

Indexation Bovine Laitière

Note d'information aux organisations génétiques des bovins laitiers



IBL n° 2022-01
08/03/2022
Référence : 0022202038

Sommaire :

- 1- Pourquoi déployer le Single-Step
- 2- A quoi doit-on s'attendre comme évolutions
- 3- Impact des nouveaux index

Du nouveau dans les évaluations génétiques des bovins laitiers : mise en place d'une évaluation génétique et génomique en une seule étape (Single-Step)

Depuis 2009, début de la sélection génomique, les évaluations se déroulent en plusieurs temps : 1) évaluation des animaux avec performances et calcul des effets de milieu, 2) détermination des équations de prédiction génomiques, 3) indexation des animaux génotypés en appliquant les équations de prédiction génomiques.

En mars 2022, une nouvelle méthode d'indexation est déployée en bovins : le Single-Step. Cette méthodologie permet d'évaluer tous les animaux, mâles et femelles, qu'ils soient génotypés ou non, dans une seule évaluation avec l'ensemble de leurs informations disponibles (informations génomiques, performances, généalogies).

Les nouveaux index sont disponibles dès le 8 mars pour les races au calendrier national, le 6 avril pour les races au calendrier international.

Tout a commencé quand :

L'équipe G2B de l'INRAE a démarré les travaux en 2017 pour développer les logiciels permettant la mise en œuvre de cette méthodologie, dont la principale contrainte résidait dans le temps nécessaire pour réaliser les calculs d'indexation. Après une phase de test et d'optimisation pour quelques situations (programme ASAP de l'UMTeBis, financé par Apis-Gène, de 2019 à 2021), les travaux de déploiement ont démarré en 2020 à GenEval dans le cadre du programme partenarial UniGéno (conduit par Idele, avec la contribution financière du Compte d'Affectation Spéciale Développement Agricole et Rural). Ce programme, par une forte collaboration entre recherche, Unités de Service et utilisateurs, vise à mettre en place en quelques mois une nouvelle méthode d'évaluation dans les deux filières bovines, pour toutes les races et caractères indexés.

Le premier volet de déploiement porte sur les bovins laitiers au printemps 2022. Les travaux ont déjà débuté pour la filière viande. Les tests vont s'étaler sur l'année 2022, avec pour objectif un déploiement du Single-Step pour les indexations de l'hiver 2023.

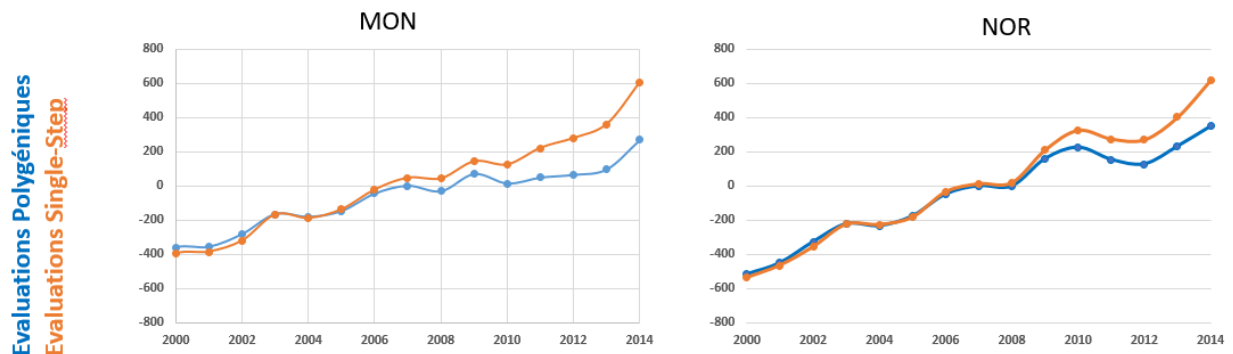
1. Pourquoi déployer le Single-Step et les principaux intérêts de la méthode

Prendre en compte le biais de pré-sélection

Même si l'évaluation en deux étapes a fait ses preuves (augmentation du progrès génétique, réduction de l'intervalle de génération, etc.), il a été constaté qu'à l'arrivée des performances des premières filles, les index des jeunes taureaux évalués baissaient.

Dès 2011, la communauté scientifique avait identifié ce décalage lié à une pré-sélection des jeunes animaux sur la base de leur index génomique seulement (en effet, seuls les meilleurs animaux génotypés ont des performances, les moins bons ayant été éliminés). Cette utilisation induit une sous-estimation des meilleurs animaux de l'évaluation polygénique (population avec performances). Cette sous-estimation, si elle n'est pas prise en compte, peut fausser les index après plusieurs générations. Le Single-Step, méthode dont les propriétés sont reconnues par l'ensemble de la communauté scientifique internationale, apporte la solution pour tenir compte de la pré-sélection génomique et corriger ce biais. Cependant son implémentation était difficilement envisageable à l'époque (difficultés méthodologiques et de temps de calculs nécessaires pour résoudre les équations). Ces dernières années, le travail des chercheurs a été de mettre en œuvre des méthodes et algorithmes pour rendre possible cette méthodologie sur des gros jeux de données et sur des modèles complexes souvent utilisés en bovins.

Illustration 1 : Constat d'une correction de l'estimation du progrès génétique avec le Single-Step en Production Laitière pour les mâles.



Le biais moyen augmente avec le temps :

- ~100 à 150 kg de Lait pour les naissances 2010
- ~300 à 350 kg de Lait pour les naissances 2014

UMTeBis- Formation UniGéno 2022

Gagner en précision en intégrant toutes les performances disponibles dans l'évaluation génomique

Jusqu'à présent, les animaux non typés et avec performances ne sont pas dans l'évaluation génomique (mais uniquement dans l'évaluation polygénique). En bovins laitiers, on limite cette perte de performances car la quasi-totalité des taureaux sont typés et on « résume » les performances des filles non typées du taureau chez le taureau lui-même. Mais en bovins allaitants, cette perte de performances est plus conséquente !

Rendre la génomique accessible à toutes les races.

Le Single-Step est une méthodologie unifiée qui à terme sera utilisée pour tous les bovins (laitiers ou allaitants). Contrairement au système précédent qui nécessitait une population de référence importante pour que l'évaluation génomique puisse être mise en œuvre, toutes les races peuvent basculer en Single-Step sans effet de seuil. Pour celles qui disposent de peu de typages, le gain de précision, réduit initialement, augmentera progressivement au fur et à mesure de l'arrivée des typages. Cela permet donc à de nouvelles races d'accéder à la sélection génomique et d'indexer de nouveaux caractères y compris ceux avec peu de performances enregistrées.

2. A quelles évolutions doit-on s'attendre ?

Ce qui change :

Toutes les indexations se feront dorénavant en une seule étape, en traitant l'ensemble des informations disponibles (performances, généalogies et informations génomiques).

Pour les races Brune et Prim'Holstein, les femelles génotypées seront directement prises en compte dans les populations de référence (ce qui n'était pas encore le cas contrairement aux autres races), apportant un gain de précision important.

Quelques adaptations et évolutions ont été apportées à l'indexation de certains caractères (redéfinition des groupes de parents inconnus, passage d'un modèle « père/grand-père » à un modèle « animal » pour les caractères de naissance et vêlage, prise en compte de plus de lactations).

Tableau1 : Présentation des modèles d'indexation et changement avec le Single -Step

	Index polygéniques publiés	Index génomiques publiés	Index Single-Step
Production Laitière	Index uni-caractère	Index uni-caractère	Index uni-caractère
Cellules	Index uni-caractère	Index uni-caractère	Index uni-caractère
Mammites	Index combinés, prédictors = autres caractères de l'ISU	Index uni-caractère	Index uni-caractère
Morphologie	Index multi-caractères	Index uni-caractère	Index uni-caractère
Fertilité	Index combinés, prédictors = autres caractères de l'ISU	Index uni-caractère	Index uni-caractère
Longévité	Index combiné, prédictors = autres caractères de l'ISU	Index uni-caractère	Index uni-caractère
Naivel	Index issu d'un modèle à seuil père/grand-père	Index uni-caractère	Index uni-caractère issu d'un modèle linéaire animal
Vinviv	Index issu d'un modèle à seuil père/grand-père	Index uni-caractère	Index uni-caractère issu d'un modèle linéaire animal

Pour la **production laitière**, l'évaluation polygénique réalisée actuellement en routine prend en compte les performances de production des femelles des lactations 1 à 3 pour l'évaluation des mâles et des lactations 1 à 5 pour l'évaluation des femelles. En revanche, en Single-Step, la sélection des performances de production des femelles a été étendue aux lactations de rang 1 à 10 pour l'ensemble des races, sauf la Prim' Holstein pour laquelle les lactations de rang 1 à 5 sont prises en compte. Les contraintes de présence de la première lactation ou de connaissance des parents sont supprimées.

L'évaluation actuelle des **index facilité ou vitalité à la naissance et au vêlage** (NAIVEL, VINVIV) repose sur un modèle à seuil. Elle est basée sur un modèle père/grand-père maternel, qui utilise l'information génétique de la voie mâle. L'évaluation génétique NAIVEL évalue ainsi les taureaux sur la facilité de naissance (NAI) de leurs descendants et la facilité de vêlage (VEL) de leurs filles. Le caractère « facilité de naissance » correspond à la condition de vêlage notée entre 1 (facile) et 5 (difficile). L'évaluation génétique VINVIV des taureaux estime la vitalité à la naissance de leurs descendants (VIN) et la vitalité du veau au vêlage de leurs filles (VIV). Le caractère de vitalité correspond au statut du veau (vivant/mort) 48 heures après sa naissance. L'utilisation du Single-Step est difficilement compatible avec un modèle à seuil et demanderait un logiciel spécifique. Le modèle des indexations NAIVEL et VINVIV a donc évolué en modèle linéaire, qui est adapté au Single-Step. Pour cela, les performances brutes ont été adaptées à ce nouveau modèle et transformées en « scores normaux » qui représentent mieux les différences entre classes.

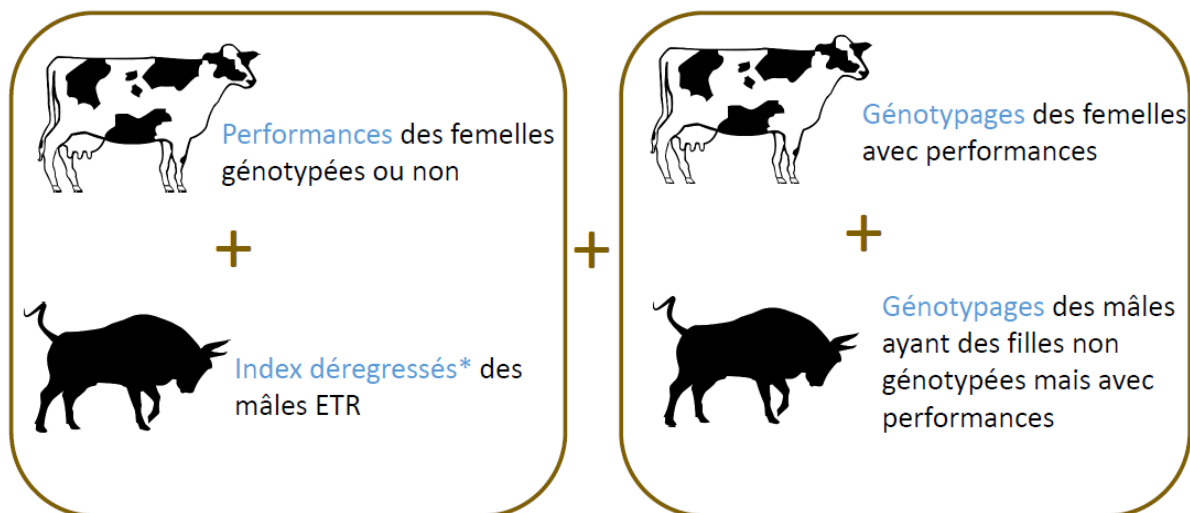
En parallèle, le passage au **modèle « animal »** permet la valorisation de toute l'information du pedigree, apportant ainsi un gain de précision. L'évaluation génétique en modèle animal évalue ainsi les animaux sur leur facilité à naître ou vitalité à la naissance (NAI/VIN – effet direct) et leur aptitudes au vêlage (VEL/VIV- combinaison de l'effet maternel et la moitié de la valeur génétique directe). Enfin, en fonction du choix des organismes de sélection, les index de naissance et vêlage, aujourd'hui publiés en pourcentage, pourraient être exprimés différemment.

On notera également que la majorité des **index fonctionnels** qui composent l'ISU sont passés d'un modèle multi-caractères à un **modèle uni-caractère** en Single-Step en attendant le développement d'une évaluation combinée dans le cadre du programme UniGéno. Pour rappel, en multi-caractères (cas des index polygéniques mammites, morphologie, fertilité et longévité), l'index d'un caractère est estimé à partir de l'information sur ascendance, de la performance de l'animal (ou de ses filles dans le cas des mâles) pour ce caractère mais également de la performance de l'animal (ou de ses filles) pour les autres caractères qui interviennent comme prédicteurs. En uni-caractère (cas du Single-Step), seule la performance pour le caractère évalué est prise en compte (en plus de l'information sur ascendance). Pour les animaux qui n'ont pas de performance propre, il a été choisi de calculer un index Single-Step issu des coproduits de l'indexation polygénique, dans le but de calculer un ISU.

Ce qui ne change pas :

Les règles de sélection des données ne sont pas modifiées, ni les modes d'expression (base de référence, unités) des index (sauf naivel/vinviv).

Illustration 2 : Informations prises en compte dans les évaluations Single-Step



* Pour les races Holstein, Brune et Simmental seulement :

- Index Interbull en races Brunnes et Prim'Holstein
- Index Convertis DEU en race Simmental

GenEval- Formation UniGéno 2022

L'impact sur les index

La mise en œuvre de la méthodologie Single-Step modifie les classements des mâles et femelles pour toutes les races et tous les caractères. Pour les races nationales, environ un quart du Top100 des mâles pourrait être renouvelé.

La correction du biais de pré-sélection induit une plus forte estimation de progrès génétique de certains caractères et notamment de la production laitière. Les index sont « plus éclatés » (plus de variabilité) notamment pour les animaux les plus jeunes, sans performance (uniquement génotypés) du fait de l'augmentation de CD. Ces fortes évolutions de variabilité des index élémentaires impactent par construction les variabilités des synthèses et notamment de l'ISU. Les formules des ISU ont été adaptées pour prendre en compte l'éclatement plus important de certains index et ainsi maintenir les poids auparavant définis pour chaque composante.

Le gain de fiabilité obtenu, même s'il est peu mesurable par le CD, permet donc une meilleure estimation du potentiel génétique des animaux et limite encore les variations d'index avec la prise en compte de nouvelles performances (lactation ou arrivée des filles).

Tableau 2 : Corrélations entre index génomiques et Single-Step (référence t2135)

Index	Prim' Holstein		Normande		Montbéliarde		Abondance		Tarentaise		Brune		Simmental		Vosgienne	
	M	F	M	F	M	F	M	F	M	F	M	F	M	F	M	F
ISU	0,99	0,95	0,97	0,93	0,98	0,93	0,97	0,88	0,98	0,92	0,98	0,95	0,97	0,83	0,95	0,90
Lait	0,98	0,92	0,98	0,92	0,97	0,93	0,97	0,92	0,98	0,93	0,98	0,92	0,96	0,79	0,97	0,89
Cel	0,98	0,94	0,97	0,95	0,98	0,96	0,99	0,94	0,98	0,89	0,98	0,94	0,95	0,75	0,98	0,92
Ferv	0,97	0,93	0,91	0,79	0,90	0,77	0,95	0,85	0,90	0,80	0,97	0,93	0,81	0,69	0,89	0,83
Mo	0,99	0,96	0,98	0,96	0,98	0,96	0,96	0,93	0,99	0,95	0,99	0,96	0,93	0,83	0,98	0,93
N	30 372	753 409	2994	119 188	3682	414 682	453	1413 1	357	7060	6058	11 109	476	4389	57	3974

Tableau 3 : Etudes des palmarès Top100, exemple des taureaux Prim' Holstein, Normande et Abondance - comparaison des index génomique et Single-Step (SS) (référence t2135)

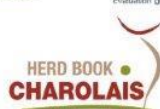
Index	Prim'Holstein				Normande				Abondance			
	min	max	moy	ect	min	max	moy	ect	min	max	moy	ect
ISU	203	227	207.9	4.89	144	169	151.3	5.85	109	133	116.61	5.86
ISU SS	176	233	213.6	9.3	145	194	170.9	9.05	103	138	118.47	7.82
Lait	-131	2036	919.8	466.4	-253	1255	594.8	263.2	-531	1248	272.5	295.2
Lait SS	-51	2331	1080.2	450.9	120	1971	1141.6	348.3	-423	1207	310.4	315.9
Cel	-0.4	3.7	2.09	0.84	-0.1	2.1	1.09	0.55	-1.5	1.7	0.09	0.69
Cel SS	-0.4	3.7	2.12	0.92	0	3.2	1.72	0.71	-1.6	1.8	0.13	0.76
Ferv	0.8	3.8	2.12	0.55	-1.3	1.5	0.23	0.56	-1.5	1.3	0.1	0.48
Ferv SS	0.8	3.8	2.53	0.6	-1.1	2	0.77	0.65	-1.5	1.4	0.14	0.57
Mo	0.6	4.6	2.64	0.7	-0.3	2.9	1.24	0.56	84	130	105.49	9.55
Mo SS	0.5	5.1	2.74	0.86	0.1	3.8	1.79	0.62	85	128	105.85	8.86

Tableau 4 : Reclassements des palmarès entre index génomiques et Single-Step (référence t2135)

	Top 100 mâles							Top 200 femelles						
	HOL	MON	NOR	BSW	SIM	ABO	TAR	HOL	NOR	MON	BSW	SIM	ABO	TAR
Communs	54	78	81	70	84	89	94	84	105	82	108	72	89	118
Nouveaux	46	22	19	30	16	11	6	116	95	118	92	128	111	82
Disparus	46	22	19	30	16	11	6	116	95	118	92	128	111	82



UniGéno, un projet partenarial



Avec la contribution

Avec la contribution financière du compte d'affectation spéciale développement agricole et rural CASDAR

MINISTÈRE DE L'AGRICULTURE ET DE L'ALIMENTATION
Liberté Égalité Fraternité

Contacts : Stéphane Barbier Stéphane.barbier@geneval.fr,
Amandine Launay amandine.launay@idele.fr