

MISE À JOUR DE LA POPULATION DE RÉFÉRENCE : POURQUOI LES SCORES EVALIM® ÉVOLUENT-ILS DANS LE TEMPS ?

L'information génétique obtenue par l'analyse d'un prélèvement biologique (poil, cartilage, sang) est une donnée fixe et ne varie pas dans le temps. Pourquoi les résultats d'évaluations génomiques, basés sur la lecture de l'ADN, sont-ils donc mis à jour tous les ans et pourquoi peuvent-ils potentiellement changer significativement ?

Chaque année, les chercheurs d'IngenomiX mettent à jour les équations de prédiction qui permettent le calcul des scores génomiques.

Cette actualisation permet :

- d'ajouter dans la population de référence les nouveaux génotypes des animaux ayant des index IBOVAL ou des performances (mesures d'Ouverture Pelvienne, pointages mamelles...).
- d'intégrer dans la population de référence les nouveaux index IBOVAL et performances des animaux préalablement génotypés.
- de conserver une population de référence génétiquement proche des animaux à prédire.

L'objectif final de cette mise à jour est d'améliorer la précision des prédictions.

Tous les animaux génotypés ne peuvent pas faire partie de la population de référence. Il faut qu'ils aient été analysés sur des puces disposant de suffisamment de marqueurs et qu'ils disposent de performances enregistrées fiables. Sur tous les animaux génotypés depuis les débuts d'IngenomiX, environ 35 000 typages ont été effectués sur des puces de densité suffisante permettant leur utilisation dans les équations de prédiction. Les animaux de la population de référence, ayant un génotypage exploitable et une performance, sont utilisés pour chaque caractère.

Le tableau ci-dessous présente les données disponibles pour chaque caractère :

	TAILLE POPULATION DE RÉFÉRENCE	ÉVOLUTION 2021/2022	CORRÉLATION PRÉDIT / INDEX
IFNAIS	23 192	+ 2 877	0,58
CRsev	22 590	+2 405	0,65
DMsev	22 410	+2 491	0,79
DSsev	22 467	+2 497	0,76
FOSsev	22 477	+2 500	0,68
AVel	22 062	+1 736	0,79
ALait	21 508	+1317	0,68

Et pour les caractères issus des programmes de recherche portés par les structures du Pôle de Lanaud :

	TAILLE POP. DE RÉFÉRENCE	ÉVOLUTION 2021/2022	CORRÉLATION PRÉDIT / INDEX	NOMBRE DE PERFORMANCES
Ouverture Pelvienne	4 527	+ 333	0,70	8 204
Longueur Trayons	4 596	+ 202	0,67	18 433
Grosueur Trayons	4 596	+ 202	0,70	18 428
Distance Plancher Jarret	4 596	+ 202	0,71	18 433
Equilibre des Quartiers	4 596	+ 202	0,71	18 433

La validation de l'étape de mise en place de l'équation de prédiction passe par le calcul de la corrélation entre l'index polygénique et la valeur prédite par le modèle. La corrélation est une valeur comprise entre -1 et 1. Plus elle est proche de 1, plus les valeurs génomiques sont fiables. La mise à jour permet une légère amélioration des coefficients de corrélation qui étaient déjà satisfaisants.

Cette mise à jour engendre des changements de scores, dont certains peuvent sembler importants. Le tableau ci-après illustre le pourcentage d'animaux concernés par une modification de scores allant de - 9 points à + 9 points. Sur les 28 358 animaux ayant eu des scores génomiques prédits en 2021 et en 2022, 90% ont des scores qui ne changent pas ou très peu, soit +/- 1 point (% en vert dans le tableau).

Pourcentage d'animaux concernés par une évolution des scores génomiques pour les 28 358 animaux prédits en 2021 et 2022.

	-9	-8	-7	-6	-5	-4	-3	-2	-1	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	Corrélation
IFNAIS	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	5%	21%	48%	20%	5%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0.942
CRsev	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	6%	26%	47%	16%	3%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0.941
DMsev	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	4%	27%	53%	12%	2%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0.957
DSsev	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	3%	21%	56%	17%	2%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0.962
FOSsev	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	3%	16%	50%	24%	5%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0.949
AVel	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	5%	20%	47%	21%	5%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0.936
ALait	0%	0%	0%	0%	0%	1%	2%	7%	21%	43%	19%	6%	2%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0.909
OP	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	3%	19%	54%	21%	3%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0.936
LGT	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	2%	19%	56%	20%	2%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0.947
DPI	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	2%	20%	59%	17%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0.956
GRT	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	2%	19%	58%	19%	2%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0.952
EQ	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	2%	20%	59%	17%	2%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0.952

On constate donc que les animaux bougeant de plus de 3 points sont marginaux. D'autre part, ces fortes évolutions sont le plus souvent explicables par des changements importants d'index IBOVAL dans le pedigree des animaux.

QUAND CES MISES À JOUR SONT-ELLES APPLIQUÉES ?

Les nouvelles équations de prédiction sont appliquées pour les nouveaux génotypes à partir du repérage de la première série d'une campagne de la Station de Lanaud, soit mi-avril. La mise à jour des scores sur tous les animaux déjà génotypés est réalisée fin août. L'objectif est d'évaluer des campagnes complètes, du recrutement à la commercialisation, avec la même équation et sans modification en cours d'évaluation.

COMMENT CONNAÎTRE LA BASE UTILISÉE POUR MON ANALYSE ?

L'information de la base de référence se trouve sur chaque compte-rendu et sur *limousine.org* dans "Mon espace pro", sur chaque fiche animal :



Scores génomiques EVALIM							
Facilité de naissance	Potentiel de croissance	Dév. musculaire	Dév. squelettique	Finesse d'os	Aptitude au vêlage	Aptitude à l'allaitement	Ouverture pelvienne
6	4	10++	2	2	2	10++	5
Base de référence : INGX-2020-1							

Pour la mise à jour de 2022, la base de référence est nommée INGX-2021_1, ce qui correspond à la base IBOVAL des animaux en population de référence.

INTERPRÉTATION DES SCORES

Pour aider à l'interprétation, Ingenomix fournit une table de correspondance permettant de comparer les scores et les index IBOVAL. Celle-ci s'interprète ainsi : « La moyenne des index IBOVAL des animaux de la population de référence ayant un score de 1 en IFNAIS (soit les 10% moins bons) est de 86 ». Elle est également actualisée à chaque mise à jour de la population de référence.

Score	IFNAIS	ALait	AVel	CRsev	DMsev	DSsev	FOSsev
1	90	93,8	89,4	94,6	89,2	91,8	89,3
2	93,5	96,8	96	98,2	94,2	96,7	93
3	95,5	97,9	98	100,4	96,5	98,8	94,7
4	96,7	99,1	99,7	101,6	98,4	100,7	96,2
5	97,8	99,9	101,3	102,9	100	102,4	97,3
6	98,6	100,7	102,1	103,8	101,4	104,5	98,6
7	100,2	101,8	103,7	105,2	103,2	105,8	99,9
8	101,3	102,9	105,2	106,3	104,9	107,8	100,8
9	102,8	104,4	106,8	107,7	107,3	109,7	102,8
10	104,5	106,1	108,5	109,4	110,3	112,7	104,4
10+	106,8	108,4	111,3	111,1	114,6	114,4	106,8
10++	113,1	111,4	115,6	114,1	121,8	119,7	109,6

Table de référence EvaliM® INGX-2021_1

La mise à jour de la population de référence montre une stabilité globale des prédictions génomiques et une précision s'améliorant par l'ajout de nouveaux génotypes et de nouvelles performances. La mise à jour de la population de référence a également été l'occasion de mettre en production un nouveau caractère : l'Intervalle Vêlage Première Chaleur (IVPC) présenté dans le précédent numéro de Bovins Limousins.

Solange FAURISSON,
Ingenomix