

## Action Innovante GOLD (Genomic Ovine Low Density)

### Intégration d'une puce basse densité en sélection génomique ovine laitière

Le programme GOLD porté par le Comité National Brebis Laitières (CNBL) est une action innovante bénéficiant d'un financement de France Génétique Elevage (FGE). Ce programme associe l'INRA et l'Institut de l'Elevage associés au sein de l'UMT GGPR et l'ensemble des OS/ES ovines laitières fédérés au sein du CNBL.

L'objectif du projet GOLD était d'intégrer des génotypages sur la puce basse densité (LD, 16K) ovine (conçue par l'International Sheep Genomics Consortium) dans l'évaluation génomique des races ovines laitières françaises : Lacaune, Manech Tête Rousse, Manech Tête Noire, et Basco-Béarnaise. La race Corse a également fait partie du projet. L'usage de puces LD nécessite, pour les évaluations génomiques, de pouvoir harmoniser les génotypages LD et ceux réalisés sur la puce 54k. Pour cela, des techniques d'imputation permettent de rendre compatible ces génotypages avec ceux de la puce 54k en prédisant les SNP [Single Nucleotide Polymorphism] manquants

La première partie de ce projet a consisté à s'assurer de la **qualité de l'imputation**, en fonction de deux critères : la précision de l'imputation et son impact sur la précision des index génomiques.

Pour cela, les génotypages disponibles dans chacune des races ont été scindés en 2 populations: une population dite d'apprentissage et une population dite de validation. Les génotypages 54K, de la population de validation, ont été « dégradés » afin de mimer des génotypages basse densité (LD), puis imputés en génotypages 54K à partir de la population d'apprentissage à l'aide du logiciel FImpute. Ces génotypages 54K imputés ont été ensuite comparés aux génotypages 54K vrais afin d'évaluer la **précision de l'imputation** par deux critères: le taux de concordance (pourcentage d'allèles correctement imputés) par animal puis par SNP, et les corrélations entre génotypages vrais et génotypages imputés. Pour les différentes races, les taux de concordance par animal varient de 96.56% à 99.05%, et par SNP ils vont de 96.68% à 99.12%. Les corrélations entre génotypages vrais et génotypages imputés varient de 81.34% à 94.95%. Ainsi pour les différentes races les précisions d'imputation sont correctes, notamment pour les 4 races en sélection génomique actuellement ou à l'avenir avec des taux de concordance supérieurs à 98%.

Le deuxième critère d'évaluation de la qualité d'imputation est **l'impact de l'imputation sur la précision des index génomiques**. Pour cela, les valeurs génomiques des animaux de la population de validation ont été calculées en utilisant soit leurs génotypages 54k réels soit leurs génotypages 54k imputés. Les valeurs génomiques (GEBV) calculées dans les 2 cas ont été comparées en calculant leurs corrélations. Pour l'ensemble des races, les corrélations entre GEBV sont élevées : de 0.991 à 0.998 pour le lait, de 0.990 à 0.999 pour la quantité de matière grasse (MG), de 0.989 à 0.999 pour la quantité de matière protéique (MP), de 0.997 à 0.999 pour le taux butyreux (TB), de 0.997 à 0.999 pour le taux protéique (TP). En race Lacaune, ces corrélations pour les caractères de comptages de cellules somatiques du lait (CCS) et de morphologie de la mamelle vont de 0.995 à 0.996. De même, les corrélations entre coefficients de détermination des évaluations (CD : précision des évaluations) varient de 0.975 à 0.999 pour le lait, de 0.975 à 0.998 pour la MG, de 0.975 à 0.998 pour la MP, de 0.963 à 0.998 pour le TB, et de 0.939 à 0.996 pour le TP. Pour les index CCS et morphologie de la mamelle, en race Lacaune, les corrélations entre CD varient de 0.978 à 0.995. Globalement, l'évaluation génomique semble très peu impactée par l'imputation. L'ensemble des résultats est donc favorable à l'intégration des génotypages sur puce basse densité dans l'évaluation génomique.

La qualité de l'imputation étant considérée comme correcte, la deuxième partie du projet a consisté à **faire évoluer la chaîne actuelle de traitement des génotypages pour l'évaluation génomique en ovins laitiers et à définir avec les ES ovines laitières les modalités d'intégration de la puce LD dans la sélection génomique ovine laitière**. Il s'agissait : (i) en amont de l'évaluation, de s'appuyer sur la chaîne de traitement des génotypages intégrant l'imputation développée par l'UMT 3G en bovins, (ii) d'adapter la chaîne d'évaluation génomique ovine laitière disponible au sein de l'UMT GGPR et (iii) de tester la bonne réalisation des évaluations. Les premiers génotypages sur puce basse densité seront réalisés à partir de janvier 2017 pour le choix des jeunes béliers de millésime 2017. Le maintien de la qualité d'imputation demandera de re-génotyper sur puce 54k ceux d'entre eux qui seront gardés pour la diffusion.

