

# La sélection génomique se développe pour les races allaitantes

13 novembre 2014

Depuis la fin des années 2000, la sélection génomique est largement utilisée en France pour l'amélioration génétique des vaches laitières, en particulier de race Prim'Holstein. Pour les filières allaitantes, cette technique est en revanche très peu déployée. Achevé en 2014, le projet de recherche GEMBAL (Génomique Multi-race des Bovins Allaitants et Laitiers), grâce au développement d'outils de prédiction de la valeur génétique de bovins, devrait permettre prochainement le recours à la génomique pour des races à viande.

La sélection génomique consiste à prédire la valeur génétique d'un animal, en utilisant des informations sur le phénotype (ex : caractéristiques morphologiques) et le génotype d'une population de référence. Il s'agit de dégager des relations statistiques entre l'observation de certains caractères et l'identification de certains marqueurs présents dans le génome : ces relations statistiques, et donc *in fine* la qualité des index génétiques, sont d'autant plus fiables « que le nombre d'animaux de la population de référence est important, que le phénotypage est précis et que la diversité génétique de la population concernée est faible ». Or, les races allaitantes offrent une grande diversité génétique et peu de phénotypes précis, si bien que la sélection génomique ne pouvait pas, jusqu'à présent, être utilisée de façon fiable.

Le projet GEMBAL, qui rassemblait l'Inra, l'UNCEIA, l'Idel et Races de France, visait à développer la sélection génomique pour diverses races de vaches laitières et allaitantes. Pour cela, des génotypages ont été réalisés sur plusieurs milliers d'animaux, « en essayant d'atteindre au moins un effectif de 200 à 300 animaux génotypés en haute densité par race », et en réalisant des génotypages complémentaires à moyenne densité pour accroître les populations de référence. Diverses méthodologies ont été étudiées pour élaborer des index génomiques pour les différentes races. Pour les races Blonde, Charolaise et Limousine, ces derniers ont été testés pour évaluer le gain en précision par rapport aux index génétiques dits « classiques ». Des index génomiques seront donc disponibles dès 2015 pour les trois principales races allaitantes. Pour les autres races étudiées dans le projet mais à effectif plus limité (Aubrac, Salers, Parthenaise, Rouge Des Prés, Gasconne, Bazadaise), les index génomiques seront déployés « au fur et à mesure que des populations de référence de taille suffisante auront été constituées ».

Noémie Schaller, Centre d'études et de prospective

Source : [Inra](#)