



La nouvelle méthode d'indexation génomique 2015



Des précisions pour accompagner
le diaporama

Juillet 2015

La nouvelle évaluation génomique 2015

La nouvelle méthode d'indexation génomique 2015

Comprendre et expliquer les
changements et leurs conséquences

Une réalisation de l'UMT 3G
Unité Mixte Technologique 3G
Gestion Génétique et génomique des populations bovines
www.ugt-3g.fr



10/04/2015 réf. 0015203014

1

Une nouvelle méthodologie de calcul des index génomiques pour les races bovines laitières est adoptée depuis avril 2015. L'utilisation de ce nouveau modèle, combinée à l'augmentation des populations de référence, mène vers des index plus fiables et plus précis.

En un diaporama commenté, les réponses aux 10 questions qui se sont le plus posées sur le terrain.

Un dossier complet est disponible sur www.idele.fr :

[Dossier : Nouvelle Evaluation génomique 2015](#)

[Sélection génomique des bovins laitiers](#)

[Nouvelle évaluation génomique 2015](#)

[Nouvelle évaluation génomique 2015... et mouvements associés](#)

[IBL 2015-5 : La nouvelle méthode française d'évaluation génomique](#)

[IBL 2015-4 : Evaluation Internationale d'avril 2015](#)

[IBL 2015-3 : Le changement de base 2015 et l'évaluation de la longévité fonctionnelle](#)

1. Pourquoi avoir envisagé des évolutions ? Quelles sont les motivations ?

1. Une nouvelle étape dans l'amélioration continue de l'évaluation génétique

De nouvelles possibilités

- avec l'amélioration des méthodes et des outils :

Par exemple : améliorer la fiabilité des index pour des animaux de père non typé/mal connu en France (pedigree rare ou étranger)

- avec l'augmentation du nombre de femelles génotypées → plus d'animaux dans la population de référence = PopRéf*

PopRéf*	2010	2015	
	Nb animaux	Nb animaux	Nb équivalent mâles
holstein	16 000 ♂	30 000 ♂	30 000
montbéliarde	1 500 ♂	2 600 ♂ + 20 000 ♀	6 300
normande	1 250 ♂	2 300 ♂ + 10 000 ♀	4 200
brune	-	6 000 ♂	6 000

*PopRéf = population de référence = animaux avec [génotype & performances]



→ pour répondre à la demande des éleveurs : une meilleure précision des index dans toutes les races

10/04/2015 réf. 0015203014

3

En 2015, une série d'avancées importantes s'étant succédé rapidement (amélioration des méthodes et des outils, augmentation du nombre de femelles génotypées), il était temps d'envisager une évolution majeure dans la méthode d'évaluation génomique.

La plus grande étape concerne **l'augmentation très importante du nombre de femelles génotypées** : même si une femelle est moins informative qu'un mâle évalué, leur grand nombre justifie leur prise en compte dans la méthode pour augmenter la précision des évaluations. Cela a concerné les races normande et montbéliarde où la taille des populations de référence mâles restait limitée.

D'autres améliorations ont concerné le modèle même, utilisé pour réaliser les indexations. Ces améliorations permettent notamment de suivre plus de zones du génome impliquées dans la variabilité des caractères indexés (QTL). Et également de mieux suivre la transmission des gènes (parenté suivie à partir des génotypes).

L'objectif est de proposer une information toujours plus précise et fiable sur les valeurs génétiques de reproducteurs, et ainsi répondre à la demande des éleveurs.

2. Qu'est-ce qui a changé ? Quels sont les points forts de ces changements ?

2. Faire + confiance au génome pour une évaluation génétique + précise

1. **Meilleur suivi des régions du génome impliquées dans les variations génétiques des caractères (QTL).**

500 QTL en moy/caractère



3000 QTL en moy/caractère

2. **Meilleure prise en compte de l'ascendance** : passage de l'ascendance pedigree (parents enregistrés) à l'ascendance génomique (marqueurs SNP des parents suivis)

Pedigree



10 000 SNP

3. **Prise en compte des performances individuelles des vaches génotypées** : méthodologie adaptée selon les races

« Que l'animal soit français ou étranger, que son père soit génotypé ou non, son index génomique sera bien estimé. »



10/04/2015 réf. 0015203014

QTL = région du génome contenant un ou des gènes avec des effets sur les caractères

SNP = marqueurs élémentaires répartis sur le génome

4

Trois principaux changements:

1. La méthode 2015 permet **un meilleur suivi des régions du génome impliquées dans les variations génétiques des caractères (QTL)**

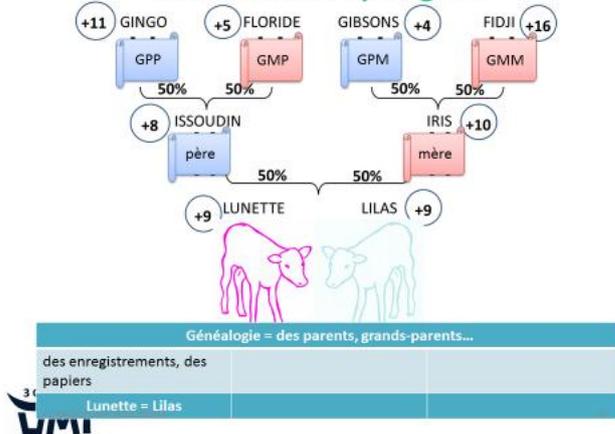
On est passé de 500 QTL en moyenne par caractère à 3000 QTL (les 500 étant conservés dans ce nouveau panel). Par ailleurs, le suivi de ces QTL est aujourd'hui plus fin, grâce à une amélioration de la méthode de détection des QTL et des tailles de populations de référence plus importantes.

2. La nouvelle méthode assure **une meilleure prise en compte de l'ascendance**, avec le passage d'une ascendance pedigree à une ascendance génomique. Le suivi de 10 000 marqueurs SNP sur le génome permet d'établir des liens précis sur la transmission des gènes.
3. Les **performances des vaches génotypées sont mieux prises en compte**, les modalités de prise en compte étant adaptées à chaque race.

Le nouveau modèle permet de garantir un index fiable que l'animal soit français ou étranger, que son père soit génotypé ou non.

2. Qu'est-ce qui a changé ? Quels sont les points forts de ces changements ?

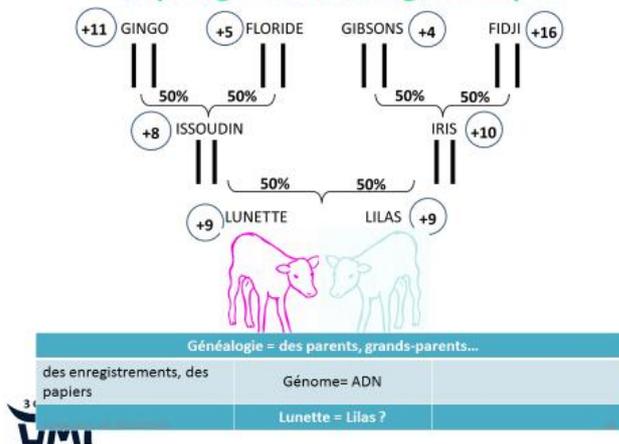
2. Ascendance pedigree



Avec l'ancien modèle, la généalogie est prise en compte à partir des enregistrements des filiations.

Lunette et Lilas ont la même ascendance pedigree car elles ont les mêmes parents, leur information ascendance est la même.

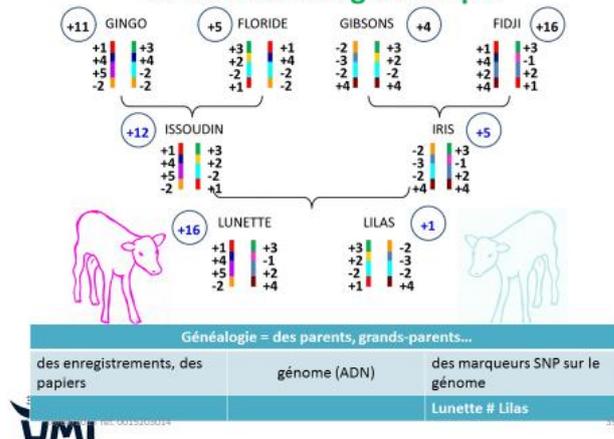
2. pedigree... ↔ ... génomique



Mais dans la réalité, en termes d'ADN transmis, **le détail du patrimoine reçu par Lunette et Lilas est différent.**

Chacune a bien reçu 50% de chacun de ses parents, mais les 50% ne sont pas forcément semblables.

2. Ascendance génomique



La nouvelle indexation génomique 2015 permet de suivre la transmission du génome, grâce aux 10 000 marqueurs SNP.

Lunette et Lilas ont une ascendance génomique différente, bien que leurs parents soient communs.

3. Comment les performances des femelles sont-elles prises en compte ?

3. Un changement dans la prise en compte des femelles génotypées

Pourquoi des différences entre races ?



Besoin de renforcer les effectifs et la diversité de la PopRéf* montbéliarde et normande : les femelles entrent dans la population de référence.

En holstein et brune : déjà de nombreux mâles représentant de nombreuses femelles avec performances.



Comment sont prises en compte les femelles ?

Les performances des femelles génotypées montbéliarde et normande entrent directement en cours d'indexation génomique. Elles participent aux index propres des ♀ qui les ont réalisées et aux index de leurs apparentés.

Les performances individuelles des femelles génotypées holstein et brune sont combinées aux index génomiques en fin d'indexation (« blending »).

Elles participent aux index propres des ♀ qui les ont réalisées mais pas aux index de leurs apparentés.



10/04/2015 réf. 0015203014

*PopRéf = population de référence = animaux avec [génotype & performances]

5

Pourquoi des différences entre races ?

Les races holstein et brune participent à des consortiums internationaux (Eurogenomics et Intergenomics), dans lesquels les pays partagent des génotypes. Cela leur permet d'avoir une population de référence mâle de grande taille (30 000 taureaux en holstein, 6 000 en brune). Dans ces conditions, il n'est pas apparu nécessaire d'inclure des femelles dans les populations de référence. En revanche, dans les races normande et montbéliarde, l'intégration des femelles génotypées (qui sont de plus en plus nombreuses depuis 2011), permet un gain de précision non négligeable. On a donc décidé de les intégrer à la population de référence.

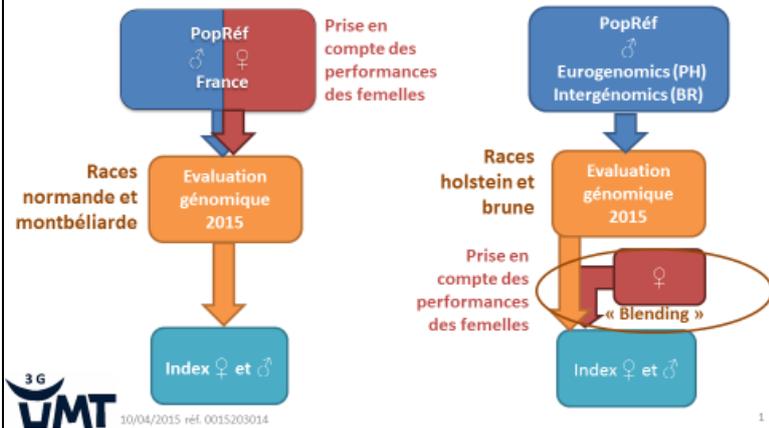
Comment sont prises en compte les femelles ?

Dans les races normande et montbéliarde, les performances des femelles génotypées sont directement prises en compte dans les indexations génomiques. Elles participent, au même titre qu'un mâle génotypé, à la population de référence sur laquelle les effets des QTL sont estimés à chaque indexation.

Dans les races holstein et brune, la performance d'une femelle génotypée complète sa pure information génomique. Son index génomique est combiné avec ses performances propres, c'est le « blending ».

3. Comment les performances des femelles sont-elles prises en compte ?

3. Un changement dans la prise en compte des femelles génotypées



En race normande et montbéliarde, les femelles génotypées participent directement, avec leurs performances, à la population de référence qui sert à établir les équations de prédiction génomique.

En race holstein et brune, les performances des femelles sont toujours prises en compte dans la population de référence, mais à travers leurs pères génotypés.

3. Le « Blending »

= Combinaison de 2 index en tenant compte de leur importance respective (poids de l'information)

$$I_{\text{Comb}} = a \times I_{\text{génomique}} + b \times I_{\text{perf}}$$

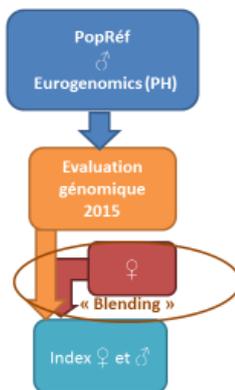
$$\frac{1 - CD_p}{1 - CD_p CD_g}$$

$$\frac{1 - CD_g}{1 - CD_p CD_g}$$

Avec $I_p = CD_p \times \text{performances}^*$

Et CD_p dépend de l'héritabilité, et la répétabilité du caractère et du « poids » des performances

* Corrigées des effets du milieu



Pour ces deux dernières races, holstein et brune, lorsque la femelle génotypée a des performances, elles sont combinées à son index génomique, c'est ce qu'on appelle le « **blending** ».

La contribution dans l'index final des 2 informations (génomique et performances) dépend des CD respectifs (=quantité d'information).

4. Principes de la nouvelle évaluation ?

4. Le principe de l'évaluation génomique 2015

évaluation génomique 2010			évaluation génomique 2015		
Composante	Source	% variance expliquée	Composante	Source	% variance expliquée
polygénique	pedigree	50%	génomique	10 000 SNP	25%
génomique	500 QTL	50%		3 000 QTL	75%

QTL = région du génome contenant un ou des gènes avec des effets sur les caractères
SNP = marqueurs élémentaires répartis sur le génome

**L'évaluation est 100% génomique :
les données sources viennent de la lecture du génome**

**Les performances participent à l'évaluation en construisant la
correspondance performances ↔ génotype dans PopRéf***



10/04/2015 réf. 0015203014

*PopRéf = population de référence = animaux avec [génotype & performances]

7

Dans l'évaluation génomique de 2010, la moitié de la variabilité génétique des caractères était expliquée par une composante dite « polygénique » (information venant du pedigree). L'autre moitié était expliquée par une composante génomique avec les 500 QTL suivis par caractère.

En 2015, toute l'information vient de la génomique : de 500 on passe à 3000 QTL qui expliquent maintenant 3/4 de la variance génétique des caractères, et le 1/4 restant est expliqué via les 10 000 SNP qui « traduisent » les liens de parenté entre animaux et la transmission des gènes.

Questions :

Où interviennent les performances des vaches ?

Les performances des vaches interviennent lors de l'établissement des équations de prédiction génomique. Elles permettent d'estimer les effets des QTL et des SNP. Sans performances, pas d'équation génomique et donc pas d'index génomique.

Le poids de 25% des 10000 SNP est-il plus fiable que le 50% du pedigree ?

On ne compare pas les 50% pedigree aux 25% des 10 000 SNP. En effet, les 50% de variance génétique venant du pedigree du modèle 2010 sont en fait suivis autrement. Avec le modèle 2015, ils sont répartis en 25% suivis grâce aux 10 000 SNP et 25% suivis grâce aux 3 000 QTL. Ensuite, il reste encore 50% de variance à expliquer, qui elle est suivie également par les 3 000 QTL.

4. Principes de la nouvelle évaluation ?

4. Quelle indexation pour quels animaux ?

Animaux et situation	Indexation
Mâles de race holstein, brune, montbéliarde, normande	index génomique 2015
Femelles génotypées montbéliarde et normande 	
Femelles génotypées holstein et brune sans performance 	
Femelles génotypées holstein et brune avec performance 	index génomique 2015 + prise en compte performances (« blending »)
Femelles non génotypées	index polygénique classique



10/04/2015 réf. 0015203014

8

Ce tableau reprend le type d'indexation réalisé par catégorie, selon les races, les animaux et la situation (génotypé ou non).

Pour **les mâles dans les races holstein, brune, montbéliarde et normande**, l'index génomique vient du nouveau modèle d'indexation 2015.

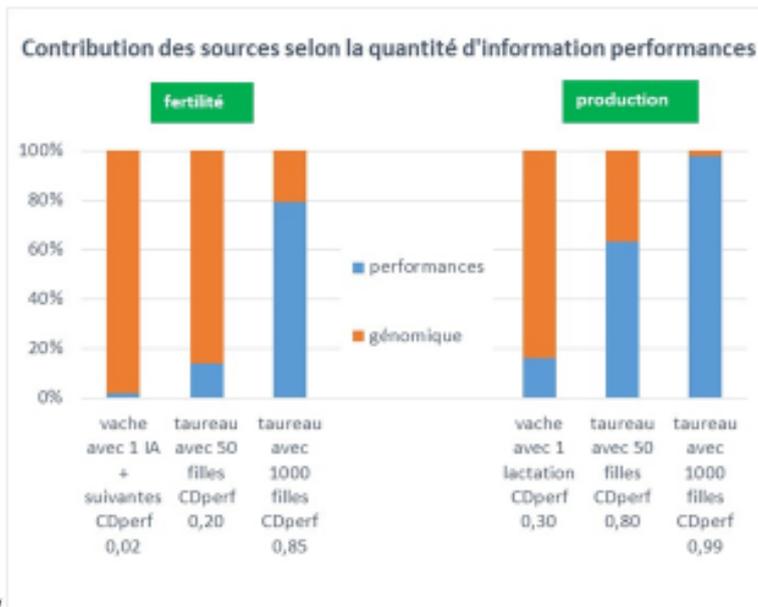
Pour **les femelles génotypées montbéliarde et normande**, et pour **celles génotypées holstein et brune sans performance**, l'index génomique vient du nouveau modèle d'indexation 2015.

Pour **les femelles génotypées holstein et brune mais avec performances**, l'index génomique du nouveau modèle d'indexation 2015 est combiné avec les performances des femelles dans le blending.

Quant aux **femelles non génotypées**, elles bénéficient de l'indexation classique, dite « polygénique », basée sur leurs performances et les pedigree.

4. Principes de la nouvelle évaluation ?

4. Les performances contribuent selon la quantité d'information et selon le caractère



La contribution des performances devient majoritaire :

- pour les taureaux avec plusieurs dizaines de filles
- moins vite pour les caractères fonctionnels



10/04/2015 réf. 0015203014

9

La contribution respective de la performance et de l'information génomique dans l'index varie selon le caractère.

Pour un caractère faiblement héritable comme la fertilité, l'impact des performances sera plus faible que pour un caractère plus héritable comme la production laitière.

Illustration :

Pour la fertilité (héritabilité faible): Pour une vache avec ses IA, l'index résulte essentiellement d'information génomique (98%), pour un taureau avec 50 filles, l'index s'appuie à 14% sur les performances des filles. Et pour un taureau avec 1000 filles, les performances compteront pour 79% et la génomique pour le reste.

Pour la production laitière (héritabilité moyenne):

Pour une vache avec 1 lactation, l'index résulte surtout d'information génomique (84%), pour un taureau avec 50 filles, l'index s'appuie à 63% sur les performances des filles. Et pour un taureau avec 1000 filles, ce sont les performances qui contribuent le plus à l'index (98%), et la génomique pour une toute petite part (2%).

5. Ces nouveaux index sont-ils plus cohérents avec les performances ?

5. Une meilleure cohérence entre les index génomiques ♀ et leurs performances

Race montbéliarde	Corrélations entre index génomiques et performances* des vaches génotypées		
	numéro de lactation	Ancien modèle	Nouveau modèle
Prod. Laitière	L1	0,27	0,50
	L2	0,40	0,63
	L3	0,41	0,70
Cellules	L1	0,27	0,43
	L2	0,33	0,52
	L3	0,38	0,60
Taille	-	0,46	0,80
Développement Mamelle	-	0,39	0,65

*Performances pré-corrigées des effets de milieu

Corrélation + élevée : les index génomiques 2015 prédisent mieux les performances



10/04/2015 réf. 0015203014

14

Le nouveau modèle permet une meilleure cohérence entre les index génomiques et les performances des vaches génotypées.

Le coefficient de corrélation traduit le lien entre deux «événements »

Si la valeur de la corrélation est -1 ou négative : les deux événements évoluent en sens inverse.

Si la valeur de la corrélation est 0 : les deux événements sont indépendants.

Si la valeur de la corrélation est +1 ou positive : les deux événements évoluent ensemble. La liaison entre les deux événements est de + en + forte lorsque la corrélation est de + en + proche de 1.

Plus la corrélation s'approche de 1, plus le classement des individus pour les deux événements (index génomique précoce / performances) se ressemble.

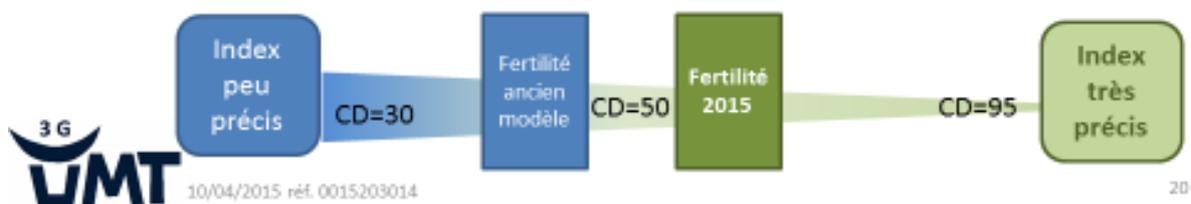
Dans toutes les races (illustré ici en race montbéliarde), **le lien entre index génomique précoce avant entrée en carrière des femelles et leurs performances ultérieures est plus fort avec les index génomiques 2015** qu'avec ceux de la méthode précédente : les corrélations entre index génomiques et performances des femelles génotypées ont notablement augmenté avec le nouveau modèle, pour tous les caractères (illustré ici avec la production laitière, les cellules et 2 postes de morphologie).

6. Quels sont les gains de CD permis par ces évolutions ?

6. Amélioration de la précision des index génomiques – jeunes veaux

Les index génomiques des jeunes veaux de moins d'un an sont plus précis

Race normande		
Jeunes veaux (<1an)	CD Ancien modèle	CD Nouveau modèle
Prod. Laitière	56	66
Morphologie	53	65
Fertilité	48	58
Longévité	46	56
Gain moyen	+ 11 points	



Le CD, Coefficient de Détermination, renseigne sur la précision de l'index. Plus le CD s'approche de 100, et plus l'index est fiable et traduit bien le potentiel génétique de l'animal.

Avec le modèle 2015, la précision des index, appréciée à travers leur CD, s'est améliorée pour toutes les catégories d'animaux.

Pour les jeunes veaux de moins d'un an, la nouvelle méthode permet un gain moyen de 8 à 11 points de CD selon les races, (illustration ici en race normande). Pour des caractères faiblement héritables, comme la fertilité, on est maintenant autour de 60 de CD pour des animaux sans performance.

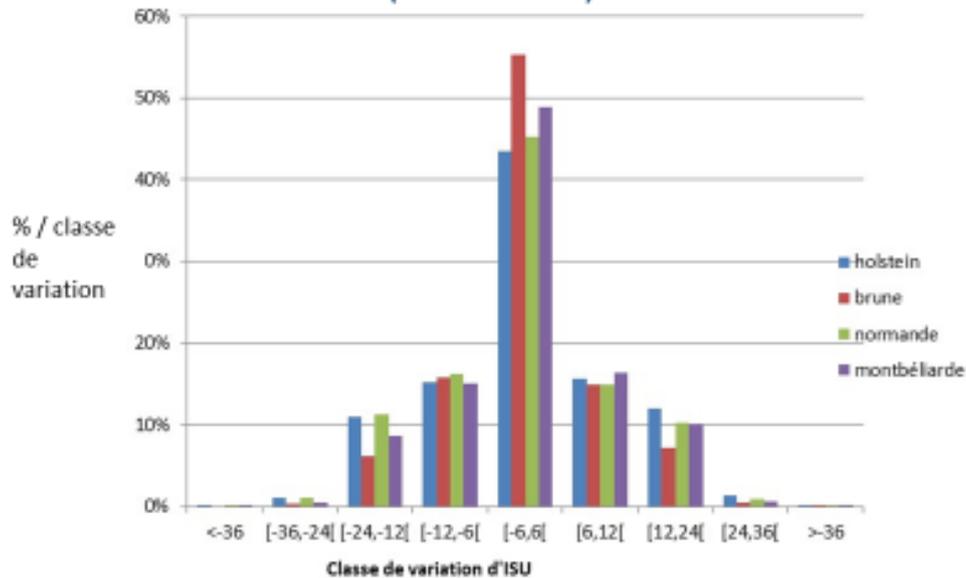
Pour les femelles nées depuis 2007, les index sont également plus précis, avec un gain moyen de 6 à 9 points de CD selon les races, le gain étant plus important pour les races normande et montbéliarde qui ont intégré les femelles génotypées dans leur population de référence.

Pour les taureaux nés depuis 2006, avec déjà 80 à 100 filles, les gains de CD sont également présents, bien que plus réduits, avec en moyenne +3,5 en montbéliard, +5 en normande, et +3 points en holstein pour les taureaux étrangers.

7. Quelles ont été les évolutions d'index observées ?

7. Parfois des écarts d'index sensibles

Ensemble des ♂ et ♀ de la PopRéf
Variation : index génomique 2015 – index 2014/3
(base constante)



10/04/2015 réf. 0015203014

28

Comme dans tout grand changement de méthode, on a constaté des évolutions d'index nettement plus fortes que celles observées classiquement entre deux sorties d'index, entre décembre 2014 et avril 2015.

Les corrélations entre index pour les taureaux confirmés ont varié (hors longévité où il y a eu un changement de modèle) entre 0,83 et 0,99 selon les races et les caractères (cf. Note IBL 2015-3). Il y a donc eu des répercussions sur l'ISU et les palmarès.

Conséquences sur l'ISU, l'index de synthèse globale :

Selon les races, 43% à 55% des index des animaux de la population de référence ont varié au maximum de 6 points d'ISU (+ ou – 6 points).

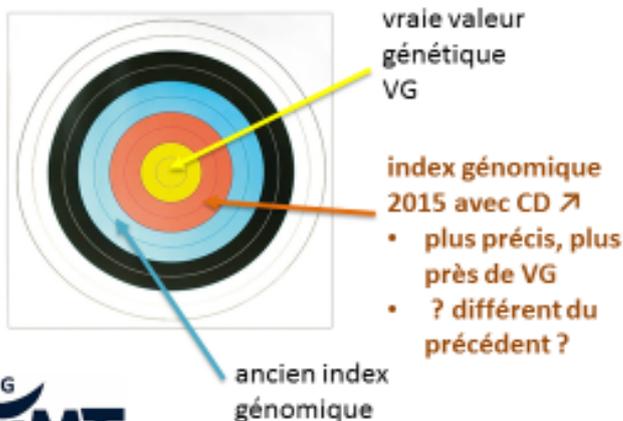
Au total, 74 à 84% des index ont varié au maximum de 12 points d'ISU.

7. Quelles ont été les évolutions d'index observées ?

7. Parfois des écarts d'index sensibles

Pourquoi le classement de pleins-frères / pleines-sœurs a-t-il changé ?

Avant, deux pleins-frères (jeunes sans perf) avaient une composante commune ascendance : 50% (ils ont les mêmes parents). Maintenant ils peuvent se distinguer sur tout le panel génomique : 100% (ils n'ont pas reçu les mêmes gènes de leurs parents)



Pourquoi certains profils ont-ils changé ?

Les nouveaux index sont 100% génomiques : on peut avoir des QTL « rares » parmi les nouveaux QTL pris en compte mais qui ont un effet fort dans certaines familles



10/04/2015 réf. 0015203014

13

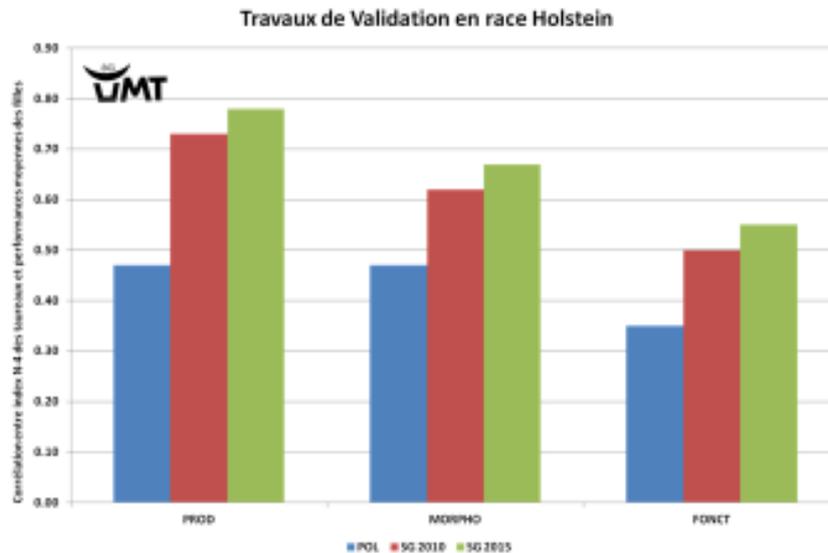
L'indexation génomique permet d'estimer la valeur génétique des animaux. L'objectif des méthodes d'indexation est de se rapprocher le plus possible de la vraie valeur génétique VG. Lorsque le CD des index génomiques augmente, cela signifie que l'on est plus prêt de la vraie valeur génétique, comme l'illustre l'image de la cible dont on cherche à atteindre le centre jaune.

En changeant de méthode d'indexation, avec le passage à la méthode 2015, globalement tous les index se sont rapprochés de la vraie valeur (cercle rouge). Alors qu'avec l'ancienne méthode, ils en étaient plus éloignés (cercle bleu). Cela signifie par contre que les nouveaux index 2015 sont maintenant plus prêts de la vraie VG mais peuvent être sensiblement différents des anciennes valeurs, d'où les forts écarts entre index parfois observés entre décembre 2014 et avril 2015.

Certains profils d'animaux ont également pu changer car on estime mieux les différences entre animaux, et le passage à 3000 QTL par caractère apporte des informations nouvelles qui n'étaient pas prises en compte auparavant.

8. Que valent les choix réalisés avec l'ancien modèle d'indexation ?

8. Les index 2015 sont plus fiables



**Corrélation + élevée : les index génomiques 2015 des ♂
prédisent mieux les performances de leurs filles 4 ans plus tard**

3 G UMT
UMT
0015203014

32

Les modèles d'indexation se valident en comparant les index génomiques d'il y a 4 ans avec les performances moyennes des filles d'aujourd'hui. On espère de bonnes corrélations entre les index de l'année n-4 et les performances de l'année n.

Le passage au modèle 2015 a permis d'améliorer ces corrélations, dans toutes les races, et pour tous les caractères.

Illustration ici en race holstein :

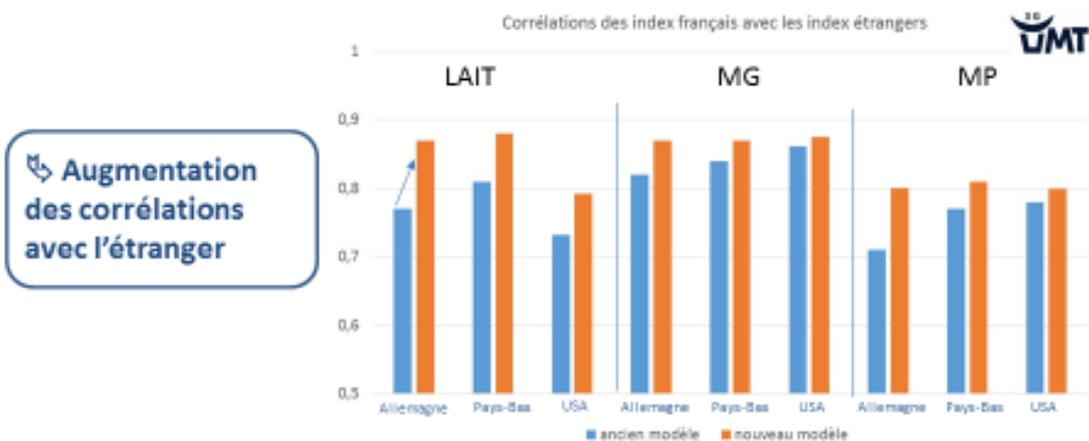
Le modèle 2015 (SG 2015 en vert) permet d'améliorer la corrélation entre les index de l'année n-4 et les performances de l'année n. On obtient 0,78 pour la PROD = production laitière, contre 0,72 avec l'ancien modèle de 2010 (SG2010 en rouge). A comparer au 0,46 obtenu avec une modèle polygénique (POL en bleu) sans génomique. On observe la même chose pour les autres caractères (MORPHO = Morphologie et FONCT = fonctionnels).

Les choix de 2010 restent valables, mais le nouveau modèle de 2015 est encore plus fiable et les choix faits seront encore plus pertinents.

9. A-t-on amélioré la cohérence du palmarès français avec les palmarès étrangers ?

9 – Amélioration de la cohérence des palmarès français et étrangers

Le nouveau modèle se rapproche des méthodes utilisées par les autres pays (Allemagne, Pays-Bas, USA ...)



10/04/2015 réf. 0015203014

Pour comparaison corrélations entre Allemagne et Pays-Bas : Lait 0,88 / MG 0,89 / MP 0,83

34

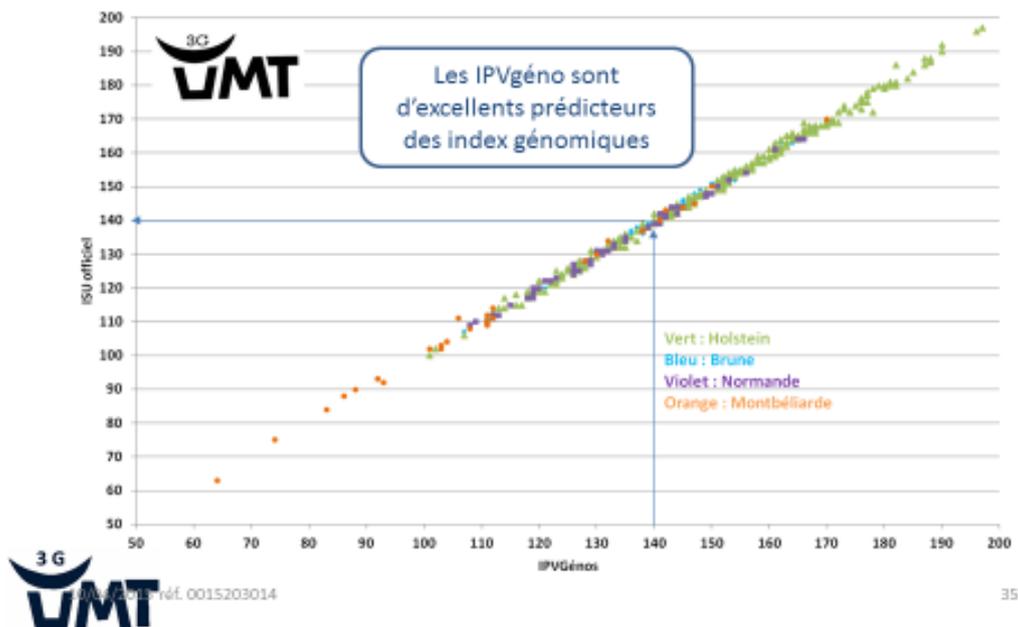
Le modèle 2015 se rapproche des méthodes utilisées par les autres pays.

Ce qui a permis **d'améliorer les corrélations** entre les index génomiques français et les index génomiques étrangers, illustré ici pour 3 pays : l'Allemagne, les Pays-Bas et les USA.

On se rapproche maintenant des corrélations que l'on observe entre, par exemple, les index génomiques allemands et néerlandais.

10. Conséquences de ces évolutions sur la fiabilité des IPVGénos ?

10. Cohérence entre les index génomiques et les IPVGénos



La nouvelle méthode assure **une totale cohérence** entre les index génomiques officiels diffusés 6 fois par an et les IPVGénos, indicateurs précoces de valeur génomique, qui sont eux diffusés toutes les semaines.

Les IPVgénéno sont issus d'un calcul simplifié dans lequel les effets des QTL et des SNP ne sont pas recalculés. Ils permettent de donner une indication sur la valeur génomique du taureau ou de la vache dès réception des résultats de génotypage.

Voir aussi les deux articles :

[Les IPVgénéno* disponibles depuis le 16 juillet 2013](#)

[Des index génomiques pour les femelles avec le génotypage](#)