



**HAL**  
open science

## Mise en place de la sélection génomique dans les trois principales races françaises de bovins laitiers

S Fritz, Francois Guillaume, Pascal Croiseau, Aurélia Baur, C. Hoze, Romain Dassonneville, M.Y. Boscher, L. Journaux, Didier Boichard, Vincent Ducrocq

### ► To cite this version:

S Fritz, Francois Guillaume, Pascal Croiseau, Aurélia Baur, C. Hoze, et al. Mise en place de la sélection génomique dans les trois principales races françaises de bovins laitiers. 17. Rencontres autour des Recherches sur les Ruminants, Dec 2010, Paris, France. hal-01193615

**HAL Id: hal-01193615**

**<https://hal.science/hal-01193615>**

Submitted on 3 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.

## Mise en place de la Sélection Génomique dans les trois principales races françaises de bovins laitiers

FRITZ S. (1), GUILLAUME F. (2,3), CROISEAU P. (3), BAUR A. (1), HOZE C. (1), DASSONNEVILLE R. (2,3), BOSCHER M.Y. (4), JOURNAUX L. (1), BOICHARD D. (3), DUCROCQ V. (3).

(1) Union Nationale des Coopératives agricoles d'Elevage et d'Insémination Animale, Service Génétique, 149 rue de Bercy, 75595 Paris Cedex 12, France

(2) Institut de l'Elevage, 149 rue de Bercy, Paris, France

(3) INRA, UMR 1313, Génétique Animale et Biologie Intégrative, Equipe Génétique et Génomique Bovine, 78352 Jouy-en-Josas, cedex, France

(4) GIE LABOGENA, 78352 Jouy-en-Josas, cedex, France

**RESUME** – La disponibilité en France de larges populations de taureaux testés sur descendance et génotypés sur la puce « BovineSNP50<sup>®</sup> » d'Illumina dans les trois principales races de bovins laitiers (Holstein, Montbéliarde et Normande) et les travaux de recherche menés dans le cadre du projet AMASGEN ont permis la mise en place d'une sélection génomique en juin 2010 sur l'ensemble des caractères évalués en sélection classique. La méthodologie retenue en France est une évaluation BLUP-QTL intégrant plusieurs centaines de QTL (Quantitative Trait Locus) par caractère, les plus importants d'entre eux (à effets forts) étant détectés à l'aide d'analyses LD-LA (Linkage Disequilibrium-Linkage Analysis) et les autres, les plus nombreux (à effets faibles) étant détectés par une approche statistique appelée EN (Elastic Net). Des travaux de validation menés sur 1310 taureaux Holstein, 343 taureaux Montbéliards et 320 taureaux Normands montrent que la sélection génomique est plus efficace que la sélection classique. Les coefficients de détermination (CD) des index génomiques de jeunes animaux sont compris entre 0,50 et 0,70 permettant une sélection efficace dès leur plus jeune âge. Si elle est bien utilisée, tant sur la voie mâle que sur la voie femelle, la sélection génomique doit permettre d'augmenter le progrès génétique, en particulier sur les caractères faiblement héritables, sans conséquences néfastes sur la variabilité génétique.

### Implementing Genomic Selection in the three main French dairy cattle breeds

FRITZ S. (1), GUILLAUME F. (2,3), CROISEAU P. (3), BAUR A. (1), HOZE C. (1), DASSONNEVILLE R. (2,3), BOSCHER M.Y. (4), JOURNAUX L. (1), BOICHARD D. (3), DUCROCQ V. (3).

(1) Union Nationale des Coopératives agricoles d'Elevage et d'Insémination Animale, Service Génétique, 149 rue de Bercy, 75595 Paris Cedex 12, France

**SUMMARY** – Large sets of proven bulls genotyped on the Illumina chip « BovineSNP50<sup>®</sup> » are available in France in the three main dairy cattle breeds (Holstein, Montbeliarde and Normande). Conclusions of the AMASGEN research project led to a new genomic evaluation set in June 2010. The methodology is based on a QTL-BLUP evaluation including several hundreds of QTL (Quantitative Trait Locus) per trait, for all the traits currently evaluated. Some of them, those with the largest effect, were detected through LD-LA analysis whereas many QTL with small effects were detected with an EN (Elastic Net) statistical approach. A validation study was conducted based on 1310 Holstein, 340 Montbeliarde, and 320 Normande bulls. The results showed that genomic selection is more efficient than the classical approach. Reliabilities of genomic breeding values of young animals range between 0.50 and 0.70. Selecting efficiently young animals is possible. If it is properly used, both on males and females, genomic selection should improve genetic gain, especially for low heritability traits, without deteriorating genetic variability.

### INTRODUCTION

Dans le cadre d'un programme mené en collaboration entre l'INRA, l'UNCEIA et LABOGENA, la France a tiré profit du développement des génotypages à haut débit pour mettre à la disposition des entreprises de sélection françaises, dès 2008, des évaluations génomiques dans les trois principales races bovines laitières françaises en utilisant un modèle éprouvé et validé de Sélection Assistée par Marqueurs (SAM) s'appuyant sur quelques dizaines de QTL (Quantitative Trait Locus) par caractère (Fritz *et al.*, 2008). Alors que les génotypages se sont accumulés à un rythme régulier, des travaux scientifiques menés dans le cadre du projet AMASGEN ont permis d'améliorer les outils existants et d'évoluer en juin 2010 vers une Sélection Génomique dans les races Montbéliarde, Normande et Holstein pour tous les caractères évalués en sélection classique (Guillaume *et al.*, 2009).

### 1. PRINCIPE DES EVALUATIONS GENOMIQUES FRANCAISES DE JUIN 2010.

#### 1.1 POPULATIONS DE REFERENCE

L'évaluation génomique repose sur une population de référence composée d'animaux génotypés et disposant de

performances. En bovins laitiers, les taureaux génotypés et testés sur descendance constituent cette population de référence. A chaque taureau est attribuée une performance appelée DYD pour « Daughter Yield Deviation » égale à la performance moyenne de ses filles, performance préalablement corrigée pour les effets de milieu et le niveau génétique des mères. Grâce au projet CARTOFINE3 (dans les trois races) puis aux échanges internationaux (en race Holstein) réalisés dans le cadre du projet EUROGENOMICS (Lund *et al.*, 2010), les populations de référence disponibles en France sont constituées en juin 2010 de respectivement 16 000, 1 500 et 1 250 taureaux Holstein, Montbéliards et Normands. Pour les 11 500 taureaux Holstein étrangers n'ayant pas de filles en France, les index INTERBULL sont dérégressés (procédure inverse d'une évaluation génétique qui vise à estimer la performance moyenne des filles à partir de l'index) de façon à être comparables aux DYD des taureaux français. Bien évidemment, ces index dérégressés ne sont disponibles que pour les caractères évalués par INTERBULL.

## 1.2 GENOTYPAGES UTILISES

Depuis octobre 2008, les animaux sont génotypés en routine à LABOGENA sur la puce « BovineSNP50<sup>®</sup> » d'Illumina contenant pour l'instant 54 001 marqueurs SNP (Single Nucleotid Polymorphism). En pratique, 43 582 marqueurs SNP de cette puce sont réellement utilisés en France. Pour être considérés, les marqueurs doivent être positionnés d'après le dernier assemblage de la séquence bovine sur l'un des 29 chromosomes autosomes, informatifs dans au moins une des trois races étudiées et satisfaisant un contrôle de qualité qui impose un seuil maximum de données manquantes par SNP et par individu ainsi qu'un test de l'équilibre de Hardy-Weinberg. La compatibilité des typages entre individus est vérifiée de façon à exclure les individus posant problème. Le logiciel DAGPHASE (Druet et Georges, 2010) est utilisé pour déterminer les phases, c'est-à-dire assigner les allèles observés au chromosome d'origine paternelle ou maternelle pour tous les individus typés.

## 1.3 METHODOLOGIE RETENUE

La méthodologie retenue dans le cadre du projet AMASGEN est un BLUP-QTL où le modèle génétique est :

$$g_i = u_i + \sum_{j=1}^n (h_{ij1} + h_{ij2})$$

où  $g_i$  est la valeur génétique de l'animal  $i$ ,  $u_i$  la composante polygénique de l'animal  $i$ ,  $h_{ij1}$  l'effet de l'haplotype paternel du QTL  $j$  de l'animal  $i$ ,  $h_{ij2}$  l'effet de l'haplotype maternel du QTL  $j$  de l'animal  $i$  et  $n$  le nombre de QTL intégrés au modèle pour le caractère évalué. Cette méthodologie permet d'évaluer conjointement l'effet de la composante génomique (égale à la somme des effets des haplotypes des différents QTL) et l'effet de la composante polygénique restante. Cette approche présente plusieurs avantages, en particulier la prise en compte objective et optimale de l'information sur les QTL identifiés et en tirant profit d'une grande fraction de la variabilité génétique. D'un point de vue pratique, elle ne surestime pas la variabilité génétique des jeunes animaux, ni les CD des index. Pour le choix des QTL à intégrer au modèle, le plus efficace s'est avéré être la combinaison de deux approches (Boichard *et al.*, 2010). Comme pour la SAM, quelques dizaines de QTL ont été repérés par cartographie. Ensuite, plusieurs centaines d'autres QTL ont été détectés grâce à une approche statistique appelée EN (Elastic Net).

### 1.3.1 Cartographie de QTL

Des travaux de cartographie de QTL ont été réalisés pour chaque caractère dans chacune des trois races étudiées. Pour cela, des analyses LD-LA, combinant l'information de liaison intra famille et de déséquilibre de liaison à l'échelle de la population ont été entreprises selon la méthodologie retenue par Druet *et al.* (2008). En cas de détections multiples, un seul QTL est retenu dans un intervalle de 4 Mégabases (Mb), à la position du maximum de la statistique de test. Les QTL les plus significatifs, de l'ordre de 40 à 80 par caractère et par race, ont été retenus pour participer aux évaluations génomiques en s'appuyant sur 5 SNP informatifs consécutifs.

### 1.3.2 SNP retenus par l'EN

Les jeux de données ayant servi à la cartographie de QTL ont également été analysés avec l'EN en fixant comme contrainte que le nombre de SNP retenus ne devait pas excéder 1200, ce qui correspond à un bon compromis entre temps de calcul des évaluations génomiques et qualité de l'équation de prédiction. L'EN est une approche statistique qui identifie les SNP présentant la meilleure qualité prédictive des index génomiques (Croiseau *et al.*, 2010). Les SNP retenus par cette approche sont regroupés de façon à définir de nouveaux QTL. Tous les SNP situés dans moins de 2 Mb sont regroupés dans un même QTL. Suite à ce regroupement, pour les SNP encore isolés ou en duo, deux SNP adjacents (non retenus initialement) sont ajoutés pour définir le QTL. Les QTL retenus par l'EN, de l'ordre de 250 à

650 par caractère et par race, sont donc toujours constitués d'entre 3 et 5 SNP situés dans une fenêtre de moins de 2 Mb.

### 1.3.3 Combinaison des deux sources d'information

L'ensemble des QTL sélectionnés par la cartographie et par l'EN sont utilisés dans les évaluations génomiques françaises. Les effets de chaque QTL sont estimés à l'aide d'haplotypes de 3 à 5 SNP sur la population de référence de la race. Les QTL retenus par la cartographie expliquent entre 15 et 25% de la variance génétique totale, et chaque QTL se voit attribuer sa part de variance estimée. Les QTL retenus par l'algorithme EN expliquent, eux, entre 25 et 35% de part de variance. Ces nombreux QTL expliquant individuellement une part de variance faible et difficile à estimer, une part de variance forfaitaire et constante est attribuée à chacun d'entre eux. Entre 300 et 700 QTL sont utilisés pour l'évaluation génomique d'un caractère donné. Les parts de variances expliquées par les QTL du modèle sont en accord avec les travaux réalisés sur le déterminisme génétique des caractères : quelques-uns ont un poids élevé dans le modèle (généralement entre 1 et 5%, parfois plus) et la grande majorité a un poids très faible (inférieur à 1%).

## 2. EFFICACITE DES EVALUATIONS GENOMIQUES FRANCAISES

De nombreux travaux de validation ont été réalisés dans le cadre du projet AMASGEN en vue de mettre en place la méthodologie la plus efficace d'évaluation génomique (Croiseau *et al.*, 2010). De nouveaux travaux s'appuyant sur les évaluations génomiques officielles de juin 2010 et utilisant la méthodologie de validation proposée par INTERBULL sont présentés.

### 2.1 TRAVAUX DE VALIDATION

#### 2.1.1 Matériel et méthode

Parmi tous les taureaux de la population de référence, deux catégories de taureaux sont définies : les taureaux d'apprentissage (A) correspondent aux plus âgés et les taureaux de validation (V) aux plus jeunes. Dans cette étude, les taureaux V sont constitués de 1 310 taureaux Holstein français nés après le 1<sup>er</sup> janvier 2003, 343 taureaux Montbéliards et 320 taureaux Normands nés après le 1<sup>er</sup> juin 2002. Le travail a consisté à réaliser deux séries d'évaluations afin d'étudier plus particulièrement la situation des taureaux V. Les résultats présentés ici concernent les principaux caractères des objectifs de sélection et des caractères d'héritabilités très différentes : la quantité de lait (LAIT), de matière protéique dans le lait (MP), le score cellulaire (CEL), la fertilité post partum (FERv), la distance plancher-jarret (DPLJ) ou le développement de la mamelle (DL), la hauteur au sacrum (HSAC) ou la taille (TA) et enfin les facilités de naissance (FNAI). La première série d'évaluations, une évaluation polygénique et une évaluation génomique, s'appuie sur un fichier de performances limité aux DYD des taureaux A. Ces évaluations permettent de calculer des index polygéniques (POLc) sans information de marqueurs et des index génomiques (GENc) pour les taureaux V au stade « candidats à la sélection ». La seconde série d'évaluations utilise un fichier complet de performances avec l'ensemble des DYD, ceux des taureaux A et ceux des taureaux V. Elle permet d'obtenir des index polygéniques (POLt) et des index génomiques (GENT) après testage sur descendance. Les corrélations (POLc\*POLt) et (GENc\*GENT) observées sur les taureaux V permettent d'étudier les évolutions d'index entre le stade « candidat » et le stade « sortie de testage ». Les corrélations avec les DYD des taureaux (POLc\*DYD) et (GENc\*DYD) sont également présentées car les DYD représentent de bons juges de paix indépendants de la méthodologie d'évaluation. Cependant, il faut se souvenir que les DYD ne sont pas les niveaux génétiques vrais des taureaux et ont parfois une précision limitée. Les corrélations observées ne doivent pas être

interprétées comme des précisions, elles sont d'autant plus faibles que le caractère est peu héritable et le nombre de filles réduit. Dans cette étude, le nombre moyen de filles avec performance par taureau V en juin 2010 est de 78, 73 et 64 en race Holstein, Montbéliarde et Normande. A ce stade, le plus important est de comparer l'efficacité des évaluations polygéniques et des évaluations génomiques dans chaque race pour chaque caractère. L'efficacité des évaluations génomiques étant liée en pratique à la taille de la population de référence et donc, pour des travaux de validation, au nombre de taureaux A, il est attendu des résultats plus favorables en race Holstein où ce nombre est nettement plus important que dans les deux autres races.

### 2.1.2 Résultats de validation

Les résultats observés en race Holstein (cf. tableau 1) sont toujours très favorables aux évaluations génomiques. Les index génomiques sont de meilleurs prédicteurs des DYD après testage que les index polygéniques. Ils sont également plus stables entre le stade « candidat » et le stade « sortie de testage » donc plus fiables au stade « candidat ».

**Tableau 1** Corrélations observées dans l'étude de validation en race Holstein pour sept caractères.

Corrélations <sup>(1)</sup>	LAIT	MP	CEL	FERv	DPLJ	HSAC	FNAI
POLc*POLt	0,41	0,54	0,56	0,69	0,46	0,51	0,61
GENc*GENt	0,74	0,73	0,78	0,86	0,77	0,77	0,79
POLc*DYD	0,33	0,46	0,45	0,32	0,38	0,45	0,46
GENc*DYD	0,60	0,59	0,63	0,43	0,63	0,68	0,62

<sup>(1)</sup> POL pour index polygéniques, GEN pour index génomiques, c pour stade candidat à la sélection, t pour après testage.

Les évaluations génomiques apparaissent particulièrement fiables même pour des caractères faiblement héritables. Les corrélations (POLc\*POLt) et (GENc\*GENt) élevées en fertilité soulignent que les DYD actuels sont encore extrêmement peu précis, ils apportent moins d'informations aux index après testage (POLt et GENt) que pour d'autres caractères plus héritables.

**Tableau 2** Corrélations observées dans l'étude de validation en race Montbéliarde pour sept caractères.

Corrélations <sup>(1)</sup>	LAIT	MP	CEL	FERv	DL	TA	FNAI
POLc*POLt	0,36	0,38	0,65	0,67	0,44	0,52	0,55
GENc*GENt	0,56	0,56	0,69	0,77	0,58	0,65	0,76
POLc*DYD	0,30	0,32	0,56	0,38	0,38	0,49	0,39
GENc*DYD	0,47	0,46	0,56	0,41	0,50	0,60	0,60

Les résultats sont également favorables aux évaluations génomiques en race Montbéliarde même si les résultats sur le score cellulaire ou la fertilité semblent moins nettement favorables (cf. tableau 2). Cela peut s'expliquer par le fait que les évaluations génomiques sont probablement moins fiables dans cette étude en raison d'un plus faible nombre de taureaux A. Mais cela peut aussi être dû au plus faible nombre de taureaux V et donc à la structure de population de cet échantillon de taureaux V. Les corrélations observées pour le modèle polygénique sur le score cellulaire sont d'ailleurs plus élevées en race Montbéliarde que ce qui est observé dans les autres races alors qu'elles sont seulement du même ordre de grandeur que celles des autres races pour le modèle génomique. Enfin ces résultats peuvent aussi être dus à un nombre moyen de filles de testage plus faible et donc à une plus grande imprécision des DYD. En race normande, les résultats sont à peu près comparables à ceux de la race Montbéliarde et donc favorables aux évaluations génomiques (cf. tableau 3), les situations de ces deux races étant d'ailleurs très proches dans cette étude en terme d'effectifs. Là encore, les DYD de fertilité après testage sur descendance des taureaux V semblent très peu précis, ce qui limite le diagnostic sur la précision des index calculés.

**Tableau 3** Corrélations observées dans l'étude de validation en race Normande pour sept caractères.

Corrélations <sup>(1)</sup>	LAIT	MP	CEL	FERv	DPLJ	HSAC	FNAI
POLc*POLt	0,31	0,24	0,58	0,66	0,49	0,44	0,62
GENc*GENt	0,50	0,45	0,68	0,77	0,61	0,60	0,78
POLc*DYD	0,21	0,15	0,47	0,27	0,38	0,39	0,42
GENc*DYD	0,36	0,33	0,54	0,29	0,47	0,54	0,59

Sur la base de ces travaux, les évaluations génomiques françaises ont été validées par INTERBULL en août 2010. L'ensemble de ces résultats est favorable à une diffusion et une utilisation officielle d'index génomiques pour la sélection des jeunes animaux dans les trois races.

### 2.2 EVALUATION GENOMIQUE DE JUIN 2010

Lors de l'évaluation de juin 2010, respectivement 36 379, 8 944 et 5 719 animaux génotypés (dont la population de référence) ont été évalués sur 34, 40 et 33 caractères élémentaires en race Holstein, Montbéliarde et Normande. Ces caractères couvrent l'ensemble des caractères liés à la production laitière, des caractères de morphologie et des caractères fonctionnels évalués classiquement.

**Tableau 4** CD des index génomiques calculés en juin 2010 pour une série de 3 242 jeunes taureaux Holstein

	Héritabilité	Moyenne	Ecart-type	Mini.	Maxi.
LAIT	0,30	0,70	0,01	0,63	0,75
MP	0,30	0,68	0,01	0,60	0,73
CEL	0,15	0,67	0,01	0,59	0,72
FERv	0,02	0,60	0,02	0,54	0,66
DPLJ	0,36	0,69	0,01	0,62	0,74
HSAC	0,51	0,67	0,01	0,59	0,72
FNAI	0,06	0,64	0,07	0,50	0,85

**Tableau 5** CD des index génomiques calculés en juin 2010 pour une série de 972 jeunes taureaux Montbéliards

	Héritabilité	Moyenne	Ecart-type	Mini.	Maxi.
LAIT	0,30	0,64	0,01	0,62	0,67
MP	0,30	0,64	0,01	0,62	0,67
CEL	0,15	0,62	0,01	0,60	0,65
FERv	0,02	0,53	0,01	0,50	0,57
DL	0,38	0,64	0,01	0,61	0,67
TA	0,63	0,61	0,01	0,59	0,65
FNAI	0,08	0,57	0,07	0,50	0,79

**Tableau 6** CD des index génomiques calculés en juin 2010 pour une série de 744 jeunes taureaux Normands

	Héritabilité	Moyenne	Ecart-type	Mini.	Maxi.
LAIT	0,30	0,62	0,01	0,55	0,65
MP	0,30	0,62	0,01	0,55	0,65
CEL	0,15	0,61	0,01	0,54	0,64
FERv	0,02	0,51	0,02	0,47	0,56
DPLJ	0,31	0,61	0,01	0,55	0,64
HSAC	0,66	0,62	0,01	0,55	0,65
FNAI	0,07	0,61	0,05	0,56	0,78

Les tableaux 4, 5 et 6 indiquent les CD des index observés respectivement sur 3 242 jeunes taureaux Holstein, 972 Montbéliards et 744 Normands nés entre 2007 et 2008. Dans chaque race, les CD des index de ces jeunes animaux sont élevés et quasiment toujours supérieurs à 0,50. Les niveaux moyens de CD sont plus homogènes entre caractères que pour des évaluations polygéniques plus sensibles à l'héritabilité des caractères. Les CD parfois élevés observés sur FNAI sont dus à l'observation des premières naissances pour certains jeunes taureaux déjà diffusés.

### 3. PERSPECTIVES

#### 3.1 DIFFUSION DES JEUNES TAUREAUX

La sélection génomique est un nouvel outil permettant d'évaluer efficacement le niveau génétique d'un jeune animal. Il est évident que la réduction de l'intervalle de génération dans les programmes de sélection va permettre une augmentation sensible du progrès génétique annuel, en particulier pour les caractères faiblement héréditaires. Cela suppose malgré tout une utilisation raisonnée de l'outil comme l'ont montré les travaux de Colleau *et al.* (2009). Il est conseillé de diffuser un grand nombre de jeunes taureaux de façon relativement homogène et de tous les utiliser comme pères à taureaux. Avec la sélection génomique et la réduction de l'intervalle de génération, la difficulté majeure pour les éleveurs et les entreprises de sélection sera la gestion correcte de la parenté et de la consanguinité. De plus, malgré des CD globalement élevés, les index restent des estimations des niveaux génétiques vrais des animaux. Il est donc essentiel de tenir compte des risques lors de l'utilisation des jeunes taureaux diffusés grâce à la génomique et de mettre fin au « star system » jusque là en vigueur chez les bovins laitiers. D'une façon générale, il est toujours conseillé d'utiliser 5 jeunes taureaux différents au sein d'un élevage plutôt que 5 fois le même et ceci même si celui-ci présente des index génomiques très attractifs. Depuis juin 2009, les entreprises de sélection peuvent diffuser de jeunes taureaux en France sur la base de leurs index génomiques.

#### 3.2 OUVERTURE AUX FEMELLES

Contrairement à la sélection classique, la sélection génomique permet d'avoir des index aussi précis pour les jeunes femelles que pour les jeunes mâles et ce même pour des caractères faiblement héréditaires comme la fertilité. Même si là encore il est essentiel de tenir compte des risques et des problèmes de variabilité génétique, cela ouvre de nouvelles perspectives pour les éleveurs et les programmes de sélection. Le génotypage des génisses doit permettre en effet d'optimiser le renouvellement des troupeaux et d'augmenter l'intensité de sélection sur la voie femelle qui va devenir une source importante de progrès génétique dans les années à venir. C'est pour cette raison que l'outil de sélection génomique sera ouvert aux femelles en 2011. Malgré tout, le contrôle de performances reste essentiel pour garantir l'efficacité des évaluations génomiques à long terme. La collecte des performances est nécessaire pour vérifier régulièrement les paramètres et l'efficacité des évaluations génomiques et renouveler les populations de référence. D'ailleurs, l'organisation de la mesure et de la collecte de nouveaux phénotypes couplée à un nombre important de génotypages de femelles devrait permettre de mettre en place une sélection génomique sur de nouveaux caractères.

#### 3.3 DEVELOPPEMENT DANS LES AUTRES RACES

Pour les autres races bovines, la difficulté est de disposer d'une population de référence de taille suffisante pour mettre en place des évaluations génomiques efficaces. Pour contourner ce problème, l'INRA et l'UNCEIA ont collaboré avec Illumina sur le développement de la puce « BovineHD® » contenant plus de 777 000 SNP. Cette nouvelle puce doit permettre la constitution d'une population de référence multiraciale car la densité en marqueurs (259 SNP par Mb) devrait être suffisante pour observer des déséquilibres de liaison inter-races et non plus seulement intra-race comme avec la puce « BovineSNP50® » (densité de 18 SNP par Mb). Ainsi des évaluations génomiques pourront être développées dans chaque race de la population de référence multiraciale pour des caractères mesurés de façon relativement comparable dans les différentes races. En France, la partie laitière du projet GEMBAL a pour objectif de définir et de mettre en place cette population de référence multiraciale. Des efforts de génotypages supplémentaires à

l'intérieur de chaque race seront toutefois nécessaires pour disposer d'évaluations génomiques efficaces. De premières évaluations génomiques dans les autres races laitières que les trois principales races devraient être disponibles fin 2012 grâce à ces travaux.

### CONCLUSION

Le projet AMASGEN a permis d'évoluer en juin 2010 d'une SAM qui s'appuyait sur une quarantaine de QTL par caractère à une Sélection Génomique encore plus efficace où les CD des index génomiques des jeunes animaux sont compris entre 0,50 et 0,70. Tous les caractères évalués dans le système classique sont désormais considérés en évaluation génomique. Si l'officialisation d'index génomiques de jeunes taureaux a débuté en 2009, l'ouverture aux femelles est programmée pour 2011. Tous les travaux scientifiques réalisés sur les évaluations génomiques mettent en avant les bénéfices apportés sur le progrès génétique. Mais il est très important de bien appréhender et de bien utiliser ce nouvel outil pour garantir une bonne gestion de la parenté et de la consanguinité dans un système où l'intervalle de génération est fortement réduit. La gestion correcte de la variabilité génétique est d'ailleurs essentielle dans le cadre de la mise en place future d'évaluations génomiques sur de nouveaux caractères. Cela suppose d'utiliser le plus grand nombre possible de jeunes taureaux différents au sein des élevages et de diversifier au maximum les origines de ces taureaux. Au niveau des femelles, la génomique apparaît comme une source importante de progrès génétique en particulier sur les caractères faiblement héréditaires comme la fertilité où enfin les femelles disposeront de CD élevés. Le génotypage des femelles doit contribuer également à une gestion correcte de la variabilité génétique par la mise en évidence de femelles intéressantes avec des pedigrees originaux. Dans les trois principales races laitières, l'outil est désormais entre les mains des éleveurs et des professionnels. Les prochaines années seront consacrées d'une part au développement d'évaluations génomiques sur de nouveaux caractères, d'autre part à l'extension des évaluations génomiques aux autres races bovines.

*Le projet AMASGEN (2009-2011) est un programme financé conjointement par l'ANR et par APIS-GENE dans le cadre du GIS AGENAE. Le projet CARTOFINE3 (2009-2010) a été financé par APIS-GENE.*

**Boichard D., Guillaume F., Baur A., Croiseau P., Rossignol M.N., Boscher M.Y., Druet T., Genestout L., Eggen A., Journaux L., Ducrocq V., Fritz S., 2010.** 10<sup>th</sup> WCGALP, ID716  
**Colleau J.J., Fritz S., Guillaume F., Baur A., Dupassieux D., Boscher M.Y., Journaux L., Eggen A., Boichard D., 2009.** Renc. Rech. Rum., 16, 419.  
**Croiseau P., Colombani C., Legarra A., Guillaume F., Fritz S., Baur A., Dassonneville R., Patry C., Robert-Granié C., Ducrocq V., 2010.** 10<sup>th</sup> WCGALP, ID360  
**Druet T., Fritz S., Boussaha M., Ben-Jemaa S., Guillaume F., Derbala D., Zelenika D., Lechner D., Charon C., Boichard D., Gut I., Eggen A., Gautier M., 2008.** Genetics, 178, 2227-2235.  
**Druet T. et Georges M., 2010.** Genetics, 184, 789-798.  
**Fritz S., Guillaume F., Tarres J., Baur A., Boussaha M., Boscher M.Y., Journaux L., Malafosse A., Gautier M., Colleau J.J., Eggen A., Boichard D., 2008.** Renc. Rech. Rum., 15, 423-426.  
**Guillaume F., Fritz S., Croiseau P., Legarra A., Robert-Granié C., Colombani C., Patry C., Boichard D., Ducrocq V., 2009.** Renc. Rech. Rum., 16, 399-406.  
**Lund M.S., De Roos A.P.W., De Vries A.G., Druet T., Ducrocq V., Fritz S., Guillaume F., Guldbandsen B., Liu Z., Reents R., Schrooten C., Seefried M., Su G., 2010.** 10<sup>th</sup> WCGALP, ID880