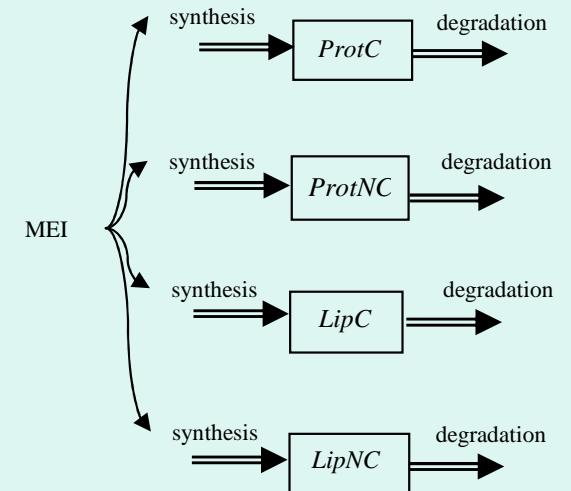
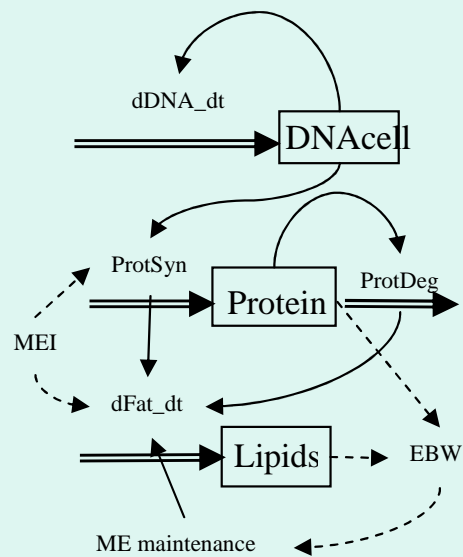


Analyse comparative de modèles de croissance et de composition corporelle

F. Garcia-Launay et J Agabriel

INRA, UR1213 Herbivores, Theix, 63122 Saint-Genès Champanelle
avec la collaboration de R.D. Sainz, L.G. Barioni et J.W. Oltjen, UC Davis



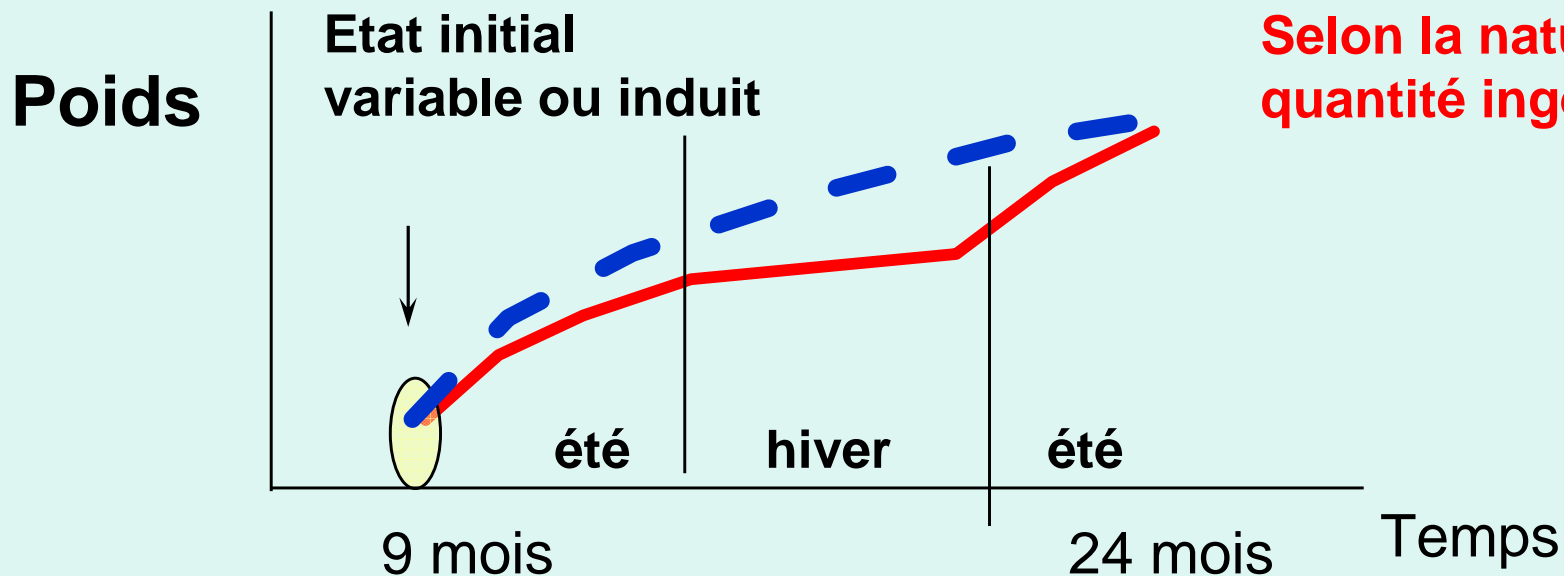
Modélisation de la croissance de bovins dans les systèmes herbagers

Contexte : des croissances observées parfois discontinues et des simulations qui portent sur des durées longues (2ans et +)

A estimer :

Composition corporelle?
Composition de la carcasse?

Selon la nature et la quantité ingérée



Objectifs du modèle « mecsic »

(Hoch et Agabriel 2004)

Modèle « principal » prédictif

- Pour prédire dynamiquement l'évolution de la composition corporelle
- Intégrable dans un outil de recommandations
(Minimum de compartiments mesurables)

Capable de se lier avec d'autres modèles :
 ingestion
 composition tissulaire de l'animal

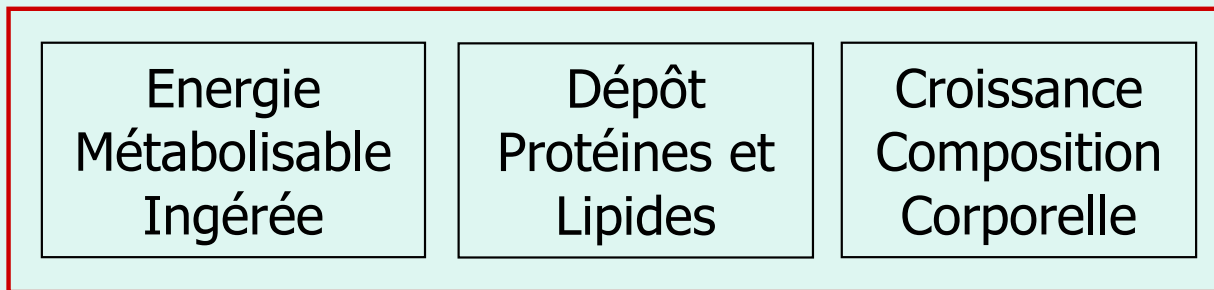
Pour reconstituer *in silico* un animal très simplifié

→ projet BeefBox soutenu par Casdar et labellisé RMT Modelia

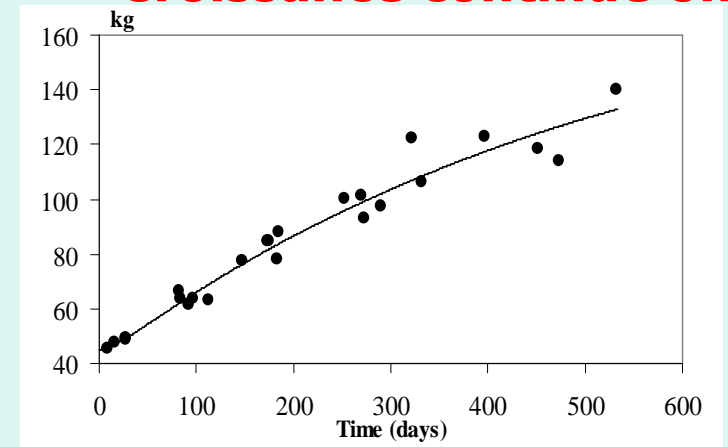


Deux modèles mécanistes de la croissance et de la composition corporelle chez les bovins

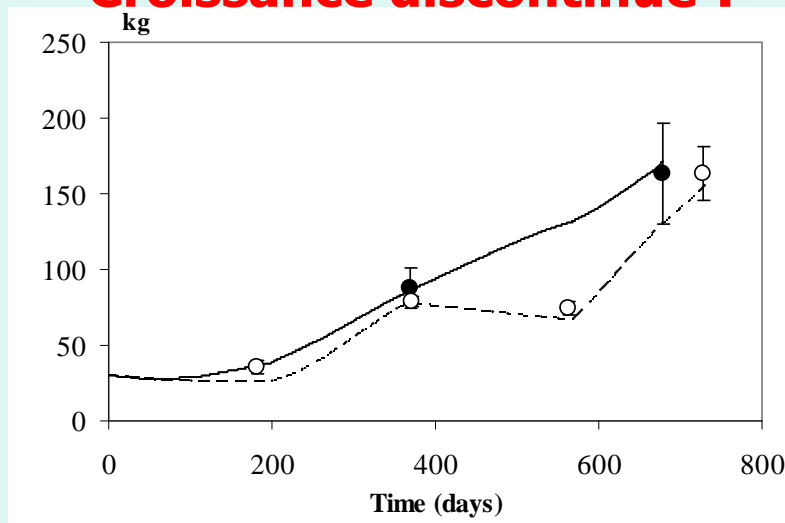
MECSIC (Hoch et Agabriel, 2004)
Dynamic Growth Model (Oltjen et al 1986)



Croissance continue ok



Croissance discontinue ?



- 1) Identifier les situations dans lesquelles les modèles ne fournissent pas des estimations fiables des quantités de protéines et de lipides corporels
- 2) Donner des pistes pour l'amélioration des modèles



Plutôt qu'une réelle validation, une évaluation comparée

Problématique méthodologique

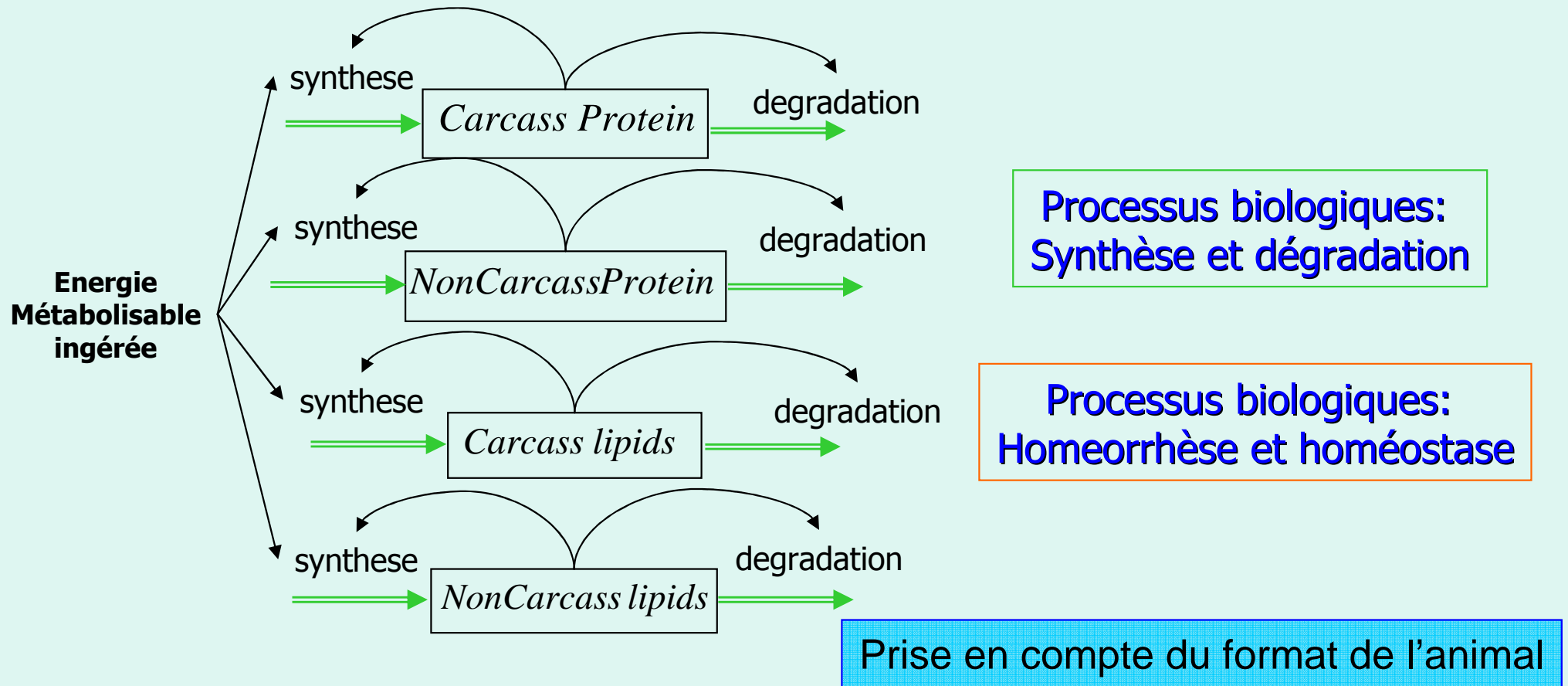
Lourdeur des expérimentations
Très peu de jeux de données avec
quantités ingérées individuelles

Calibration (2 paramètres) et
« validation » avec les mêmes
jeux de données

**Les résultats des simulations et des observations
ne sont pas indépendants et les analyses de type
régression ne sont donc pas valides**



Modèle MECSIC (Hoch et Agabriel 2004)



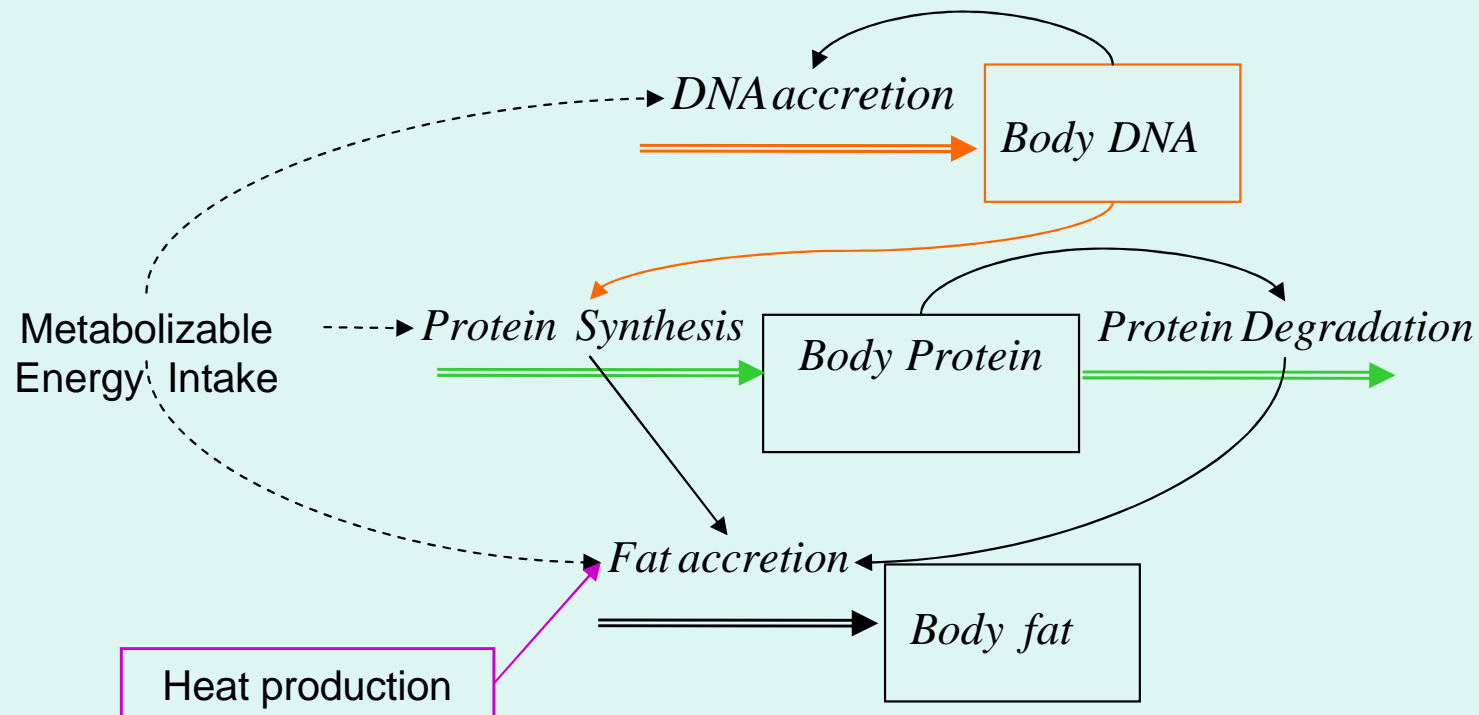
SynthèseProtéines = métabolisme basal + synthèse maximale \times f (EMI)

$$\text{SynthèsemaxProt}_i = \alpha_i \times \text{Prot}_i \times \ln\left(\frac{\text{Protmax}_i}{\text{Prot}_i}\right)$$

$$f(\text{EMI}) = \frac{\text{EMI}}{k_{\text{ME}} + \text{EMI}}$$



Davis Growth Model (Oltjen et al 1986)



$$dDNA_{dt} = k1 \times (DNA_{max} - s_{DNA}) \times NUT1$$



Prise en compte du format de l'animal

$$EMM_{maint} = (a/km) \times EBW^{0.75}$$

$$dFat_{dt} = (EMI - RE_{Prot} - EMM_{maint}) / E_{Fat}$$



Jeux de données disponibles

	Génisses Salers  INRA	Boeufs Angus-Hereford 
Race	tardive	précoce
Nombre animaux	23	120
Âge initial	8 mois	8 mois
Age à l'abattage	34 mois	10-16 mois
Trajectoires de croissance	Continue et Discontinue 2 groupes	Continue et Discontinue 5 groupes
Énergie métabolisable des régimes (MJ/kg)	Haut EM 9.4 Bas EM 7.7	Haut EM 12.8 Bas EM 7.8
Données d'ingestion	Individuelles	Individuelles



Paramétrisation et analyses

Biais moyen :
Différence moyenne entre
les valeurs observées et
les valeurs prédites par le modèle

$$MB = \frac{\sum_{i=1}^n (Y_i - f(X_1, \dots, X_p))_i}{n}$$

Déviation (valeurs prédites par le modèle – valeurs observées)
sont examinées en fonction des valeurs prédites

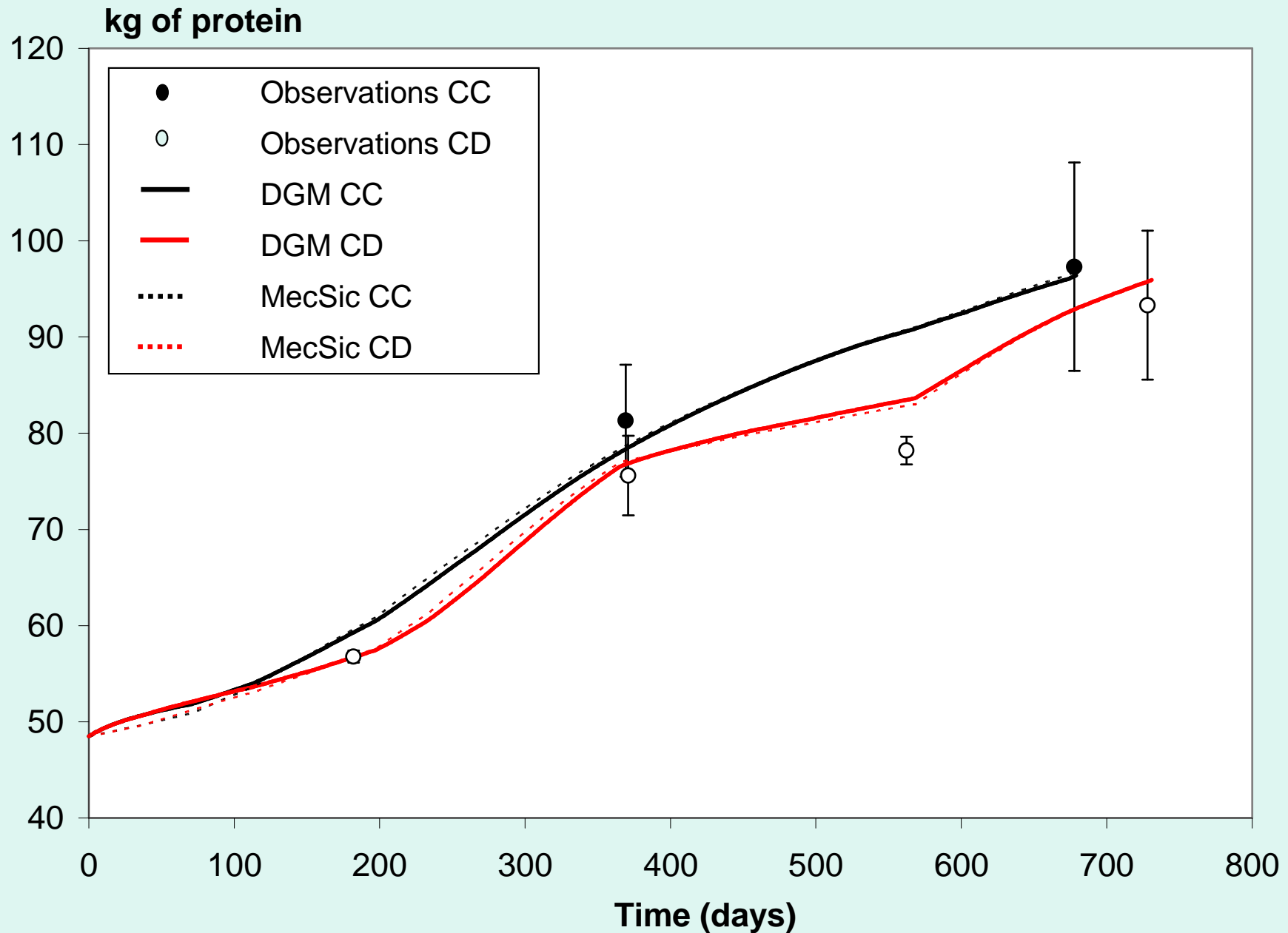
MSEP: Mean Square Error of Prediction
Carré Moyen de l'erreur de prédiction

$$MSEP = \frac{\sum_{i=1}^n (Y_i - f(X_1, \dots, X_p))_i^2}{n}$$

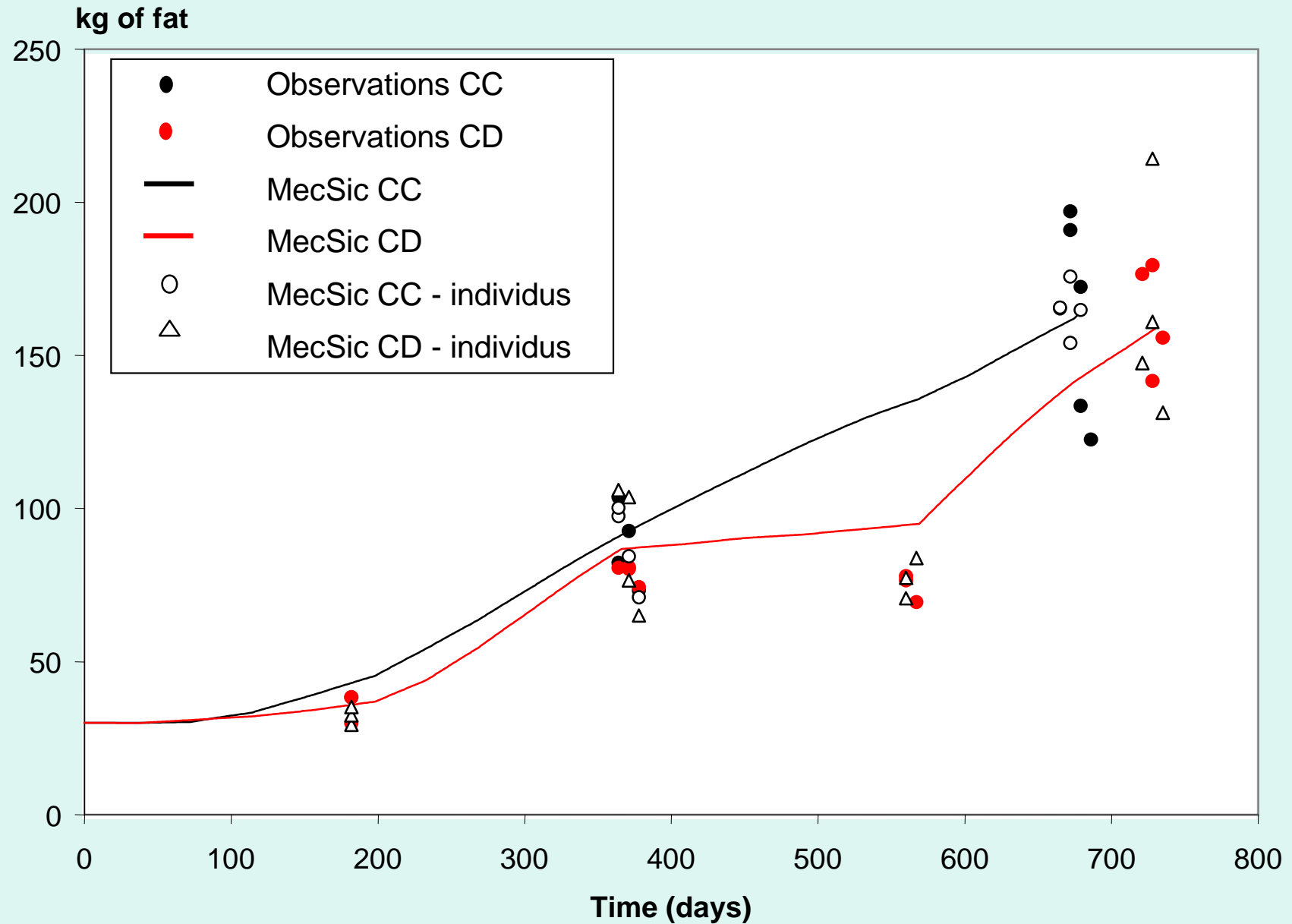
Analyse comparative avec les jeux de données utilisés pour la paramétrisation
⇒ Un manque d'ajustement indique des problèmes dans la structure du modèle



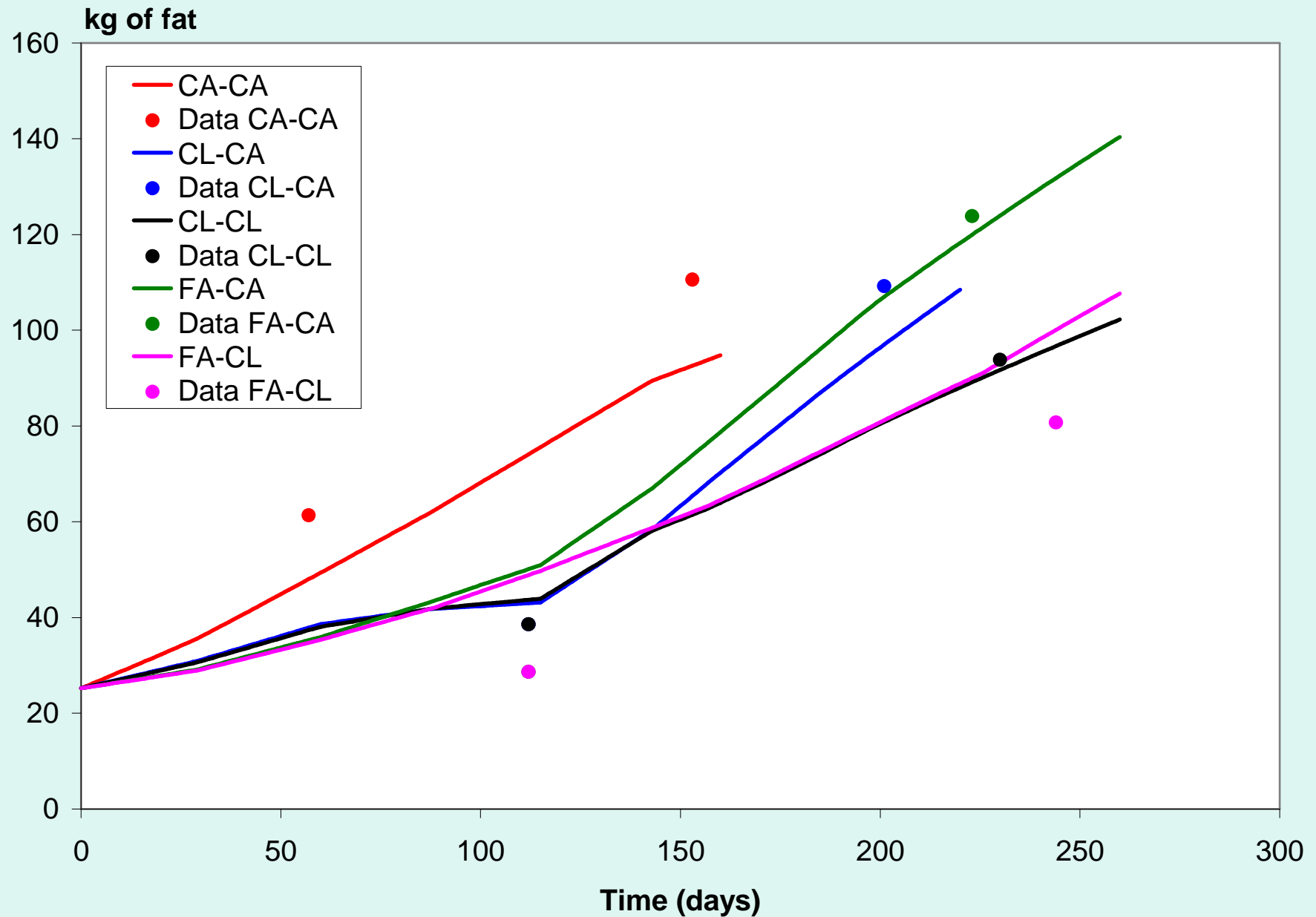
Simulation des protéines corporelles chez les génisses Salers



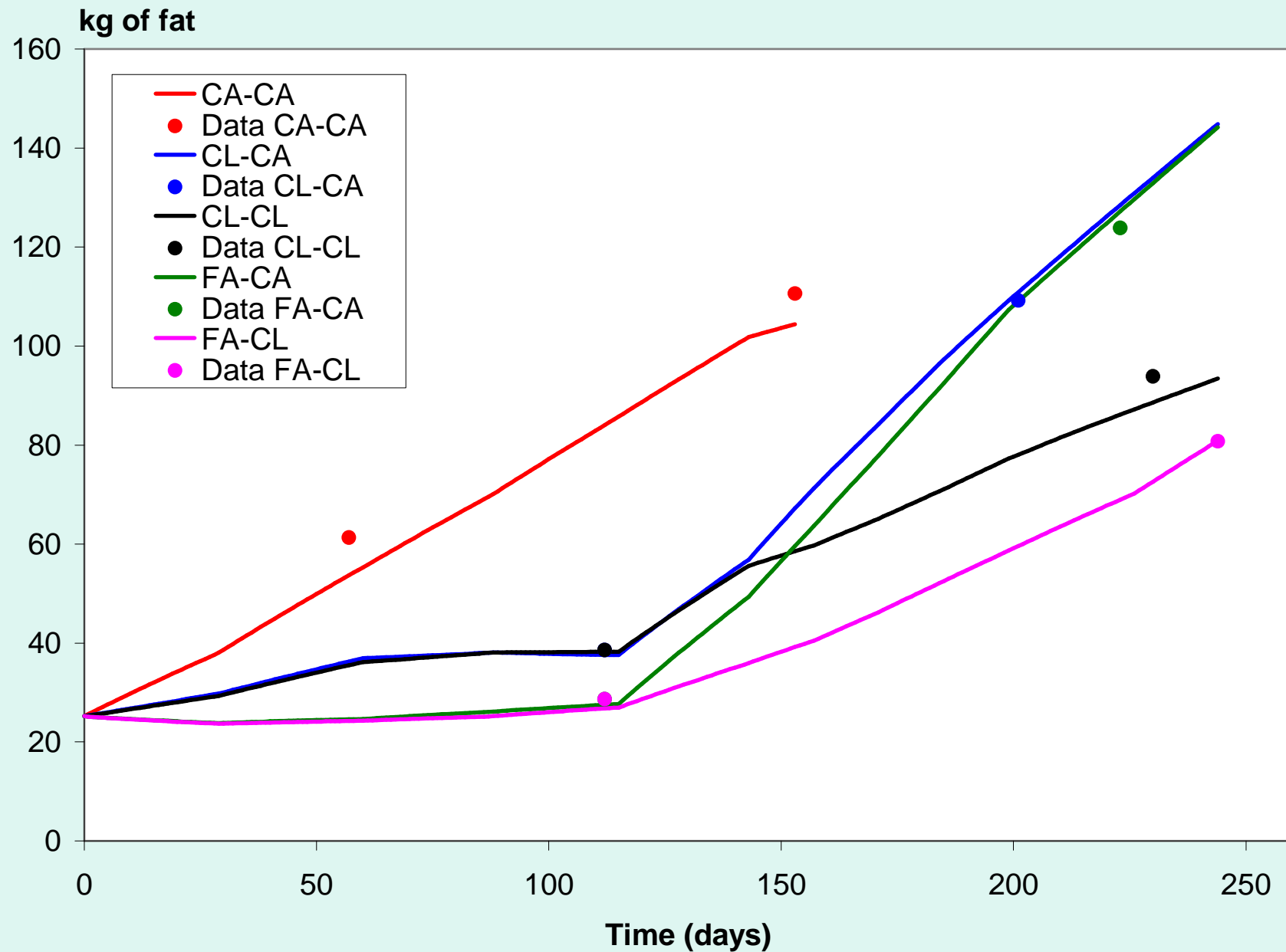
Simulations individuelles des lipides corporels chez les génisses Salers



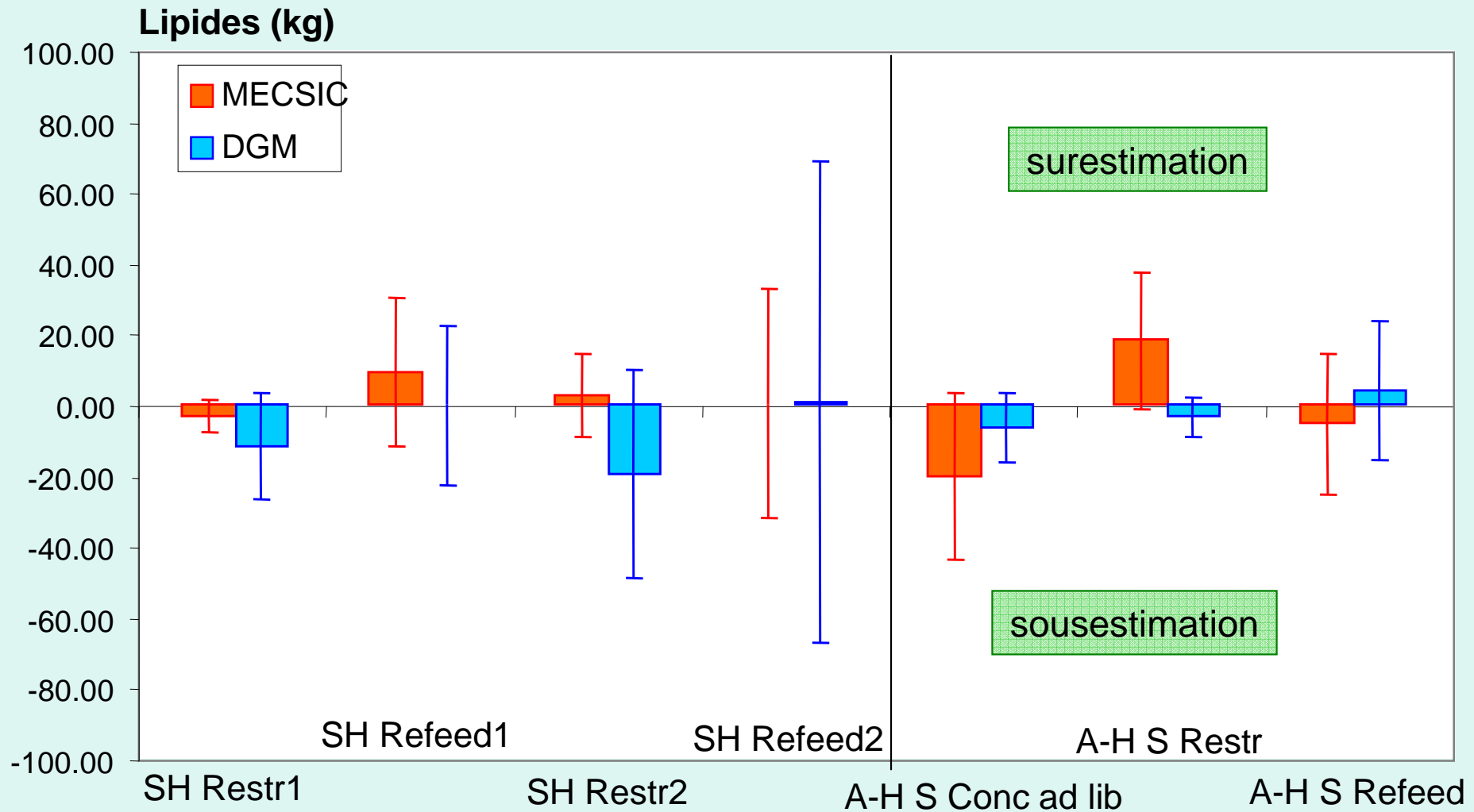
Simulations des lipides corporels chez les bœufs Angus avec MecSic

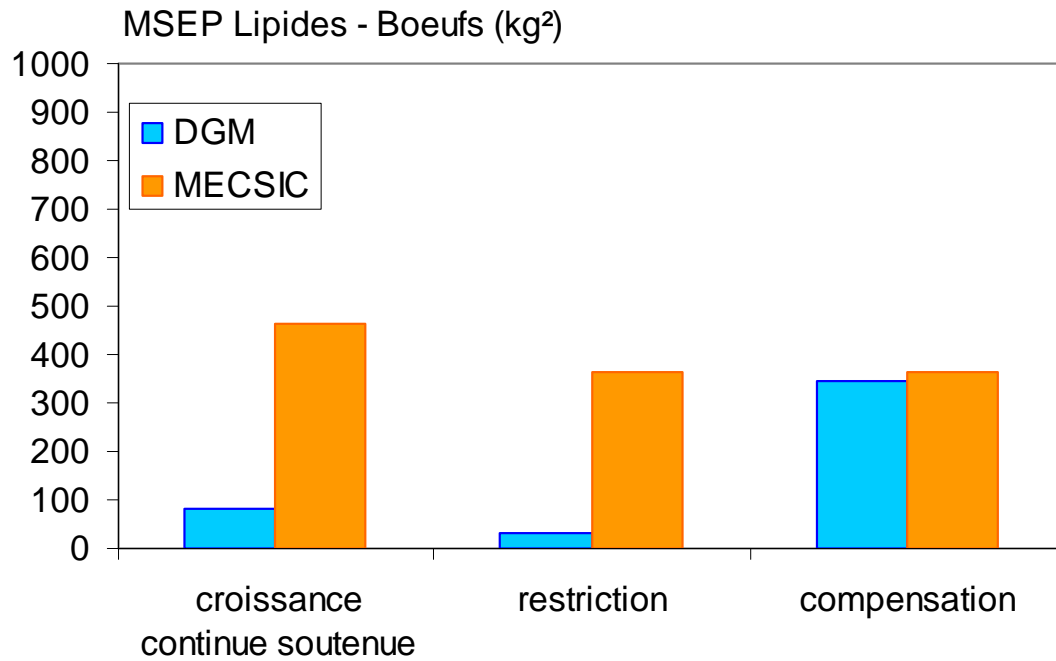


Simulations des lipides corporels chez les bœufs Angus avec DGM

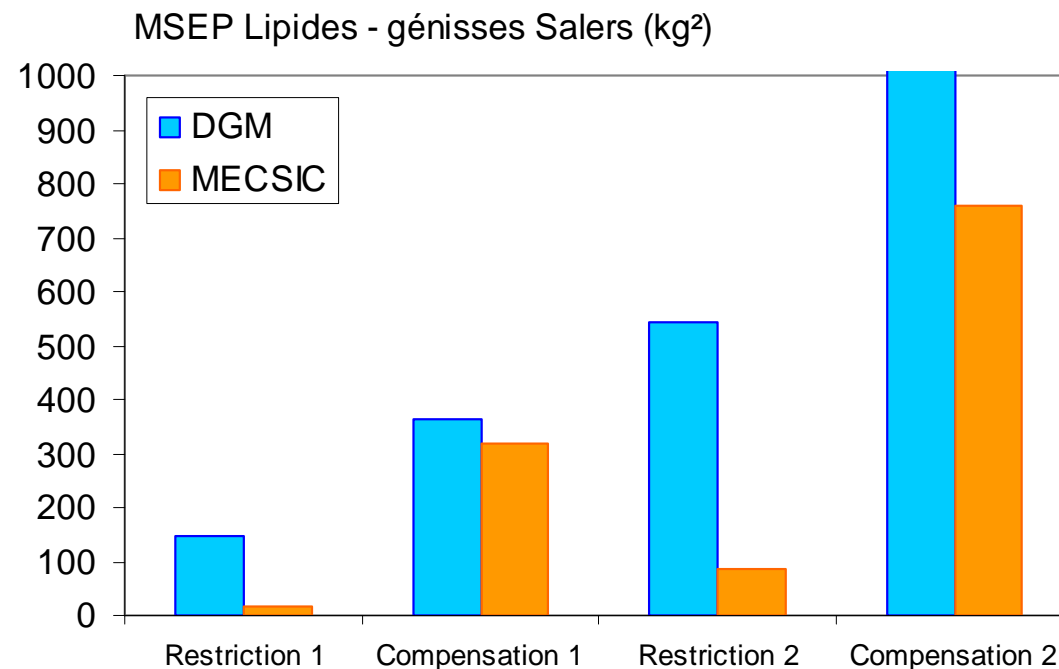


Biais moyen pour les estimations de lipides corporels évaluation de la « justesse »



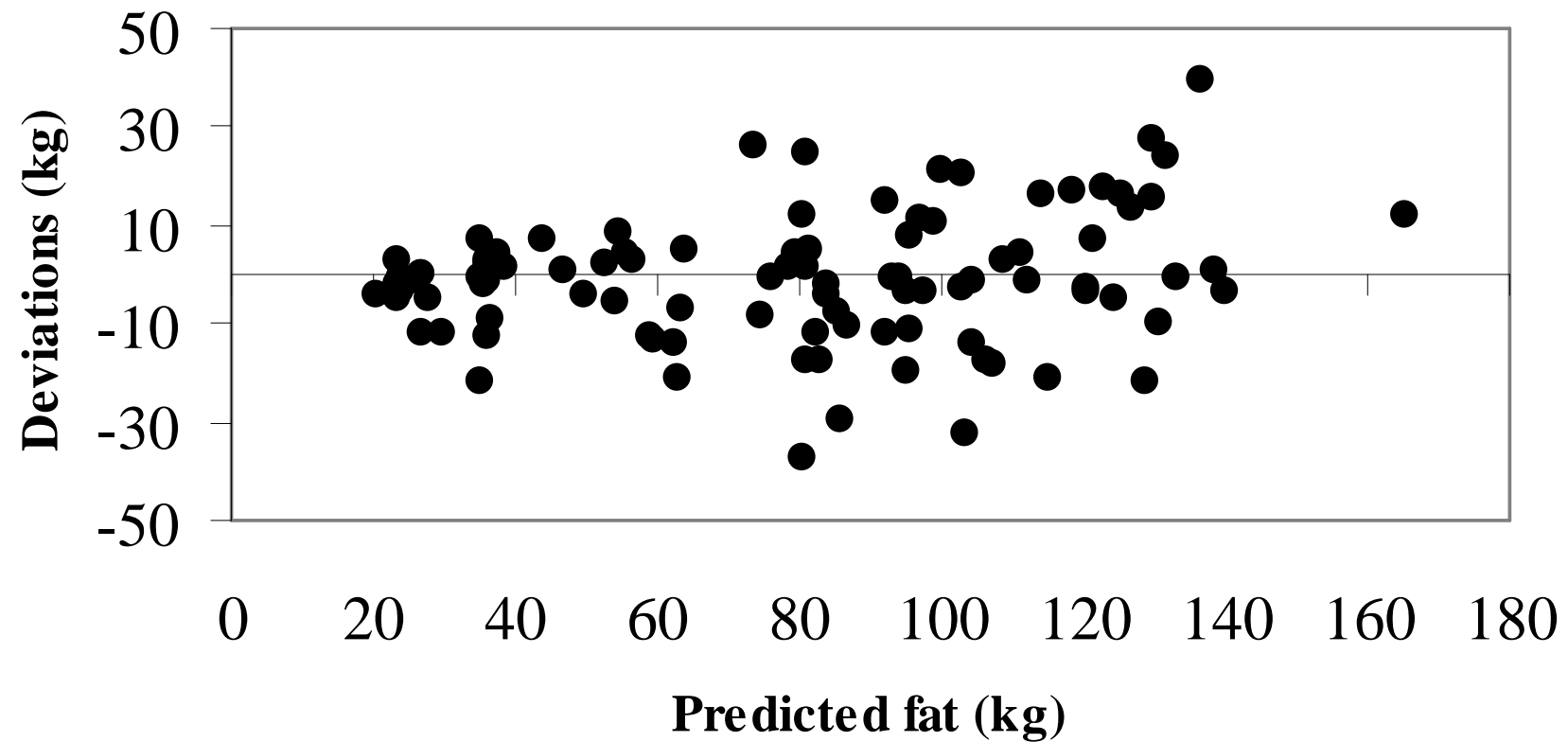


Carré moyen des erreurs de prédiction
évaluation de la « justesse » et de la précision
mais valeurs de « bornes » minimales puisque données non indépendantes

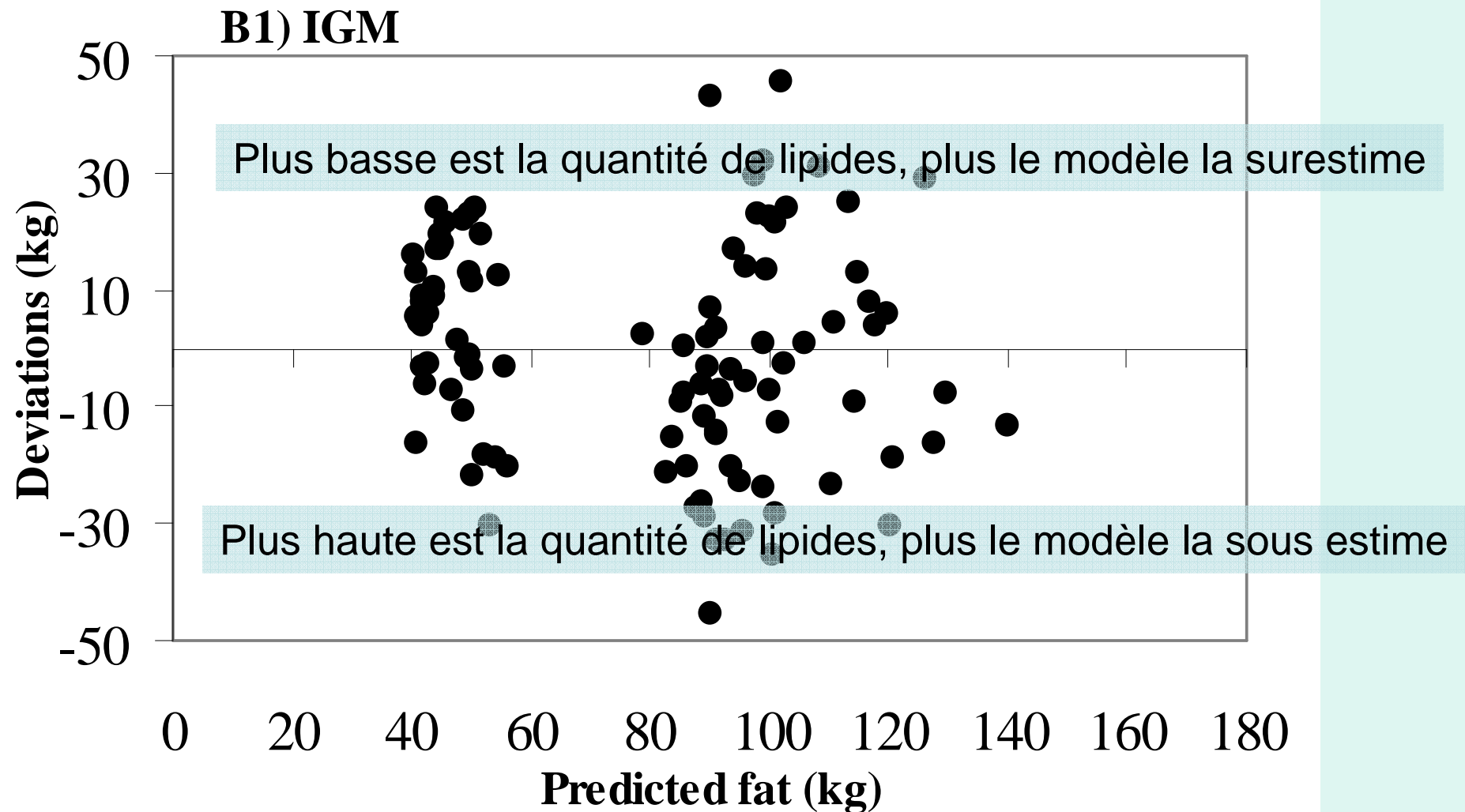


Déviations pour les lipides chez les bœufs Angus avec DGM

A1) DGM



Déviations pour les lipides chez les bœufs Angus avec MecSic



Avantages et limites de la méthodologie adoptée

La méthodologie a permis d'identifier et de caractériser les améliorations nécessaires des modèles

Les performances de prédiction ne peuvent pas être complètement étendues à d'autres jeux de données / on peut s'attendre à une plus faible précision avec des données externes.

Dans ce type de situation on ne peut pas appliquer les méthodes relatives à la régression à cause de la non-indépendance des observations et des simulations



Bilan de l'analyse comparative

Protéines

**Les structures de modèles sont adéquates
MecSic plus simple, sans ADN**

Lipides

**La structure de DGM est adéquate
La production de chaleur doit être mieux prédite
pour les périodes de restriction
MecSic n'est pas suffisamment sensible à l'énergie métabolisable ingérée**

**Les deux approches ont appris l'une de l'autre
et vont évoluer conjointement**

Plus de détails dans :

Garcia et al. 2008. Comparative analysis of two dynamic mechanistic models of beef cattle growth, Anim. Feed Sci. Tech. 143, 220-241.

