

# Mise en place de l'évaluation génomique française officielle en race Brune

## Implementation of the Official French Genomic Evaluation in Brown Swiss Dairy Cattle

BAUR A. (1), FRITZ S. (1), PROMP J. (2), BULOT O. (3), BOICHARD D. (4), DUCROCQ V. (4), CROISEAU P. (4)

(1) UNCEIA, MNE, 75595 Paris, France

(2) Institut de l'Élevage, MNE, 75595 Paris, France

(3) BGS, MNE, 75595 Paris, France

(4) INRA, UMR1313 GABI, 78350 Jouy-en-Josas, France

### INTRODUCTION

Depuis 2009, la Fédération Européenne de la race Brune a initié avec Interbull, un projet nommé Intergenomics (Jorjani *et al.*, 2011) impliquant 7 pays : l'Autriche, la France, l'Allemagne, l'Italie, la Slovénie, la Suisse et les Etats-Unis. La mise en commun de tous les génotypes a permis de créer une population de référence internationale (animaux génotypés et avec performances) et les pays membres d'Intergenomics mettent maintenant en place des évaluations génomiques nationales.

### 1. MATERIEL ET METHODES

#### 1.1. DONNEES

Grâce au projet Intergenomics, 5736 taureaux Bruns ont été génotypés sur la puce bovine SNP50® d'Illumina (54609 SNP disponibles sur la V2). La race Brune a bénéficié des mêmes contrôles et vérifications que les trois grandes races laitières déjà évaluées en France (Holstein, Normande, Montbéliarde). En pratique, 43801 SNP ont été retenus. La compatibilité des typages entre individus a été vérifiée de manière à exclure les individus à problèmes. Les données ont ensuite été corrigées, imputées et finalement phasées avec le logiciel Dagphase (Druet *et al.*, 2009 ; Browning et Browning, 2009). Les animaux ont été intégrés au système français pour pouvoir utiliser leurs généalogies et leurs performances (index Interbull dérégressés) dans les évaluations génomiques françaises.

#### 1.2. METHODE D'EVALUATION

5 caractères élémentaires de production, 18 de morphologie, 3 de fertilité ainsi que 3 caractères fonctionnels ont été retenus (soit 29 au total) dont tous ceux nécessaires au calcul d'index de synthèse tel que l'ISU.

Pour l'évaluation, des SNP ont tout d'abord été présélectionnés par une méthode statistique, l'Elastic-Net (EN) (Croiseau *et al.*, 2011) puis regroupés en haplotypes. Un BLUP (Best Linear Unbiased Predictor) basé sur les listes de QTL ainsi choisis a ensuite été appliqué (BLUP-QTL).

#### 1.3. METHODE DE VALIDATION

La population d'animaux génotypés et avec performances a été séparée en deux : une population d'apprentissage (comprenant entre 2300 et 2500 animaux selon les caractères) et une population de validation (comprenant entre 400 et 500 animaux selon les caractères). La population d'apprentissage est utilisée pour sélectionner les SNP retenus par l'EN et pour mettre en place des équations de prédiction qui sont ensuite appliquées à la population de validation (animaux les plus jeunes auxquels nous avons retiré les performances). La validation se fait alors en calculant les corrélations pondérées entre les index basés sur l'information génomique (GEBV) et les index dérégressés des taureaux de la population de validation.

### 2. RESULTATS ET DISCUSSION

Le nombre de SNP retenus varie entre 195 pour la longévité et 2205 pour la quantité de lait. Un seuil maximum de 2500 SNP a été fixé, ce qui correspond à un compromis entre temps de calcul et qualité de l'équation de prédiction. Le nombre

d'haplotypes formés varie ainsi entre 151 pour la longévité et 896 pour la quantité de lait. Le faible nombre de SNP retenus pour la longévité peut s'expliquer par la faible héritabilité du caractère ainsi que par la précision plus faible des index Interbull pour ce caractère.

Le tableau 1 présente les corrélations pondérées entre les index Interbull dérégressés et les GEBV obtenues par la méthode choisie. Le tableau présente également cette même corrélation pour un BLUP basé uniquement sur l'information généalogique (pedigree).

**Tableau 1** : Corrélations pondérées entre les GEBV et les index dérégressés pour 11 caractères

Caractères	Pedigree BLUP	BLUP-QTL
Quantité Lait	0,333	0,550
Matière Grasse	0,410	0,627
Matière Protéique	0,433	0,603
Cellules	0,493	0,622
Mammites	0,306	0,437
Fertilité vache	0,290	0,345
Intervalle Vêlage-1 <sup>ère</sup> IA	0,384	0,591
Longévité	0,368	0,420
Hauteur Sacrum	0,259	0,527
Distance plancher-jarret	0,447	0,584
Membres arrières	0,432	0,587
Moyenne	0,401	0,547

Comparé à l'évaluation BLUP sur information généalogique, le BLUP-QTL utilisé pour l'évaluation génomique permet des gains de corrélation compris entre 5,2 et 26,8% selon les caractères. Ces résultats sont légèrement supérieurs aux gains de corrélations obtenus en 2010 lors de la mise en place de l'évaluation génomique en race Montbéliarde. Bien qu'il n'y ait que 90 taureaux français, l'évaluation génomique de la race Brune montre une efficacité semblable grâce à la taille comparable de la population de référence obtenue à travers le consortium Intergenomics.

### CONCLUSION

Cette étude décrit la mise en place de l'évaluation génomique officielle pour la race Brune. Comme pour les grandes races françaises, la méthodologie retenue est un BLUP-QTL basé sur des haplotypes formés à partir de la présélection de marqueurs par Elastic-Net.

Depuis Août 2014, l'évaluation génomique de la race Brune est en place et les index génomiques calculés sont publiés officiellement 3 fois par an.

*Ce travail a été réalisé dans le cadre de l'Unité Mixte de Technologie « Gestion Génétique et Génomique des populations bovines » à l'Inra de Jouy-en-Josas.*

Browning B.L. et Browning S.R., 2009. Am J Hum Genet 84, 210-223.

Croiseau P., Legarra A., Guillaume F. et al, 2011 Genet. Res. 93, 409-417.

Druet T. and Georges M., 2009. Genetics. 184, 189-198.

Jorjani H., Jakobsen J., Nilforooshan M.A. et al, 2011. Interbull bu