

Congrès Interbull et ADSA (session jointe)

Cincinnati (USA) 21-24 juin 2019

S. Mattalia

Introduction

Le congrès Interbull s'est déroulé cette année en association à celui de l'ADSA à Cincinnati (USA, Ohio). C'était la 2nde expérience associant l'ADSA avec Interbull, avec cette fois-ci une forte mobilisation de l'équipe du CDCB (très présente par ailleurs dans les présentations).

La fréquentation du congrès Interbull a été moyenne, avec une centaine de participants, ce que l'on peut expliquer par l'éloignement par rapport aux centres d'évaluation et de recherche européens et le fait que l'assemblée générale d'ICAR avait lieu la même semaine à Prague. Cela dit la présence du congrès sur les terres étatsuniennes et les sessions jointes avec l'ADSA ont permis à plus d'équipes américaines de participer, en particulier celles issues des entreprises de sélection.

Les présentations étaient extrêmement riches, tant dans la diversité des sujets traités et les avancées annoncées dans différents secteurs.

Pour en savoir plus, consultez les présentations et les articles sur :
https://interbull.org/ib/programme_cincinnati_2019 (présentations)
et <https://journal.interbull.org/index.php/ib> (articles)

Sessions Open d'Interbull

Evaluations : Interbull-related R&D and other new methodologies

Le SNP MACE est une approche nouvelle, qui vise à évaluer au niveau international les effets des marqueurs sans que cela nécessite la mutualisation de toutes les données, en particulier des populations de référence femelles. Cette approche est motivée par 1) l'intérêt grandissant pour les populations de référence femelles ; 2) le développement d'approches de type single step, qui risque de rendre complexe le maintien des évaluations internationales fondées sur les index polygéniques des taureaux (MACE).

Le SNP MACE a fait l'objet de deux présentations, avec deux approches différentes :

- Le projet Interbull (présentation M. Goddard), vise à développer une évaluation internationale fondée sur les effets des marqueurs estimés par chaque pays séparément. Elle ne nécessite que l'accès aux effets des SNP, pas des génotypes. Le logiciel en cours de développement est testé sur la population brune InterGenomics. Les résultats ont bien avancé mais ils ont nécessité des travaux préalables qui n'étaient pas prévus. La validation du logiciel n'est pas terminée (objectif : Novembre 2019). Les résultats sont encourageants, mais il y aura encore des étapes avant une éventuelle mise en œuvre : ici, les modèles d'évaluation génomique sont strictement identiques, les SNP sont les mêmes dans tous les pays...
- L'approche développée par EuroGenomics (présentation E. Mäntisaari, Luke), ne nécessite pas l'accès aux effets des SNP estimés dans chaque pays, mais aux génotypes des taureaux et à leurs index nationaux polygéniques. Elle a été mise au point sur la population des taureaux, et ensuite adaptée pour valoriser les populations de référence des femelles, en résumant l'information au travers de leurs pères grâce à une modification des pondérations des pseudo-performances de ceux-ci dans les équations. Les premiers résultats obtenus sur la QMP sont encourageants.

La **présélection génomique** est l'objet d'un groupe de travail Interbull et a été l'objet de deux présentations. Le MACE ne corrige pas un biais dans les évaluations nationales d'un pays qui ne corrigerait pas pour la présélection génomique (H. BenHajali). Plusieurs alternatives sont envisagées pour essayer de corriger les biais

ainsi créés (P. Sullivan)... Interbull a pris conscience que de nombreux centres d'évaluation travaillaient sur la mise en œuvre d'un Single Step. C'est pourquoi les activités de ce groupe de travail ont été élargies à la **prise en compte d'évaluations Single Step dans le MACE**. La question la plus délicate à régler à ce niveau est d'éviter la redondance d'informations, si les pays utilisent les résultats du MACE dans leur population de référence. Pour utiliser des évaluations issues d'un SS dans le MACE, une solution (à étudier) serait que chaque pays réalise dans un 1^{er} temps une évaluation fondée sur leurs seules données et envoient les résultats à Interbull, puis combinent ensuite les résultats du MACE avec leurs propres évaluations.

Enfin, Misztal et Lourenco (Univ. Georgie USA) ont montré que **l'approche APY du Single Step ne produit pas forcément des résultats aussi heureux qu'annoncés initialement** : les expériences montrent des fluctuations assez importantes sur les évaluations des animaux, selon qu'ils sont ou non pris en compte dans le « noyau » (en anglais « core » : matrice de parenté génomique à inverser) pour l'estimation des SNP. Contrairement à ce qui avait été dit au démarrage, il est maintenant recommandé de maintenir le groupe d'animaux utilisés dans le noyau assez longtemps, de constituer un groupe plus conséquent en taille, et de sélectionner les animaux génétiquement stratégiques (mâles d'IA par exemple)...

Session 2 : Nouvelles méthodologies d'évaluations

Cette session a été l'occasion aux équipes américaines de montrer de nombreux travaux. On notera en particulier la **présentation rétrospective** faite par Nicolazzi (CDCB) **sur tous les changements intervenus dans les évaluations américaines en 2018-2019**. Les principales évolutions ont fait l'objet de nombreuses présentations par la suite : calcul de la composition raciale à partir des informations génomiques, évaluation génomique des populations croisées, mise à jour de la carte génétique, nombreux nouveaux caractères de santé, nouveaux tests génétiques... et dans les mois à venir, le rythme ne faiblira pas, avec notamment la mise à jour de tous les SNP utilisés dans les évaluations, la prise en compte des GPM issus de l'assignation de parenté, le développement d'évaluations pour la santé en race jersiaise et surtout à partir de 2020, l'évaluation de l'efficacité alimentaire ...

En **Allemagne**, le **programme Kuh Vision** se poursuit, avec une population de plus de **370 000 femelles génotypées**. Après les mammites (en lactation et précoces), la santé des pieds, les troubles de la reproduction et les troubles métaboliques, les travaux portent maintenant sur la survie des génisses. Z. Liu (VIT) démontre l'intérêt de l'utilisation d'une population de référence mixte (mâle + femelle) pour l'ensemble des caractères. Il communique notamment sur la base de la comparaison de résultats de performances de femelles aux prédictions génomiques.

En **Australie**, I. Van den Berg (Univ. Victoria) travaille sur le développement d'une **évaluation multiraciale**, afin d'évaluer la Red Dairy Cattle en plus des races Jersiaise et Holstein. La qualité des évaluations Red dépend de la proportion d'animaux Holstein conservée dans la population de référence (ne pas mettre trop de Holstein) et s'améliore avec un modèle multi-caractère.

R. Mrode (SAC, Ecosse) met son savoir-faire au service des pays africains. Le **projet African Dairy Genetic Gain Project** vise à développer une évaluation génomique à partir de données collectées en Tanzanie et en Ethiopie. Les défis sont nombreux et de tous ordres (on est bien loin de l'évaluation en race pure !) et pour autant les résultats sont extrêmement encourageants, avec la possibilité de sélectionner des groupes de taureaux croisés pour améliorer le cheptel laitier de ces pays.

Session 3: New traits and phenotypes collection : Fertility/Milk, Beef and crossbreeding

La base de données IDEA d'Interbull (Rozen, Interbull) devient un outil ouvert à de nombreux services potentiels. Elle permet de gérer plus de 40 millions d'index calculés pour 25 races différentes, les généalogies de 35 millions d'animaux de 64 races... La table des gènes d'intérêt en Holstein accueille déjà 22 000 animaux, les partenaires d'Interbeef ont utilisé IDEA pour déclarer les animaux qu'ils génotypent, GenoEx contient les SNP nécessaires aux vérifications de parentés de 57 000 animaux... La dernière évolution en la matière a

été la mise en place d'IDEA pour l'apport des phénotypes d'Interbeef en 2018. A noter que désormais, la plateforme **IDEA permet un échange de données sécurisé entre pays**, qui pourrait devenir une plateforme intéressante pour des consortia, avec des droits d'accès permettant de garantir la confidentialité des informations et la possibilité de donner l'accès d'une information à un partenaire particulier.

En **Nouvelle Zélande** (M. Stephen, Dairy NZ), un projet vise à construire **une population de référence pour étudier la fertilité femelle**. Sont visés l'âge à la puberté, la distance anogénitale. L'âge à la puberté a été étudié préalablement avec des dosages progestérone, mais l'évolution du poids des femelles semble être une piste prometteuse et moins coûteuse pour le déploiement d'une large population de référence.

Au Canada, la synchronisation des chaleurs en élevage se banalise, avec l'augmentation de la taille des troupeaux et l'insémination par l'éleveur. Pour apprécier ce phénomène Oliveira (CDN) a identifié les troupeaux ayant une forte proportion de femelles inséminées dans un intervalle maximum de 2 jours. Actuellement 30% des élevages ont au moins 50% de vaches répondant à ce critère. Ce n'est pas sans conséquences sur la qualité des évaluations génétiques de la fertilité (en particulier tous les intervalles)...

N. Gengler présente l'**intérêt des spectres MIR pour la prédiction de phénotypes** (acides gras, CH₄...). Ces travaux ont donné lieu à de très nombreuses collaborations internationales, et maintenant un système d'équations a été mis au point, l'accès à telle ou telle équation dépendant du moment à partir duquel un organisme a commencé à contribuer à l'enrichissement de la population de référence. Mais pour aller plus loin dans les travaux de recherche, de nouveaux financements sont nécessaires...

En Irlande, l'ICBF (R. Evans) a revisité les **évaluations de la facilité de naissance dans les populations laitières. 4 types de caractères ont été définis (génisses/vaches, taureau laitier/à viande)** et des prédicteurs ont été ajoutés (facilité de naissance, poids naissance ou taille du veau à la naissance). Les modifications ont notamment permis d'améliorer des corrélations génétiques à l'international (+0,10 avec la France).

Enfin, **des évaluations multiraciales pour les taureaux de race à viande utilisés sur support laitier** (facilités de naissance, aptitudes bouchères) ont été introduites dans les **pays nordiques** pour répondre aux besoins des éleveurs qui ont de plus en plus recours à du croisement industriel (Davis, NAV).

Session 4 : New traits and phenotypes selection : Feed efficiency & resilience

Parmi les évolutions introduites par le CDCB dans les évaluations, G. Wiggans (USDA) a présenté le développement d'**évaluations génomiques en croisement aux USA**. Ce sont en fait une moyenne pondérée des GEV obtenus en race pure à partir d'une évaluation fondée sur une population de référence d'environ 36 000 animaux de 5 races différentes.

Les pays nordiques (Lindauer, Luke) **vont évaluer l'efficacité alimentaire, au travers du poids corporel métabolique (MBW)**, connu indirectement grâce la conformation des femelles et à leur poids (pesées pouvant être journalières). La corrélation génétique entre la MBW et la production laitière est nulle. Les animaux les plus lourds ont un peu plus de problèmes de pieds et de difficultés de vêlage en race Holstein. Ce nouveau caractère sera introduit en août 2019.

Les Pays Bas (De Jong, CRV) disposent d'une population de référence femelle de plus en plus conséquente sur **la capacité d'ingestion** (5600 femelles dont 2300 génotypées). A partir de l'ingestion et de la production laitière, le CRV a développé l'index « **Saved Feed Cost** », qui mesure l'écart entre l'énergie nécessaire à la production laitière et l'énergie consommée. La corrélation génétique entre le SFC et la production laitière est nulle. En revanche elle est nettement négative avec les caractères de format... Les corrélations avec les autres caractères sont aussi présentées (légèrement défavorable avec la fertilité, favorable avec la longévité).

Y. De Haas (Wageningen) présente les **travaux de GenTore** en matière de **définition de la résilience**, à partir de capteurs ou de données communément enregistrées. En particulier, elle montre une approche visant à

comparer une courbe de lactation théorique avec la courbe de lactation réalisée, pour mesurer les variations de production suite à un stress. Elle définit aussi un score attribué à chaque vache, en fonction du nombre de vêlages effectués, d'IA, de problèmes sanitaires...

Session 5 : Génotypages

GenoEx et activités d'ICAR relative à la certification des parentés : 20 organisations sont maintenant accréditées par ICAR pour la réalisation de vérifications de parentés (B. Van Doormaal, CDN, président du DNA Working Group d'ICAR), première étape avant la participation à GENOEX. Parmi elles se retrouvent les centres d'évaluation majeurs (VIT, CDCB, CDN, Anafi...). Les travaux portent maintenant sur le développement d'un service pour l'échange de SNP destinés à l'assignation de parentés. 9 pays participent actuellement à GENOEX (Rooszen, Interbull). Ils ont apporté les informations de tous leurs taureaux d'IA et 3 d'entre eux ont aussi apporté d'autres informations sur les « animaux cibles », comme les donneuses d'embryons.

Le CDCB (Camillo) a mis au point un **système de management de la qualité de la gestion des données de génotypage utilisées dans les évaluations**. Ce SMQ partagé entre tous les laboratoires permet de disposer d'indicateurs de suivi par laboratoire permettant éventuellement de mener des actions correctives (% génotypages avec call rate insuffisant, de conflits dans les parentés, d'informations manquantes sur la société d'exploitation...).

La nouvelle carte génétique (ARS-UCD1) a été testée puis introduite dans toutes les applications du CDCB, en particulier les évaluations génétiques et les tests génétiques (D. Null, CDCB, USA). Ce nouvel assemblage est jugé nettement meilleur que l'ancienne carte utilisée (UMD3). Entre autres, amélioration de l'imputation (en particulier pour les croisés et certaines races), meilleure cohérence entre haplotypes des parents et des descendants. Cette amélioration a aussi engendré une augmentation du nombre d'animaux détectés porteurs dans certaines anomalies génétiques. Ce sujet a été aussi abordé par Bickhart (USDA) lors de la session conjointe ADSA-Interbull. Celui-ci observe une nette amélioration de la localisation physique des SNP sur les chromosomes, en particulier sur le chromosome X. Il montre aussi la concordance entre l'ancienne et la nouvelle localisation des SNP.

La composition raciale des troupeaux américains évolue vite (Guinon, USDA, USA). En 20 ans, le pourcentage de troupeaux purs Holstein est passé de 85% à 70%. La part du croisement augmente et représente actuellement 5,2% des naissances dans les troupeaux laitiers. A noter que si le nombre d'élevages a beaucoup baissé, le nombre de vaches au contrôle laitier augmente toujours. Il est actuellement d'environ 4 millions de vaches laitières.

Enfin, D. Segelke (VIT, Allemagne) a testé **l'approche du deep learning pour l'imputation de gènes d'intérêt**. La méthode paraît prometteuse. D. Segelke pense que de nombreux domaines génétiques pourraient valoriser une telle approche en génétique.

Sessions conjointes ADSA – Interbull

Ten years of Genomic Selection

Les outils utilisant les informations génomiques sont de plus en plus nombreux, ce qui encourage un nombre croissant d'éleveurs à utiliser cette technologie (P. Van Raden). Le même outil est utilisé pour la prédiction génomique, la gestion de la variabilité génétique, le typage de gènes d'intérêt, la vérification et l'assignation des parentés... Actuellement la base américaine contient plus de 3 millions de génotypages. Le génotypage d'embryons se développe (16 000 génotypages aujourd'hui).

Dans ce monde en pleine évolution, E. Santus a retracé l'histoire **d'Intergenomics, une expérience tant technique qu'humaine**. La confiance mutuelle entre les acteurs, la gouvernance, une progression gérée par étape, l'indépendance d'Interbull ont été des éléments essentiels pour la réussite du projet.

Dans sa présentation, Maltecca (Univ. Guelph, Canada) montre que **les informations génomiques peuvent être extrêmement utiles pour gérer la variabilité génétique**. Plusieurs approches existent pour apprécier la variabilité génétique : consanguinité calculée grâce aux informations génomiques, mais aussi Run Of Homozygous (ROH) ou Homozygous By Descent (HBD). **Deux animaux peuvent avoir le même degré de consanguinité, mais avec une structure du génome totalement différente**. Selon qu'il y a eu récemment des goulets d'étranglement ou que la consanguinité soit le fruit d'un long processus, les portions homozygotes du génome peuvent être peu nombreuses et de longueur importante, ou nombreuses et très morcelées. C'est le premier de ces cas qui pose le plus de problèmes. Maltecca suggère d'intégrer cette information dans les index de synthèse, sous forme d'une **pénalité en fonction de la longueur des ROH**.

Dans le domaine des évaluations génomiques, la **méthodologie du Single Step** fait à l'heure actuelle l'objet de nombreux travaux. E. Mäntysaari (Luke, Finlande) montre l'intérêt de ces travaux, mais aussi qu'il n'existe pas une mais des approches Single Step. Il invite aussi à la prudence, car ces approches peuvent, selon lui, induire des risques de surestimation des jeunes taureaux sans performances.

Enfin, pour conclure cette session, G. Gorjanc (Roslin Institute, Ecosse) s'interroge sur les défis à venir d'un point de vue technologique. Selon lui, les deux prochaines évolutions majeures concerneront les technologies de l'embryon, avec la possibilité de séquencer des embryons pour disposer de ce stade d'une évaluation génomique fiables, et l'édition du génome.

Pipelines for novel traits

Le **programme Methagene** (Y. de Haas, Wageningen, Pays Bas) a permis la collecte de données de mesure du méthane dans des unités expérimentales et des fermes commerciales, en utilisant plusieurs proxies. L'ambition des Pays Bas est maintenant de déployer l'approche, avec la participation de 100 fermes commerciales dans le phénotypage de ces caractères.

De leur côté, les américains ont lancé un vaste programme de recherche financé par l'**USDA** pour phénotyper 4000 femelles sur **l'efficacité alimentaire**, dans 8 fermes expérimentales (Tempelman, Univ. Michigan). Les premières évaluations sont annoncées pour 2020 (Parker Gaddis, USDA), faisant suite à une **introduction massive d'évaluations de nouveaux caractères dans le secteur de la santé**. Ceux-ci ont été introduits dans le Net Merit \$, après estimation du coût de chaque maladie. Ces développements ont été permis grâce à la collaboration avec le contrôle laitier et les centres informatiques, qui ont organisé le flux de données. Mais les évaluations génomiques portant sur les mêmes caractères se multiplient aux Etats Unis : évaluations nationales conduites par le CDCB, privatives mises en œuvre par des entreprises de sélection, Zoëtis... Parker Gaddis s'interroge à ce sujet, soulignant la confusion que cela peut engendrer pour les éleveurs.

Les canadiens (Malchiodi, Univ. Guelph), après avoir développé des évaluations valorisant les carnets sanitaires, travaillent maintenant sur la **santé des pieds**, avec un réseau de 50 pareurs. Leur population de référence atteint maintenant 134 000 femelles phénotypées dont 20 000 génotypées. La santé des pieds a été introduite en 2018 dans les évaluations, et les index sont intégrés dans l'index de synthèse de la santé de la vache laitière. **Les données de parages ainsi collectées font aussi l'objet de valorisation au niveau des troupeaux**, qui sont ressenties comme une véritable valeur ajoutée bénéficiant à la fois aux éleveurs et aux pareurs. La prochaine nouveauté annoncée concerne les troubles de la reproduction, prévus pour 2020.

Enfin, **J. Pryce** (Univ. Victoria, Australie) a présenté les travaux conduits par les Australiens pour développer une **évaluation sur la résistance à la chaleur**, dans un contexte alarmant de fort réchauffement climatique en Australie. Cette évaluation est fondée sur la perte de production laitière lors de THI forts (combinaison

Température – Humidité). Les résultats des prédictions ont été testés sur un troupeau expérimental, avec des conditions de THI contrôlées. La suite des travaux porte maintenant sur la fertilité.

Comité de pilotage, Business Meeting, réunion Interbull/Interbeef

Gouvernance

Ce congrès a été l'occasion de rendre honneur à **Reinhard Reents**, qui quitte le comité de pilotage après 20 ans de participation dont 12 en tant que président. Il **est remplacé par Matthew Shaffer** (Datagene, Australie) **en tant que président**, et par Urs Schnyder (Qualitas, Suisse) en tant que représentant de la zone géographique Allemagne – Autriche – Suisse. **Brian Van Doormaal (Canada) a été élu vice-président**.

Deux autres représentants arrivaient au terme de leur mandat : Gert Petersen Aamand (Danemark), qui a été reconduit dans sa mission, et Marco Winters (Royaume Uni), qui est remplacé par Gerben De Jong (Pays Bas) pour la zone Royaume Uni – Irlande – Pays Bas.

Le Terms of Reference (TOR) a été revu et approuvé par ICAR. En particulier, la représentation des pays aux Business Meeting a été clarifiée (pour la France : Stéphane Barbier) ainsi que les relations avec ICAR.

RH

L'équipe d'Interbull a été fortement renouvelée depuis un an, avec notamment le départ de Hossein Jorjani et d'Eva Hjerpe. Elle est maintenant au complet, avec l'arrivée d'Alexis Michenet et de Simone Savoia.

Rapport d'activités

Le bilan des activités laisse transparaître de forts changements dans l'organisation des travaux du centre d'Interbull (ITBc), qui, malgré des effectifs réduits, **a réussi à mettre en place de nombreux nouveaux services**, pour certains attendus depuis plusieurs années : lancement de GenoEx, de la plateforme permettant d'accéder aux gènes d'intérêt en race Holstein, Truncated Mace, Mendelian Sampling Test...

A noter en particulier **la mise en œuvre de la base sur les gènes d'intérêt en race Holstein**, qui permet désormais aux centres d'évaluation d'envoyer tous les résultats des gènes reconnus par l'association mondiale, pour tout type d'animal, en particulier les taureaux d'IA. **A la demande du WHFF, les centres d'évaluation peuvent envoyer des résultats pour tout type d'animal, en particulier pour les taureaux d'IA, et ce que l'évaluation des animaux « dépende » du centre d'évaluation, ou non.**

Futurs développements

Nouveaux caractères

Une enquête a été réalisée auprès des centres d'évaluation sur établir l'intérêt d'un développement d'évaluations internationales sur de nouveaux caractères. 30 centres sur 36 ont répondu, ce qui montre la motivation sur le sujet. Les caractères visés sont : santé de la mamelle (mammites précoces en particulier), santé des pieds, troubles de la reproduction, troubles métaboliques, survie du jeune, persistance. En Holstein, 7 pays disposent d'évaluations nationales sur la santé des pieds, 8 sur la survie du jeune, 8 sur la persistance, 5 sur les maladies métaboliques, 4 sur les troubles de la reproduction.

Il est fort probable que la question du développement de nouvelles évaluations internationales se pose assez vite. La question du modèle économique est posée, car le MACE est devenu un outil de base pour la construction de populations de référence et les pays ayant investi le plus souhaitent faire reconnaître leurs efforts. Un groupe de travail a été créé pour y travailler, auquel participera Sophie Mattalia.

IGHol (InterGenomics for Holstein)

Le projet IGHol vise à développer une évaluation génomique internationale en race Holstein, fondée sur des génotypes de taureaux mutualisés entre partenaires et les résultats des évaluations internationales polygéniques (MACE). A l'initiative de la Slovénie, IGHol a pour but de faire accéder à la sélection génomique

des pays non adhérents aux consortia. Les évaluations sont réalisées par Interbull, qui est le seul centre à avoir accès aux génotypes des taureaux. 8 pays participent au projet : Slovénie, Irlande, Portugal, Uruguay, Afrique du Sud, Corée du Sud, Croatie, Israël.

La mise en œuvre de ces évaluations ne devrait pas avoir lieu avant la fin de l'année, pour permettre à Interbull de réaliser des tests complémentaires demandés par le comité technique.

Les pays des consortia sont actuellement consultés pour leur proposer d'envoyer des génotypages d'animaux stratégiques, afin d'améliorer la qualité des évaluations. Pour l'instant les ES canadiennes et étatsuniennes ont décliné l'offre. En revanche les ES allemandes se sont déclarées partantes, en échange de la possibilité d'envoyer des génotypages de jeunes taureaux qu'ils souhaitent commercialiser dans les pays d'IGHol (nombre de taureaux à définir).