

L'évaluation génomique en ovins laitiers

Alors qu'en indexation classique, le BLUP appliqué à un Modèle Animal constitue la méthode de référence universellement utilisée, en évaluation génomique, plusieurs méthodes coexistent, tel qu'on peut le voir en bovins laitiers. En ovins laitiers, le faible nombre de QTL détectés ne permettait pas de mettre en œuvre le BLUP-QTL utilisé pour les races bovines laitières françaises.

Vers le single-step GBLUP

Les divers programmes de R&D, et notamment Roquefort'in, ont permis de développer une évaluation génomique telle qu'elle est pratiquée en routine aujourd'hui. Voici les différentes étapes franchies et les principaux résultats obtenus.

- En 2012, Duchemin et al ont comparé plusieurs méthodes d'utilisation de l'information génomique en race Lacaune, et ce sur la quantité de lait, le taux butyreux (TB) et les comptages de cellules somatiques (CCS) : le GBLUP, le BayesCp, la régression PLS (« Partial Least Square ») et la régression sparse PLS. Les phénotypes étaient constitués des DYD (« Daughter Yield Deviation », c'est-à-dire la performance moyenne des filles de chaque bélier, corrigée pour les effets du milieu et la valeur génétique moyenne des mères), issues de l'indexation BLUP classique. La comparaison a été réalisée sur la base de la précision constatée sur une population de validation de 681 béliers (l'apprentissage ayant été réalisé sur 1886 béliers). Dans tous les cas, la prise en compte de l'information génomique dans les évaluations amène un surcroît de précision par rapport au BLUP standard de 4 à 11 points (selon le caractère et la méthode). Toutefois, toutes les méthodes génomiques donnent des résultats très similaires. Les méthodes Bayésiennes qui sélectionnent les SNP potentiellement intéressants fournissent des précisions très légèrement supérieures, mais avec un temps de calcul nettement plus long. Ces résultats sont probablement dus à l'absence de gènes majeurs et donc au faible nombre de grands QTL pour les caractères d'intérêt étudiés. Par ailleurs, les calculs réalisés ici nécessitent deux étapes : une première étape d'indexation classique BLUP fournissant les DYD considérées comme les phénotypes des béliers pour la deuxième étape de calcul d'index génomique. De plus, ils posent des problèmes complexes résolus de façon approchée, pour intégrer les effets de la présélection génomique dans l'indexation polygénique classique. Le choix méthodologique s'est donc porté sur le GBLUP en une étape (« Single Step » GBLUP ou ssGBLUP), basée sur les performances brutes des animaux (performances utilisées dans les évaluations génétiques classiques).

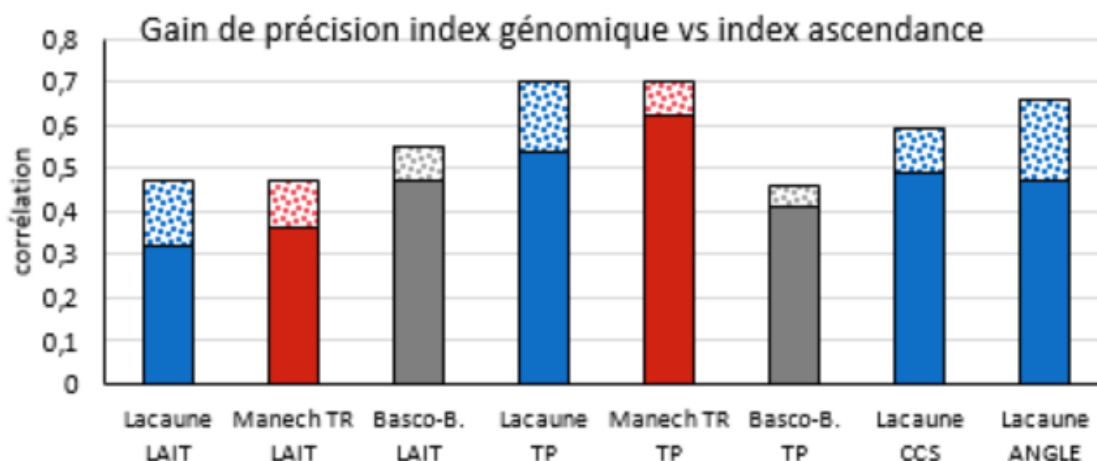
- En 2014, Baloche et al ont montré que la méthode ssGBLUP, basée directement sur les performances exprimées par les brebis, fournit des prédictions plus précises que le GBLUP en 2 étapes qui utilise les DYD des béliers issues de l'évaluation classique. Le gain de précision supplémentaire est compris entre 4 et 8 points (sauf pour les CCS où aucun gain de précision n'est observé). Par ailleurs, l'analyse des pentes de la régression des DYD sur les prédictions obtenues à partir des trois méthodes montre que le ssGBLUP est moins biaisé.

De plus, l'indexation génomique ssGBLUP est apte à tenir compte de toute présélection génomique. Les mères n'étant pas génotypées, on introduit dans l'évaluation les génotypes de tous les candidats, y compris de ceux qui ne sont pas retenus et qui n'auront donc pas de fille. Enfin, le ssGBLUP présente comme avantage de pouvoir estimer en un calcul unique des index génomiques à la fois pour les mâles et les femelles, qu'ils soient génotypés ou pas.

- Plusieurs sophistications du ssGBLUP ont ensuite été proposées. La prise en compte des «groupes de parents inconnus» a été réalisée en incluant explicitement dans le modèle des covariables correspondant à la contribution de chaque groupe (Misztal et al 2013). Cette évolution s'est avérée déterminante sur la bonne estimation du progrès génétique annuel. Ensuite, la prise en compte des hétérogénéités de variance (pour les 5 caractères laitiers) a été développée dans les programmes du ssGBLUP (les variances (génétiques, résiduelles et d'environnement permanent) varient en fonction du troupeau, de l'année et la parité).

Au-delà des méthodes, le développement de l'évaluation génomique en ovins laitiers en France a été permis grâce à l'utilisation des différents programmes du package BLUPf90 (Misztal et al 2002, Aguilar et al 2010 et 2011), et plus spécifiquement les logiciels blup90iod2, pregsf90 et accf90. Ces programmes ont été adaptés par l'équipe de University of Georgia et pas Andrés Legarra à GenPhySE.

Finalement, le tableau suivant illustre les gains de précision permis par l'évaluation génomique ssGBLUP en comparaison au BLUP classique (valeurs sur ascendance).



Sources : Baloche et al, 2014 ; Astruc et al, 2016

Les limites de l'approche multi-raciale

Le programme GENOMIA a été l'occasion, au-delà de jeter les bases de la sélection génomique en ROLP, de tester l'évaluation multi-raciale entre les races Manech (Pays Basque Nord en France) et Latxa (Pays Basque Sud en Espagne), avec la puce 50k ovine. Le tableau suivant compare l'approche multiraciale et l'approche intra-race. Il montre la précision des prédictions génomiques en races Manech et Latxa tête rousse ainsi que Manech et Latxa tête noire, obtenues intra-race et en multi-ral (Manech tête rousse avec Latxa tête rousse et Manech tête noire avec Latxa tête noire) (Source : Legarra et al 2014)

Races	Taille de la population σ : Apprentissage-A Validation-V	Précision de la prédiction génomique	
		Intra-race	Multi-race
Manech tête rousse	A : 1002 V : 293	0,43	0,43
Latxa tête rousse	A : 148 V : 48	0,26	0,25
Manech tête noire	A : 306 V : 56	0,28	0,33
Latxa tête noire	A : 67 V : 24	0,48	0,51

Les précisions des prédictions génomiques en Manech et Latxa tête rousse ne sont pas améliorées, lorsqu'on passe d'une évaluation intra-race à une évaluation multi-race, malgré les fortes connexions entre les deux races. En revanche, les Manech et Latxa tête noire semblent toutes deux tirer profit d'une évaluation multi-race, alors que les connexions sont plus ténues entre ces deux races. Ce résultat est toutefois à relativiser au vu des faibles effectifs des populations têtes noires, et donc d'intervalles de confiance élevés de ces estimations. L'utilisation de la puce 54k, de moyenne densité, ne s'avère donc pas réellement efficace pour tirer bénéfice d'une évaluation multiraciale, même pour des races très proches. Par ailleurs, les faibles effectifs des populations d'apprentissage et de validation de chacune des races (à l'exception de la MTR) ne permettent sans doute pas d'exprimer un gain éventuel qu'apporterait l'approche multiraciale.

Des résultats similaires ont été observés en race Lacaune : le mélange des populations de référence des 2 Entreprises de Sélection Lacaune (environ 1 800 béliers chacune) n'apporte pas de gain de précision par rapport à une évaluation intra Entreprise. Ces résultats sont originaux car ils concernent deux Entreprises de Sélection d'une même race ayant eu des échanges quasi inexistantes entre cheptels de béliers d'IA depuis 3 ou 4 décennies seulement, conduisant à deux populations relativement disjointes ; ils sont fiables car basés sur des effectifs conséquents d'apprentissage et de validation.

En 2018, l'évaluation génomique en ovins laitier est donc basée sur la méthodologie du single-step GBLUP, utilisant les programmes du package f90 de l'University of Georgia.
