

Développement d'un outil génomique de présélection sur aptitudes bouchères et facilité de naissance en races Charolaise, Limousine et Blonde d'Aquitaine

SAINTILAN R. (1), CAPITAN A. (1), BENOIT M. (1), BARBIER S. (1), FRITZ S. (1).

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

RESUME – Suite aux résultats obtenus dans le cadre du programme Qualvigène, un outil de présélection des veaux mâles candidats à l'entrée en contrôle individuel (CI) sur les caractères d'aptitudes bouchères et de facilité de naissance, a été mis en place en France en 2012, par l'UNCEIA en collaboration avec les entreprises de sélection (Charolais Univers, Gènes Diffusion, MIDATEST et France Limousin Testage) pour les races Charolaise, Limousine et Blonde d'Aquitaine. Ces trois races disposent d'un nombre de typages déjà conséquent (6867, 4651 et 4640 typages en Charolaise, Limousine et Blonde d'Aquitaine), et le génotypage régulier de nouveaux individus, réalisé sur la puce « BovineSNP50 » ou sur la puce « EUROG10K » d'Illumina, permet de consolider le dispositif mis en place. Quatre évaluations sont conduites par an, au plus proche des calendriers de recrutements des veaux des différentes races concernées, en utilisant la méthodologie Elastic Net. Des travaux de validations ont montré que, même pour des caractères héréditaires, la prédiction génomique est plus efficace que la sélection classique. Ces résultats sont prometteurs pour la mise place d'une sélection génomique officielle dans chacune de ces trois races dans le cadre du programme GEMBAL.

Implementing a Genomic PreSelection tool in the three main French beef cattle breeds

SAINTILAN R. (1), CAPITAN A. (1), BENOIT M. (1), BARBIER S. (1), FRITZ S. (1).

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

SUMMARY – At the end of the Qualvigene program, a preselection tool on growth and carcass traits was developed in France in 2012 by the UNCEIA and breeding companies (Charolais Univers, Gènes Diffusion, MIDATEST and France Limousin Testage) for Charolais, Limousine and Blonde d'Aquitaine beef breeds. In these breeds, a large set of genotypes was already available (6867, 4651 and 4640 genotypes in Charolaise, Limousine and Blonde d'Aquitaine) with regular new contributions either on the « BovineSNP50 » chip or on the « EUROG10K » chip of Illumina. Four evaluations are computed per year, coinciding with the recruitment of the future candidate bulls using the Elastic Net methodology. Validation works show that, even for heritable traits, genomic prediction seemed to be more efficient than classical selection. These results are very promising for the establishment of an official genomic selection in these three beef breeds under the GEMBAL project.

INTRODUCTION

A partir des données de génotypages et de phénotypes collectées dans le cadre du programme Qualvigène financé par l'ANR et APIS-GENE (Allais, 2012), un outil de présélection génomique sur les caractères d'aptitudes bouchères et sur les facilités de naissance a été mis en place en France en 2012 par l'équipe génétique de l'UNCEIA en collaboration avec les entreprises de sélection (Charolais Univers, Gènes Diffusion, MIDATEST et France Limousin Testage) pour les races Charolaise, Limousine et Blonde d'Aquitaine. Cet outil appelé GPSAB, pour Genomic Pre-Selection sur les Aptitudes Bouchères, produit lors de chaque évaluation un ensemble de prédicteurs génomiques du potentiel génétique des animaux ainsi que des diagnostics pour six gènes d'intérêts tels que l'hypertrophie musculaire. Nous présenterons ici l'organisation et le fonctionnement de l'outil GPSAB ainsi que les résultats obtenus durant de l'année 2014.

1 PRESENTATION DE L'OUTIL GPSAB

1.1 DONNEES UTILISEES

1.1.1 Populations évaluées

Les évaluations génomiques s'appuient sur une population de référence composée d'animaux génotypés et disposant de performances pour déterminer le potentiel génétique des animaux génotypés. La précision des performances et le nombre d'individus constituant la population de référence sont des points clef pour bénéficier d'évaluations avec une précision acceptable. Contrairement à la sélection classique, la sélection génomique permet de disposer d'index de précision comparable pour tous les caractères, dès la naissance des animaux et pour les deux sexes. Ceci ouvre

de nouvelles perspectives pour les éleveurs et les programmes de sélection. Le génotypage des femelles doit permettre d'optimiser le management et le renouvellement des troupeaux, et d'augmenter l'intensité de sélection sur la voie femelle qui pourrait devenir une source importante de progrès génétique dans les années à venir, en particulier pour les caractères faiblement héréditaires. Il est toutefois important de rappeler que le contrôle de performances reste essentiel pour garantir l'efficacité des évaluations génomiques à long terme pour le renouvellement des populations de référence. L'organisation de la mesure et de la collecte de nouveaux phénotypes couplée à une augmentation du nombre de génotypages devrait permettre de mettre en place une sélection génomique sur de nouveaux caractères dans les années à venir.

En 2012, les mâles génotypés dans le cadre du programme Qualvigène ont servi de population de référence de départ pour la mise en place de l'outil GPSAB. Le tableau 1 présente les volumes de génotypages réalisés durant les années 2012, 2013 et le début de l'année 2014 dans chacune des trois races. Actuellement, pour chacune des trois races, nous disposons donc respectivement de 6867, 4651 et 4640 typages en race Charolaise, Limousine et Blonde d'Aquitaine dont 5714, 2327 et 3019 typages réalisés sur la puce « BovineSNP50® » d'Illumina, le complément ayant été réalisé sur la puce basse densité « EuroG10K ».

Tableau 1 : Volume de génotypages réalisés par année et par race.

Race	2012	2013	30-juin-14
Limousine	349	2113	561
Charolaise	1868	1261	1413
Blonde d'Aquitaine	425	2095	260

1.1.2 Génotypes utilisés

Depuis 2012, 43 801 marqueurs SNP (Single Nucleotide Polymorphism) sont utilisés dans le cadre de GPSAB. Ces marqueurs: 1) sont présents sur la puce « BovineSNP50 », 2) sont positionnés d'après le dernier assemblage de la séquence bovine sur l'un des 29 chromosomes autosomes, 3) sont bialléliques dans au moins une des principales races bovines (à la fois laitières et allaitantes) et 4) satisfont un contrôle de qualité qui impose un seuil maximum de données manquantes par SNP et par individu ainsi qu'un test d'équilibre de Hardy-Weinberg. Depuis janvier 2014, les animaux génotypés sur la puce de basse densité « EuroG10K® » peuvent également être évalués. Ces typages nécessitent une étape d'imputation pour estimer les typages des 34 000 marqueurs manquants parmi les 43801 SNP utilisés, à l'aide du logiciel BEAGLE (Browning and Browning, 2009). La compatibilité des typages entre individus est vérifiée de façon à exclure les individus pour lesquels la parenté est mal renseignée. Le logiciel DAGPHASE (Druet et Georges, 2010) est utilisé pour déterminer les phases, c'est-à-dire assigner les allèles observés aux chromosomes d'origine paternelle ou maternelle pour tous les individus typés.

1.1.3 Performances utilisées

L'évaluation GPSAB s'appuie avant tout sur les animaux qui ont été contrôlés dans les stations dites Jeunes Bovins Station (JBS) pour lesquels cinq caractères de croissance, de note de pointage en vif et de conformation de carcasse sont évalués : la croissance (CR), le développement musculaire (DM), le développement squelettique (DS), la conformation de carcasse (CONF) et le rendement de carcasse (RDT). Les animaux du programme Qualvigène (QVG) à l'origine de l'outil ont été contrôlés dans ces stations dites JBS à l'exception du caractère CR en Charolais. Les mesures n'étant plus réalisées en routine (dernières évaluations officielles entre 2010 et 2012), la question du renouvellement de la population de référence s'est posée. Pour trois de ces caractères (CR, DM et DS), des caractères homologues sont mesurés en routine dans les stations de contrôle individuel (CI) dans lesquelles sont sélectionnés les futurs taureaux d'insémination animale. Une évaluation BLUP modèle animal multi-caractères a été ajoutée en 2013 pour combiner préalablement les informations JBS et CI. Cela permet de calculer des index JBS pour les animaux de CI et ainsi compléter la population de référence.

Pour les caractères CONF et RDT, il n'a jusqu'à présent pas été possible d'utiliser de nouvelles informations pour compléter les populations de références. Pour ces deux caractères, la population d'animaux à évaluer s'éloigne de plus en plus de la population de référence ce qui peut impacter l'efficacité de prédiction. Le tableau 2 présente, par race, l'évolution des tailles des populations de référence avant et après intégration des données de CI.

Le sixième caractère évalué lors de chaque évaluation GPSAB est le caractère des facilités de naissance (IFNAIS) disponible au travers des évaluations officielles IBOVAL. De fait, pour ce caractère, la population de référence est composée à la fois de mâles et de femelles. Les populations de référence pour ce caractère sont de 1782, 2359 et 2889 animaux en race Charolaise, Limousine et Blonde d'Aquitaine. L'ensemble des héritabilités des caractères par race sont données dans le tableau 3.

Pour chacun des 6 caractères évalués, les performances utilisées sont des index polygéniques dérégressés sous un modèle animal. La dérégression des index consiste à « transformer » un index et un CD en une pseudo-performance associée à un équivalent nombre de performances.

Tableau 2 : Tailles des populations de référence (mâles génotypés et phénotypés) en fonction des informations disponibles.

Race	JBS+QVG	JBS+QVG+CI
Limousine	1493	1790
Charolaise	1320 (261*)	2288 (1229*)
Blonde d'Aquitaine	1136	1563

JBS : Jeune Bovin en Station ; CI : Contrôle Individuel ; QVG : Population Qualvigène. * : Taille des populations de référence pour le caractère CR en Charolais.

Tableau 3 : héritabilités des caractères évalués dans GPSAB par race

héritabilité	LIM	CHA	BLA
CR	0,25	0,34	0,25
DM	0,25	0,40	0,30
DS	0,31	0,27	0,30
CONF	0,20	0,33	0,30
RDT	0,50	0,46	0,40
IFNAIS	0,34	0,30	0,21

1.2 PRINCIPE DES PREDICTIONS

Des travaux de cartographie de QTL ont été réalisés préalablement pour chaque caractère dans chacune des trois races étudiées, à l'aide du logiciel GEMMA et suivant la méthodologie du Bayesian Sparse Linear Mixed Model (BSLMM, Zhou et al., 2013). Des listes de 50 à 300 QTL par caractère et par race ont ainsi été définies. La méthodologie retenue dans le cadre de l'outil GPSAB est une approche statistique purement génomique appelée EN (Elastic Net ; Zhou et Hatsie, 2005). Elle consiste à identifier les SNP présentant la meilleure qualité prédictive du potentiel génétique des animaux (Croiseau *et al.*, 2010). La liste des QTL détectés constitue un fichier de paramètres de l'EN de façon à limiter le nombre de SNP utilisé pour un caractère donné et ainsi faciliter l'établissement de l'équation de prédiction. Cette stratégie est particulièrement intéressante lorsque le nombre de SNP disponibles au départ est largement supérieur au nombre d'animaux constituant la population de référence. Actuellement, les équations de prédiction ainsi obtenues sont constituées de 700 à 25000 SNP cherchant à expliquer la variance génétique totale.

1.3 DIFFUSION DES RESULTATS

1.3.1 Mise en forme des résultats et diffusion

Les résultats diffusés lors de chaque évaluation GPSAB ne sont pas des index mais des prédicteurs exprimés sous la forme de classes pour tenir compte de l'imprécision de ces prédicteurs et faciliter leur utilisation. Sept classes ont été définies, de A+ (excellent) à E- (médiocre). Ces classes sont centrées sur la population de référence (classe C) et l'intervalle de classe est de 0,5 écart type génétique du caractère (Figure 1). A chaque traitement, pour chacune des entreprises de sélection participant à l'outil GPSAB, chaque candidat dispose de 6 résultats pour chacun des caractères évalués. Quatre évaluations GPSAB sont réalisées par an pour chacune des trois principales races allaitantes. Les dates de ces traitements ont été définies, en accord avec les entreprises de sélection (ES) impliquées dans la mise en place de l'outil, pour coïncider au mieux avec les entrées des animaux de CI. En effet, sur l'ensemble des candidats à l'entrée en CI par race, les indicateurs GPSAB sont une information supplémentaire d'aide à la sélection des candidats qui entreront en station de contrôle individuel.

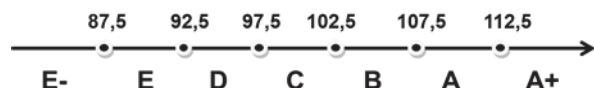


Figure 1 : Exemple de standardisation des classes de GPSAB

1.3.2 Services complémentaires

Les prédictions génomiques ne sont pas les seuls résultats restitués aux ES lors de chaque traitement GPSAB. Six tests complémentaires dont celui pour le gène 'sans cornes', les 'cornes branlantes', le phénotype culard (avec possibilité de distinguer la mutation Q204X ou nt821), la translocation robertsonienne 1:29, ou encore de coloration de robe sont également réalisés.

2 ETUDE DE L'EFFICACITE DE L'OUTIL GPSAB

Différentes études ont été réalisées pour mesurer l'efficacité de l'outil GPSAB, à la fois pour estimer la qualité de l'imputation (estimation des génotypes manquants de la puce basse densité) et également pour estimer la fiabilité des prédictions génomiques.

2.1 EFFICACITE DE L'IMPUTATION

2.1.1 Matériels et méthodes

Une première étude a été réalisée pour évaluer la qualité des génotypes imputés lorsque les animaux sont génotypés sur la puce EuroG10K. Pour cela, une population de 50 individus sans descendant et ayant leurs pères génotypés issus de 35 à 45 pères différents a été utilisée dans chaque race comme population de validation. Les autres individus génotypés ont servi à définir la population de référence soit 4592, 2072 et 2640 individus en race Charolaise, Limousine et Blonde d'Aquitaine. Dans le but de simuler un génotypage de basse densité, les marqueurs spécifiques de la puce BOVINESNP50 ont été retirés pour chacun des animaux de la population de validation. L'objectif a donc été de prédire les génotypes aux marqueurs manquants et de les comparer aux génotypes réels afin d'évaluer l'efficacité de l'imputation. Les résultats d'imputation obtenus par trois logiciels ont été comparés: DAGPHASE (classiquement utilisés en bovins laitiers), BEAGLE et FIMPUTE (Sargolzaei *et al.*, 2014).

2.1.2 Résultats de validation

Le tableau 4 présente les résultats obtenus avec ces trois logiciels, dans chacune des trois races. La race Charolaise, qui bénéficie de la plus grande population d'animaux génotypés, a le taux d'erreur allélique le plus faible quelle que soit la méthode utilisée. La qualité des résultats des logiciels BEAGLE et FIMPUTE est comparable, mais est nettement supérieure à celle de DAGPHASE pour ces populations. Le plus faible taux d'erreurs allélique obtenu avec BEAGLE en Charolais s'explique probablement par une taille de population de référence plus grande que celles des deux autres races. En revanche, FIMPUTE semble donner de meilleurs résultats pour les races de plus petits effectifs probablement parce qu'il ne s'appuie pas uniquement sur des données populationnelles mais également familiales. En temps de calcul, FIMPUTE est le logiciel le plus rapide avec un temps d'imputation pour le chromosome 1 de l'ordre de quelques minutes quand les deux autres méthodes requièrent de 10 à 15 minutes.

Tableau 4 : Taux d'erreurs alléliques entre typages vrais et typages prédits par race en fonction de chaque méthode.

Race/Méthodes	DAGPHASE	BEAGLE	FIMPUTE
Limousine	6,3%	1,6%	1,5%
Charolaise	3,4%	1,1%	1,3%
Blonde d'Aquitaine	4,2%	1,3%	1,1%

2.1.3 Discussion

Les résultats d'imputation montrent que DAGPHASE n'est pas l'outil le plus performant pour l'imputation dans ces populations. Ceci est également confirmé par les tests d'imputation de la puce de moyenne densité vers la puce de haute densité (777°000 marqueurs), en races bovines laitières ou allaitantes (Hozé *et al.*; 2013). Le logiciel BEAGLE est utilisé jusqu'à présent dans GPSAB pour

permettre ainsi d'obtenir des génotypes imputés de qualité. Cependant, dans notre étude, les résultats obtenus par BEAGLE et par FIMPUTE sont relativement bons et comparables, FIMPUTE étant nettement plus rapide que BEAGLE. Dans ces conditions, il est possible qu'à terme BEAGLE soit remplacé par FIMPUTE pour diminuer la durée de cette étape d'imputation, surtout si le volume d'animaux génotypés augmente.

2.2 EFFICACITE DES PREDICTEURS

2.2.1 Matériels et méthodes

Les travaux de validation ont pour objectif de vérifier l'apport de la génomique en évaluation. Seuls les animaux disposants des informations JBS+QVG sont utilisés. Classiquement, les animaux de la population de référence sont divisés en deux catégories: l'apprentissage (A), correspondant aux animaux les plus âgés, et la validation (V), comprenant les animaux les plus jeunes. Les 6 caractères sont concernés par cette étude mais avec des effectifs différents selon les caractères (cf. tableau 5). Les index JBS dérégressés (dits JBS) sont utilisés comme performances pour la population A et comme juge de paix pour la population V.

Tableau 5 : Taille des populations d'apprentissage et de validation (A/V) par race et par caractère.

	CR, DM, DS, RDT, CONF	IFNAIS
Limousine	1195/298	1888/471
Charolaise	1056/264 (*238/23)	1426/356
Blonde d'Aquitaine	909/227	2312/577

* : taille populations A/V en Charolais pour CR.

Deux évaluations sont réalisées, une évaluation polygénique BLUP modèle animal et une évaluation génomique, à l'aide d'un fichier de performances JBS limitées à la population A. Ces évaluations permettent de calculer des index polygéniques (POL) et des index génomiques (GEN) pour la population de validation en situation de candidats à la sélection, c'est-à-dire sans tenir compte de leurs performances JBS. Les corrélations de ces index avec les performances JBS (POL*JBS et GEN*JBS) permettent de juger l'efficacité de prédicteurs génomiques par rapport à des index polygéniques sur ascendance.

Les index JBS dérégressés utilisés comme juges de paix dans ces études ne sont pas les niveaux génétiques vrais des animaux puisqu'ils ont une précision limitée mais c'est la seule information disponible indépendante de la méthodologie d'évaluation. A ce stade, le plus important est de comparer l'efficacité des évaluations polygéniques et des évaluations génomiques dans chaque race et pour chaque caractère. L'efficacité des évaluations génomiques étant liée en pratique à la taille de la population de référence, elle dépend pour cette étude de la taille de la population A ainsi que de l'appareillement avec la population V.

2.2.2 Résultats

En règle générale, les résultats observés (tableau 7) dans les trois races et pour l'ensemble des caractères sont favorables aux prédicteurs génomiques puisque les corrélations (GEN*JBS) sont supérieures aux corrélations (POL*JBS). Une exception est observée en race Charolaise pour le caractère CR, il s'agit du seul caractère pour lequel il n'y a pas d'information QVG et qui dispose d'un pool d'animaux réduit. Ces résultats sont donc favorables aux prédicteurs génomiques, ils confirment donc l'intérêt de les utiliser en présélection avant testage sur descendance.

Tableau 7 : Corrélations observées dans l'étude de validation par race et par caractère

Limousine						
Corrélations	CR	DM	DS	CONF	RDT	IFNAIS
POL*JBS	0,21	0,21	0,31	0,36	0,39	0,20
GEN*JBS	0,38	0,33	0,53	0,41	0,47	0,40
Charolaise						
Corrélations	CR*	DM	DS	CONF	RDT	IFNAIS
POL*JBS	0,30	0,30	0,05	0,29	0,22	0,40
GEN*JBS	0,26	0,47	0,22	0,47	0,48	0,55
Blonde d'Aquitaine						
Corrélations	CR	DM	DS	CONF	RDT	IFNAIS
POL*JBS	0,10	0,45	0,27	0,42	0,33	0,33
GEN*JBS	0,34	0,59	0,59	0,56	0,48	0,36

* : caractère pour lequel il n'y a pas d'informations QVG disponibles en race Charolaise.

Les corrélations génétiques obtenues dans cette étude sont du même ordre de grandeurs que celles rapportées par Gunia et al. (2014) en race Charolaise pour des caractères IBOVAL avec des héritabilités comparables.

3 DISCUSSION ET PERSPECTIVES

3.1 PERSPECTIVES DE L'OUTIL

L'outil GPSAB est un outil de présélection génomique mis en place dans les trois principales races allaitantes. Les classes diffusées dans le cadre de cet outil de présélection ne se substituent pas à des index officiels. Elles ont pour vocation d'aider à la sélection des animaux pour la suite du protocole de testage des futurs taureaux reproducteurs et notamment d'éviter la mise en testage des mâles présentant des niveaux génétiques trop faibles sur les facilités de naissance. A terme, le non renouvellement de la population de référence ne semble pas permettre le maintien de l'outil GPSAB dans sa forme actuelle. Son remplacement est prévu dès 2015 par un outil plus performant issu des travaux du programme GEMBAL (Gunia et al., 2014) qui disposera de plus grandes populations de référence et qui s'intéressera à un plus large panel de caractères mesurés sur les populations allaitantes. Pour faciliter ce remplacement, les entreprises de sélection ont accepté de transmettre les typages réalisés dans le cadre de GPSAB au programme GEMBAL afin de disposer d'évaluations génomiques les plus précises possible. De plus, un certain nombre d'étapes de la chaîne GPSAB développées en collaboration avec l'INRA (contrôle de filiation, imputation et phasage) pourront être reprises en l'état pour la chaîne GEMBAL, afin de gagner du temps en développement. Ainsi, si le comité de pilotage de GEMBAL l'autorise, l'outil GEMBAL pourrait progressivement remplacer l'outil GPSAB au cours de l'année 2015 pour la pré-sélection des mâles avant testage sur descendance.

3.2 PERSPECTIVES DE L'UTILISATION DE LA GÉNOMIQUE EN RACE ALLAITANTE

Les travaux conduits dans le cadre de GPSAB montrent que les trois principales races allaitantes disposent maintenant de populations de référence de tailles suffisantes pour la réalisation d'évaluations génomiques intra race en s'appuyant sur les marqueurs disponibles sur la puce de moyenne densité. Malgré des précisions encore limitées, un outil de pré-sélection génomique permet d'accumuler des typages, à la fois sur la voie mâle et sur la voie femelle, qui permettent d'envisager progressivement de gagner en efficacité, tant au niveau de l'imputation qu'au niveau des évaluations. Au vu des développements réalisés au sein de l'UMT 3G (Gestion Génétique et Génomique des bovins), des évaluations génomiques pourraient être disponibles dès 2015 pour les caractères évalués classiquement dans IBOVAL (Poids naissance, condition de naissance, poids au sevrage, etc.). Les premiers travaux de validation réalisés dans le cadre du projet GEMBAL semblent en effet favorables (Gunia et al., 2014) même si les précisions des index génomiques obtenus seront encore nettement inférieures aux précisions obtenues dans les principales races laitières qui disposent de population de référence plus importante avec des phénotypes plus précis. Les précisions observées à court terme dans les

principales races allaitantes doivent permettre cependant de mieux sélectionner les taureaux à entrer en station ou à ne pas autoriser les taureaux les plus détériorateurs sur les caractères principaux à devenir reproducteurs (Hozé, 2014). Elles peuvent également permettre de sélectionner sur la voie femelle dans les noyaux de sélection notamment. Un tel mode de fonctionnement permettrait d'augmenter le progrès génétique annuel réalisé dans ces races. En élevage, cela doit permettre à terme d'optimiser le choix des femelles de renouvellement, ce qui sera particulièrement intéressant pour des caractères faiblement héritables. L'utilisation de la sélection génomique ne doit pas se faire au détriment du contrôle de performances qui permet de maintenir la population de référence représentative de la population en production et connectée aux animaux candidats à la sélection dont il faudra prédire le potentiel génétique. Pour les races avec des effectifs plus petits, des évaluations génomiques multiraciales pourront être développées comme entre Simmental et Montbéliard (Hozé et al., 2014). Chaque race de la population de référence multiraciale obtiendra des index mis en forme spécifiquement. Des efforts de génotypages supplémentaires seront néanmoins nécessaires à l'intérieur de chaque race, en complément de la population de référence multiraciale, pour disposer d'évaluations génomiques efficaces.

CONCLUSION

L'outil GPSAB opérationnel dès 2012 contribue à la mise en place de la sélection génomique dans les principales races allaitantes. Depuis sa création, cet outil a évolué pour s'adapter aux demandes des entreprises de sélection. Les principales évolutions ont été l'ouverture aux femelles, la mise en place d'une imputation efficace ainsi que la mise à jour de la population de référence. Tous les caractères évalués dans le système JBS disposent donc maintenant de prédicteurs génomiques. Tous les développements réalisés en collaboration avec l'INRA dans le cadre de GPSAB seront transmis au programme GEMBAL pour la mise en place d'évaluations génomiques officielles si le comité de pilotage l'autorise. La génomique apparaît comme une source importante de progrès génétique sur la voie femelle. Le génotypage des femelles doit également contribuer à une gestion efficace de la variabilité génétique en mettant en évidence les femelles génétiquement intéressantes et avec des pedigrees originaux. 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 allaitantes aux travers d'évaluations génomiques multiraciales.

L'UNCEIA remercie les entreprises de sélection parties prenantes du programme GPSAB pour leur aide dans le cadre de la mise en place de l'outil et pour les efforts de génotypages réalisés. L'UNCEIA remercie également les membres de l'équipe Génétique et Génomique Bovine de l'UMR GABI de l'INRA pour leur accompagnement scientifique dans le développement de l'outil GPSAB. Le projet QUALVIGENE à l'origine de l'outil GPSAB est un programme financé conjointement par l'ANR et par APIS-GENE. Merci également à Sophie Allais qui a contribué à la mise en place de la chaîne d'évaluation GPSAB. Le projet GEMBAL qui pourrait déboucher sur des évaluations génomiques officielles et qui pourrait remplacer l'outil GPSAB en 2015 est un programme financé par l'ANR et par APIS-GENE.

- Allais S., 2012. Thèse de Doctorat AgroParisTech.
 Browning B.L. et Browning S.R., 2009. Am. J. Hum. Genet, 84, 210-223.
 Croiseau P. et al., 2010. 9th WCGALP, ID360
 Druet T. et Georges M., 2010. Genetics, 184, 789-798.
 Gunia M. et al., 2014. J. Anim. Sci., 92, 3258-3269.
 Hozé C., 2014. Thèse de doctorat AgroParisTech.
 Hozé C. et al., 2013. GSE, 45, 33.
 Sargolzaei M. et al, 2014. BMC Genomics, 15:478
 Zhou X. et al. 2013. Plos Genet. 9, e1003264
 Zou et Hastie, 2005. J. Royal Stat Soc, 67, 301-320.