



**HAL**  
open science

## Des modèles pour de nouveaux défis

Ingrid David, Vincent Ducrocq, Zulma Vitezica

► **To cite this version:**

Ingrid David, Vincent Ducrocq, Zulma Vitezica. Des modèles pour de nouveaux défis. Journées Scientifiques du Département Génétique Animale, Mar 2020, la Chapelle-sur-Erdre, France. hal-02874765

**HAL Id: hal-02874765**

**<https://hal.inrae.fr/hal-02874765>**

Submitted on 19 Jun 2020

**HAL** is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

INRAE

➤ Des modèles pour de nouveaux défis

Ingrid David, Vincent Ducrocq, Zulma Vitezica

# ➤ But: « un animal efficient pour un élevage durable, un animal résilient dans un environnement changeant »

## ○ Objectif

- Améliorer la modélisation des caractères et des interactions (G\*E, G\*G, entre individus, entre fonctions...)

## ○ Contexte

### ○ Développement automatismes

- Robot de traite
- DAC / DAF / DAH<sub>2</sub>O
- Accéléromètres
- Vidéos



- Multiples phénotypes longitudinaux
- Nouvelles données environnement

## ➤ Des animaux, des phénotypes

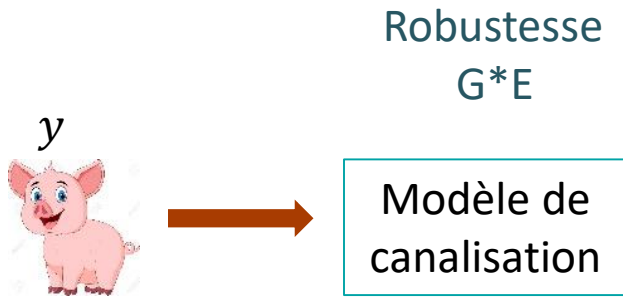
Phénotypes « classiques » : 1 ou quelques mesures / individu

Pas d'information sur l'environnement

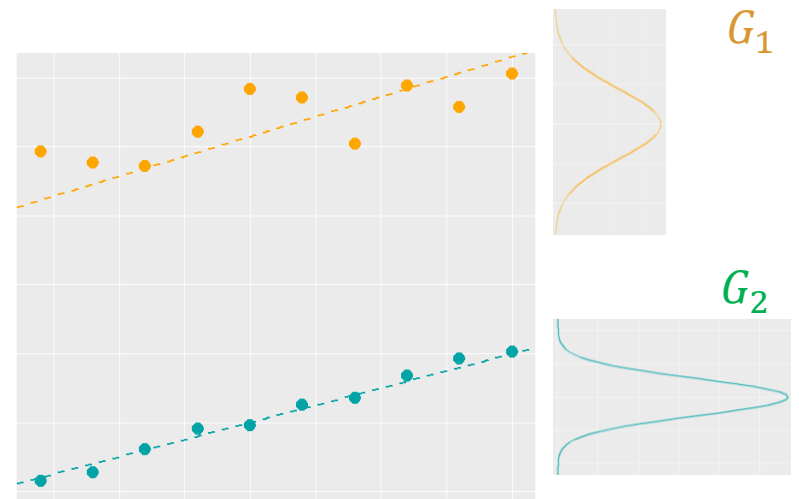


# ➤ Des animaux, des phénotypes

Phénotypes « classiques » : 1 ou quelques mesures / individu  
Pas d'information sur l'environnement



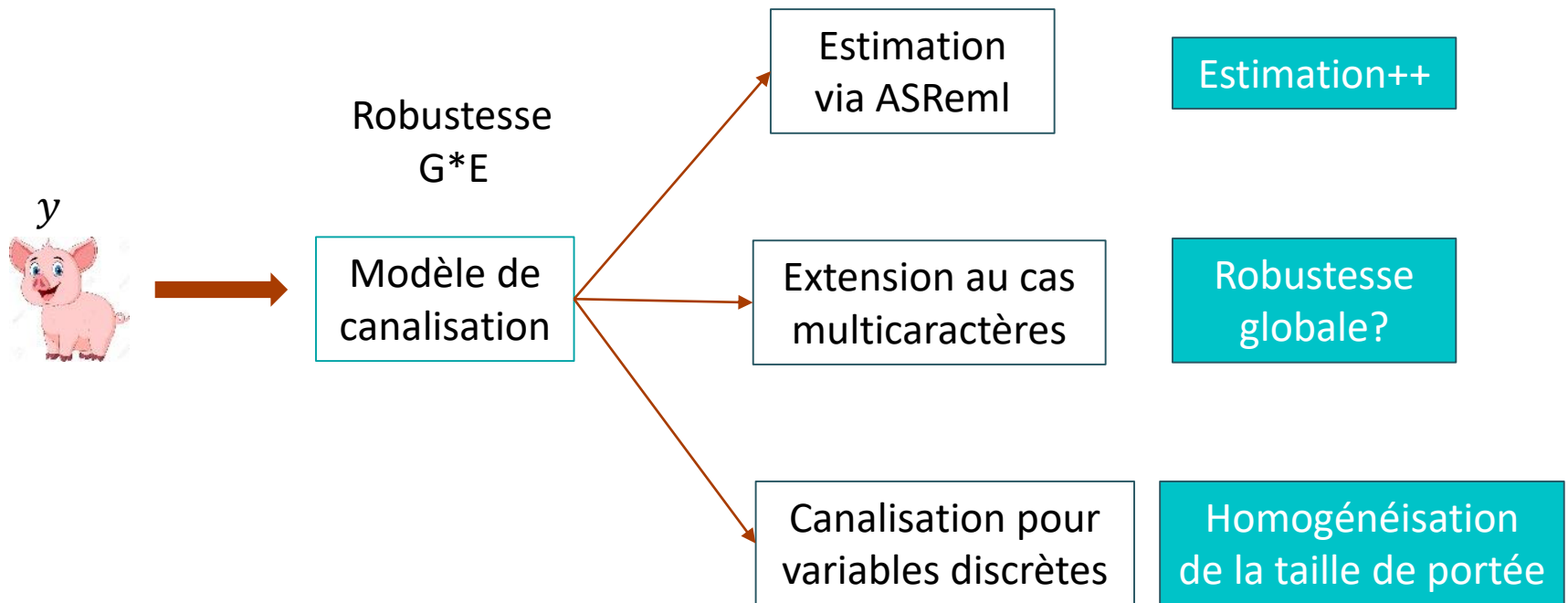
$$y = G + E + f(G, E)\varepsilon$$



# ➤ Des animaux, des phénotypes

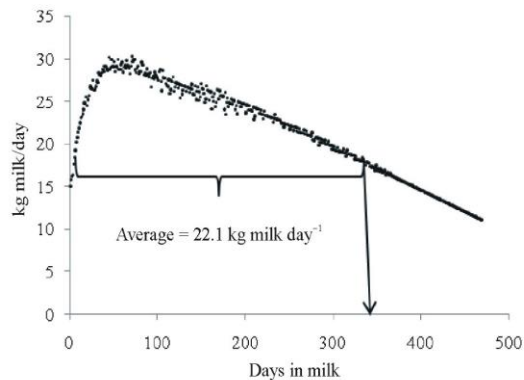
Phénotypes « classiques » : 1 ou quelques mesures / individu

Pas d'information sur l'environnement

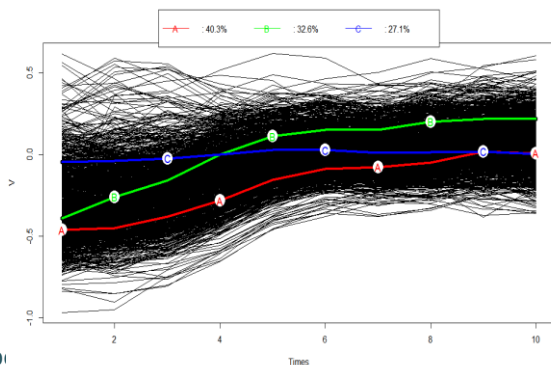
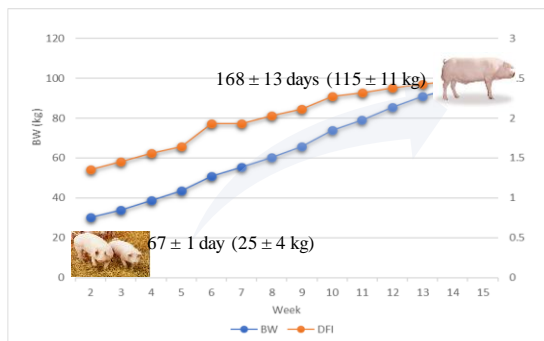


# ➤ Des animaux, des phénotypes

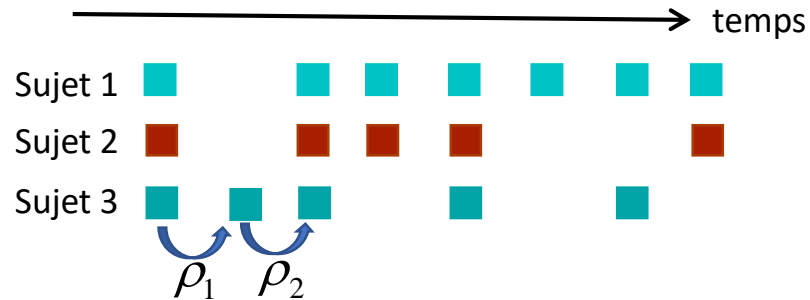
## Phénotypes longitudinaux



$y_1, y_2, y_3, \dots, y_n$



- Données répétées dans le temps
- Corrélées intra-sujet, variance hétérogène



# ➤ Des animaux, des phénotypes

## Phénotypes longitudinaux

- Modéliser des trajectoires

$y_1, y_2, y_3, \dots, y_n$



Modèle de  
régression aléatoire

$$y_t = \mu_t + u_t + \varepsilon_t$$

$u_t$  fonction paramétrique du temps

$$u_t = a + bt + ct^2$$

$$\begin{bmatrix} a \\ b \\ c \end{bmatrix} \sim N(0, A \otimes G)$$



# ➤ Des animaux, des phénotypes

## Phénotypes longitudinaux

- Modéliser des trajectoires

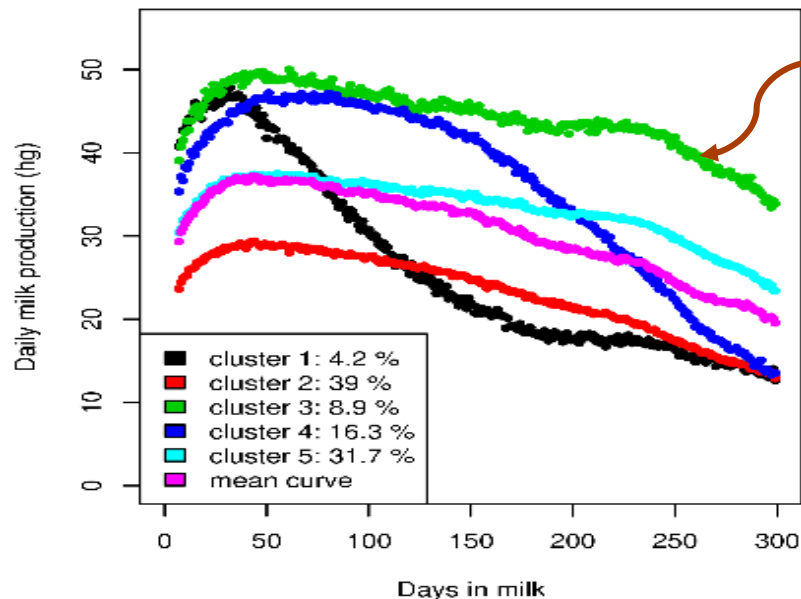
$y_1, y_2, y_3, \dots, y_n$



Modèle de régression aléatoire

Réduction rang matrice

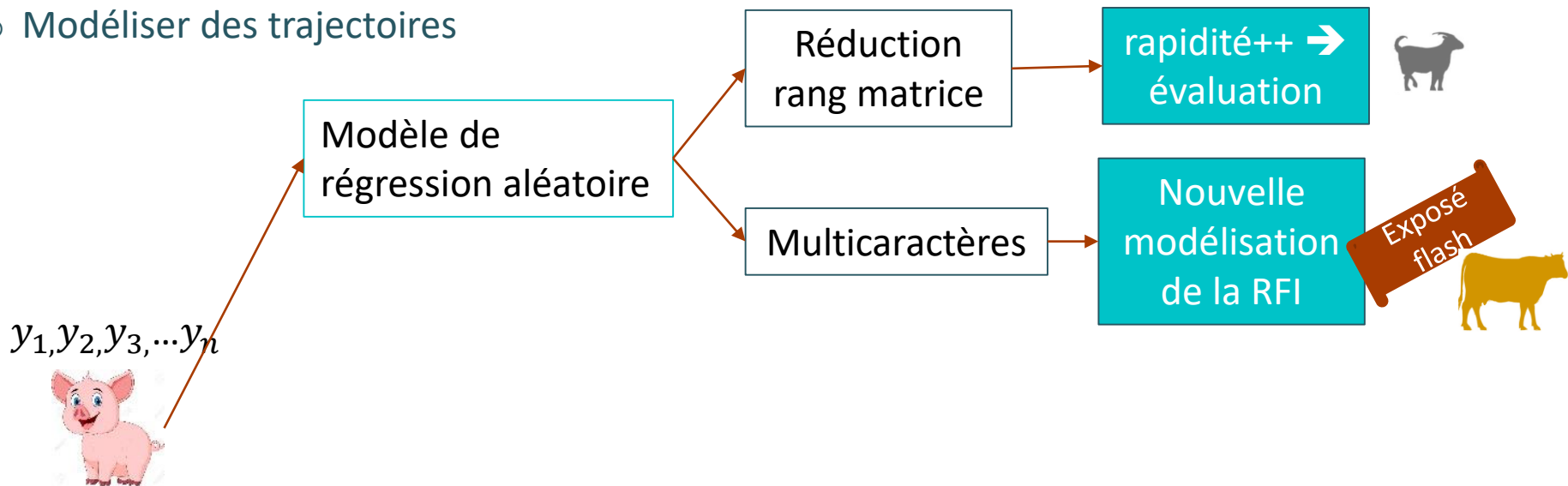
rapidité++ →  
évaluation



# ➤ Des animaux, des phénotypes

## Phénotypes longitudinaux

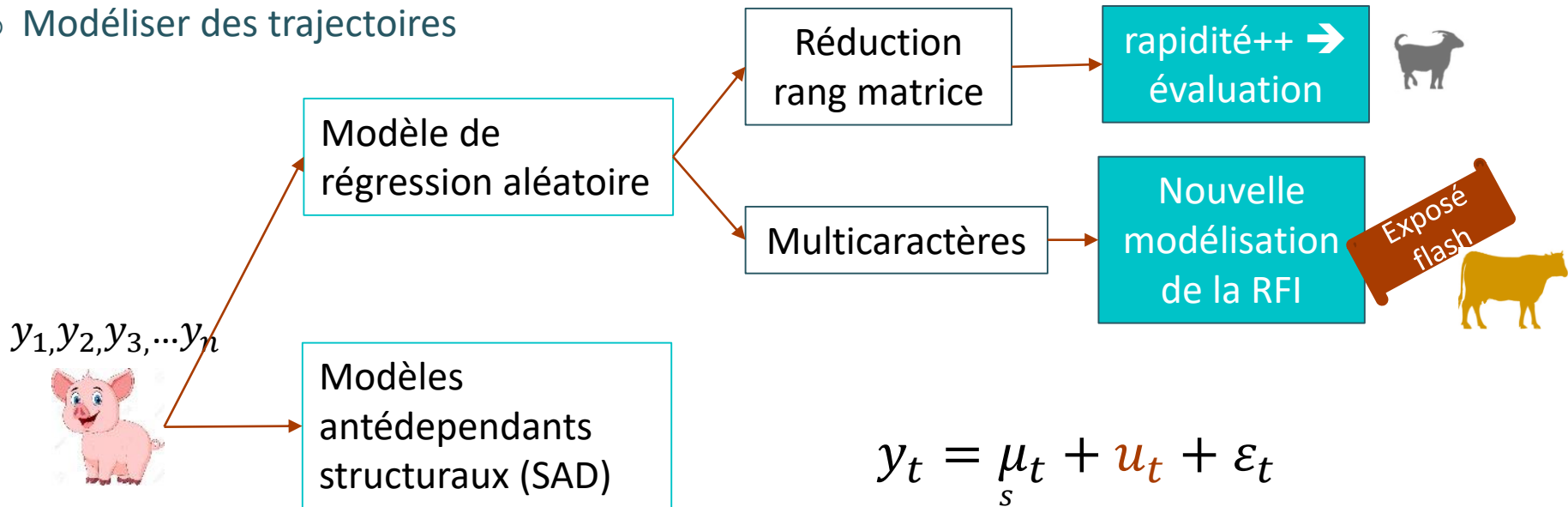
- Modéliser des trajectoires



# ➤ Des animaux, des phénotypes

## Phénotypes longitudinaux

- Modéliser des trajectoires

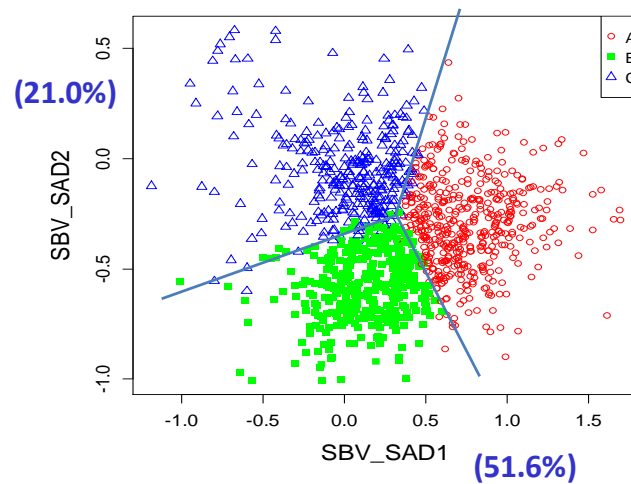
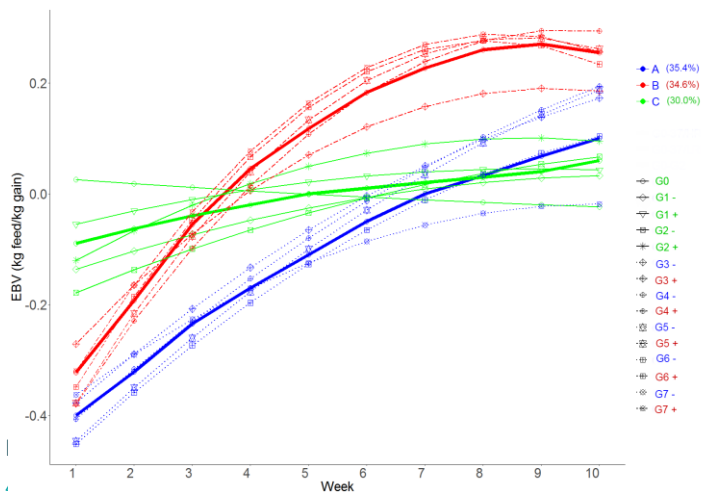
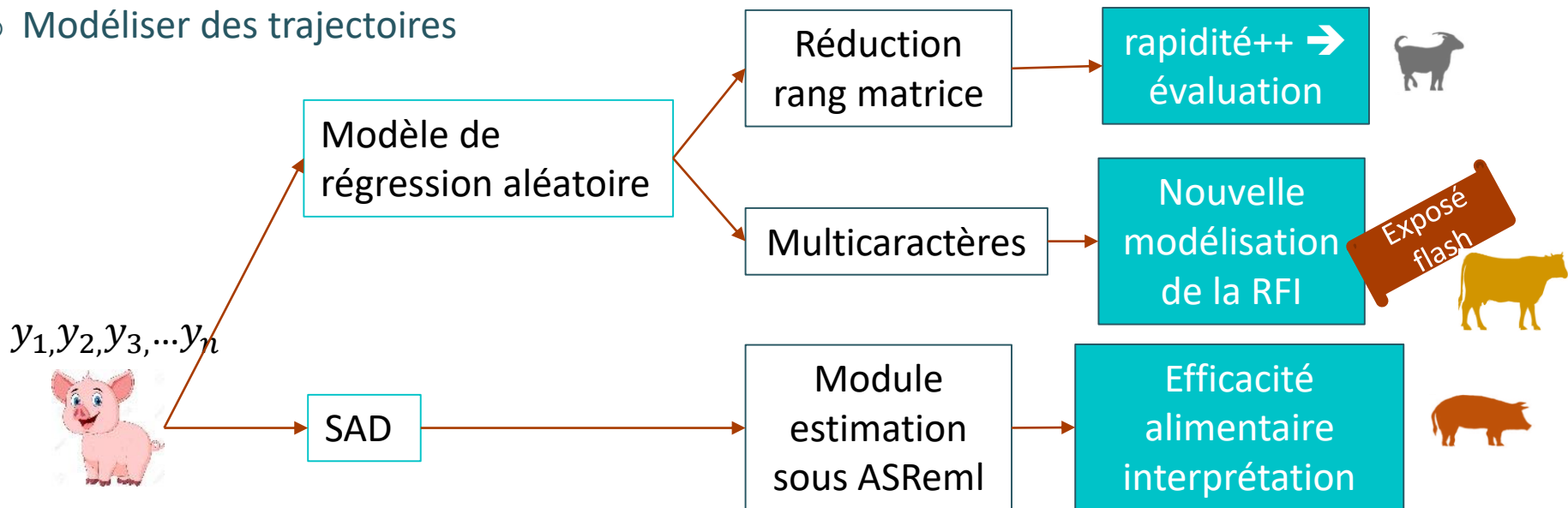


$$y_t = \mu_t + u_t + \varepsilon_t$$
$$u_t = \sum_{k=1}^s \theta_{tk} u_{t-k} + e_t$$
$$\theta_{tk} = f_k(t), \sigma_{e_t}^2 = g_k(t)$$

# ➤ Des animaux, des phénotypes

## Phénotypes longitudinaux

- Modéliser des trajectoires



# ➤ Des animaux, des phénotypes

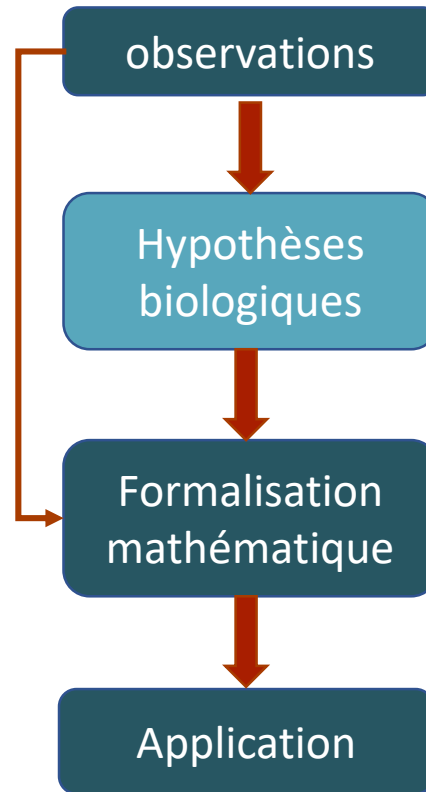
## Phénotypes longitudinaux

- Extraire de nouveaux critères par des modèles plus proches de la biologie

$y_1, y_2, y_3, \dots, y_n$



Modèles  
mécanistiques  
(semi-mécanistiques,  
data-driven)



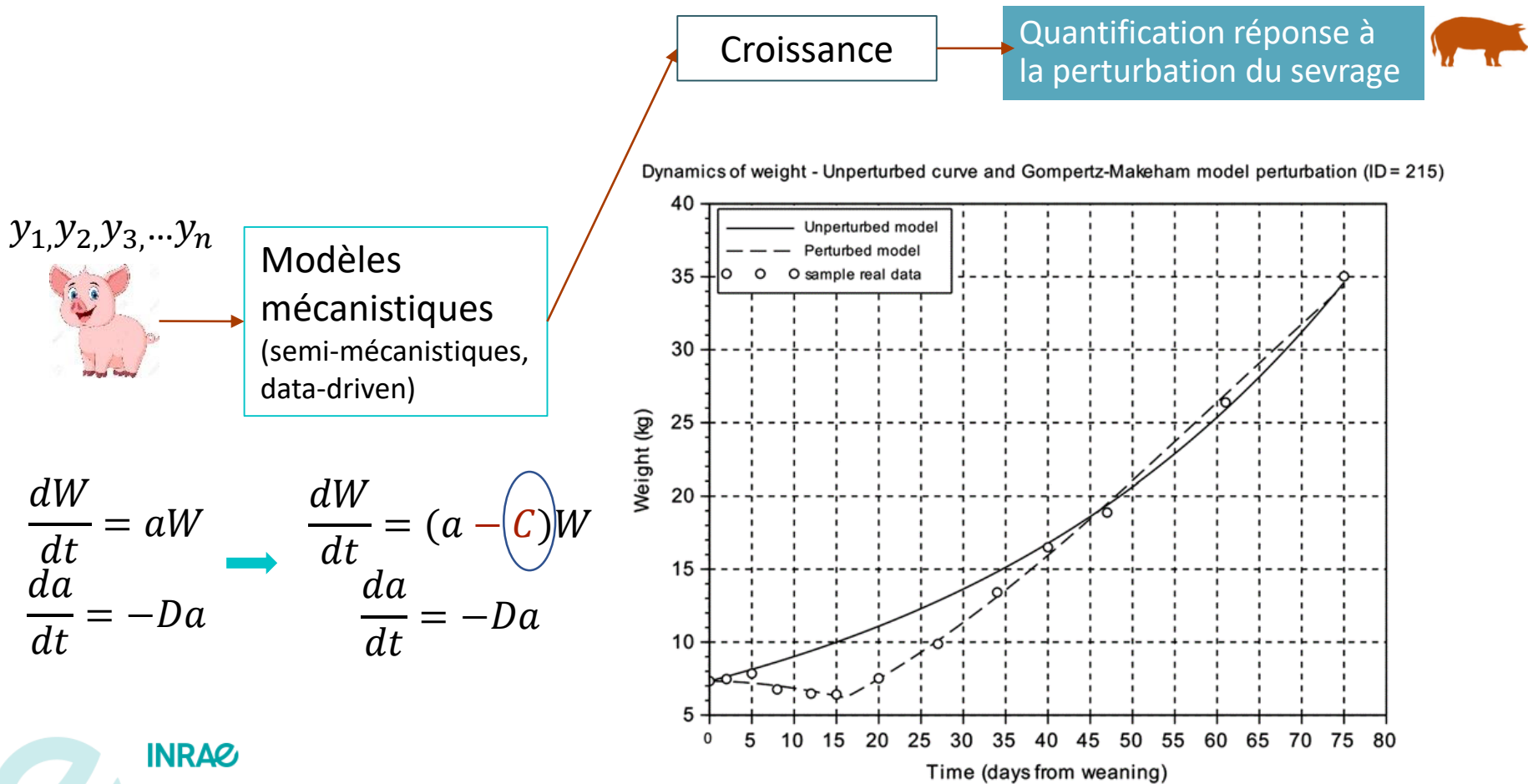
Gain de poids

$$\frac{dW}{dt} = aW$$
$$\frac{da}{dt} = -Da$$

# ➤ Des animaux, des phénotypes

## Phénotypes longitudinaux

- Extraire de nouveaux critères par des modèles plus proches de la biologie



$$\frac{dW}{dt} = aW$$

$$\frac{da}{dt} = -Da$$

➔

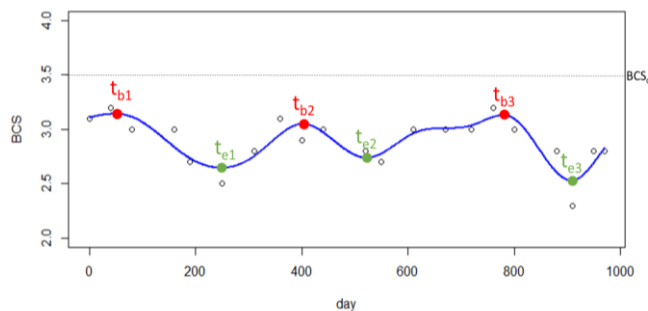
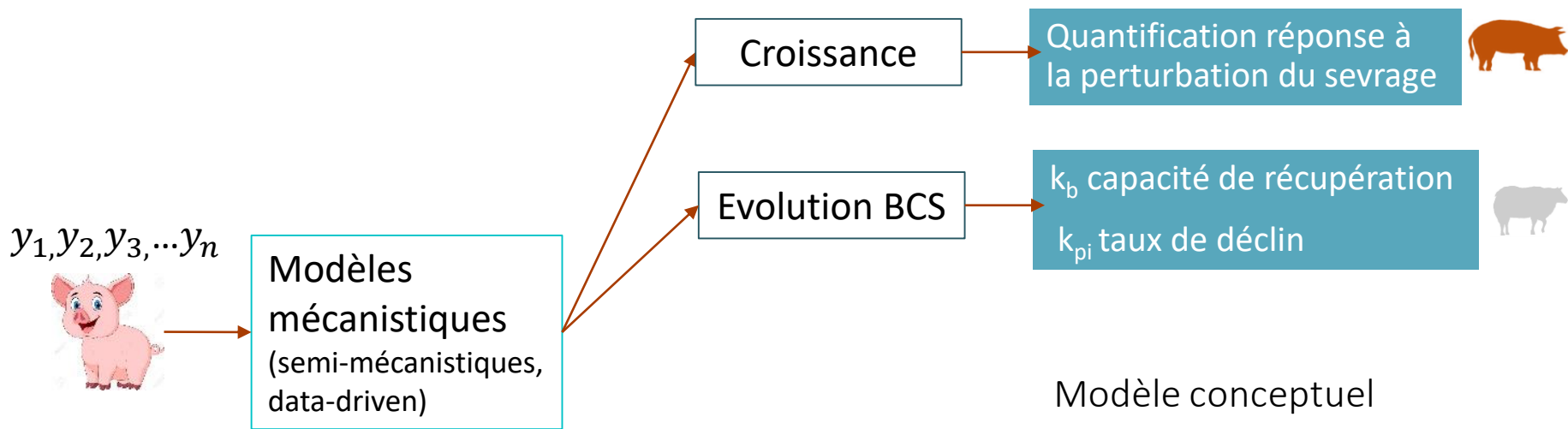
$$\frac{dW}{dt} = (a - C)W$$

$$\frac{da}{dt} = -Da$$

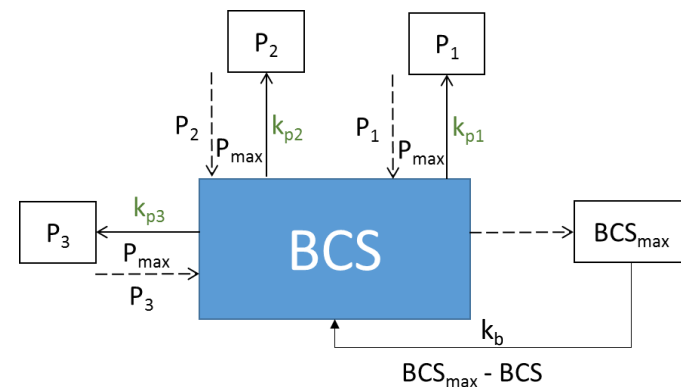
# ➤ Des animaux, des phénotypes

## Phénotypes longitudinaux

- Extraire de nouveaux critères par des modèles plus proches de la biologie



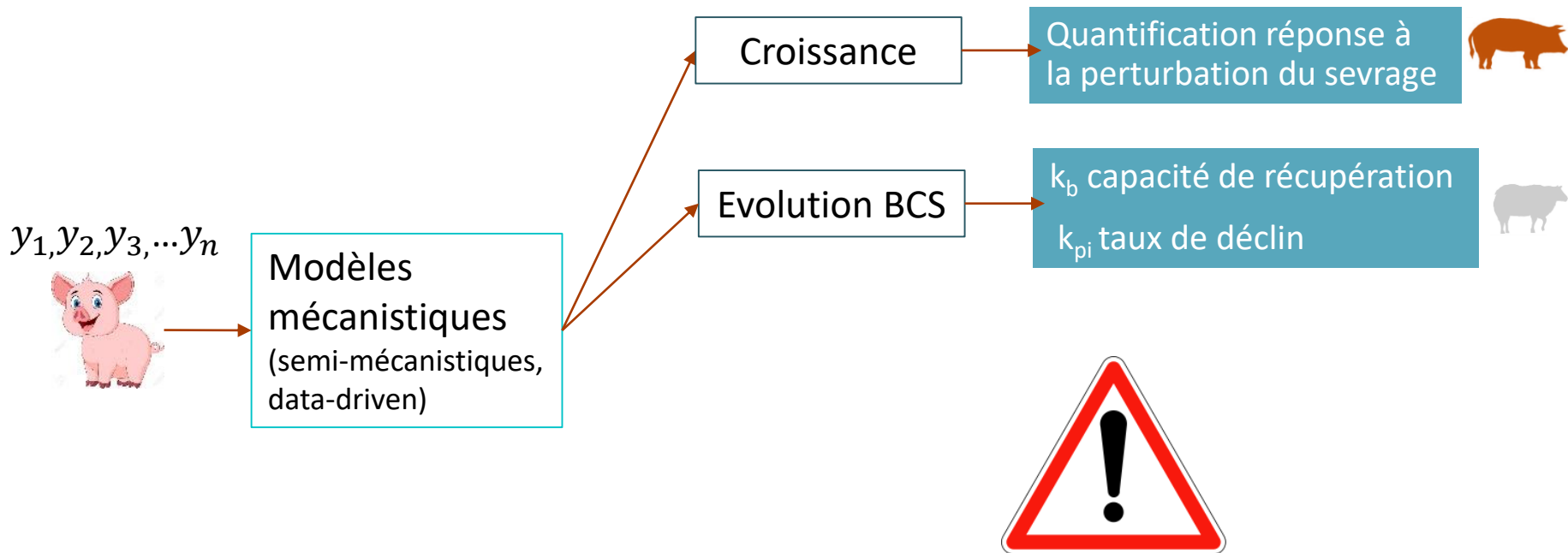
### Modèle conceptuel



# ➤ Des animaux, des phénotypes

## Phénotypes longitudinaux

- Extraire de nouveaux critères par des modèles plus proches de la biologie

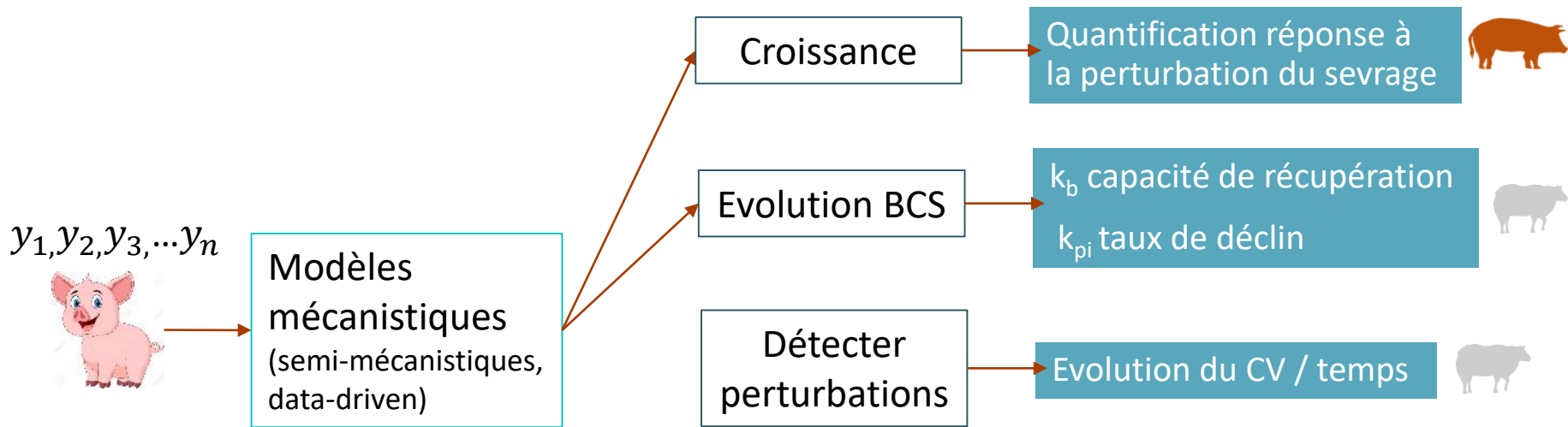




# ➤ Des animaux, des phénotypes

## Phénotypes longitudinaux

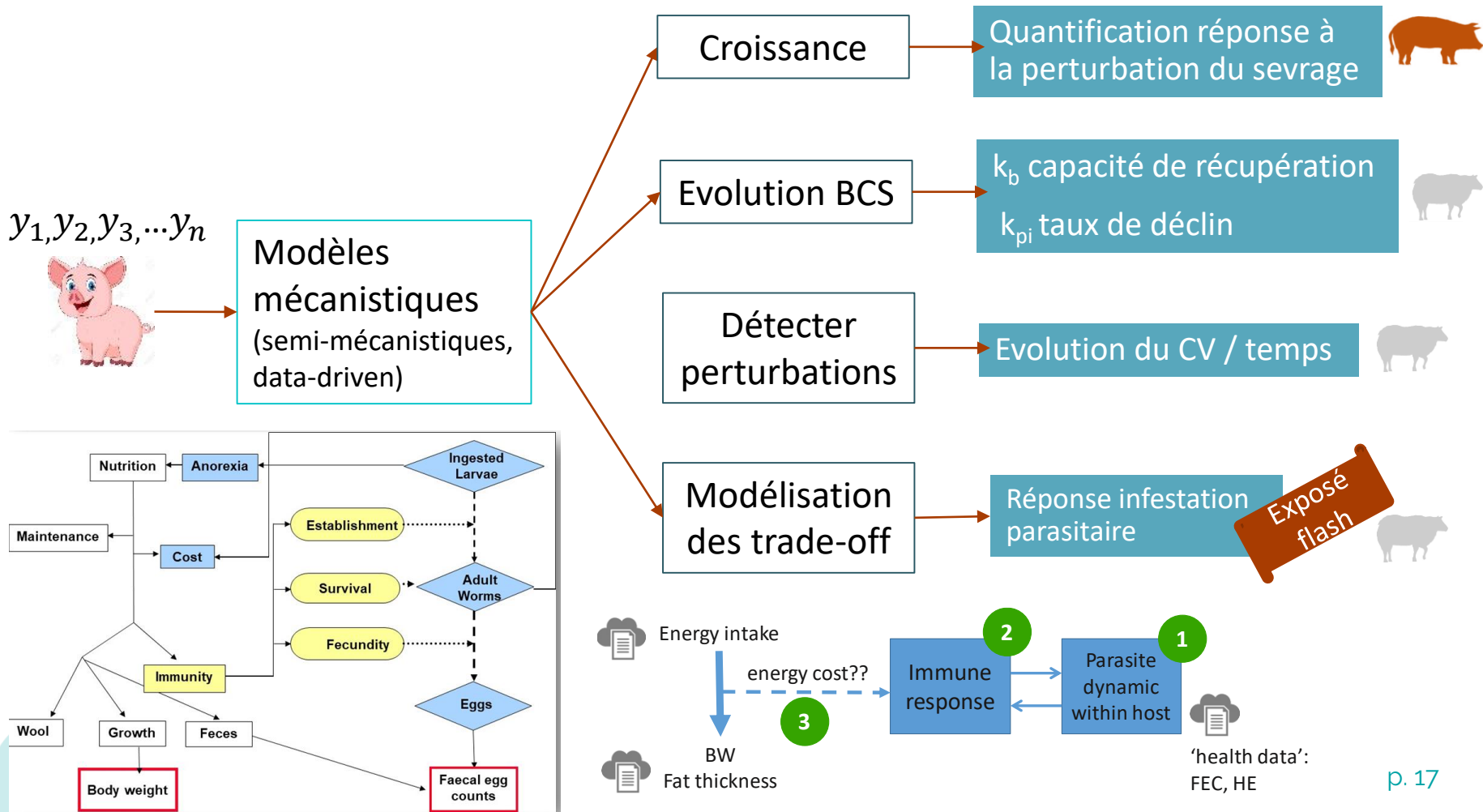
- Extraire de nouveaux critères par des modèles plus proches de la biologie



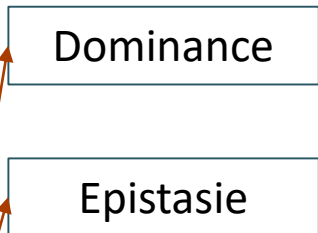
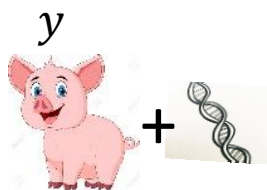
# ➤ Des animaux, des phénotypes

## Phénotypes longitudinaux

- Extraire de nouveaux critères par des modèles plus proches de la biologie

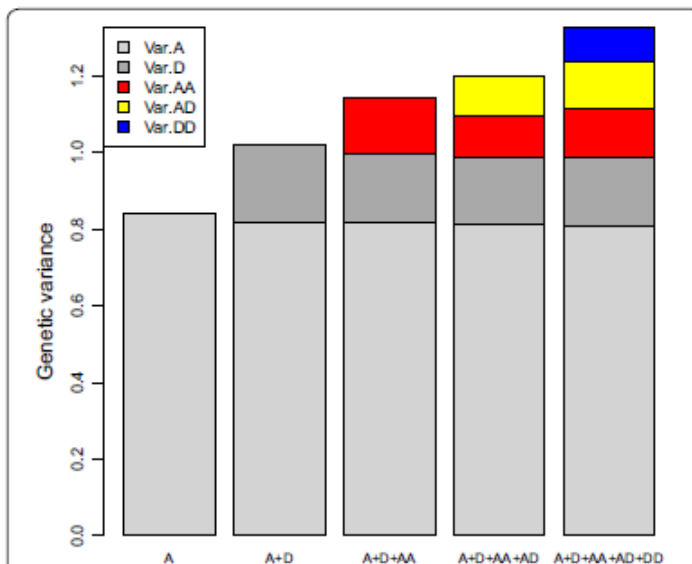


# ➤ ...et des données génomiques



$$y = X\beta + fb + Zg_A + Zg_D + Z \sum_{i=A,D} \sum_{i=A,D, i \geq j} g_{ij} + e$$

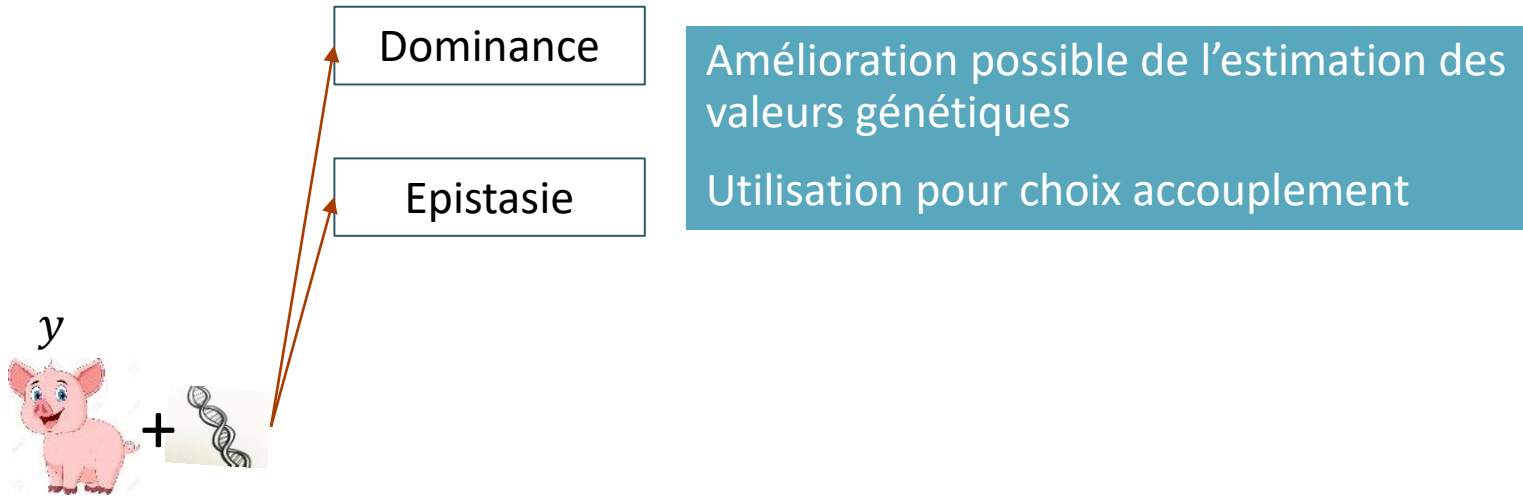
$G_A$        $G_D$        $G_{AA}$      $G_{AD}$      $G_{DD}$



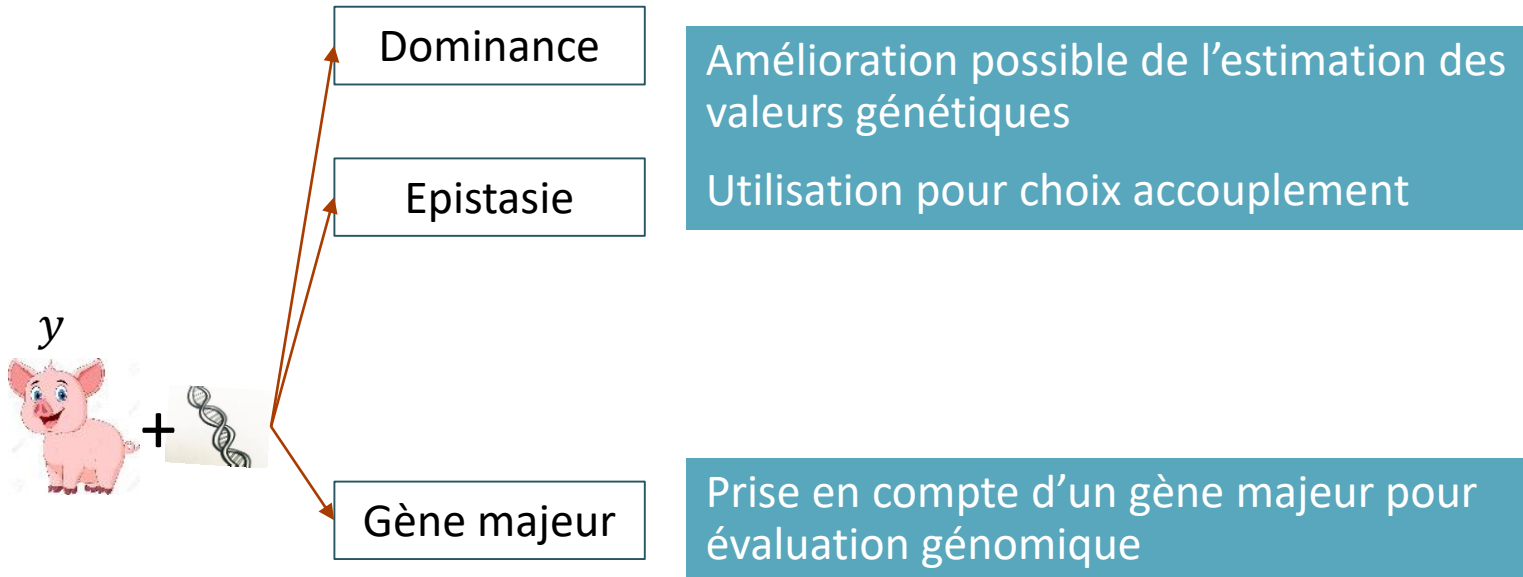
**Fig. 1** Estimates of additive (Var.A), dominance (Var.D), additive-by-additive (Var.AA), additive-by-dominance (Var.AD), and dominance-by-dominance (Var.DD) genetic variances for five models that included genomic inbreeding and successively added additive effects (A), dominance effects (A + D), additive-by-additive effects (A + D + AA), additive-by-dominance effects (A + D + AA + AD), and dominance-by-dominance effects (A + D + AA + AD + DD)



## > ...et des données génomiques

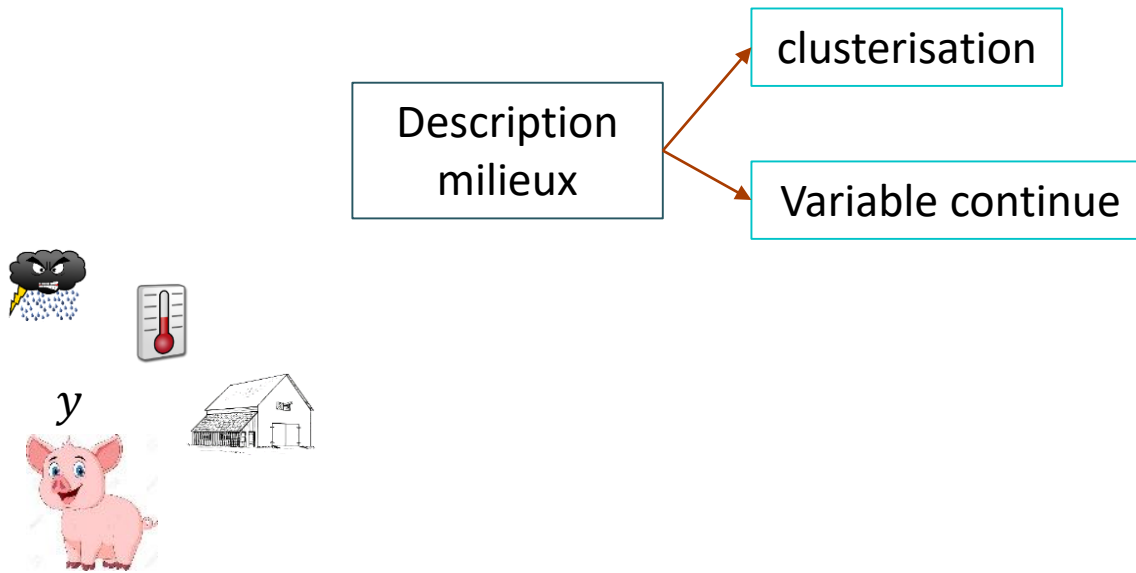


## > ...et des données génomiques

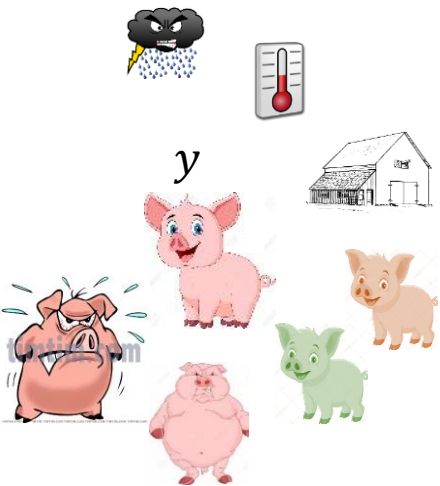
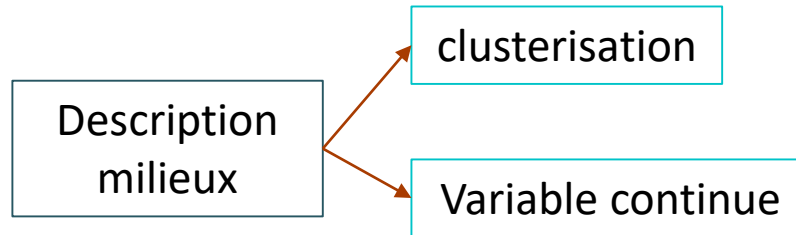


$$y = X_y \beta_y + W_y u_y + e_y$$
$$z = X_z \beta_z + W_z u_z + e_z$$

## ➤ ...dans différents milieux



## ➤ ...dans différents milieux

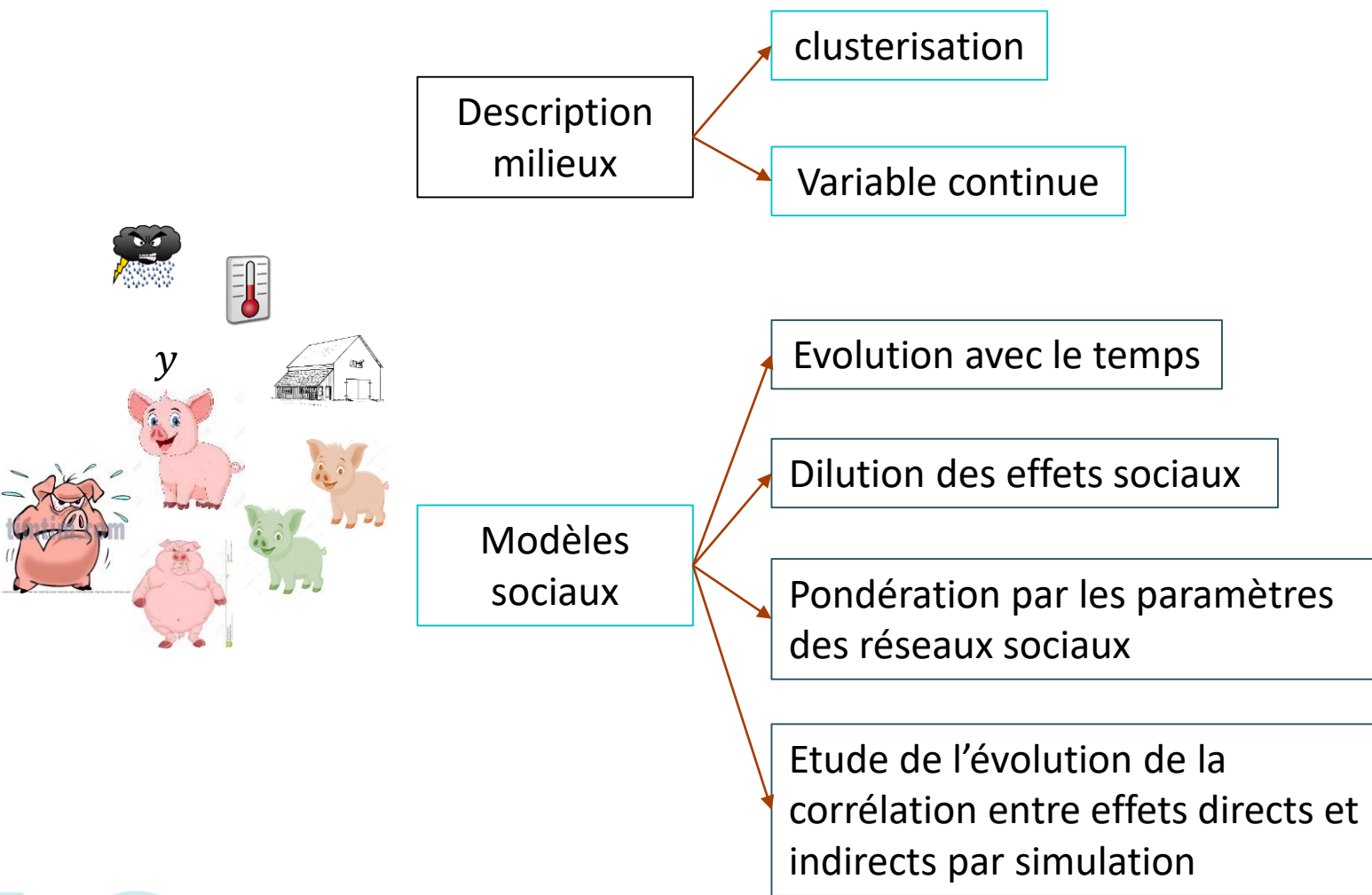


Modèles sociaux

$$y_i = P_{D,i} + \sum_{j \neq i} P_{S,j}$$

$$y_i = G_{D,i} + \sum_{j \neq i} G_{S,j} + E$$

# > ...dans différents milieux



Exposé flash

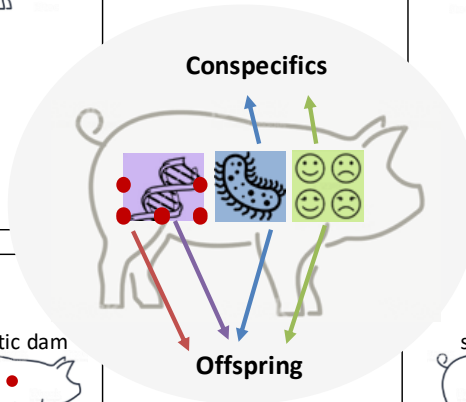
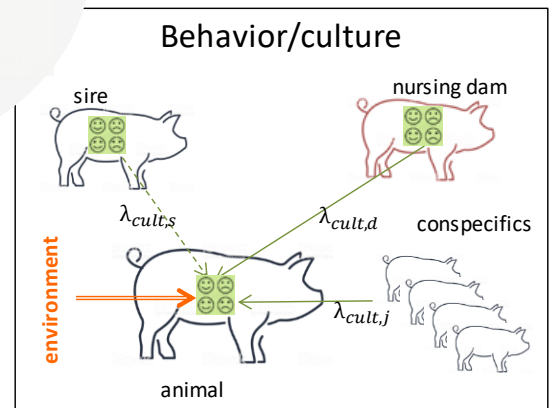
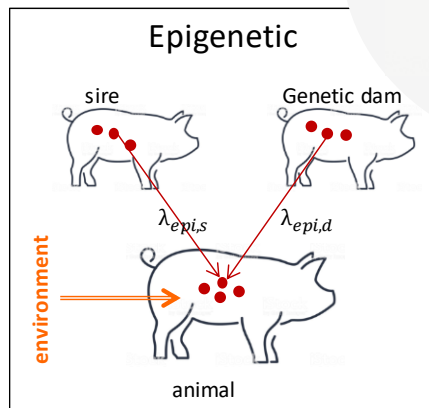
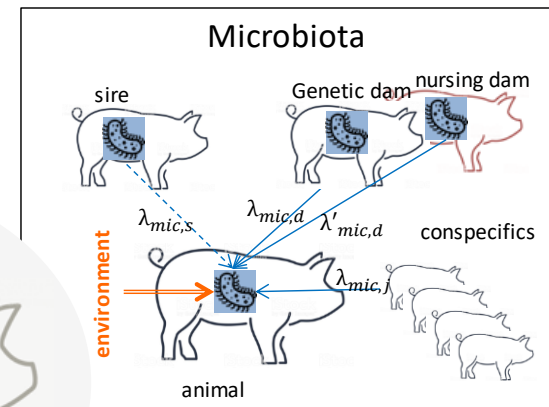
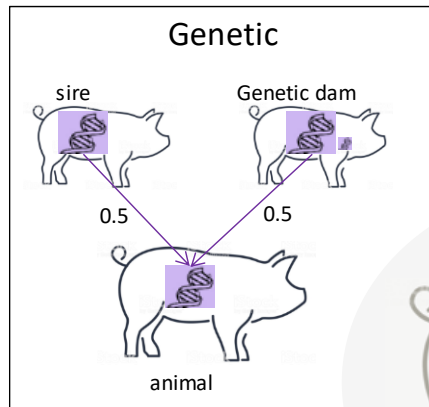


**INRAE**

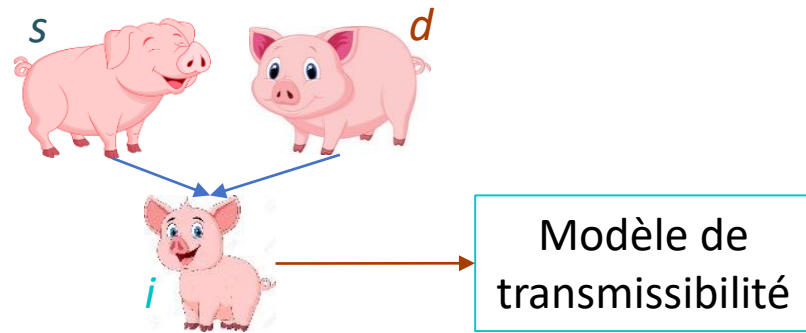
Des modèles pour de nouveaux défis  
4-6 Mars 2020



# ➤ Aller au-delà de l'héritabilité génétique



# ➤ Aller au-delà de l'héritabilité génétique

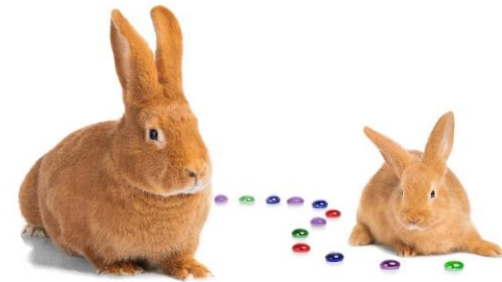


$$y_i = x_i\beta + u_i + e_i$$
$$u_i = 0.5u_d + 0.5u_s + \varepsilon_{u,i}$$



$$y_i = x_i\beta + t_i + e_i$$
$$t_i = \omega_d t_d + \omega_s t_s + \varepsilon_{\omega,i}$$

Coefficients de transmission père et mère à estimer



## ➤ Conclusion

+

- Des travaux en accord avec le dernier SSD
- Phénotypage haut-débit
  - Modèles mécanistiques → collaboration PHASE ++

-

- Le problème des développements avec ASReml
- Communication entre unités : nécessité de plus d'échanges et partages d'idées



# ➤ L'avenir

