HAL
open science

Applications de la génomique chez les races bovines locales tropicales - TROCADERO: TROpical CAttle linkage DEsequilibrium, Resequencing and Optimization

Michel Naves, Olivier O. Bouchez, Christophe Klopp, Patrice Dehais

To cite this version:

Michel Naves, Olivier O. Bouchez, Christophe Klopp, Patrice Dehais. Applications de la génomique chez les races bovines locales tropicales - TROCADERO: TROpical CAttle linkage DEsequilibrium, Resequencing and Optimization. Séminaire SELGEN 2014, Dec 2014, Paris, France. 2014. hal-02795828

HAL Id: hal-02795828

https://hal.inrae.fr/hal-02795828

Submitted on 5 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.

Applications de la génomique chez les races bovines locales tropicales

TROCADERO: TROpical CAttle linkage DEsequilibrium, Resequencing and Optimization

M.Naves, UR143 Unité de Recherches Zootechniques, Petit Bourg (Guadeloupe)
O. Bouchez, C. Klopp, P. Dehais, Genotoul, Toulouse

La race bovine Créole comme modèle d'étude

Le bovin Créole, de par son caractère métis entre différentes populations introduites durant l'histoire du peuplement des Antilles, et des conditions agro-écologiques dans lesquelles il a évolué, semble un bon modèle **pour étudier l'adaptation des bovins au milieu tropical** et son déterminisme génétique. Cette race présente en effet des caractéristiques intéressantes de **tolérance au climat**, de **résistance aux maladies** associées aux tiques et de **productivité dans un environnement à fortes contraintes**.

Objectifs de l'étude

- Identification de variants (connus ou nouveaux); comparaison à d'autres races
- Mesure du DL à différentes distances
- Efficacité d'imputation à différentes densités

Démarche adoptée: projet « pilote » d'acquisition de données HD

Recherche des ancêtres majeurs (PEDIG) sur les 3 dernières générations

Repérage de 18 ancêtres représentatifs en vue de séquençage 12X (Genotoul) → **Identification SNP, CNV** (en lien avec GENSSEQ)[3]

Génotypage HD 800K SNP de 31 pères

Génotypage LD 10K SNP sur 300 descendants (+ BDD 54K SNP sur 100 descendants)

→ **DL, imputation** (signatures de sélection [4,5])

Phénotypes sur 1230 descendants (UE PTEA) → GWAS (stage M2 « Génétique Animale Génome et Diversité », 2015)

Prochaines étapes

- Acquisition des données de séquençage et de génotypage en cours
- Stratégie d'analyses en discussion
- Interprétations des résultats débutera en 2015
- Elargissement / comparaison à d'autres races tropicales [1,2,5]

Références

1. Bahbahani H. et al. (2013). ESEB 2013 (poster)
2. Barris W. et al. (2012). Animal Production Science 52: 133-142
3. Daetwiler H. et al. (2014). Nature Genetics 46: 858-867
4. Gautier M., Naves. M. (2011). Molecular Ecology 20: 3128-3143
5. Liao X. et al. (2013). Genome 56: 592-598

Ce projet s'appuie sur les collections du CRB « Production et Santé Animales »