

Note Iboval

Bulletin d'information génétique des bovins allaitants

N°107 – Août 2025

Déploiement de la méthodologie Single-Step pour les évaluations IBOVAL en ferme en race pure

Après plus d'un an de transition, les index calculés avec la méthode Single-Step (SSTEP) sont désormais publiés par les Organismes de Sélection français des races bovines allaitantes, ceci à partir du traitement 2026_01 (été 2025). Cette bascule de grande ampleur concerne l'ensemble des évaluations bovines allaitantes et toutes les races indexées. Le SSTEP permet de corriger les biais liés à la présélection génomique, jusque-là ignorés dans l'approche en deux étapes (polygénique-génomique), en combinant dans un même modèle les informations génomiques, phénotypiques et généalogiques. Elle améliore ainsi la précision des estimations et offre une mesure plus fiable du progrès génétique entre générations.

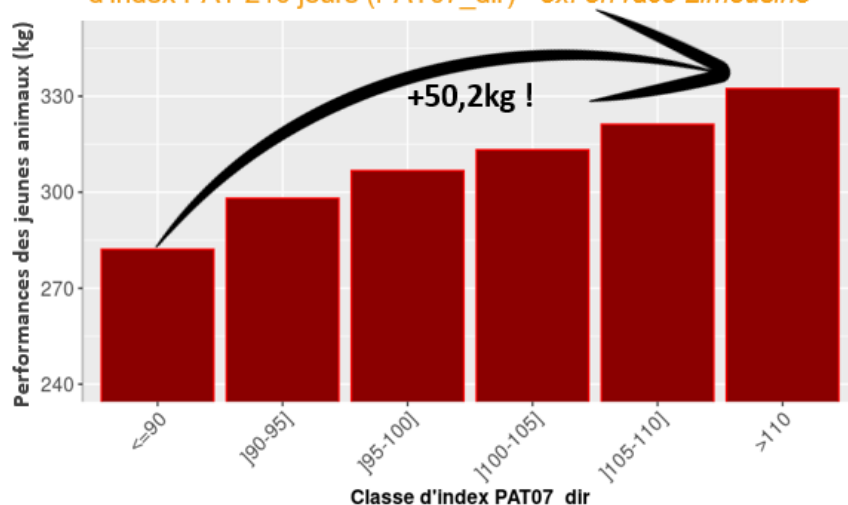
Cette note présente les évolutions apportées par le SSTEP spécifiquement pour les évaluations en race pure. Les différences observées entre les résultats SSTEP et polygéniques/génomiques font l'objet d'une analyse détaillée et des éléments d'explication sont apportés pour en comprendre l'origine.

LES INDEX SINGLE-STEP SONT DE BONS PRÉDICTEURS DES PERFORMANCES FUTURES EN BOVINS ALLAITANTS

L'Institut de l'Élevage et GenEval ont conduit une étude pour savoir si les index SSTEP de jeunes individus génotypés, incluant tous les changements de la refonte de l'indexation, prédisaient bien les performances futures de ces mêmes animaux. Ce travail a permis de répondre par l'affirmative. Les relations entre index des jeunes animaux et leurs performances futures sont d'un niveau conforme à celui auquel on pouvait s'attendre ([Réf n°1](#)).

Dans le cadre de cette étude, les animaux génotypés ont été regroupés par classes d'index, puis les performances moyennes de chaque classe de ces mêmes animaux ont été calculées. La significativité des différences de niveau entre classes a été testée. Si l'on prend par exemple l'index d'effet direct du poids à 210 jours ([cf. Figure n°1](#)), en race Limousine, les différences entre les 6 classes d'index sont toutes significativement distinctes entre elles et la hiérarchie des animaux est respectée. Plus l'index est élevé, plus le poids à 210 jours l'est.

Figure n°1 : Moyenne des performances brutes par classe d'index PAT 210 jours (PAT07_dir) - ex. en race Limousine -



QU'EST-CE QUE LE SINGLE-SSTEP ?

Jusqu'alors ([Réf n°2](#)), les évaluations génétiques étaient soit exclusivement polygéniques (prise en compte uniquement des informations de performances et de pédigrées), soit depuis 2016 pour quelques races et quelques caractères réalisées en 2 étapes, avec une première étape polygénique et une seconde génomique prenant en compte les génotypages des animaux et utilisant les index polygéniques dérégressés (=valeur synthétique corrigée des effets fixes et de l'ascendance).

Le Single-Step consiste à réaliser l'évaluation en une seule étape en utilisant simultanément les généalogies, les performances et les génotypages ([Réf n°3 et n°4](#)). Contrairement à la méthodologie en « 2 étapes », le Single-Step permet d'évaluer en même temps les animaux avec performances et les animaux génotypés (même ceux sans performances). L'index diffusé est donc un index unique dit « Single-Step » (SSTEP), alors que l'on pouvait avoir auparavant un index polygénique et un index génomique pour un même animal, ce qui imposait un choix dans l'index à diffuser.

POURQUOI METTRE EN PLACE LE SSTEP ?

Pour corriger un potentiel biais de pré-sélection

Dans la méthodologie en 2 étapes, l'évaluation polygénique est la première étape. Celle-ci ignore l'existence d'une sélection génomique sur les jeunes animaux. En effet, l'évaluation polygénique repose sur une hypothèse très importante selon laquelle il y a une transmission équilibrée des allèles portés par un parent chez sa descendance.

La sélection génomique met à mal cette hypothèse, car les reproducteurs, en particulier les taureaux d'insémination, sont présélectionnés sur la base de leurs index génomiques. Seuls les meilleurs mâles candidats ont donc des descendants avec performances. Les moins bons descendants ont donc été éliminés par la sélection génomique et un biais de présélection

s'installe. Ce biais génère une sous-estimation du progrès génétique et de fortes variations des index des taureaux lors de l'arrivée des performances des descendants. Ce phénomène était jusqu'à présent surtout visible dans les populations laitières pour lesquelles la sélection génomique est plus ancienne et l'intensité de sélection plus importante ([Réf n°5](#)).

Le Single-Step apparaît comme une solution pour tenir compte de cette présélection génomique et corriger ce problème. En effet, en évaluant en même temps les animaux non génotypés et leurs apparentés génotypés, on peut prendre en compte dans le modèle d'indexation la présélection sur typages des jeunes animaux.

Pour gagner un peu en précision

Les animaux non génotypés mais avec performances n'étaient jusque-là pas inclus dans l'évaluation génomique.

Contrairement aux index génomiques IBOVAL produits jusque-là, l'évaluation SSTEP va potentiellement avoir une incidence sur les valeurs génétiques des ascendants, des descendants et des collatéraux.

Ce gain de précision permettra également de faciliter l'interprétation des résultats par rapport aux quelques incohérences que l'on pouvait rencontrer actuellement.

Pour que toutes les races bénéficient de la génomique

Jusqu'alors et ce depuis 2016, en bovins allaitants, seulement 2 types d'évaluations (naissance-sevrage et ABjbf) et 3 races (Limousine, Charolaise et Blonde d'Aquitaine) bénéficiaient d'indexations génomiques. Or, avec le SSTEP, il n'y a plus de notion de « seuil » pour pouvoir commencer une évaluation génomique, simplement la précision augmentera avec le nombre d'animaux génotypés. Toutes les races (sous réserve d'avoir effectué les contractualisations nécessaires) peuvent donc basculer à la méthodologie Single-Step, même celles pour lesquelles il y a encore peu d'animaux avec typages.

DÉVELOPPEMENTS MÉTHODOLOGIQUES CONCOMITANTS À LA MISE EN PLACE DU SINGLE-STEP

Plusieurs évolutions, de natures diverses sont mises en œuvre de manière concomitante à la mise en place du SSTEP (Réf n°6). Elles sont présentées dans les paragraphes qui suivent.

Introduction d’un facteur d’érosion

Les jeunes animaux sans performances ou sans descendants ne participent pas à l’estimation des effets des marqueurs (=équation de prédiction). Même en Single-Step, le principe reste d’appliquer aux jeunes animaux génotypés les effets des marqueurs estimés au niveau de la population de référence (=animaux avec performances ou descendants avec performances et génotypés). Les effets des marqueurs sont une estimation des effets de mutations statistiquement associées aux marqueurs (ou en déséquilibre de liaison). Les recombinaisons, qui interviennent lors des méioses, peuvent rompre des liaisons, ce qui réduit la précision des effets pour les animaux. L’érosion des effets de marqueurs, qui est utilisée dans les évaluations SSTEP, permet de tenir compte de ce phénomène. Ce facteur est fonction de la

distance entre le jeune animal et la population de référence. Ainsi, plus il y a de générations entre la population de référence et un animal, plus il y a de risques que les liens entre marqueurs et mutations se perdent et que donc les effets de marqueurs estimés sur la population de référence ne soient plus vrais. On applique donc un facteur dit « d’érosion » sur les équations de prédiction. Il en résulte donc que 2 veaux avec le même typage n’ont pas forcément le même index, selon leur éloignement à la population de référence.

Les changements en matière de calcul de CD

En méthodologie polygénique, les CD étaient calculés selon la méthode dite « de Sullivan » (Réf. 7). En génomique les CD étaient constitués du CD polygénique de Sullivan auquel s’ajoutait un « bonus » fixe, défini par caractère, donc identique pour l’ensemble des animaux génotypés. De nombreuses évaluations étant multi-caractères en bovins allaitants et le développement d’un véritable CD SSTEP multi-caractères étant trop complexe, il a été décidé de combiner le CD polygénique de Sullivan avec la valeur génomique issue du nouveau calcul de CD « unicaractère » développé pour les bovins laitiers.

Tableau n°1 : CD élémentaires choisis pour les différents index de synthèse raciaux

Index \ Races	AUB	SAL	BAZ	LIM	CHA	ROU	PAR	GAS	BLA
IFNAIS	PN_dir								
VELAGE	CN_dir	PN_dir	AVel	CN_dir					
POIDSEV	PAT07_dir								
CRsev	PAT07_dir								
ALait	PAT04_mat	PAT07_mat	PAT04_mat						
ISEVR	PAT07_dir						DMsev	PAT07_dir	
IVMAT	ALait				CRsev		ALait		
ICRC	/	PCAR						/	PCAR
IAB	/	PCAR						/	PCAR
RENOUV	/	/	/	CRpsf		DMspf	/	/	/
APEL	PAT04_mat	/	/	/	/	/	/	AVel	/
REPRO	/	/	/	EFCAR	/	/	/	/	EFCAR
VIANDE	/	/	/	PCAR	CONF	PCAR	/	/	/
FORMAT	/	/	/	DSsev	/	/	/	/	/

AUB : Aubrac, BAZ : Bazadaise, BLA : Blonde d’Aquitaine, CHA : Charolaise, GAS : Gasconne des Pyrénées, LIM : Limousine, PAR : Parthenaise, ROU : Rouge des Prés, SAL : Salers

Cette composante génomique est donc maintenant spécifique à chaque animal et à chaque caractère avec une prise en compte de la notion d'érosion pour les animaux n'appartenant pas à la population de référence. Les CD élémentaires génomiques sont donc potentiellement plus pertinents qu'auparavant.

En revanche, il est à noter que désormais il n'y a plus de CD calculé de manière spécifique pour les index de synthèse, ceci comme en bovins laitiers. Comme les OS souhaitaient conserver l'affichage d'un CD pour ces index de synthèse, il a été recommandé de choisir celui d'un caractère élémentaire constituant la synthèse (généralement celui le plus important dans cette dernière). Cela se concrétise par les choix raciaux présentés dans le [tableau n°1 ci-avant](#) pour les différents index concernés.

NB : Concernant les IPVGénos, les CD ne peuvent pas être calculés selon la même méthode que les CD des index car l'information polygénique n'est pas toujours disponible. Ce sont donc des CD dits « Single-Step » calculés selon la méthode « unicaractère » développée pour les évaluations bovines laitières (aussi bien pour les composantes polygéniques que génomiques) qui sont fournis. Par ailleurs, comme pour les bovins laitiers, les IPVGénos de synthèse ne disposent pas de CD.

Changements dans les informations prises en compte

Deux points essentiels relatifs aux aspects naissance-vêlage et aux aspects croissance-allaitement feront l'objet de notes complémentaires spécifiques à venir pour ne pas alourdir cette note plus spécifiquement consacrée à la méthodologie Single-Step et aux conséquences globales sur les index et les CD des différentes évolutions mises en œuvre.

Ces nouveautés sont une prise en compte directe des tours de poitrine dans les évaluations avec une évaluation tri-caractères PN-CN-TP, de même que sont désormais pris en compte dans les évaluations tous les PAT valides obtenus jusqu'au sevrage (P120js et P210js) dans un modèle bi-caractères.

Ajustements des bases de référence naissance-sevrage

Jusqu'à présent, la base de référence pour les indexations naissance-sevrage était constituée de l'ensemble des veaux nés en France au cours des cinq dernières campagnes et ayant les six performances (PONAIS, CONNAI, PAT07M, DEV MUS, DEVSQU, GROCAN) prises en compte dans l'évaluation.

En ce qui concerne les aspects naissance, la prise en compte du poids de naissance (PN ou PN calculé -PNc-) dans l'évaluation était indispensable pour qu'un animal appartienne à la base de référence. Avec l'évolution des exigences de collecte, désormais, la prise en compte du poids de naissance ou du tour de poitrine se substitue à celle du PN ou PNc.

De même pour les aspects croissance, la prise en compte du poids à 210js dans l'évaluation était indispensable. Désormais, avec l'évolution des exigences de collecte et la considération identique portée aux PAT120 et PAT210, la prise en compte du PAT120 ou du PAT210 se substitue à la seule exigence de PAT210.

Ces deux évolutions entraînent une augmentation du nombre d'individus éligibles en Single-Step comprise entre 6% et 27% selon les races en fonction de leurs habitudes de pesées.

Restriction possible dans l'utilisation des génotypes pour les indexations

Pour les évaluations génomiques en méthode « 2 étapes » (concernant les races LIM, CHA et BLA), tous les typages disponibles étaient utilisés pour réaliser les indexations. Les volontés raciales en matière de « non-utilisation » ou de souhaits de différés éventuels de publication étaient gérées seulement au niveau du processus de diffusion. Avec la bascule au Single-Step, seuls les génotypes explicitement autorisés pour évaluation sont utilisés. Il en résulte donc potentiellement moins de génotypes utilisés et par conséquent une éventuelle réduction de la taille des populations de référence selon les index et races.

Le **tableau n°2 ci-après** montre les effectifs et pourcentages de génotypes disponibles au moment de l'extraction du traitement 2026_01 (27/06/2025) pour les races concernées par la prise en compte des génotypes dans l'indexation.

Tableau n°2 : Effectifs de typages totaux et autorisés pour indexation (traitement IBOVAL 2026_01)

Races	Typages totaux	Typages autorisés	% typages autorisés
Aubrac	13 461	5 733	42,6%
Limousine	42 746	39 781	93,1%
Charolaise	95 333	85 439	89,6%
Rouge des Prés	664	515	77,6%
Parthenaise	6 148	4 822	78,4%
Blonde d'Aquit.	36 848	21 632	58,7%

QUELQUES RÉSULTATS GLOBAUX POUR ILLUSTRER LES IMPACTS

Les évolutions concernant les modèles d'évaluation (tri-caractères PN/CN/TP et prise en compte de tous les PAT disponibles), les ajustements de bases de référence ou encore la prise en compte des génotypes, etc., ont nécessairement impacté les index et CD des animaux publiés.

Pour quantifier cet impact, nous présentons dans ce paragraphe deux types de comparaisons :

- index et CD Polygéniques *versus* Single-Step pour le traitement 2025_01 (mâles et femelles) => **Comparaison n°1A**,
index et CD Génomiques *versus* Single-Step pour le traitement 2025_01 (mâles et femelles) => **Comparaison n°1B**,
- index et CD Polygéniques ou Génomiques 2025_02 *versus* index et CD SSTEP 2026_01 (mâles avec au moins 25 produits avec performances et femelles avec au moins un produit avec performances) => **Comparaison n°2**.

Niveaux de corrélations des index et CD pour différents résultats d'indexations

Ne pouvant pas traiter ici tous les index diffusés, nous nous concentrons sur la présentation des corrélations d'index et CD de 5 index des évaluations Naissance-Sevrage (évaluation la plus concernée par les évolutions en parallèle du Single-Step) : IFNAIS, AVel, CRsev, ALait et IVMAT et de 3 index post-sevrage de différents groupes de caractères : IABjbf, CRpsf et EFCAR (cf. Tableaux n°3 à n°6).

Tableau n°3 : Niveaux de corrélations des index et CD pour la **comparaison 1A** (Index Polygéniques 2025_01 vs Index SSTEP 2025_01) pour les évaluations naissance-sevrage [sur l'ensemble des index calculés]

Index \ Races	IFNAIS			AVel		CRsev		ALait		IVMAT		
	Effectif	Index	CD	Index	CD	Index	CD	Index	CD	Effectif	Index	CD
Aubrac	1 645 276	0.866	0.929	0.801	0.963	0.856	0.971	0.864	0.965	442 939	0.879	0.901
Salers	1 327 315	0.808	0.953	0.367	0.728	0.948	0.995	0.953	0.998	630 643	0.963	0.963
Bazadaise	58 229	0.864	0.942	0.678	0.970	0.943	0.994	0.852	0.995	19 210	0.909	0.968
Limousine	7 640 484	0.932	0.978	0.828	0.940	0.945	0.974	0.863	0.963	3 717 365	0.953	0.932
Charolaise	12 982 062	0.962	0.984	0.964	0.974	0.954	0.964	0.838	0.960	6 464 079	0.946	0.854
Rouge des Prés	649 604	0.950	0.997	0.950	0.986	0.972	0.997	0.836	0.996	238 275	0.950	0.883
Parthenaise	594 067	0.940	0.981	0.945	0.980	0.926	0.963	0.865	0.963	351 859	0.943	0.882
Gasconne d Pyr.	228 501	0.862	0.995	0.544	0.894	0.948	0.995	0.854	0.989	62 911	0.944	0.982
Blonde d'Aquit.	4 303 845	0.946	0.987	0.901	0.979	0.928	0.975	0.908	0.974	1 263 291	0.943	0.954

Tableau n°4 : Niveaux de corrélations des index et CD pour la **comparaison 1B** (Index Génomiques 2025_01 vs Index SSTEP 2025_01) pour les évaluations naissance-sevrage

Index \ Races	IFNAIS			AVel		CRsev		ALait		IVMAT	
	Effectif	Index	CD	Index	CD	Index	CD	Index	CD	Index	CD
Limousine	35 506	0.877	0.701	0.676	0.698	0.885	0.663	0.783	0.712	0.869	0.740
Charolaise	80 660	0.884	0.556	0.851	0.688	0.875	0.498	0.777	0.692	0.889	0.398
Blonde d'Aquitaine	31 421	0.842	0.728	0.850	0.776	0.832	0.674	0.821	0.753	0.851	0.759

Tableau n°5 : Niveaux de corrélations des index et CD pour la **comparaison 1A/1B** (Index Polygéniques ou Génomiques 2025_01 vs Index SSTEP 2025_01) pour les évaluations post-sevrage [sur l'ensemble des index calculés]

Index \ Races	IABjbf					CRpsf			EFCAR		
	Poly			Géno		Poly			Poly		
	Effectif	Index	CD	Index	CD	Effectif	Index	CD	Effectif	Index	CD
Aubrac	/	/	/	/	/	/	/	/	366 586	0.973	0.990
Salers	592 634	0.965	0.974	/	/	/	/	/	284 823	0.975	0.995
Bazadaise	/	/	/	/	/	22 690	0.995	0.983	12 731	0.987	0.991
Limousine	3 382 069	0.971	0.896	0.865	0.401	4 242 963	0.951	0.950	1 596 389	0.937	0.978
Charolaise	5 825 796	0.974	0.932	0.854	0.257	6 630 671	0.987	0.964	2 875 288	0.923	0.986
Rouge des Prés	2 212 556	0.981	0.983	/	/	249 258	0.991	0.994	158 652	0.980	0.997
Parthenaise	330 732	0.971	0.951	/	/	362 790	0.988	0.975	172 12	0.950	0.992
Gasconne d Pyr.	/	/	/	/	/	/	/	/	53 827	0.978	0.995
Blonde d'Aquit.	1 240 408	0.964	0.919	0.858	0.42	1 489 768	0.982	0.965	1 063 290	0.939	0.986

On constate dans les tableaux précédents que les corrélations entre index sont très élevées dans le cas des index polygéniques correspondant aux caractères post-sevrage. Les variations sont plus importantes pour les caractères pré-sevrage, quelle que soit la nature des index initiaux (2025_01 polygéniques ou génomiques). C'est pourquoi la **comparaison n°2** se concentre sur ces caractères. Dans cette seconde comparaison, les animaux pris en compte ont des index un peu plus précis.

Tableau n°6 : Niveaux de corrélations pour la **comparaison n°2** - Index diffusés 2025_02 (Polygéniques ou Génomiques) vs Index SSTEP 2026_01 pour les index Naissance-Sevrage

Index \ Races	IFNAIS		AVel		CRsev		ALait		IVMAT	
	Mâles	Femelles	Mâles	Femelles	Mâles	Femelles	Mâles	Femelles	Mâles	Femelles
Aubrac	0.948	0.901	0.874	0.807	0.964	0.910	0.859	0.889	0.901	0.875
Salers	0.918	0.849	0.631	0.455	0.984	0.951	0.976	0.953	0.976	0.965
Bazadaise	0.904	0.874	0.682	0.697	0.963	0.934	0.860	0.841	0.927	0.898
Limousine	0.949	0.905	0.847	0.813	0.971	0.920	0.876	0.851	0.954	0.939
Charolaise	0.978	0.941	0.967	0.955	0.979	0.937	0.869	0.817	0.946	0.929
Rouge des Prés	0.959	0.905	0.966	0.933	0.980	0.965	0.854	0.860	0.958	0.936
Parthenaise	0.959	0.911	0.945	0.953	0.952	0.900	0.874	0.855	0.944	0.931
Gasconne d Pyr.	0.922	0.797	0.668	0.587	0.953	0.943	0.843	0.894	0.920	0.935
Blonde d'Aqu.	0.967	0.906	0.917	0.905	0.958	0.904	0.919	0.898	0.951	0.930

Les différents niveaux moyens de corrélations observés dans la comparaison 2 (cf. [Tableau n°6](#)) sont globalement élevés, mais ils sont systématiquement inférieurs à ceux que l'on peut observer habituellement entre 2 indexations successives, ce qui signifie que l'on enregistre des variations d'index parfois significatives et inhabituelles. Comme attendu les corrélations sont bien plus élevées pour les taureaux que pour les femelles. Les variations sont en moyenne plus importantes pour les races à plus petits effectifs, notamment pour AVel, en raison non pas du SSTEP mais des évolutions de modèle, et pour les femelles, du fait de la moindre précision des index.

Le dégradé de couleurs effectué intra niveaux de corrélations entre index pour l'ensemble des tableaux ci-avant illustre les différences observées entre index et races. On note ainsi, que même si elles sont d'un bon niveau, des corrélations plus faibles s'observent entre index génomiques et SSTEP (Cf. [tableau n°4](#)).

Les différences observées entre races restent assez limitées et concernent en particulier le groupe Naissance-Sevrage, en lien avec les évolutions de modèle. Les populations à plus grands effectifs présentent les résultats les plus stables.

Le dégradé de couleurs intra niveaux de corrélations entre CD des tableaux ci-dessus témoigne en particulier des différences évoquées plus haut de modalités de calcul de CD.

Variation du niveau des index

En complément des niveaux très généraux de corrélations présentés ci-avant, Les graphiques qui suivent (cf. [Figures n°2 à n°6](#)) présentent quelques illustrations de variation d'index pour différents caractères et races.

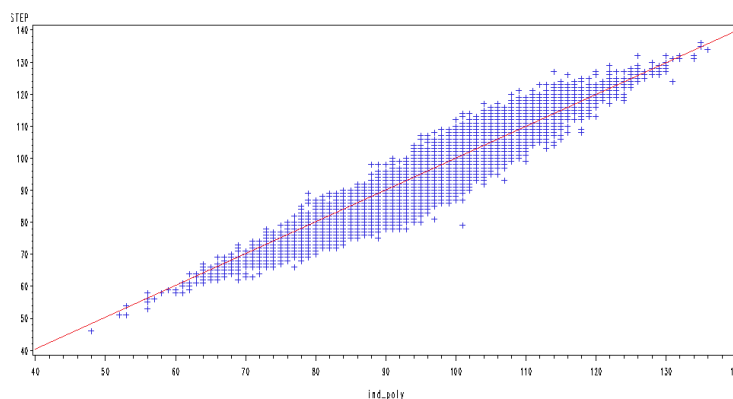
NB : dans les figures qui suivent, l'axe horizontal (abscisse) est celui des résultats polygéniques ou génomiques et le vertical (ordonnée) celui du SSTEP. Attention, il peut y avoir de nombreux animaux derrière une seule croix.

Comparaison 1A - index 2025_01 Poly vs 2025_01 SSTEP

Pour les caractères qui n'ont pas été affectés par un changement de modèle, l'intégration des données de génotypage n'entraîne pas de baisse notable des corrélations entre les index issus des deux méthodologies.

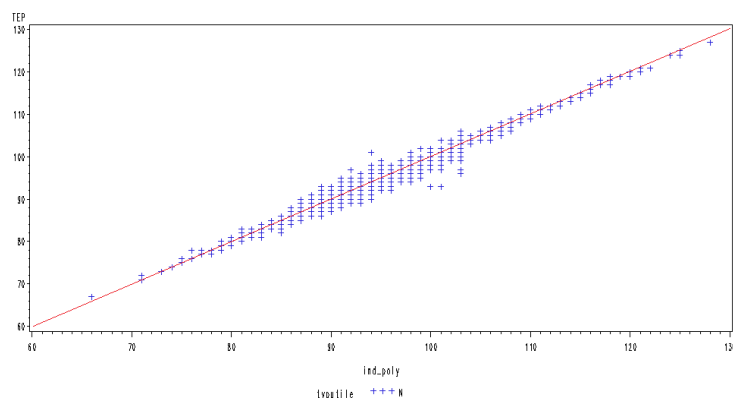
Les variations d'index sont donc faibles, comme l'illustre par exemple la [Figure n°2](#) pour l'index de synthèse IABjbf de la race Parthenaise.

Figure n°2 : Race Parthenaise – Index IABjbf tous animaux



Cette stabilité se retrouve également dans les races à effectifs plus réduits, telle qu'illustré ci-après en race Bazadaise (cf. [Figure n°3](#)) pour l'index CRpsf.

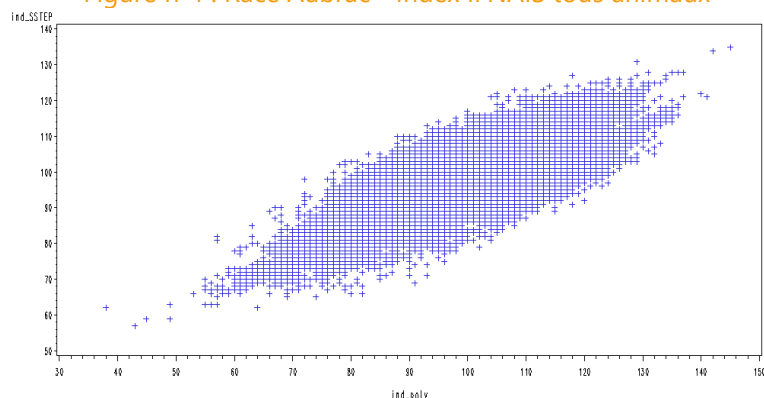
Figure n°3 : Race Bazadaise – Index CRpsf tous animaux



Lorsque des écarts d'index plus significatifs s'observent, les changements de modèle d'analyse sont davantage impactant que la

méthodologie Single-Step en elle-même. C'est le cas par exemple ci-après pour les écarts observés de valeurs d'IFNAIS pour la race Aubrac (cf. Figure n°4).

Figure n°4 : Race Aubrac - Index IFNAIS tous animaux

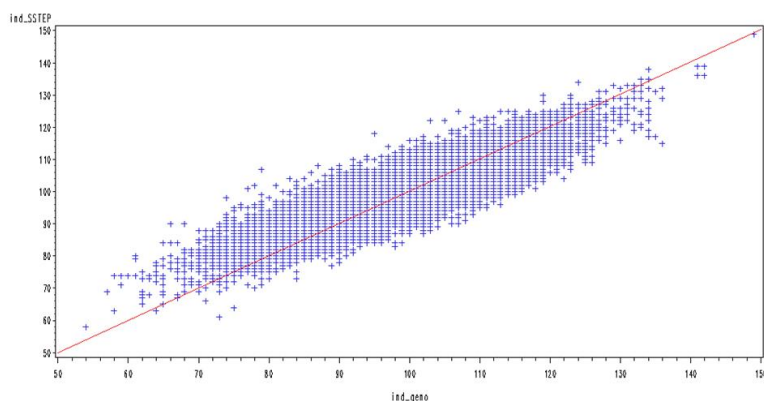


Comparaison 1B – index 2025_01 Géo vs 2025_01 SSTEP

Pour les races/index qui bénéficiaient déjà d'une évaluation génomique, les valeurs de ces index varient en moyenne de manière plus sensible.

L'impact peut aussi s'observer au niveau de la variabilité, comme c'est le cas de la race Limousine pour IFNAIS (Figure n°5) dont on visualise bien la réduction de la variabilité de cet index (là aussi en lien avec les évolutions de modèle).

Figure n°5 : Race Limousine – Index IFNAIS Géo tous animaux



Comparaison n°2 – index 2025_02 diffusés (Polygéniques ou Génomiques) vs index 2026_01 SSTEP

Dans le cas des populations avec index publiés on retrouve les tendances antérieurement évoquées, avec notamment là-aussi une moindre variabilité

de l'index IFNAIS en race Blonde d'Aquitaine (cf. Figure n°6).

Figure n°6 : Race Blonde d'Aquitaine – IFNAIS 2025_02 vs 2026_01

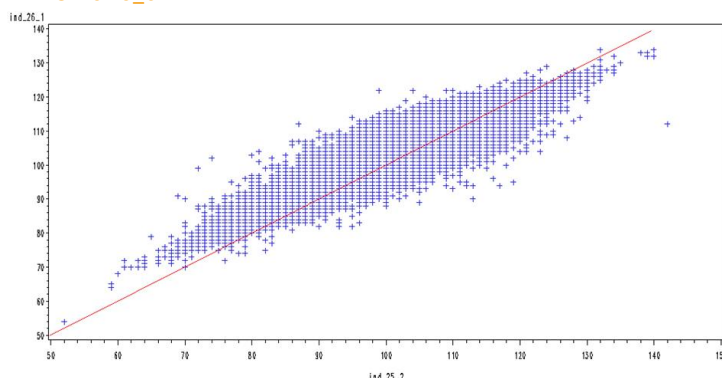


Illustration des évolutions de valeurs de CD des index

Comparaison 1A - index 2025_01 Poly vs 2025_01 SSTEP

Les graphiques qui suivent, comparant les CD SSTEP aux CD polygéniques des index IBOVAL, présentent des caractéristiques similaires entre les races. On y retrouve :

- quelques animaux qui peuvent chuter de CD en raison d'une perte de performance propre ou de celle(s) de descendant(s). Cette perte s'explique par les impacts des évolutions dans les performances prises en compte (comme par exemple les changements effectués dans le cadre de la mise en place d'un modèle d'analyse tri-caractère pour les données Naissance-Vêlage),
- de nombreux animaux (*attention dans la lecture des graphiques, il peut y avoir de nombreux animaux derrière une seule croix*) qui ont un CD relativement stable car à information équivalente la méthode du calcul de CD étant la même les CD sont donc très proches entre Single-Step et polygénique,
- les animaux génotypés (de couleur rouge sur les graphiques) qui gagnent du CD avec la prise en compte de leur information génomique, évidemment leurs collatéraux voient aussi leur CD augmenter légèrement grâce à cette information supplémentaire.

D'autres aspects sont plus spécifiques des différentes races et/ou index (évolutions de modèle Naissance-Vêlage, nature du CD considéré pour tous les index de synthèse (cf. [Tableau n°1](#)) font que les valeurs moyennes peuvent diverger comme l'illustre ci-après le cas de l'IFNAIS en race Rouge des Prés (cf. [Figure n°7](#)).

NB : Dans les figures ci-après la notion de TYPUTILE indique si le génotypage de l'animal est pris en compte dans l'indexation (O pour Oui => croix rouge, ou pas : N pour Non => croix bleu).

Figure n°7 : Race Rouge des Prés – CD IFNAIS tous animaux

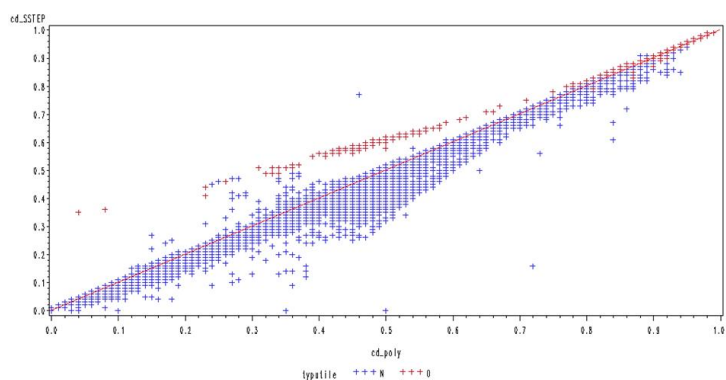
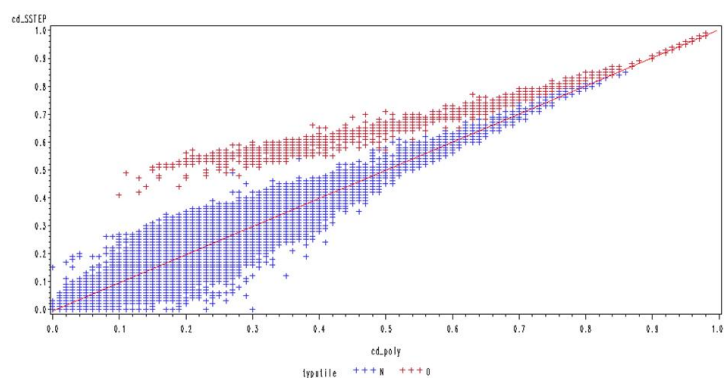


Figure n°8 : Race Parthenaise – CD IABJbf tous animaux



Comparaison 1B – index 2025_01 Géno vs 2025_01 SSTEP

Les [Figures n°9 à 11](#) qui suivent, relatives aux variations entre CD génomiques et SSTEP, illustrent les évolutions suivantes :

- une partie des animaux conserve un niveau de CD voisin entre les deux approches, ce qui reflète que l'information génomique était déjà exploitée de manière assez similaire dans la méthodologie en deux étapes,

- certaines animaux voient leur CD évoluer sensiblement, notamment lorsque le changement de modèle a modifié la prise en compte des performances (avec l'introduction du modèle tri-caractère Naissance-Vêlage en particulier). L'éventuel changement de nature de CD utilisé pour l'index est également impactant (cf. [Tableau n°1](#)),
- on observe enfin un gain généralisé de CD pour un grand nombre d'animaux lors du passage au Single-Step (animal génotypé, mais aussi ses descendants). Cela s'explique notamment par le changement de méthode dans l'apport de précision liée à la génomique qui est désormais spécifique à chaque animal et à chaque caractère contrairement à la méthode précédente où le bonus était fixe et ne concernait que l'animal génotypé.

Figure n°9 : Race Limousine – CD IFNAIS Géno tous animaux

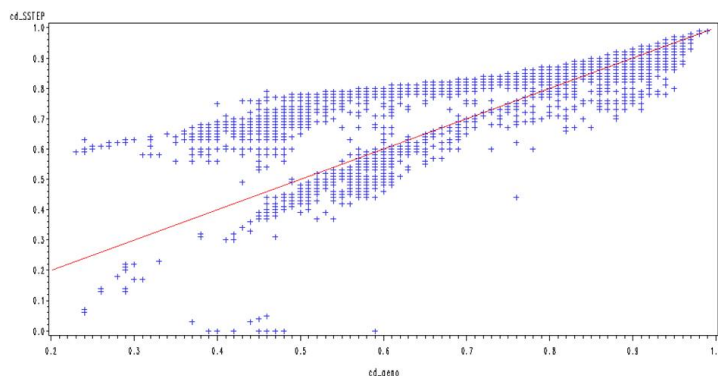


Figure n°10 : Race Charolaise – CD IVMAT Géno tous animaux

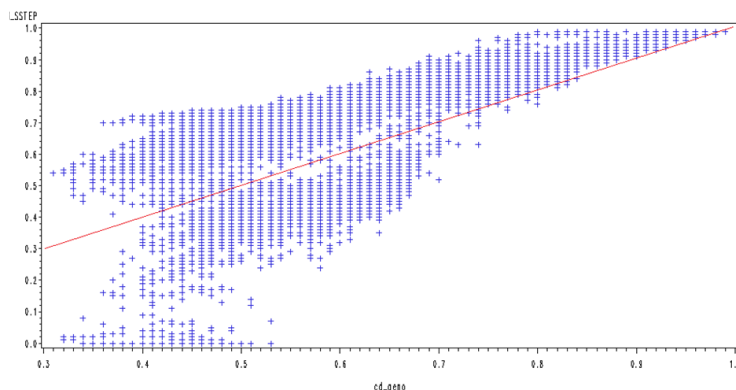
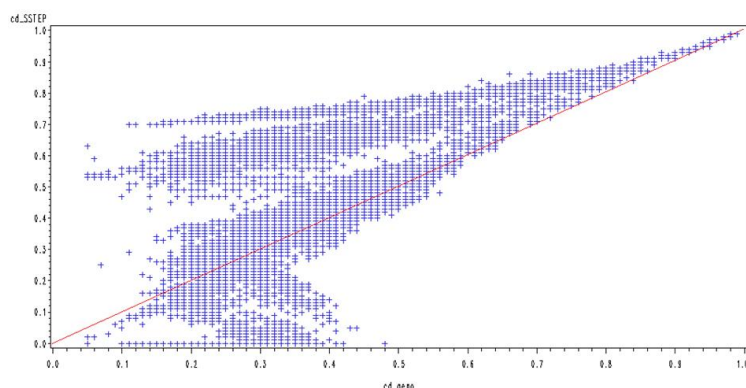


Figure n°11 : Race Blonde d'Aquitaine – IVMAT Géo tous animaux



CONCLUSION

La transition de méthodologie, polygénique & génomique, vers la méthodologie Single-Step pour l'évaluation génétique des animaux de race pure s'est accompagnée de nombreux ajustements visant à améliorer la précision et la cohérence des résultats.

Les corrélations élevées observées entre les deux approches traduisent une continuité satisfaisante dans la hiérarchie des reproducteurs, y compris pour les races à plus faibles effectifs. Les écarts plus marqués relevés pour certains caractères, comme IFNAIS et AVeI, s'expliquent principalement par les évolutions de modèle spécifiques à ces caractères comme le passage au modèle tri-caractère naissance-vêlage.

En ce qui concerne les CD, leur forte corrélation entre méthodes confirme que l'intégration des génotypes n'affecte pas la fiabilité globale de ces estimations.

Globalement, le passage à une méthodologie Single-Step pour la réalisation des évaluations génétiques IBOVAL en race pure apparaît plus précise, robuste et adaptée aux différentes populations considérées, tout en offrant une meilleure valorisation de l'information génomique permettant l'accès à l'indexation génomique pour tous.

RÉFÉRENCES

1. Institut de l'Élevage – GenEval, 2024, Réponse à la sélection Single-Step en bovins allaitants, juin 2024, 39 pages
2. Institut de l'Élevage – GenEval – UMT eBIS, 2025, Méthodes et résultats de l'évaluation IBOVAL 2025 pour les races bovines à viande, juin 2025, 143 pages
3. Thierry Tribout, Vincent Ducrocq, D Boichard. HSSGBLUP: a single-step SNP-BLUP genomic evaluation software adapted to large livestock populations. International Congress of Quantitative Genetics, Nov 2020, Melbourne, Australia. hal-03155472
4. GenEval, UMT eBIS (INRAE, ELIANCE, IDELE), Journées 3R 2022 : Du nouveau dans les évaluations génétiques bovines : mise en place du Single-Step, une évaluation génétique et génomique en une seule étape, décembre 2022, 4 pages
5. Clotilde Patry, Vincent Ducrocq, Evidence of biases in genetic evaluations due to genomic preselection in dairy cattle, Journal of Dairy Science Vol. 94 No. 2, 2011 10 pages
6. Site UniGéno : <https://idele.fr/unigeno/>
7. P. Sullivan, Canadian Dairy Network (2010,2011)



Avec le soutien financier du

