenne dans la population. Les écarts ainsi observés permettent de situer l'individu. On multiplie ensuite ces écarts par des coefficients de régression qui varient entre 0 et 1 en fonction de la quantité d'information disponible comme le nombre d'années de performances et le nombre de descendants ou de mères considérées et la qualité de cette information exprimée par des coefficients comme l'héritabilité et la répétabilité. Plus il y a d'informations, plus l'héritabilité et la répétabilité sont élevées et plus les coefficients sont proches de 1. Moins il y a d'information, plus l'héritabilité et la répétabilité sont faibles et plus les coefficients sont proches de 0. Nous voyons donc que les écarts observés sont ramenés vers la moyenne de la population, comme "tirés par un élastique". S'il y a beaucoup d'information et qu'elle pèse lourd, elle tirera fort sur l'élastique et l'estimation par régression sera proche des écarts observés. En revanche s'il y a peu d'information, les écarts observés seront fortement ramenés vers la moyenne.

Ces explications étant données, voyons les résultats. Ils sont exprimés en points d'indices annuels positifs ou négatifs qui représentent l'espérance conditionnée par l'information utilisée de la supériorité ou de l'infériorité génétique de l'individu indexé. La moitié de cette valeur génétique représente l'espérance de l'écart à la moyenne de ses descendants lorsqu'il est accouplé au hasard.

Cette estimation est bien entendue assortie d'un coefficient de détermination qui est celui de la régression et qui fournit le degré de précision.

Enfin sachant que l'espérance de la valeur génétique d'un produit est égale à la moitié de celle de son père et la moitié de celle de sa mère et que les indices sont des estimateurs non biaisés de la valeur génétique des parents, on peut proposer un indice d'ascendance de la forme suivante :

$$I_d = 1/2 I_p + 1/2 I_m$$

L'indice d'ascendance du produit (I_d) est égal à la moitié de l'indice de son père (I_p) plus la moitié de l'indice de sa mère (I_m).

Le coefficient de détermination de cet indice (R^2) qui est un terme de variance s'établit en fonction des carrés et l'on peut montrer que si la corrélation entre I_p et I_m n'est pas trop forte.

$$R_d^2 \approx 1/4 R_p^2 + 1/4 R_m^2$$

Le coefficient de détermination de l'indice d'ascendance d'un individu (R_d^2) est égal au quart de celui de son père (R_p^2) plus un quart de celui de sa mère (R_m^2). Si la mère n'a pas d'indice, $I_m = 0$ et $R_m^2 = 0$ permettent le calcul uniquement en fonction du père.

DISCUSSION ET CONCLUSION

La méthode d'indexation proposée ici a l'avantage de pouvoir être exécutée très facilement sans moyens informatiques majeurs. Il faut au plus pouvoir inverser une matrice (3x3). Fondée sur le principe de la régression elle permet de généraliser à des situations inhabituelles de croisements assortis les méthodes classiques relatives aux croisements au hasard.

En ce qui concerne les inconvénients, signalons que la méthode implique un traitement séparé des effets fixes (année, âge, sexe...) qui pour des raisons de vulgarisation ne sont d'ailleurs pas traités en toute rigueur par le moyen d'une analyse de variance. Le passage par les coefficients de réussite est toutefois très pratique et devrait permettre aux éleveurs de mieux comprendre la méthode de correction. De plus, chaque année, les effectifs par classe sont tels que cette méthode approchée ne devrait pas s'écarter beaucoup des méthodes théoriquement plus rigoureuses.

De même le niveau du harem d'un étalon est estimé globalement par la moyenne des performances des conjointes sans que celles-ci soient rapportées à chacun de leurs descendants; de plus ce niveau ne tient pas compte de l'origine paternelle des mères ni de leur éventuelle production, ce qui constitue une perte d'information.

Un autre handicap est l'absence d'une solution pour cumuler un indice d'ascendance avec un indice de performance si ce n'est de ne plus tenir compte de l'ascendance lorsqu'on dispose des performances. Il y a là aussi une perte d'information à laquelle il serait sans doute utile de pallier.

L'application d'une procédure BLUP en modèle individuel permettrait d'éviter ces inconvénients. Elle est actuellement à l'étude mais se révèle toutefois beaucoup plus exigeante au niveau informatique que ne l'est la solution proposée ici qui peut, nous le pensons, constituer une utile solution d'attente et de transition.

La mise à disposition par informatique (SIRE, Minitel..) de ces nouveaux outils de gestion des effectifs plus performants que l'habituel record devrait petit à petit emporter l'adhésion d'un nombre grandissant d'éleveurs. Néanmoins quitte à décevoir de nombreux espoirs, il faut bien savoir qu'il n'y a pas de méthode génétique miracle pour produire un champion. L'amélioration génétique contrairement à ce que pensent beaucoup n'est pas une affaire d'individus mais une affaire de gestion de population. A ce niveau les méthodes sont éprouvées et ont maintes fois prouvé leur efficacité. Elles sont fondées sur une utilisation rationnelle de l'information existante, ici les gains des chevaux, par des techniques statistiques. Les études réalisées dans cet objectif pour le Trotteur Français nous permettent maintenant de fournir des estimations de reproducteurs. C'est à notre avis un outil très précieux pour les éleveurs car il synthétise une information complexe. Il n'a toutefois pas vocation à les empêcher de réfléchir. L'utilisation si possible tout aussi rationnelle des autres sources d'information dont un éleveur peut disposer sur les chevaux qu'il connaît n'est pas non plus à exclure.

Toutefois et sans vouloir critiquer un savoir faire traditionnel, il faut bien reconnaître que la situation actuelle de la sélection du Trotteur Français nécessite des évolutions. Je rappelle en effet que les étalons sont choisis dans les meilleurs 15% alors qu'ils pourraient être dans les meilleurs 5%. Du côté des juments aucune sélection n'est réalisée alors qu'on pourrait ne retenir à l'élevage que les meilleures 50%. Je rappelle aussi et c'est peut être une conséquence que le Trotteur Français qui, en effectif, représente 11,2% de la production mondiale de ce type de chevaux, ne réalise que 4,08% de notre chiffre d'affaires des exportations, loin derrière les chevaux de selle (13,58%) et bien sûr les Pur Sang (81,88%) (source : Annuaire ECUS 1984). Au moment où les recettes du PMU diminuent, je pense que les milieux du trot vont se rendre compte que l'équilibre financier de leur activité va devenir de plus en plus dépendant de la vente des chevaux. Cette nouvelle prise de conscience devrait ouvrir la voie à une modernisation de nos méthodes de gestion de la population ce qui la rendrait plus compétitive sur le marché international. C'est en tout cas dans cette perspective que se situe notre travail.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- DESCOQS C., 1976. Recherche de critères d'estimation du potentiel d'un Trotteur Français à partir de ses performances en courses.
I.N.A., Paris, Mémoire de fin d'études, 35p.
- LANGLOIS B., 1981. Proposition d'extension du modèle génétique additif classique à des situations non panmictiques.
Ann. Génét. Sél. anim., 13, 151-164.
- LANGLOIS B., 1982. L'héritabilité des performances chez le Trotteur. Une revue bibliographique.
C.E.R.E.O.P.A. Journée d'étude sur le cheval, PARIS, 10 mars 1982.
Ann. Génét. Sél. anim., 14, (3), 399-414.
in JARRIGE R., MARTIN RÖSSET W. Ed. Le cheval. Reproduction, sélection, alimentation, exploitation, 409-422. INRA, Paris, 1984.
- LANGLOIS B., 1983a. Rapport annuel sur les travaux sur le cheval.
Polycop. Stn. Génét. quant. et appl., C.N.R.Z., 11-82.
- LANGLOIS B., 1983b. Quelques réflexions au sujet de l'utilisation du gain pour apprécier les performances des chevaux Trotteurs.
Journ. ét. comm. chev. Fed. Eurp. Zootech., MADRID, 3-6 octobre 1983.
- LANGLOIS B., 1983c. Analyse statistique et génétique des temps de course des Trotteurs Français (premiers résultats).
Journ. ét. comm. chev. Fed. eurp. Zootech., MADRID, 3-6 octobre 1983.
repris dans : L'Actualité Hippique, Mars-Avril 1984, supplément au n°582 p29-34 et Mai-Juin 1984, supplément au n°590 p29-32.
- LANGLOIS B., 1984a. Héritabilité et corrélations génétiques des temps records et des gains établis par les Trotteurs Français de 2 à 6 ans.
Journ. ét. comm. chev. Fed. Eurp. Zootech., LA HAYE, 6-9 août, 6p + figures et tableaux.
- LANGLOIS B., 1984b. Note d'accompagnement des indices pour les Trotteurs Français.
Polycop. Stn. Génét. quant. et appl. C.N.R.Z., 7p.
(Accompagne les listings d'indices des Trotteurs Français).
- LANGLOIS B., 1985a. Effets de la sélection sur les données de performances chez le "Trotteur Français".
C.E.R.E.O.P.A., Journée d'étude sur le cheval, Paris, 6 mars 1985.
- LANGLOIS B., 1985b. Proposition d'une méthode d'indexation adaptée à la situation des chevaux de course.
Polycop. Stn. génét. quant. et appl., C.N.R.Z., 12p.
- LANGLOIS B., 1985c. Etude d'un exemple d'application de la méthode d'indexation pour les chevaux de course : le cas du Trotteur Français.
Polycop. Stn. Génét. quant. et appl., C.N.R.Z., 25p.
- de RICHTER A., 1977. Estimation de quelques paramètres démographiques du Trotteur Français.
C.E.Z., Rambouillet, rapport de stage, 35p.
- THERY C., 1981. Analyse génétique et statistique des performances des Trotteurs Français en course en 1979 et 1980.
Rapport de D.E.A. de Génétique quantitative et appliquée, Université de Paris XI, 54p.
- UNIC, 1985. Annuaire 84 ECUS.
160p UNIC Ed. Paris.

ANNEXE I

DETAILS PRATIQUES DU CALCUL DE L'INDICE ANNUEL

On calcule Log G/D et on retranche les facteurs de correction donnés au Tableau 2 en fonction de l'année et du sexe. Ils correspondent au logarithme de la moyenne de la variable G/D pour les chevaux de même catégorie d'âge, de sexe et d'année. Les valeurs sont ensuite standardisées intra âge selon les éléments du Tableau 1, c'est à dire que l'on retranche la moyenne, on divise par l'écart type, on multiplie par 20, on ajoute 100 et on arrondit.

Tableau 1

Moyenne - écart-type du Log G/D corrigé pour l'âge, l'année et le sexe.

	moyenne	écart-type
2 ans	- 0,36295	1,22588
3 ans	- 0,63587	1,33486
4 ans	- 0,58274	1,29576
5 ans	- 0,60910	1,28880
6 ans et +	- 0,69283	1,38169

Tableau 2

Facteurs de correction de Log G/D.

(voir au verso)

	2 ANS		3 ANS		4 ANS		5 ANS		6 ANS ET +	
	M+H	F	M+H	F	M+H	F	M+H	F	M+H	F
1947			9.1435	8.9309						
1948	9.3408	9.2576	9.4055	9.1929	9.4289	9.1695				
1949	9.2621	9.1789	9.3268	9.1141	9.3502	9.0908	9.3485	9.0924		
1950	9.4378	9.1784	9.4144	9.2018	9.3497	9.2665	9.4361	9.1801	9.3784	9.2378
1951	9.3898	9.3067	9.4546	9.2419	9.4780	9.2185	9.4763	9.2202	9.4186	9.2779
1952	9.6206	9.5374	9.6853	9.4727	9.7087	9.4493	9.7070	9.4510	9.6493	9.5087
1953	9.6501	9.5669	9.7148	9.5022	9.7382	9.4788	9.7365	9.4805	9.6788	9.5382
1954	9.7928	9.7096	9.8575	9.6449	9.8809	9.6215	9.8792	9.6232	9.8215	9.6809
1955	9.8900	9.8069	9.9548	9.7421	9.9782	9.7188	9.9765	9.7204	9.9188	9.7781
1956	9.9947	9.9115	10.0594	9.8468	10.0828	9.8234	10.0811	9.8251	10.0234	9.8828
1957	10.1904	10.1073	10.2552	10.0425	10.2786	10.0191	10.2769	10.0208	10.2192	10.0785
1958	10.3231	10.2400	10.3879	10.1752	10.4113	10.1518	10.4096	10.1535	10.3519	10.2112
1959	10.4227	10.3395	10.4874	10.2748	10.5108	10.2514	10.5091	10.2531	10.4514	10.3108
1960	5.9379	5.8547	6.0026	5.7900	6.0260	5.7666	6.0243	5.7683	5.9666	5.8260
1961	6.0953	6.0121	6.1600	5.9474	6.1834	5.9240	6.1817	5.9257	6.1240	5.9834
1962	6.3033	6.2201	6.3681	6.1554	6.3914	6.1320	6.3898	6.1337	6.3321	6.1914
1963	6.3993	6.3161	6.4640	6.2514	6.4874	6.2280	6.4857	6.2297	6.4280	6.2874
1964	6.4421	6.3590	6.5069	6.2942	6.5303	6.2708	6.5286	6.2725	6.4709	6.3302
1965	6.5425	6.4593	6.6072	6.3946	6.6306	6.3712	6.6289	6.3729	6.5712	6.4306
1966	6.6229	6.5398	6.6877	6.4750	6.7111	6.4516	6.7094	6.4533	6.6517	6.5110
1967	6.6464	6.5632	6.7111	6.4985	6.7345	6.4751	6.7328	6.4768	6.6751	6.5345
1968	6.5600	6.4902	6.7570	6.5444	6.7804	6.5210	6.7787	6.5227	6.7210	6.5804
1969	6.6045	6.5387	6.8270	6.4884	6.8560	6.5966	6.8544	6.5983	6.7967	6.6560
1970	6.6233	6.4833	6.7673	6.5729	6.7379	6.6042	6.8776	6.6216	6.8199	6.6793
1971	6.6835	6.5983	6.8841	6.6140	6.9388	6.6024	7.0503	6.7898	6.9411	6.8005
1972	6.7902	6.6858	6.9235	6.8191	7.0246	6.8063	7.1507	6.7866	7.0250	6.8843
1973	7.0809	6.9958	7.0725	6.9350	7.1826	6.8502	7.1201	7.0135	7.1056	6.9649
1974	7.0756	7.0969	7.2277	6.9198	7.1739	6.9238	7.2102	6.9642	7.1812	7.0406
1975	7.2895	7.1421	7.2884	7.1534	7.3243	7.1016	7.3690	7.0496	7.3107	7.1701
1976	7.3430	7.3467	7.4861	7.2168	7.4000	7.2976	7.4867	7.2833	7.4616	7.3478
1977	7.5262	7.4441	7.4523	7.2904	7.5117	7.2393	7.5315	7.3874	7.4974	7.3078
1978	7.6948	7.4913	7.5649	7.4122	7.6183	7.3275	7.6572	7.3745	7.5628	7.4321
1979	7.7062	7.7297	7.7153	7.4319	7.6799	7.4603	7.8055	7.5287	7.6784	7.4312
1980	7.7894	7.5978	7.7782	7.5210	7.8216	7.4861	7.8838	7.6870	7.7107	7.6108
1981	7.9046	7.8262	9.7953	7.6443	7.9408	7.5974	8.1043	7.7780	7.8606	7.7495
1982	7.9103	7.8818	7.8937	7.6530	7.9534	7.6737	8.1542	7.8182	7.9413	7.8433
1983	8.2167	7.9996	8.0703	7.7581	8.0707	7.8312	8.3081	7.9182	8.0745	7.9651
1984	8.1628	8.0656	8.1809	7.8639	8.2558	7.8491	8.2776	8.0412	8.2093	7.9866

ANNEXE II

DETERMINATION DE LA MATRICE DE VARIANCE ET COVARIANCE DES VARIABLES PREDICTRICES CHOISIES ET DE LA VARIABLE GENETIQUE PREDITE.

- LES PREDICTEURS.

Soit P_i la moyenne des m_p indices annuels de l'étalon i , $M_{i..}$ la moyenne des moyennes M_{ij} de n_m de ses conjointes et $D_{i..}$ la moyenne des moyennes D_{ij} de n_d de ses descendants.

$$P_i = \frac{1}{m_p} \sum_{k=1}^{m_p} P_{ik}$$

$$M_{i..} = \frac{1}{n_m} \sum_{j=1}^{n_m} M_{ij}$$

$$D_{i..} = \frac{1}{n_m} \sum_{j=1}^{n_d} D_{ij}$$

$$\text{avec } M_{ij} = \frac{1}{m_m} \sum_{k=1}^{m_m} M_{ij'k}$$

$$\text{avec } D_{ij} = \frac{1}{m_d} \sum_{k=1}^{m_d} D_{ijk}$$

- LA VALEUR PREDITE.

C'est la valeur génétique additive (A) dans un modèle où le phénotype (P) est la somme de cette valeur et d'un reste (R) dépendant essentiellement de l'action du milieu.

$$P = A + R$$

on suppose $\text{cov}(A, R) = 0$ soit $\text{var}(P) = \text{var}(A) + \text{var}(R)$
 on posera $\text{var}(P) = \sigma^2$ et $\text{var}(A) = h^2 \sigma^2$

- DETERMINATION DU VECTEUR DES COVARIANCES DE LA VALEUR GENETIQUE AVEC SES PREDICTEURS.

$$- \text{cov}(A_p, P_i) = \text{cov}(A_p, P) = h^2 \sigma^2$$

$$\begin{aligned} \text{cov}(A_p, D_{i..}) &= \text{cov}(A_p, D) = \text{cov}(A_p, A_d) + \underbrace{\text{cov}(A_p, R_d)}_{= 0} \\ &= \frac{1}{2} \text{Var}(A_p) + \frac{1}{2} \text{cov}(A_p, A_m) \end{aligned}$$

$$- \text{cov}(A_p, D_{i..}) = \frac{1}{2} h^2 \sigma^2 + \frac{1}{2} h^4 c \sigma^2 \quad \text{avec } c \sigma^2 = \text{cov}(P, M)$$

$$- \text{cov}(A_p, M_{i..}) = \text{cov}(A_p, M) = h^2 c \sigma^2$$

- DETERMINATION DE LA MATRICE DE VARIANCE COVARIANCE DES PREDICTEURS.

- Les variances

$$\text{Var}(P_{i..}) = \frac{1}{m_p} \text{var}(P_{ik}) + (1 - \frac{1}{m_p}) \text{cov}(P_{ijk}, P_{ijk'})$$

$$\text{Var}(P_{i..}) = \frac{1}{m_p} \sigma^2 [1 + (m_p - 1) r]$$

où r est la répétabilité des performances. Var (D_{ij.}) et Var (M_{ij.}) s'expriment de la même manière.

$$\begin{aligned} \text{Var}(D_{i..}) &= \frac{1}{n_d^2} \sum_{j=1}^{n_m} \text{var}(D_{ij.}) + \frac{1}{n_d^2} \sum_{j \neq j'} \text{cov}(D_{ij.}, D_{ij'.}) \\ &= \frac{1}{n_d^2} \sum_{j=1}^{n_m} \frac{1}{m_d} \sigma^2 [1 + (m_d - 1) r] + \frac{1}{n_d^2} \sum_{j \neq j'} \text{cov}(D_{ijk}, D_{ij'k}) \end{aligned}$$

soit en posant $k_d = \frac{1}{n_d} \sum_{d=1}^{n_d} \frac{1}{m_d}$ et $t_d \sigma^2 = \text{cov}(D_{ijk}, D_{ij'k})$

$$\text{Var}(D_{i..}) = \frac{1}{n_d} \sigma^2 [k_d + (1 - k_d) r + (n_d - 1) t_d]$$

où t_d est la composante paternelle de la variance. De la même façon en posant :

$$k_m = \frac{1}{n_m} \sum_{m=1}^{n_m} \frac{1}{m_m} \quad \text{et} \quad t_m \sigma^2 = \text{cov}(M_{ijk}, M_{ij'k})$$

$$\text{Var}(M_{i..}) = \frac{1}{n_m} \sigma^2 [k_m + (1 - k_m) r + (n_m - 1) t_m]$$

- Les covariances.

$$\text{Cov}(P_{i..}, D_{i..}) = \text{cov}(P, D) = \frac{1}{2} h^2 (1 + c) \sigma^2$$

$$\text{Cov}(P_{i..}, M_{i..}) = \text{cov}(P, M) = c \sigma^2$$

$$\text{Cov}(M_{i..}, D_{i..}) = \frac{n_c}{n_m n_d} \text{cov}(M, D) + \left(1 - \frac{n_c}{n_m n_d}\right) \text{cov}(M', D)$$

Dans cette expression M est la mère de D et M' représente une autre mère accouplée au père de D, n_c est le nombre de couples mère-descendant, n_m le nombre de mères intervenant dans le calcul de M_{i..} et n_d le nombre de descendants intervenant dans celui de D_{i..}

$$\text{cov}(M, D) = \frac{1}{2} h^2 (1 + c) \sigma^2$$

$$\text{cov}(M', D) = \text{cov}(A_d, M') + \underbrace{\text{cov}(R_d, M')}_{= 0}$$

$$\text{cov}(M', D) = \frac{1}{2} \text{cov}(A_p, M') + \frac{1}{2} \text{cov}(A_m, M')$$

$$\text{cov}(A_p, M') = \text{cov}(A_p, M) = h^2 c \sigma^2$$

$$\text{cov}(A_m, M') = h^2 \text{cov}(M, M') = h^2 t_m \sigma^2$$

où t_m est la composante paternelle de la variance des mères. Après quelques simplifications on obtient :

$$- \text{cov}(M_{i..}, D_{i..}) = \frac{1}{2} h^2 \sigma^2 \left[\frac{n_c}{n_m n_d} + \left(1 - \frac{n_c}{n_m n_d} \right) t_m + c \right]$$