

# Mise en place d'évaluations génomiques nationales dans les populations bovines allaitantes françaises Charolaise, Limousine et Blonde d'Aquitaine

TRIBOUT T. (1), BARBAT M. (2), SAINTILAN R. (2), FOUILLOUX M.N. (3), VENOT E. (1), PHOCAS F. (1)

(1) INRA, UMR1313 GABI, 78352 Jouy-en-Josas, France

(2) ALLICE, UMR1313 GABI, 78352 Jouy-en-Josas, France

(3) Idele, UMR1313 GABI, 78352 Jouy-en-Josas, France

**RESUME** – Une évaluation génomique nationale a été mise en place en 2015 dans les races Charolaise (CHA), Limousine (LIM) et Blonde d'Aquitaine (BLA) pour les caractères mesurés en ferme à la naissance et au sevrage. Les index génomiques (GEBV) sont calculés en combinant la valeur génomique directe (DGV) de chaque individu génotypé à son index polygénique IBOVAL, afin de tirer profit des performances des apparentés non génotypés. Les DGV sont estimées par la méthodologie du Bayes-C, grâce à une population de référence (PR) constituée de 1029 à 5181 individus en CHA, de 606 à 3995 individus en LIM et de 1645 à 4282 individus en BLA, selon le caractère. Le gain de précision par rapport aux index polygéniques est actuellement modeste (+3% à +23% pour un candidat uniquement connu sur ascendance en CHA), mais augmentera avec la taille des PR. Des évaluations génomiques pour les caractères de carcasse seront mises en place sur le même modèle fin 2015 dans les 3 races.

## Implementation of a national genomic selection in Charolais, Limousin and Blonde d'Aquitaine French beef cattle breeds

TRIBOUT T. (1), BARBAT M. (2), SAINTILAN R. (2), FOUILLOUX M.N. (3), VENOT E. (1), PHOCAS F. (1)

(1) INRA, UMR1313 GABI, 78352 Jouy-en-Josas, France

**SUMMARY** - Genomic evaluations have been recently implemented in Charolais (CHA), Limousin (LIM) and Blonde d'Aquitaine (BLA) beef breeds in France for five direct and two maternal traits routinely recorded at birth and weaning. Genomic estimated breeding values (GEBV) are calculated via a two step method. First, the direct genomic breeding values (DGV) of the genotyped animals are estimated using Bayes-C methodology, considering a reference population (RP) constituted by 1,029 to 5,181 animals in CHA, 606 to 3,995 animals in LIM, and 1645 to 4282 animals in BLA populations, depending on the trait considered. The DGV of each animal is then blended with its national pedigree-based EBV (pEBV). To date, the gains in reliability compared to pEBV have been moderate (+3% to +23% for a candidate with only parental information, in the CHA breed), but they will increase as the RP size grows. Carcass traits will be included in genomic evaluations in 2015 for the three populations. Genomic evaluations for new breeds and traits will be implemented when sufficient RP are available.

## INTRODUCTION

La sélection génomique peut améliorer l'efficacité technique et économique des programmes de sélection. Sous réserve de disposer de populations de référence (PR) suffisamment grandes et informatives, elle permet d'estimer la valeur génétique d'un jeune candidat avec plus de précision qu'avec les méthodes d'évaluation traditionnelles basées sur les pedigrees des animaux.

Au cours des dernières années, plusieurs milliers d'individus ont été génotypés dans l'ensemble des populations bovines allaitantes françaises par les entreprises et les organismes de sélection ou dans le cadre de projets de recherche (Gembal, Qualvigène). La mise en commun de ces génotypes associés aux phénotypes des individus a permis d'initier la constitution de PR.

En 2014, le nombre d'animaux Charolais, Limousin et Blonde d'Aquitaine génotypés et disposant de performances pour les caractères mesurés en ferme de la naissance jusqu'au sevrage a été jugé suffisant pour mettre en place des évaluations génomiques nationales pour ces caractères dans ces 3 races. L'objectif de cet article est de présenter la méthode retenue et l'organisation générale des évaluations génomiques nationales dans les populations bovines allaitantes françaises, ainsi que quelques résultats en race Charolaise en termes de précision des index génomiques pour les caractères mesurés en ferme à la naissance et au sevrage.

## 1. PRESENTATION GENERALE

### 1.1 DONNEES UTILISEES

L'évaluation génomique est réalisée par l'UMT 3G qui associe l'INRA, ALLICE et IDELE, pour chaque race de manière

indépendante. Elle repose sur l'utilisation des informations de la base de données nationale (SIG) et des données de typage transmises au CTIG. A ce jour, l'évaluation génomique s'appuie sur les marqueurs (SNP) de la puce BovineSNP50, les génotypes des individus typés avec d'autres puces à ADN étant imputés pour les marqueurs manquants à l'aide du logiciel FIMPUTE (Sargolzaei et al, 2014) en amont de l'évaluation.

### 1.2. METHODE D'EVALUATION

L'évaluation génomique mise en place repose sur une méthodologie en 2 étapes. Dans un premier temps, la valeur génomique directe (DGV) des animaux génotypés est estimée par la méthodologie statistique du Bayes-C (Habier et al, 2011), en considérant un modèle génétique sans effet polygénique et une proportion  $\square$  de 2% de marqueurs ayant un effet non nul sur les phénotypes. On s'appuie pour cela sur une PR constituée de l'ensemble des individus de la race considérée disposant de génotypes et de performances propres ou sur descendance pour les caractères évalués. Afin de résumer au mieux l'ensemble de ces performances associées à chaque individu de la PR, le phénotype utilisé pour les analyses est obtenu en dérégressant l'index polygénique IBOVAL (IPI) dont on a au préalable retiré la part d'information provenant de l'ascendance selon la méthode décrite par Garrick et al (2009). La précision de l'index dérégressé (DEBV) de chaque individu de la PR est mesurée au travers de son  $r^2$ , analogue à un coefficient de détermination (CD), qui varie entre 0 (précision nulle) et 1 (précision maximum, correspondant à un taureau ayant un très grand nombre de descendants contrôlés). Les données de la PR permettent d'estimer l'effet de chaque SNP de la puce BovineSNP50 sur les caractères évalués. Ces effets sont ensuite utilisés pour

calculer la DGV de chaque individu génotypé (candidat à la sélection ou reproducteur), comme décrit dans Tribout et al. (2014).

A ce jour, une partie seulement des reproducteurs des populations bovines allaitantes est génotypée. L'information résumée dans les phénotypes des individus de la PR ne constitue donc qu'une partie de l'ensemble des données considérées dans l'évaluation polygénique IBOVAL. Il s'agit alors dans une seconde étape de tirer profit des performances des apparentés considérés dans l'évaluation IBOVAL mais non incluses dans la PR pour produire les index génomiques les plus précis possibles. La DGV de chaque individu est donc combinée à son IPI pour produire l'index génomique (GEBV). Cette combinaison est réalisée selon une méthodologie permettant de tenir compte de la redondance partielle d'information entre les deux composantes (VanRaden et al, 2009). Les pondérations respectives de la DGV et de l'IPI dans la GEBV sont propres à chaque individu génotypé, et dépendent du CD de son IPI et du gain de précision entre la DGV et un index polygénique qui serait calculé sur les seules données de la PR. On note  $\alpha$  l'information supplémentaire apportée par les génotypes par rapport aux pedigrees de la PR. Ces  $\alpha$  ont été préalablement estimés pour chaque caractère évalué en séparant la PR en une population d'apprentissage (PA) et une population de validation (PV), puis en estimant une DGV et un index polygénique en considérant uniquement les données de la PA, et en comparant enfin la précision estimée de la DGV et de l'index polygénique des individus de la PV.

### 1.3. EXPRESSION DES INDEX ET INDICATEURS GENOMIQUES

Pour un caractère donné, seuls les individus génotypés disposant d'un IPI individuel, ou à défaut sur ascendance, se voient calculer un index génomique (GEBV). Les GEBV pour les caractères élémentaires et combinaisons de caractères (synthèses) sont exprimés sous la même forme et dans la même échelle que les IPI (moyenne à 100, écart type de 10 pour les index élémentaires) et leur sont directement comparables. La précision d'une GEBV est appréciée au travers d'un CD variant entre 0 et 1, calculé en ajoutant la valeur du  $\alpha$  estimé pour le caractère ou la synthèse considéré à la quantité d'information contenue dans le CD de l'IPI correspondant. A l'inverse, les individus sans IPI, pour lesquels il n'est donc pas possible de calculer de GEBV, reçoivent uniquement des indicateurs génomiques, qui sont les DGV exprimées sous forme symbolique (5 classes dont les seuils correspondent aux GEBV minimum et maximum des 5 groupes de 20% des individus de la PR ordonnés selon leur GEBV) et non accompagnées de CD.

## 2. VALIDATION DE L'EFFICACITE DE L'EVALUATION GENOMIQUE EN RACE CHAROLAISE

Le CD d'un index génomique est, de par son mode de calcul, forcément supérieur au CD de l'IPI correspondant, l'écart entre les deux CD étant fonction de la valeur de  $\alpha$  retenue. Afin de confirmer de manière objective que les index génomiques sont effectivement plus précis que les index polygéniques IBOVAL de jeunes candidats à la sélection, une étude rétrospective a été réalisée dans la population Charolaise pour les caractères mesurés en élevage à la naissance et au sevrage.

### 2.1. MATERIEL ET METHODES

Afin d'estimer a posteriori la précision réalisée des index de jeunes candidats à la sélection, nous avons effectué une évaluation génomique selon les modalités décrites ci-dessus, en nous appuyant uniquement sur les performances enregistrées en élevage jusque fin novembre 2010 (correspondant aux données prises en compte dans l'évaluation IBOVAL 2011\_01). Parmi les animaux génotypés, nous avons recherché des individus principalement connus sur

ascendance fin 2010, mais disposant d'une grande quantité d'information supplémentaire (propre ou sur descendance) recueillie entre décembre 2010 et juin 2014. Ces individus disposaient donc a posteriori en juin 2014, lors de l'évaluation IBOVAL 2015\_01, d'un IPI et donc d'un index dérégressé (DEBV<sub>2014</sub>) très précis. Ils ont constitué la population de validation (PV) de l'étude. La PR contenait quant à elle tous les autres individus génotypés et disposant fin 2010 de performances propres ou sur descendance, synthétisées dans leur DEBV<sub>2010</sub>. Cette PR a été utilisée pour prédire la DGV<sub>2010</sub> des individus de la PV.

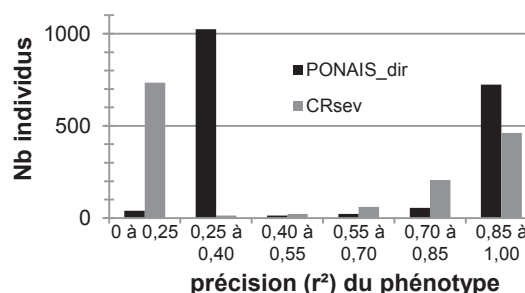
Pour les caractères d'effet génétique direct, nous avons ainsi constitué une PV de 150 mâles pas ou peu connus sur descendance fin 2010 mais ayant chacun en juin 2014 au moins 45 produits phénotypés en élevage. Cinq caractères ont été considérés : les effets génétiques directs sur le poids à la naissance et sur les conditions de naissance, sur le poids au sevrage, sur le développement musculaire et sur le développement squelettique (PONAIS\_dir, CONNAI\_dir, CRsev, DMsev et DSsev, respectivement).

Le nombre d'individus génotypés disposant d'un DEBV<sub>2010</sub> pour l'effet génétique maternel sur les conditions de naissance (Avel) et le poids au sevrage (ALait) était inférieur à 800. Une comparaison a posteriori de la précision des index génomiques et polygéniques pour ces deux caractères maternels n'a donc pas été possible.

La taille de la PR de l'évaluation génomique de fin 2010 pour les cinq caractères directs considérés est présentée dans le tableau 1. La distribution de la précision des phénotypes des individus de la PR pour PONAIS\_dir et CRsev est présentée sur la figure 1.

**Tableau 1** : Taille de la population de référence de fin 2010 en race Charolaise

Caractères	Héritabilité	Taille de la PR fin 2010	Nb PRr <sup>2</sup> <sub>DEBV</sub> > 0.7 ind.
PONAIS_dir	0,41	1878	799 (42%)
CONNAI_dir	0,10	1877	725 (39%)
CRsev	0,25	1499	669 (45%)
DMsev	0,30	1443	724 (50%)
DSsev	0,27	1442	708 (49%)



**Figure 1** : Distribution de la précision (r<sup>2</sup>) des DEBV dans la Population de Référence de fin 2010 en race Charolaise

La GEBV<sub>2010</sub> de chaque individu de la PV a été calculée en combinant sa DGV<sub>2010</sub> à son IPI sur ascendance estimé lors de l'évaluation IBOVAL 2011\_01 (IPIasc<sub>2010</sub>), mimant ainsi la situation de jeunes candidats uniquement connus sur ascendance au moment de l'évaluation génomique. Finalement, la précision de l'IPIasc<sub>2010</sub>, de la DGV<sub>2010</sub> et de la GEBV<sub>2010</sub> des individus de la PV a été appréciée au travers de leur CD réalisé, calculé comme :

$$CD_X = \frac{(corrélation(X; DEBV_{2014}))^2}{moy(r_{DEBV_{2014}}^2)}$$

où X est l'IPIasc<sub>2010</sub>, la DGV<sub>2010</sub> ou la GEBV<sub>2010</sub>, et moy(r<sub>DEBV<sub>2014</sub></sub><sup>2</sup>) est la moyenne de la précision des DEBV<sub>2014</sub> des 150 individus de la PV.

Ainsi, la précision de chacun de ces 3 index est d'autant plus grande qu'il est fortement corrélé à la valeur génétique vraie des individus, appréciée ici de manière empirique par sa réalisation au travers de la DEBV<sub>2014</sub>.

## 2.2. RESULTATS

Le tableau 2 présente les CD réalisés estimés sur les 150 individus de la PV pour les 5 caractères considérés dans l'étude rétrospective. Les CD réalisés sont fortement dépendants de l'échantillon d'individus constituant la PV. Celle-ci était de taille relativement modeste (150 individus), en raison du nombre total d'individus génotypés et des contraintes sur la disponibilité de nouveaux phénotypes entre décembre 2010 et juin 2014. Ces CD moyens réalisés ne peuvent donc pas être directement comparés aux CD individuels des jeunes candidats évalués calculés lors des évaluations IBOVAL. Seuls les ordres de grandeur des présents résultats doivent être considérés.

Ceci étant posé, on constate que les GEBV<sub>2010</sub> sont globalement plus précises que les IPI sur ascendance. Le gain de précision observé est plus élevé pour PONAIS\_dir et CONNAI\_dir, à savoir les caractères pour lesquels la population de référence est la plus grande et contient le plus d'individus ayant un phénotype précis. On observe également que la précision des DGV<sub>2010</sub> est plus faible que celle des index polygéniques sur ascendance pour les caractères mesurés au sevrage, traduisant le fait que la PR de fin 2010 contenait globalement moins d'information que l'ensemble des performances et des pedigrees considérés dans l'évaluation polygénique IBOVAL de l'époque. A l'inverse, les GEBV<sub>2010</sub> sont toujours plus précises que les DGV<sub>2010</sub>, montrant la pertinence de combiner les DGV aux index polygéniques pour produire les index génomiques les plus précis possibles quel que soit le caractère considéré.

**Tableau 2** : CD réalisés, dans la population de validation, des index polygéniques IBOVAL sur ascendance, DGV et GEBV estimés à partir des données disponibles fin 2010

Caractère	CD réalisé			Gain de CD (%) entre IPlasc <sub>2010</sub> et GEBV <sub>2010</sub>
	IPlasc <sub>2010</sub>	DGV <sub>2010</sub>	GEBV <sub>2010</sub>	
PONAIS_dir	0,28	0,33	0,42	+52%
CONNAI_dir	0,29	0,40	0,48	+65%
CRsev	0,34	0,29	0,38	+11%
DMsev	0,31	0,23	0,36	+36%
DSsev	0,25	0,22	0,29	+29%

## 3. DISCUSSION GENERALE ET PERSPECTIVES

### 3.1. EVALUATION GENOMIQUE EN RACE CHAROLAISE

Les résultats de cette étude rétrospective en race Charolaise confirment que les index génomiques permettent de mieux classer les jeunes candidats que les IPI pour les effets génétiques directs concernant les caractères mesurés à la naissance et au sevrage.

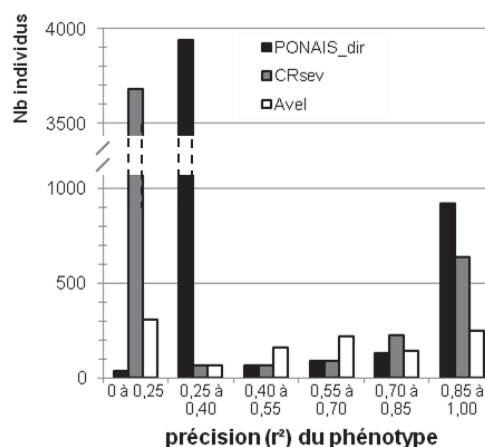
Cette étude a été réalisée en s'appuyant uniquement sur l'information recueillie en ferme jusque novembre 2010. Cette contrainte a fortement limité la taille de la PR disponible pour prédire les DGV par rapport à l'ensemble des individus disponibles actuellement. En effet, les PR utilisées pour ces mêmes caractères lors de l'évaluation génomique test réalisée en février 2015 étaient approximativement 3 fois plus grandes que les PR de l'étude rétrospective (Tableau 3 vs Tableau 1). La comparaison des figures 1 et 2 montre cependant que l'augmentation de taille des PR entre 2010 et 2015 repose presque exclusivement sur un apport d'individus génotypés disposant uniquement d'une performance individuelle sans descendant contrôlé ( $r^2 < 0,40$ ), relativement peu informatifs pour la PR. A l'inverse, les individus supplémentaires ayant un phénotype très précis ( $r^2 > 0,70$ ), et qui ont donc un impact fort sur la précision des DGV, sont peu nombreux : seulement 196 à 270 mâles supplémentaires selon le caractère. Quoi qu'il en soit, cette augmentation de taille constitue un enrichissement certain de la PR, qui permet d'améliorer l'efficacité de l'évaluation génomique dans la population Charolaise par rapport aux conditions de l'étude a posteriori.

On constate dans le tableau 3 et sur la figure 2 que le nombre

d'individus Charolais génotypés en février 2015 disposant d'un index dérégressé pour les caractères maternels (1147 et 1029 pour Avel et ALait, respectivement) est nettement plus limité que pour les caractères directs. Parmi ces individus, moins de 400 ont un phénotype précis, soit moins de la moitié des effectifs disponibles pour les caractères directs. En conséquence, le gain de précision actuellement attendu d'une évaluation génomique en race Charolaise pour les caractères maternels par rapport aux évaluations polygéniques IBOVAL est faible, voire très faible. Les estimations de  $r^2$  réalisées par ailleurs pour Avel et ALait concordent avec ces observations, et les CD calculés pour les GEBV ne sont dans ces conditions que très légèrement supérieurs aux CD des IPI (+3% à +7% pour un jeune candidat).

**Tableau 3** : Tailles et caractéristiques des populations de référence disponibles en février 2015 en race Charolaise

Caractère	Taille PR	Moy( $r^2_{DEBV}$ )	Nb ind. PR $r^2_{DEBV} > 0.7$
PONAIS_dir	5181	0,44	1049 (20%)
CONNAI_dir	5181	0,35	927 (18%)
CRsev	4766	0,33	864 (18%)
DMsev	4715	0,45	931 (20%)
DSsev	4712	0,42	912 (19%)
Avel	1147	0,54	388 (34%)
ALait	1029	0,55	365 (36%)



**Figure 2** : Distribution de la précision ( $r^2$ ) des phénotypes dans la population de référence Charolaise en février 2015

### 3.2. EVALUATION GENOMIQUE EN RACES LIMOUSINE ET BLONDE D'AQUITAINE

Les caractéristiques des PR disponibles en février 2015 en races Limousine et Blonde d'Aquitaine sont présentées dans le tableau 4.

En race Blonde d'Aquitaine, le nombre d'individus de la PR disposant d'un phénotype précis pour les caractères directs (environ 600 à 800 selon le caractère) est comparable à celui de la PR Charolaise de 2010, pour une taille totale de PR environ deux fois plus grande. Au vu des résultats favorables de l'analyse rétrospective obtenus en Charolais, on peut donc penser qu'il est dès à présent possible en Blonde d'Aquitaine d'estimer des GEBV plus précises que les index polygéniques IBOVAL pour les caractères directs. La situation actuelle est probablement moins favorable en race Limousine : bien que les PR des deux races soient globalement de même taille, la PR Limousine contient nettement moins d'individus ayant un phénotype précis.

Une analyse rétrospective s'appuyant sur les données disponibles fin 2010 a été réalisée dans les 2 populations pour les 5 caractères directs. Les résultats n'ont cependant montré aucun gain de précision entre les IPlasc<sub>2010</sub> et les GEBV<sub>2010</sub>, sauf pour PONAIS\_dir et CONNAI\_dir en race Limousine. Ce résultat s'explique par la faible informativité des PR de 2010 disponibles pour l'étude : parmi les animaux génotypés, seulement 254 à 511 Limousin, et 348 à 559 Blonde

d'Aquitaine, disposaient alors d'un DEBV dont le  $r^2$  était supérieur à 0,70.

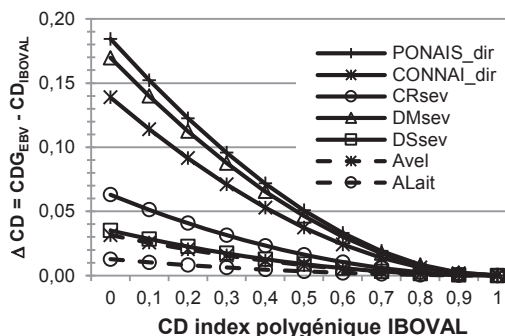
Encore plus qu'en Charolais, les effectifs d'animaux Limousins et Blondes d'Aquitaine actuellement génotypés et disposant de phénotypes pour Avel et ALait sont très modestes (600 à 2300 individus, dont moins de 200 très informatifs). Dans ces conditions, la précision des GEBV ne peut donc pas sensiblement excéder celle des index polygéniques traditionnels pour ces caractères maternels.

**Tableau 4 :** Taille des populations de référence disponibles en races Limousine et Blonde d'Aquitaine en février 2015

Caractère	Limousin		Blonde d'Aquitaine	
	Taille PR	nb indiv. $r^2_{dEBV} > 0,7$	Taille PR	nb indiv. $r^2_{dEBV} > 0,7$
PONAIIS_dir	3951	625	4258	868
CONNAI_dir	3995	309	4282	760
CRsev	3295	528	2190	611
DMsev	3115	394	2710	746
DSsev	3116	501	2708	656
Avel	1383	122	2300	189
ALait	606	185	1645	183

### 3.3. BILAN ET PERSPECTIVES

Les PR disponibles en races Charolaise, Limousine et Blonde d'Aquitaine ont permis de mettre en place des évaluations génomiques nationales pour les caractères mesurés en ferme à la naissance et au sevrage. Les premiers index génomiques ont été transmis aux structures de FGE en février 2015. Comme illustré sur la figure 3 pour la race Charolaise, les individus dont l'index polygénique IBOVAL est peu précis, comme les jeunes candidats, sont ceux qui bénéficient du gain de précision le plus important. Leurs GEBV sont donc susceptibles de varier sensiblement de leurs IPI. A l'inverse, l'information supplémentaire apportée par les génotypes est très marginale par rapport à l'ensemble de l'information familiale considérée dans les évaluations polygéniques pour les reproducteurs ayant quelques dizaines de descendants connus. Pour ces derniers, le gain de CD est faible, voire négligeable. Compte tenu du nombre relativement limité d'individus génotypés très informatifs dans le dispositif actuel, le gain de précision par rapport aux index polygéniques classiques est modeste pour des animaux dont l'ascendance est bien connue, comme le sont généralement les candidats à la sélection des schémas d'IA. Ainsi, les CD de l'IPI et de la GEBV d'un jeune candidat sans performance individuelle uniquement connu sur ascendance sont en moyenne respectivement égaux à 0,37 et 0,45 pour PONAIIS\_dir (+22%), et à 0,33 et 0,36 pour CRsev (+9%). Pour les caractères maternels, les gains de précision actuels sont plus faibles, les CD de l'IPI et de la GEBV d'un jeune animal s'élevant respectivement à 0,27 et 0,28 pour Avel, et 0,25 et 0,26 pour ALait. La figure 3 montre également la faiblesse du CD des DGV, égal au CD des GEBV lorsqu'il n'y a pas d'information polygénique (0,18 pour PONAIIS\_dir, 0,06 pour CRsev), illustrant la nécessité de combiner les DGV et les IPI pour produire les index génomiques. Le gain de précision des index génomiques par rapport aux index polygéniques va s'accroître à mesure que les PR vont s'enrichir de nouveaux individus, et que les candidats génotypés devenus reproducteurs auront des descendants phénotypés. Cet enrichissement des PR est crucial pour l'efficacité du dispositif d'évaluation génomique. En particulier pour les caractères maternels dont les IPI des jeunes individus sont particulièrement peu précis et pour lesquels l'information sur descendance n'arrive qu'après plusieurs années.



**Figure 3 :** Gain de CD d'une évaluation génomique par rapport à l'évaluation IBOVAL classique en race Charolaise

### CONCLUSION

Les index génomiques pour les caractères mesurés en ferme à la naissance et au sevrage seront calculés en routine en races Charolaise, Limousine et Blonde d'Aquitaine dès la fin 2015. Des évaluations génomiques pour les performances d'abattage mesurées sur jeunes bovins seront également mises en oeuvre d'ici la fin 2015. Le déploiement pour d'autres caractères et dans les autres populations bovines allaitantes de plus faibles effectifs se fera progressivement, à mesure que des PR suffisamment informatives seront disponibles. D'un point de vue méthodologique, la méthode en 2 étapes actuellement utilisée sera remplacée, dans un proche avenir, par la méthode du single-step, qui permet une combinaison optimale des phénotypes des individus génotypés et non génotypés, et donc un probable gain d'efficacité.

Le gain de précision par rapport aux évaluations polygéniques est pour l'instant modeste. Le génotypage d'un maximum de reproducteurs bien connus sur descendance et leur inclusion aux PR permettrait cependant d'améliorer nettement l'efficacité du dispositif. En effet, une PR de grande taille et la plus représentative possible de la population sélectionnée dans toute sa diversité est nécessaire pour prédire des index génomiques précis pour l'ensemble des candidats à la sélection potentiels.

*Le projet GEMBAL (ANR-10-GENM-0014) a été financé par l'ANR, ApisGene, Races de France et l'INRA. Les typages du projet QUALVIGENE+ABQV utilisés pour l'évaluation génomique ont été financés par ApisGene et les entreprises de sélection.*

**Garrick D.J., Taylor J.F., Fernando R.L., 2009.** Genet. Sel. Evol., 41:55

**Habier D., Fernando R.L., Kizilkay K., Garrick D.J., 2011.** BMC Bioinformatics, 12:186

**Sargolzaei M., Chesnais J.P., Schenkel F.S., 2014.** BMC Genomics, 15:478

**VanRaden P.M., Van Tassel C.P., Wiggans G.R., Sonstegard T.S., Schnabel R.D., Taylor J.F., Schenkel F.S., 2009.** J. Dairy Sci., 92:16-24

**Tribout T., Gunia M., Saintilan R., Venot E., Fouilloux M.N., Phocas F., 2014.** Proc. 10<sup>th</sup> WCGALP, Vancouver, Canada