

Dans les coulisses de l'évaluation génétique des bovins laitiers : rassembler tous les éléments et regarder vers l'avenir

- Outils génétiques
- [21/10/2026](#)

Les précédents articles de cette série ont exploré les principaux éléments de base des évaluations génétiques et la façon dont ils sont combinés pour produire une valeur d'élevage estimée (VÉE). Nous avons aussi examiné la manière dont la fiabilité et la régression vers la moyenne tiennent compte des différences dans la quantité et la qualité de l'information appuyant la prédiction. La dernière étape consiste à voir comment toutes ces pièces fonctionnent ensemble. Il s'agit alors d'examiner les relations entre les caractères, de combiner de multiples caractères en outils de sélection, de valider les résultats et de continuer à s'adapter à mesure que de nouvelles données et technologies deviennent disponibles.

Rassembler tous les éléments

Les caractères n'existent pas de façon isolée

Nous considérons souvent les caractères un par un, mais ils sont rarement génétiquement indépendants. Les gènes qui influencent un caractère peuvent aussi en influencer un autre. Les corrélations génétiques décrivent ces relations et nous aident à comprendre comme la sélection d'un caractère peut entraîner un changement génétique chez un autre. Ces relations peuvent être favorables, en permettant d'améliorer un caractère pour en avantager un autre, ou elles peuvent créer des compromis. Par exemple, la sélection historique en vue d'une production de lait plus élevée a été associée à des changements génétiques défavorables en matière de fertilité. Il est donc essentiel de comprendre des relations pour atteindre un progrès génétique équilibré.

Les corrélations génétiques peuvent aussi être utilisées directement dans les évaluations génétiques en analysant conjointement des caractères apparentés, ce qu'on appelle des évaluations multi-caractères. Cela permet à l'information relative à un caractère de contribuer à la prédiction d'un autre, ce qui peut être utile lorsque les données sont limitées ou que les caractères ont une faible héritabilité. Par exemple, l'évaluation de la santé des veaux de Lactanet analyse conjointement la diarrhée et les problèmes respiratoires. Avec une corrélation génétique d'environ 0,5, les données liées à l'une ou l'autre maladie contribuent à l'évaluation des deux caractères, augmentant ainsi la fiabilité des valeurs d'élevage.

Regarder au-delà des mesures directes

Les corrélations génétiques sont aussi utiles lorsque le caractère que l'on souhaite améliorer est difficile ou coûteux à mesurer. Des caractères comme l'efficacité alimentaire et les émissions de méthane exigent de l'équipement spécialisé pour recueillir des mesures directes. Dans ces situations, un caractère indicateur qui est plus facile à mesurer peut fournir de l'information utile s'il a une forte relation génétique avec le

caractère d'intérêt. Par exemple, les données spectrales à infrarouge moyen du lait sont habituellement recueillies à partir d'échantillons de lait du contrôle laitier et sont utilisées pour prédire la production de méthane. Ces données prévues augmentent considérablement le nombre d'animaux pour lesquels de l'information est disponible en vue des évaluations génétiques liées au méthane, par rapport à une utilisation exclusive de mesures du méthane qui s'avèrent coûteuses et directes.

Combiner les caractères en un outil de décision

Alors que les évaluations multi-caractères utilisent les relations génétiques pour améliorer la prédiction des caractères individuels, les éleveurs doivent en fin de compte prendre des décisions de sélection pour de nombreux caractères à la fois. C'est là où les indices de sélection prennent toute leur importance. Les indices de sélection nationaux, comme l'Indice de performance à vie (IPV) et Pro\$, équilibrent le progrès génétique de plusieurs caractères en fonction des objectifs de l'industrie et, dans le cas de Pro\$, de leur contribution à la rentabilité.

Le but n'est pas de produire un animal qui se classe au premier rang pour chaque caractère individuel. L'objectif est plutôt d'obtenir la réponse génétique globale la plus souhaitable, tout en gérant les relations et les compromis entre les caractères. Il faut se rappeler que les exploitants de ferme peuvent avoir des priorités différentes. Par exemple, un troupeau confronté à des défis de mammite peut accorder une plus grande importance à la santé du pis, alors qu'un autre peut prioriser la fertilité, l'efficience, la conformation ou l'impact environnemental. Les indices nationaux offrent un point de départ équilibré, alors que les outils comme les programmes d'accouplement en insémination artificielle ou l'IPV personnalisé de Lactanet permettent aux producteurs d'ajuster les priorités en fonction de leurs objectifs d'élevage.

Regarder vers l'avenir

De plusieurs étapes à une seule étape

Les premières évaluations génomiques comportaient généralement plusieurs étapes, pendant desquelles des phénotypes et des données généalogiques étaient combinés aux prédictions génomiques lors des étapes suivantes.

À mesure que le testage génomique a évolué, des méthodes visant à intégrer plus directement ces sources d'information ont été mises au point. De nos jours, de nombreuses évaluations laitières utilisent la méthodologie génomique en une seule étape (*Single-Step*) qui intègre les relations généalogiques, les relations génomiques et l'information phénotypique au sein d'une même évaluation. Plutôt que de traiter les animaux génotypés et non génotypés comme des populations distinctes, la méthode en une seule étape permet à l'information de circuler dans l'ensemble de la population connectée. L'avantage est que toutes les sources d'information disponibles contribuent à une seule prédiction cohérente du mérite génétique. L'évaluation de la santé des onglons de Lactanet, lancée en 2018, a été la première évaluation en une seule étape au Canada. Depuis, toutes les nouvelles évaluations génétiques développées par Lactanet ont utilisé la méthodologie en une seule étape. Des projets sont aussi en cours afin de mettre en place des évaluations en une seule étape pour d'autres caractères au Canada. En utilisant plus efficacement les données disponibles, cette méthodologie permet d'obtenir des prédictions plus précises et fiables du mérite génétique.

Plus de données, de nouveaux caractères

Les évaluations génétiques continueront d'évoluer à mesure que de nouvelles sources de données deviendront disponibles. Les systèmes de traite automatisée, les moniteurs d'activités, les caméras, les bacs d'alimentation, les données spectrales à infrarouge moyen du lait, les capteurs environnementaux et les autres technologies de précision permettent de générer des phénotypes à une échelle qu'il aurait été difficile d'imaginer il y a seulement quelques décennies. Ces technologies pourraient rendre possible l'évaluation de routine des caractéristiques qui étaient historiquement difficiles à mesurer. En même temps,

l'augmentation de l'information génomique et des données de séquence pourrait améliorer notre compréhension des facteurs biologiques qui sous-tendent d'importants caractères, alors que les avancées informatiques permettront d'évaluer des plus grandes populations et des modèles plus sophistiqués.

Message final

Tout au long de cette série, nous avons suivi le parcours menant des phénotypes à la prédiction génétique. Les effets environnementaux sont pris en compte de sorte que les animaux puissent être comparés équitablement alors que l'information généalogique et génomique établit des liens entre les animaux et renforce les prédictions. Les modèles statistiques combinent ensuite cette information pour estimer les valeurs d'élevage et le niveau de confiance qui les entoure. Même si les méthodes continueront d'évoluer, le fondement des évaluations génétiques canadiennes demeure le même : de bonnes données, des comparaisons équitables, des liens génétiques solides et une utilisation efficace de toute l'information disponible.

En fin de compte, les évaluations génétiques vont au-delà de la performance actuelle de l'animal pour prédire ce qu'il est susceptible de transmettre à la génération suivante.

Chez Lactanet, ce travail se poursuit tous les jours grâce à l'élaboration et à la diffusion de prédictions génétiques fiables pour plus de 100 caractères. En améliorant continuellement les évaluations et en faisant le meilleur usage des données et des technologies disponibles, nous aidons les producteurs laitiers canadiens à prendre des décisions d'élevage éclairées qui contribuent à l'amélioration continue de l'industrie laitière.

Pour plus d'informations, n'hésitez pas à [contacter l'équipe de Lactanet Canada](#).



By Colin Lynch, Ph.D

Originaire de Dublin en Irlande, Colin a obtenu un grade de premier cycle en sciences agricoles, avec spécialisation en sciences animales, au University College Dublin en 2018. À la recherche d'une expérience internationale et animé d'une passion pour l'élevage du bétail, Colin a déménagé au Canada où il a obtenu une maîtrise (2020) et un doctorat (2024) en amélioration génétique des animaux à l'Université de Guelph. Ayant obtenu son doctorat et souhaitant continuer de contribuer à l'agriculture canadienne, Colin s'est joint à Lactanet en octobre 2024 en tant que généticien.



By Hannah Sweett Ph. D.

Add Your Heading Text He