

Indexation Bovine Laitière

Note d'information aux organisations génétiques des bovins laitiers



IBL n° 2024-6
N°0024202038
14/08/2024

Sommaire :

- 1- Calcul des index Single-Step « sans génomique »
- 2- Validation du progrès génétique
- 3- Conclusions
- 4- Bibliographie

Envoi d'index « sans génomique » issus des évaluations Single-Step au MACE d'Interbull

Suite au passage aux évaluations génomiques Single-Step en avril 2022 (Croué et al., 2022), il devient nécessaire de faire évoluer les index polygéniques envoyés en routine pour l'évaluation internationale Multiple Across Country Evaluation (MACE) d'Interbull. Elle concerne en France plusieurs races (Brune, Simmental, Montbéliarde et Holstein) et groupes de caractères (production laitière, fertilité, longévité, morphologie, santé de la mamelle, facilité et vitalité de naissance-vêlage).

Jusqu'à présent, les index issus des évaluations polygéniques étaient envoyés au MACE. Cependant, ces index ne sont plus utilisés pour sélectionner les taureaux dans les races bovines laitières françaises, leur envoi au MACE n'est donc plus pertinent. De plus, les index polygéniques sont biaisés à cause de la présélection génomique des jeunes animaux génotypés (Patry C. et Ducrocq V., 2011), au contraire des index issus des évaluations Single-Step (Legarra et al., 2014).

Avec pour objectif de fournir au MACE des index plus cohérents avec ceux utilisés pour sélectionner les taureaux en France et moins biaisés par la présélection génomique, nous avons mis en

place le calcul et l'envoi d'index Single-Step « sans-génomique » au MACE, en respectant les recommandations et le processus de validation Interbull.

Le calcul des index Single-Step « sans génomique »

Les index Single-Step, qui incluent une information génomique, ne peuvent pas être envoyés au MACE, car il ne prend en compte que des informations polygéniques. Un des groupes de travail d'Interbull a proposé plusieurs méthodes afin d'éliminer la composante génomique présente dans les index génomiques pour obtenir des index Single-Step « sans-génomique » (Sullivan, 2021).

La méthodologie la plus pertinente dans le contexte des évaluations génétiques françaises est d'utiliser les performances corrigées (et leur poids ajusté) obtenues à partir des évaluations Single-Step et, ensuite, de réaliser une évaluation polygénique, en utilisant les performances corrigées comme performances.

Pour ce faire, les résultats des évaluations Single-Step de routine sont utilisés. En plus des index, ces évaluations produisent des performances corrigées, phénotypes dont l'ensemble des effets du modèle d'évaluation ont été corrigés, sauf le ou les effets génétiques.

On réalise ensuite une évaluation polygénique avec le modèle suivant :

- l'effet (fixe) de l'année de naissance, qui permet de capter le progrès génétique ;
- l'effet (aléatoire) génétique ;
- l'effet maternel (aléatoire) pour les caractères facilité et vitalité de naissance-vêlage.

Des groupes de parents inconnus sont également pris en compte.

Changements par rapport aux évaluations polygéniques

Lors de la mise en place du calcul des index Single-Step « sans génomique », deux changements principaux ont été apportés par rapport aux évaluations polygéniques, afin de produire des index pour le MACE cohérents avec les index produits par les évaluations Single-Step :

- Les groupes de parents inconnus ont été redéfinis pour être identiques à ceux des évaluations Single-Step ;
- Les caractères facilité et vitalité de naissance-vêlage sont désormais évalués avec un modèle animal et non plus avec un modèle père grand-père.

Validation du progrès génétique

Afin de garantir la qualité des évaluations internationales, Interbull impose des validations des index qui sont envoyés au MACE, au moyen d'une vérification du progrès génétique, via des outils et méthodes spécifiques d'Interbull. Les nouveaux index Single-Step « sans génomique » ont donc passé ce processus de validation, avec succès pour l'ensemble des races et caractères.

Conclusions

Depuis le traitement MACE officiel de décembre 2023, la France envoie au MACE d'Interbull des index Single-Step « sans génomique » pour tous les groupes de caractères (production laitière, fertilité, longévité, morphologie, santé de la mamelle, facilité et vitalité de naissance-vêlage) et toutes les races impliquées (Brune, Simmental, Montbéliarde et Holstein).

Un article intitulé « Genomic-free EBVs computed from Single-Step evaluations as proofs for MACE in France » détaillant ces travaux sera publié au cours du mois de septembre 2024 dans la revue Interbull Bulletin (<https://journal.interbull.org/index.php/ib>).

Bibliographie

Croué, I., Barbat, M., Launay, A., Promp, J., Guillerme, M., Boulesteix, P., Minéry, S., Fritz, S., Tribout, T. and Boichard B. 2022. In France, Single-Step is going live. Available at: https://interbull.org/static/web/220530_13h30_MONTREAL4-5_IolaCroule.pdf

Legarra, A. Chrisensen, O. F., Aguilar, I. and Misztal, I. 2014. Single Step, a general approach for genomic selection, *Livestock Science*, 166, 54-65.

Patry, C. and Ducrocq, V. 2011. Evidence of biases in genetic evaluations due to genomic preselection in dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 94, 1011-1020

Sullivan, P. 2021. Genomic-free EBV for MACE. Available at: https://interbull.org/ib/2021_webinar_summary



La responsabilité du ministère en charge de l'agriculture ne saurait être engagée

Roberta Rostellato (roberta.rostellato@geneval.fr), Iola Croué (iola.croue@geneval.fr)