



# GEMBAL – Génomique Multi-rationnelle des Bovins Allaitants et Laitiers



## Objectifs du projet GEMBAL (2011-2014)

Le projet GEMBAL, qui implique INRA, Idele, UNCEIA et Races de France, a pour objectif d'étendre la sélection génomique aux 18 races bovines en sélection en France. Le cœur du projet est la constitution de populations de référence raciales génotypées à haute densité afin de fournir la base technique nécessaire au développement d'outils génomiques multi-races.

## Matériel et Méthodes

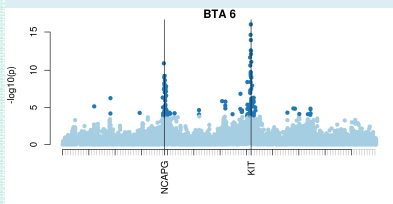
- 4700 bovins ont été génotypés sur puce haute densité (HD : 777000 SNP) (tâche 2).
- La description de la diversité des races bovines et la recherche de signatures de sélection ont été menées (tâche 3).

- L'imputation (tâche 4) a permis de convertir en HD plusieurs milliers de génotypages MD (50K) afin d'accroître les populations de référence.
- Les études conduites en tâches 5, 6 et 7 du projet ont défini des approches bayésiennes pertinentes pour détecter des QTL et mettre en œuvre la sélection génomique dans de nombreuses races bovines.

## Principaux résultats

Tâche 2. Génotypage HD de 4700 forts contributeurs de la diversité génétique bovine française

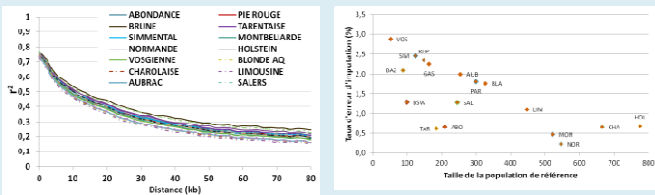
Tâche 3. Diversité génétique et signatures de sélection (Servin et al., 2014)



Fortes signatures de sélection sur le chromosome 6

Tâche 4. Imputation HD des génotypes MD (Hozé et al. 2013)

### Imputation précise avec 200 animaux typés HD



Tâche 5. Extension des méthodes de sélection génomique à l'utilisation d'haplotype: (Croiseau et al. 2014)

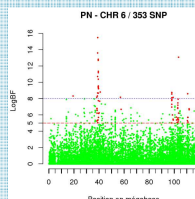
|          | Haplotypes size |       |       |       |
|----------|-----------------|-------|-------|-------|
|          | 1               | 2     | 3     | 5     |
| GBLUP    | 0.506           | 0.494 | 0.474 | 0.441 |
| BayesCrt | 0.537           | 0.545 | 0.541 | 0.538 |

➤ Pas d'amélioration nette de la précision des index génomique des 5 caractères de production laitière par l'utilisation d'haplotypes

Tâche 6. Applications en bovins laitiers (Hozé et al. 2014)

➤ Puce HD d'intérêt limité mais sélection génomique des races à petits effectifs possible par augmentation des populations de référence (dont avec des femelles) et mutualisation pour les races proches

Tâche 7. Applications en bovins allaitants (Gunia et al., Tributou et al., Barbat et al., Saintilan et al. 2014)



Existence de gros QTL communs à diverses races (ex : QTL sur le chromosome 6)

## Conclusion

- L'utilisation de la puce HD s'est révélée intéressante pour localiser précisément des signatures de sélection et des QTL, mais non pour mettre en œuvre une évaluation génomique multi-rationnelle.
- Diverses méthodologies sont étudiées pour proposer des index génomiques pour toutes les races bovines.
- Dès 2015, des évaluations génomiques mono-rationnelles seront mises en œuvre pour les races allaitantes Aubrac, Blonde d'Aquitaine, Charolaise, Limousine et Parthenaise ainsi que pour les races laitières Abondance, Tarentaise et Vosgienne.
- Pour les races où les tailles de population de référence sont à ce jour trop limitées pour une évaluation intra-race, les recherches se poursuivent pour permettre l'utilisation en sélection d'une information génomique multi-rationnelle.



Entre Sélection et Génomique  
Séminaire Selgen 2014  
Paris, 17-18 décembre 2014

