

Combinaison d'informations génomiques, phénotypiques et généalogiques

J. Vandenplas^{1,2}, N. Gengler¹

¹ Université de Liège, Gembloux Agro-Bio Tech, Belgique

² Fonds National de la Recherche Scientifique, Bruxelles, Belgique

Introduction

- ✓ Evaluation génétique
 - ✓ Estimation de l'effet conjoint, transmissible aux descendants, de tous les gènes sur le phénotype
 - = **Valeur d'élevage (VE)**

- ➔ **Aide à la sélection génétique**

Introduction

- ✓ Evaluation génétique
 - ✓ Informations nécessaires
 - ✓ Information phénotypique
 - ✓ Ex. : quantité de lait, nombre de porcelets
 - ✓ Information généalogique
 - ✓ Liens de parenté, pedigree
 - ✓ Information génomique
 - ✓ Single-nucleotide polymorphism (SNP)
 - ✓ Récent
 - ✓ En développement



3

Introduction

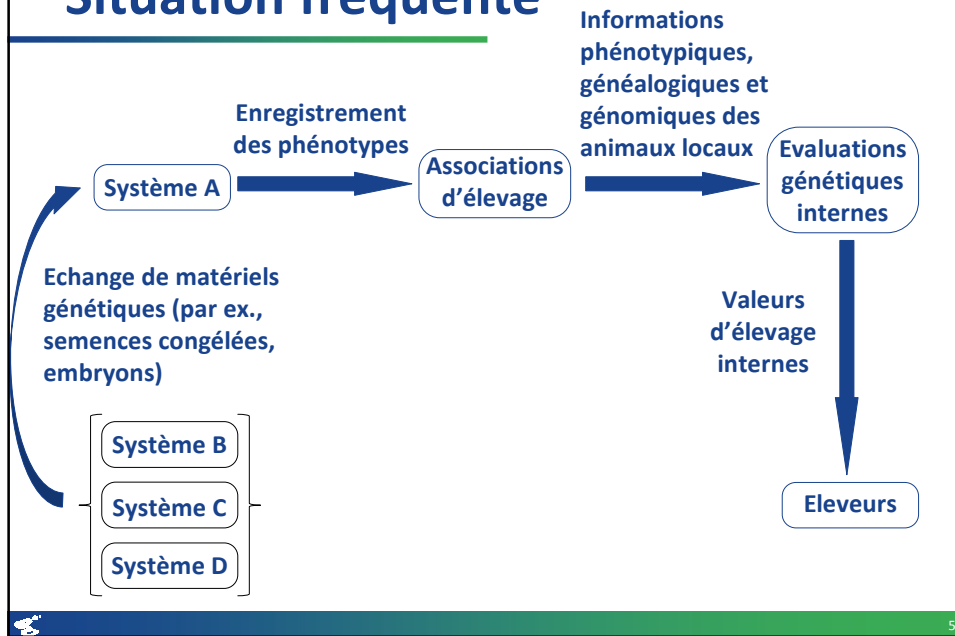
- ✓ Evaluation génétique
 - ✓ Dépendance de la quantité et de l'intégralité de l'information disponible

- ➔ Estimation la plus fiable si toutes les informations disponibles sont utilisées

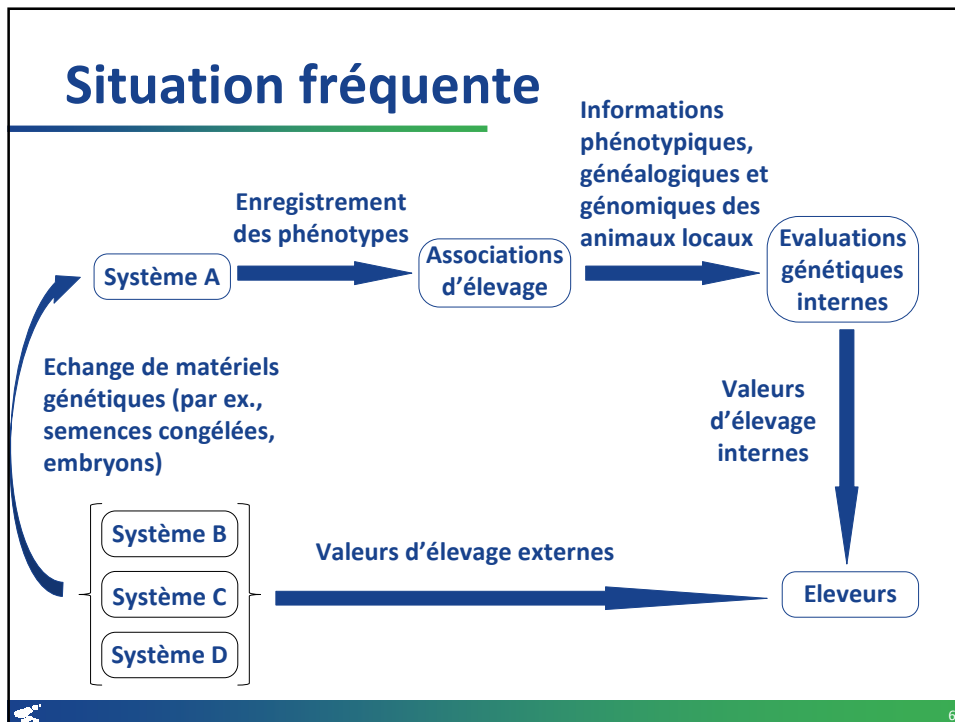


4

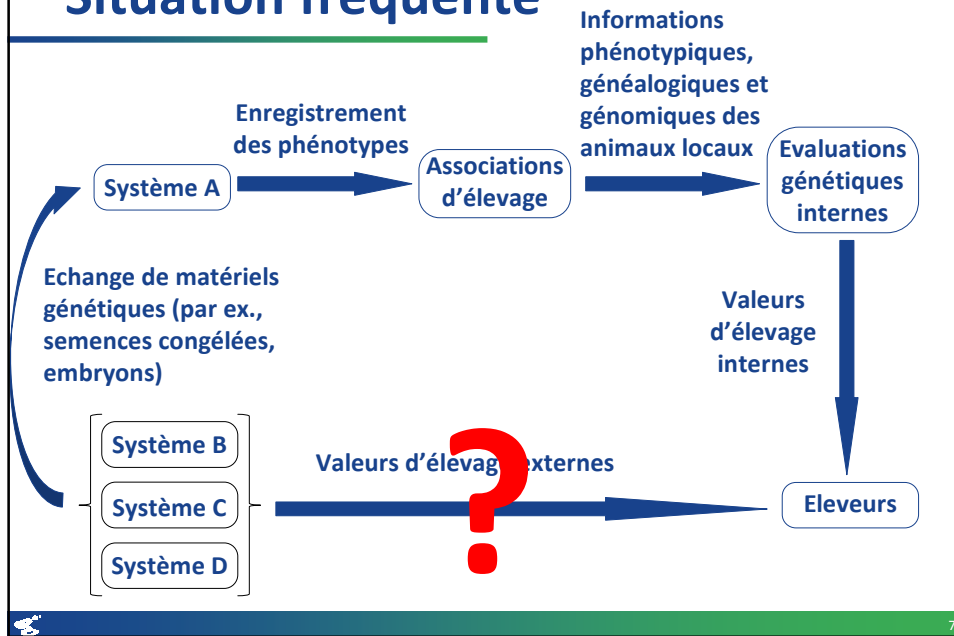
Situation fréquente



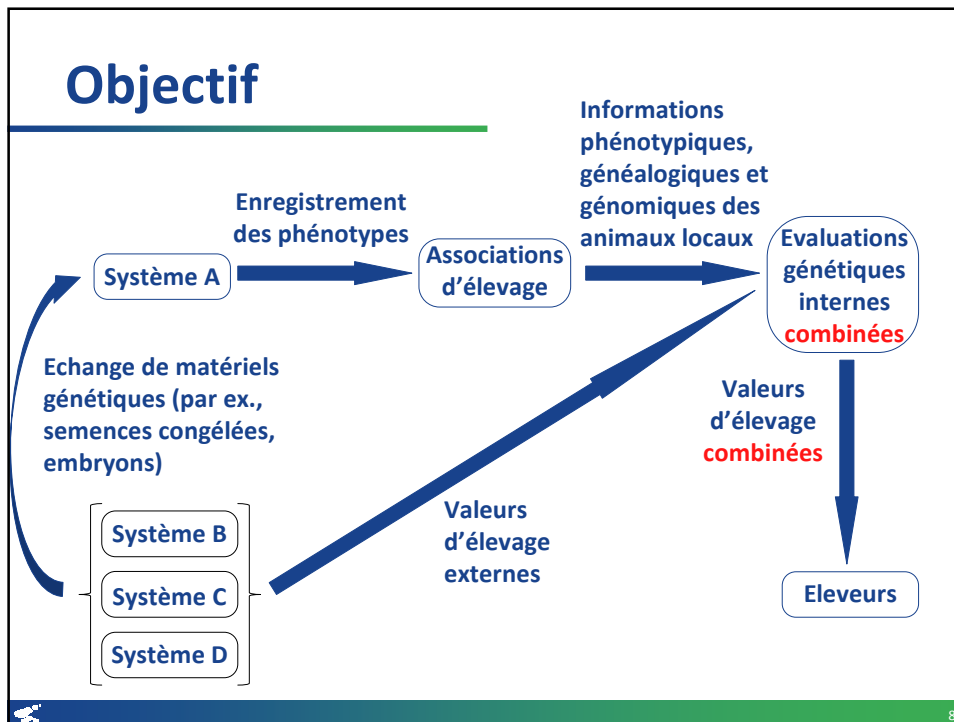
Situation fréquente



Situation fréquente



Objectif



Objectif

Combiner multiples sources d'informations phénotypiques, généalogiques et génomiques afin de permettre une utilisation raisonnée de la génétique étrangère



9

Matériel

- ✓ Informations internes disponibles
 - ✓ Données phénotypiques
 - ✓ Pedigree
 - ✓ (Génotypes)

- ✓ Informations externes disponibles
 - ✓ Valeurs d'élevage et précisions associées
 - ✓ (Direct Genomic Values (DGV))

- ✓ Programmes informatiques



10

Méthodes

- ✓ Plusieurs stratégies de combinaison possibles
 - ✓ Index de sélection (par ex., VanRaden, 2001)
 - ✓ Pseudo-données (par ex., Bonaiti and Boichard, 1995)
 - ✓ Approche bayésienne (par ex., Klei et al., 1996)
 - ✓ ...



Méthodes

- ✓ Plusieurs stratégies de combinaison possibles
- ✓ Mais...
 - ✓ Avantages / Inconvénients
 - ✓ Transformation des informations externes
 - ✓ Ex. : Caractères/unités différents
 - ✓ Multiple prise en compte de la même information
 - ✓ Estimation des précisions associées
 - ✓ Intégration de l'information génomique



Méthodes

- ✓ Plusieurs stratégies de combinaison possibles
 - ✓ Mais...
 - ✓ Avantages / Inconvénients
 - ✓ Transformation des informations externes
 - ✓ Ex. : Caractères/unités différents
 - ✓ Multiple prise en compte de la même information
 - ✓ Estimation des précisions associées
 - ✓ Intégration de l'information génomique
- ➔ Choix: approche bayésienne



13

Méthode: approche bayésienne

- ✓ Modification de la distribution *a priori* des valeurs d'élevage internes

$$p(\mathbf{u}_I) = \text{MVN}(\mathbf{0}, \mathbf{G}) \longrightarrow p(\mathbf{u}_I | \mathbf{y}_E) = \text{MVN}(\hat{\mathbf{u}}_E, \mathbf{D})$$

\mathbf{u}_I : vecteur des valeurs d'élevage internes

\mathbf{y}_E : vecteur des valeurs d'élevage externes

$\hat{\mathbf{u}}_E$: vecteurs d'observations externes indisponible

\mathbf{D} : Matrices de (co)variances des erreurs de prédictions associée à $\hat{\mathbf{u}}_E$

\mathbf{G} : Matrice de (co)variances génétiques additives



14

Méthode: approche bayésienne

- ✓ Première étude
 - ✓ Approximation de \hat{u}_E et D
 - ✓ Prise en compte du double comptage des contributions dues aux liens de parenté



J. Dairy Sci. 95:1513–1526
<http://dx.doi.org/10.3168/jds.2011-4322>
© American Dairy Science Association®, 2012.

Comparison and improvements of different Bayesian procedures to integrate external information into genetic evaluations

J. Vandenplas**†¹ and N. Gengler**†

*Animal Science Unit, Gembloux Agro Bio-Tech, University of Liège, B-5030 Gembloux, Belgium

†National Fund for Scientific Research, B-1000 Brussels, Belgium



15

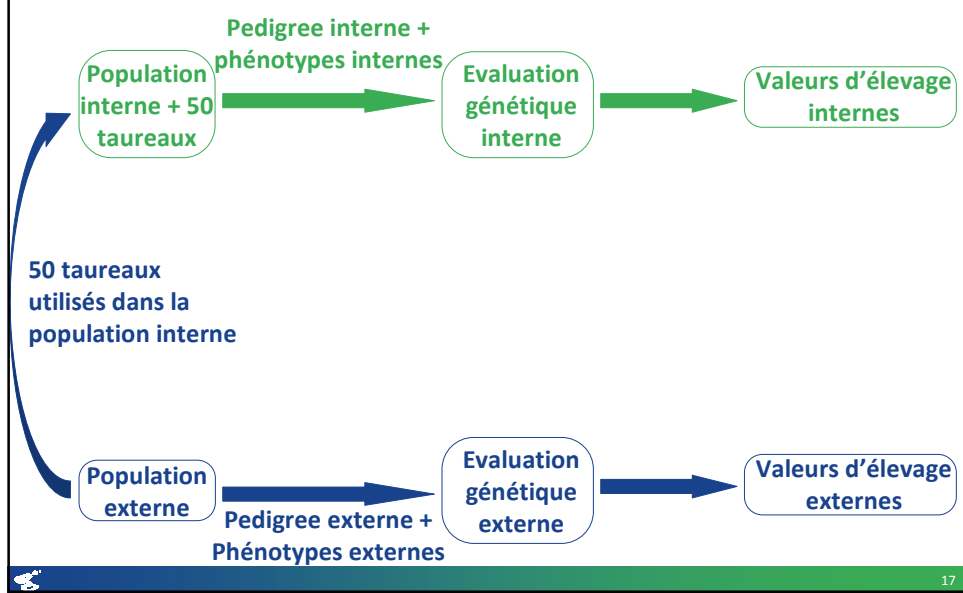
Simulation

- ✓ 2 populations
 - ✓ ± 1000 animaux/population
 - ✓ 5 générations
 - ✓ Accouplements/sélection aléatoires
 - ✓ Observations (Van Vleck, 1994)
 - ✓ Quantité de lait en première lactation
 - ✓ Effect fixe
 - ✓ Effet troupeau distribué aléatoirement dans la population
- ✓ 100 répétitions

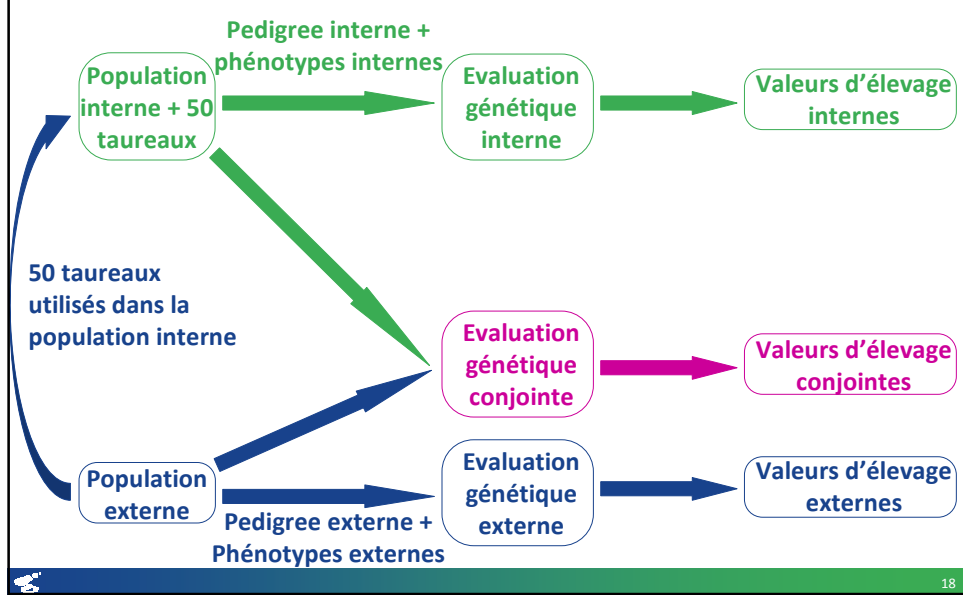


16

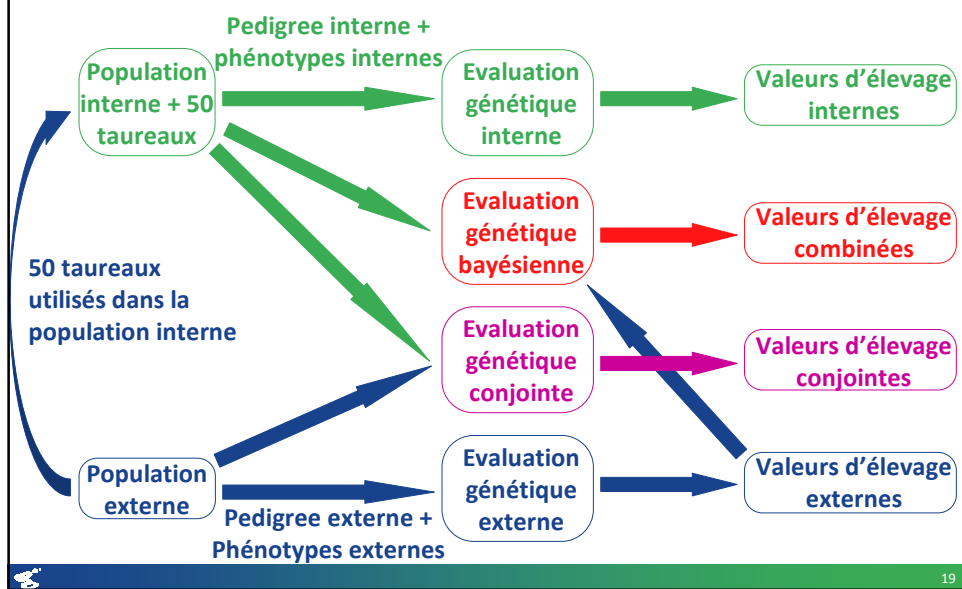
Simulation



Simulation



Simulation



Simulation

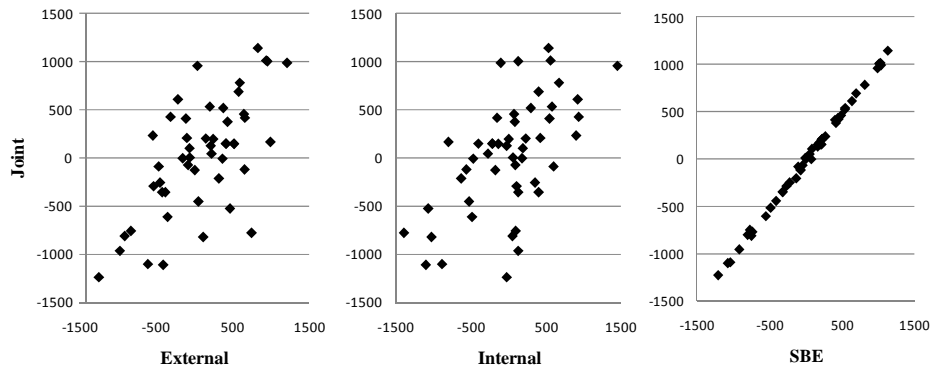
✓ Comparaison avec l'évaluation conjointe

Evaluation	Males externes		Animaux internes	
	$r \pm SD$	$MSE \pm SD$	$r \pm SD$	$MSE \pm SD$
Evaluation interne	0.54 ± 0.12	100.00 ± 28.2	0.95 ± 0.02	100.00 ± 33.5
Evaluation bayésienne	0.99 ± 0.002	0.49 ± 0.25	$>0.99 \pm 0.000$	0.79 ± 0.52

➔ Classements des animaux plus similaires à ceux de l'évaluation conjointe

Simulation

✓ VE des 50 males externes



21

Exemple: chevaux de jumping

✓ Belgique: Carrefour des populations de

Journal of
Animal Breeding and Genetics

J. Anim. Breed. Genet. ISSN 0931-2668

ORIGINAL ARTICLE

An integration of external information for foreign stallions into the Belgian genetic evaluation for jumping horses

J. Vandenplas^{1,2}, S. Janssens³, N. Buys³ & N. Gengler¹

¹ Animal Science Unit, Gembloux Agro Bio-Tech, University of Liège, Gembloux, Belgium

² National Fund for Scientific Research, Brussels, Belgium

³ Livestock Genetics, Department Biosystems, Katholieke Universiteit Leuven, Heverlee, Belgium

➔ Objectif: intégration d'information externe pour les étalons étrangers approuvés



22

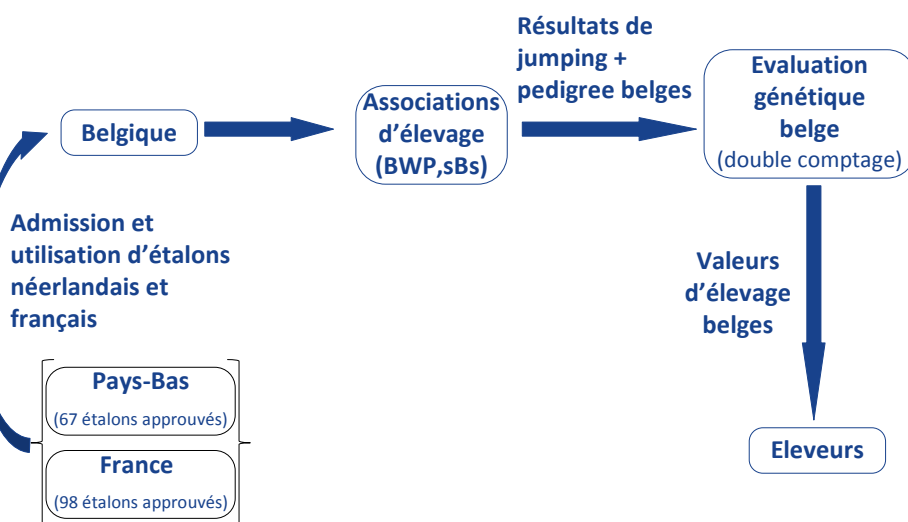
Exemple: chevaux de jumping

- ✓ Belgique: Carrefour des populations de chevaux de sport
- ✓ 2008: >50% étalons étrangers approuvés
- ✓ Population belge limitée (~4500 poulains/an)
- ➔ Information limitée pour une évaluation génétique fiable
- ➔ Objectif: intégration d'informations externes pour les étalons étrangers approuvés



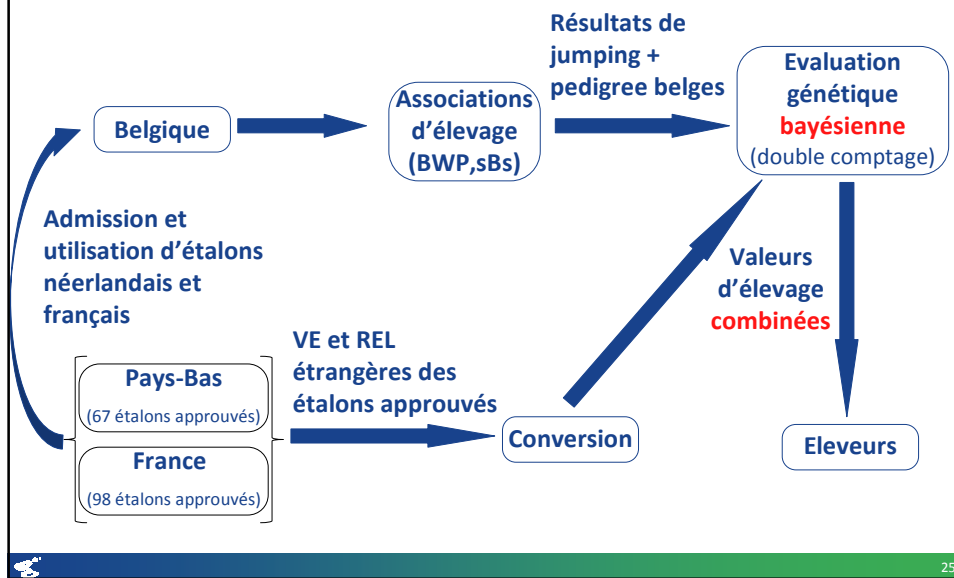
23

Exemple: chevaux de jumping



24

Exemple: chevaux de jumping



25

Exemple: chevaux de jumping

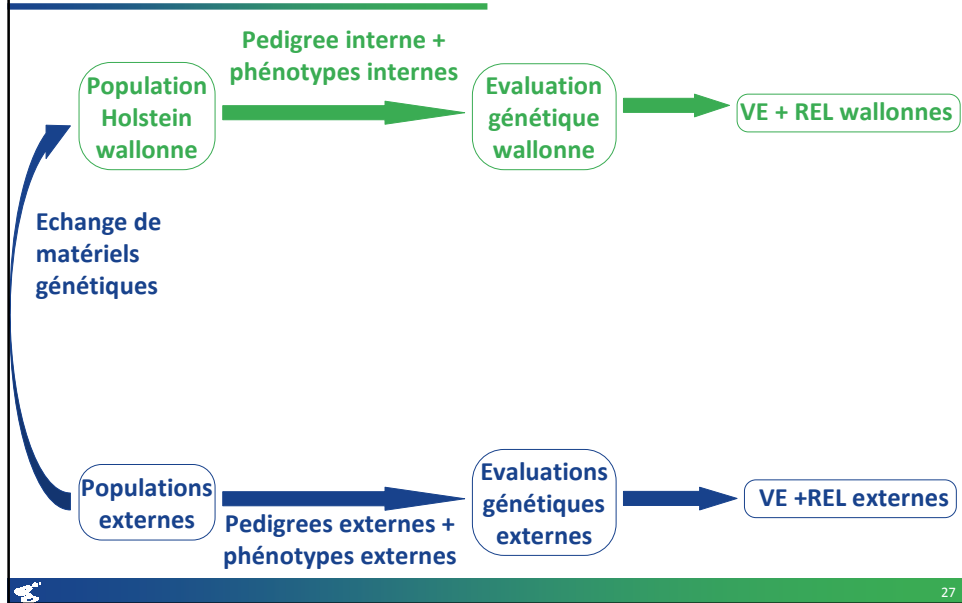
✓ Conclusions

- Classement belge plus similaire aux classements étrangers
- Information externe (partiellement) équivalente à 4 ans de performances propres ou des apparentés
- Amélioration des précisions associées aux VE

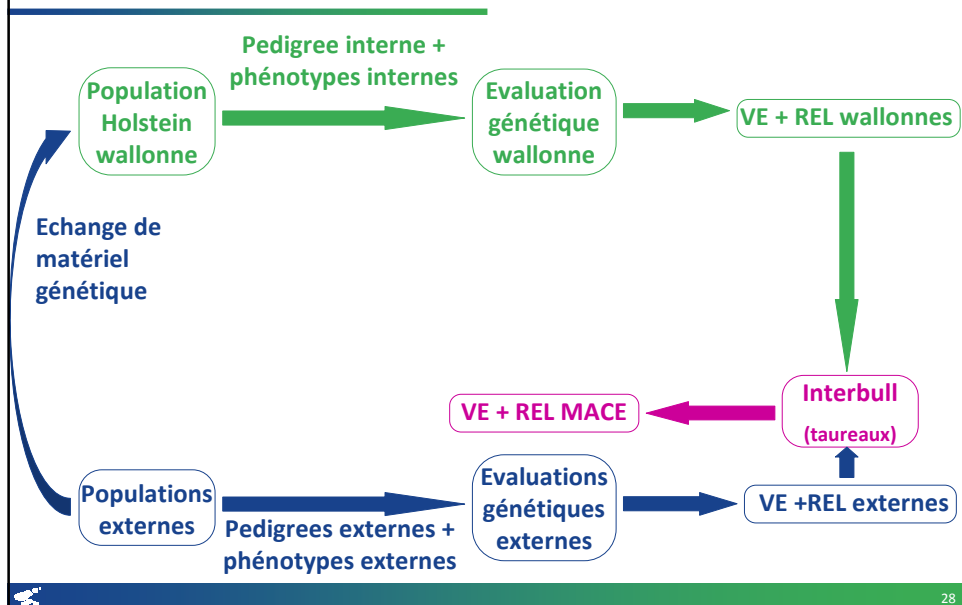
➔ Intéressant pour les étalons étrangers ayant pas ou peu de performances belges

26

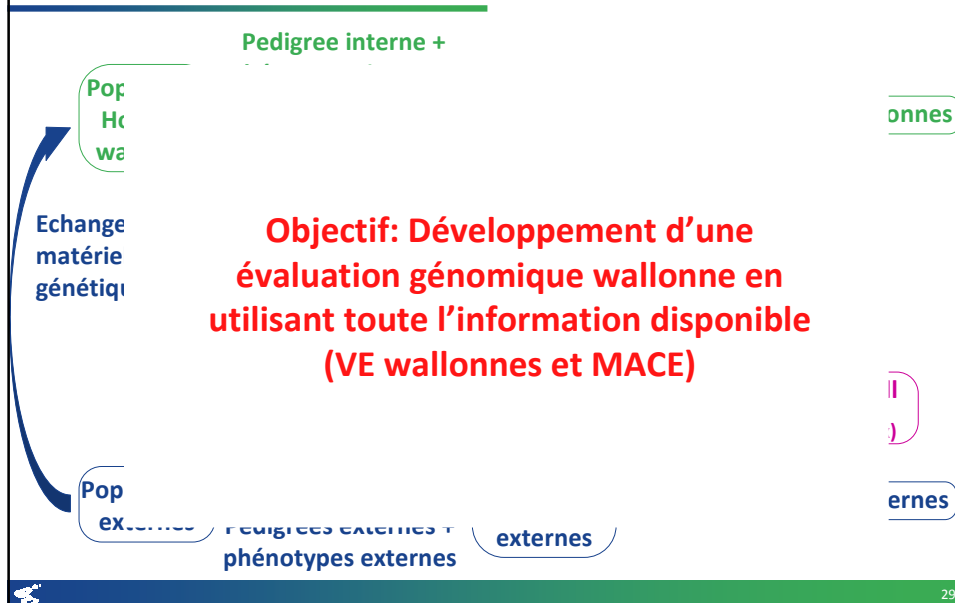
Exemple: élevage laitier wallon



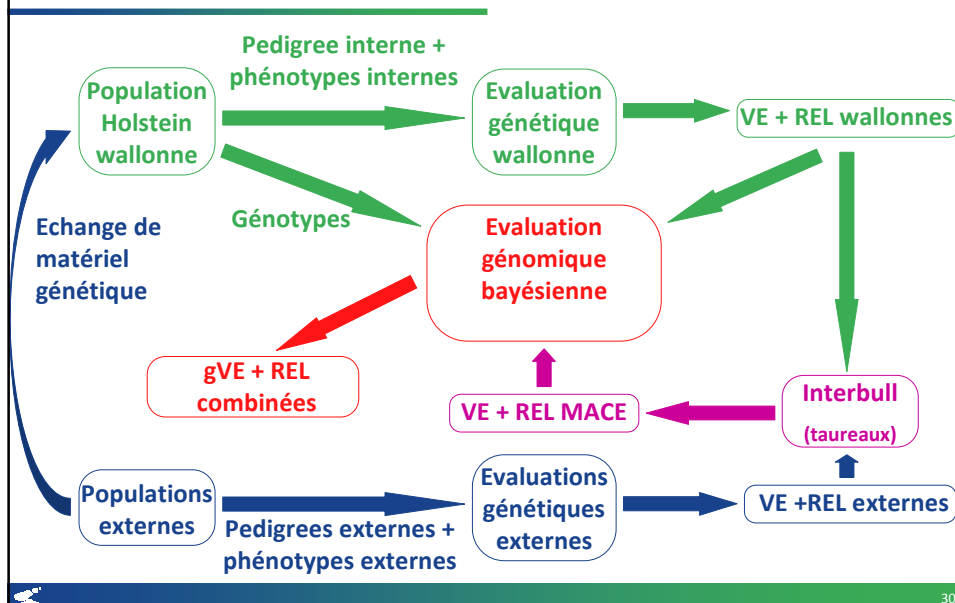
Exemple: élevage laitier wallon



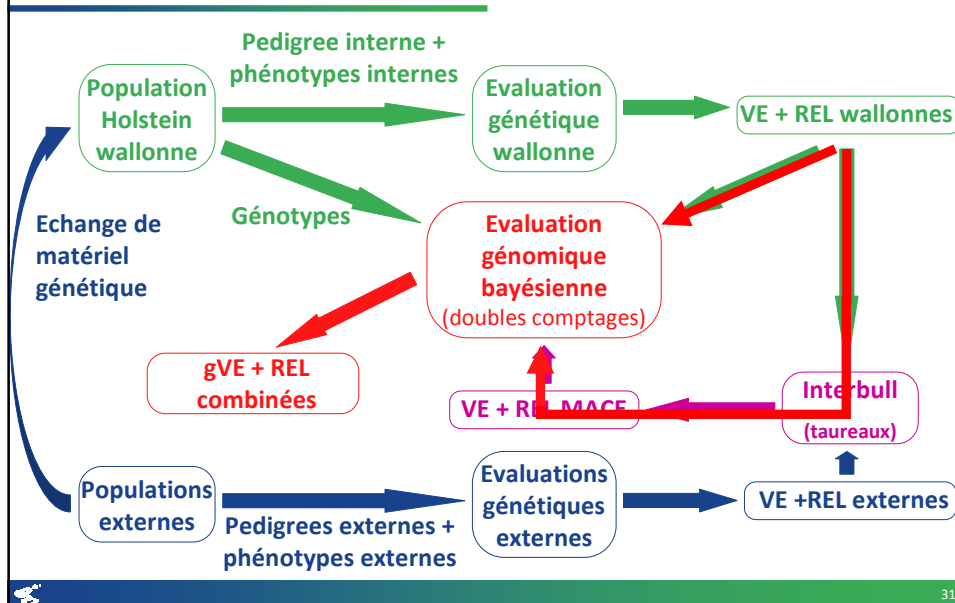
Exemple: élevage laitier wallon



Exemple: élevage laitier wallon



Exemple: élevage laitier wallon



31

Exemple: élevage laitier wallon

✓ Quantité de lait, matière grasse et protéine

✓ 16 334 animaux Holstein

INTERBULL BULLETIN NO. 47. Nantes, France, August 23 - 25, 2013

Walloon Single-Step Genomic Evaluation System Integrating Local and MACE EBV

F.G. Colinet¹, J. Vandenplas^{1,2}, P. Faux¹, S. Vanderick¹, R. Renaville¹,
C. Bertozzi⁴, X Hubin³, and N. Gengler¹

¹ University of Liege, Gembloux Agro-Bio Tech, 5030 Gembloux, Belgium

² National Fund for Scientific Research, 1000 Brussels, Belgium

³ Walloon Breeding Association, 5590 Ciney, Belgium

✓ Précisions pour toutes VE

32

Exemple: élevage laitier wallon

- ✓ Quantité de lait, matière grasse et protéine
- ✓ 16,234 animaux Holstein
- ✓ 1,909 vaches et taureaux génotypés
- ✓ 12,046 animaux avec VE wallonnes (VE_W)
- ✓ 1,981 taureaux avec VE MACE (VE_M)
- ✓ 601 taureaux avec des VE wallonnes contribuant au MACE (VE_{Wc})
- ✓ Précisions pour toutes VE



33

Exemple: élevage laitier wallon

- ✓ REL moyens (SD) associés aux VE_W , gVE_W et gVE_{W+M-Wc} pour taureaux génotypés pour la production de lait

Classe de REL_W	N	VE_W ¹	gVE_W ²	gVE_{W+M-Wc} ³
< 0.50	647	0.25 (0.12)	0.44 (0.09)	0.80 (0.09)
0.50 – 0.74	173	0.63 (0.07)	0.69 (0.06)	0.87 (0.05)
≥ 0.75	390	0.90 (0.07)	0.91 (0.06)	0.94 (0.04)

¹ REL obtenues de l'évaluation génétique wallonne

² REL obtenues de l'évaluation génomique wallonne n'intégrant que l'information wallonne

³ REL obtenues de l'évaluation génomique wallonne intégrant toute l'information disponible



34

Exemple: élevage laitier wallon

✓ Conclusions

- ✓ Intégration correcte des informations MACE et génomique par l'approche bayésienne
 - Recouvre indirectement une grande quantité d'informations phénotypiques étrangères
- ✓ Prédications plus précises pour les animaux génotypés et leur descendants
 - Propagation correcte de toutes les informations disponibles



35

Conclusions

✓ Approche bayésienne

- ✓ Combinaison fiable de l'information phénotypique, généalogique et génomique
- ✓ Propagation de toute l'information à tous les animaux
- ✓ Doubles comptages des contributions évités
- ✓ Applicable à différents modèles mixtes (par ex., multi-caractères), à différentes espèces



36

Merci pour votre attention!



Wallonie



DGO3



WBI
Wallonie-Bruxelles International



fnrs
LA LIBERTÉ DE CHERCHER

✓ Remerciements pour les supports financiers

- ❑ Fonds National de la Recherche Scientifique
- ❑ Service Public de Wallonie SPW – DGO3
- ❑ Wallonie Bruxelles International

✓ Remerciements

- ❑ Association Wallonne de l'Élevage
- ❑ Consortium des Équipements de Calcul Intensif
- ❑ Animal and Dairy Science Department, University of Georgia Athens, USA
- ❑ Animal Science Department, University of Ljubljana, Slovenia



Exemple: chevaux de jumping

✓ Corrélations de Spearman

Groupe de chevaux	N	Corrélations de Spearman		
		EBV_{AI} / EBV_{BI}	EBV_{AI} / EBV_E	EBV_{BI} / EBV_E
Tous les chevaux	101,382	>0.99	-	-
Etalons français	98	0.87	0.69	0.90
Etalons néerlandais	67	0.95	0.61	0.73

Simulation

✓ Evaluations génétiques réalisées

Information	Evaluations			
	Externe	Locale	Bayésienne	Conjointe
Pedigree				
Population externe	✓			✓
Population interne + 50 males externes utilisés		✓	✓	✓
Phénotypes				
Observations externes	✓			✓
Observations internes		✓	✓	✓
50 males externes VE et précisions externes			✓	

