



UMR1313

## G2B

### Animation

Didier Boichard

### Thématique globale

La mission principale de G2B est d'apporter des connaissances et des outils contribuant, par la génétique, à la durabilité des productions bovines dans ses dimensions économiques, sociales et environnementales.

### Résultats marquants

- Mise en œuvre de la sélection génomique dans 12 races bovines françaises.
- Identification de mutations causales responsables de 35 caractères Mendéliens.
- Projet "1000 génomes bovins" et analyse de la structure du génome.
- Analyse du déterminisme génétique de caractères de santé: mammites, pathologies des pattes, paratuberculose, immunité du veau, acétonémie, ...

Rattachement à l'**Université Paris-Saclay**

université  
PARIS-SACLAY

Rattachement à l'**école**

**doctorale** : **ABIES** (Agriculture, Alimentation, Biologie, Environnement, Santé)



Membre de **SAPS**  
(Sciences animales  
Paris-Saclay)

## Génétique animale et biologie intégrative (GABI) Equipe Génétique et Génomique Bovines

### Questions scientifiques

#### 1 – Sélection génomique et gestion des populations bovines

L'équipe a été historiquement responsable des évaluations génétiques nationales pour l'espèce bovine (conception et production dans un cadre certifié ISO9001). Depuis le Règlement Zootechnique Européen en 2018, elle s'est recentrée sur la recherche et le développement. Les principales activités concernent les méthodologies d'évaluation génomique (méthode Single Step) et la prise en compte du déterminisme génétique des caractères, en particulier les variants causaux. La prédiction des interactions génotype x milieu et l'évaluation des animaux croisés sont également des priorités. Nous développons des objectifs de sélection pour une production durable, adaptés à la diversité des systèmes. La gestion des populations vise à minimiser la perte de variabilité et une utilisation optimale de l'information génomique intra- et entre troupeaux. Les collaborations internationales sont tournées, d'une part, vers les partenaires du consortium Eurogenomics et, d'autre part, vers l'Inde dans le cadre d'un Laboratoire International Associé (LIA Gimic, incluant aussi l'équipe GiBBS).

*Projets associés : H2020 GenTORE ; FUJ GenoSanté ; ApisGene ASAP*

#### 2 – Analyse du déterminisme génétique de différents caractères

Les besoins diversifiés d'une sélection durable nous conduisent à analyser des caractères complexes à appréhender, comme l'efficacité alimentaire, la santé, la résilience et l'adaptation, la qualité des produits, la tolérance à la chaleur, ainsi que les anomalies génétiques dans le cadre de l'Observatoire National des Anomalies Bovines (ONAB). Les dispositifs de recherche sont construits en unités expérimentales ou en fermes commerciales avec nos partenaires de la sélection bovine. L'objectif est d'identifier des variants causaux à partir de grandes populations de cartographie, avec une approche de séquençage à haut débit et d'imputation, et d'inférer les réseaux de gènes impliqués.

*Projets associés : Casdar From'Mir, ANR-Apis-Gene Bovano ; ApisGene HealthyCalf ; ApisGene-GISA Paradigm-Picsar ; Apis-Gene BovImune ; ANR-Apis-Gene Deffilait ; BeefAlim ; Apis-Gene Methabreed.*



Centre  
Île-de-France - Jouy en Josas - Anthony



Domaine de Vilvert  
78350 Jouy en Josas

Suivre nos actualités

<https://www6.jouy.inrae.fr/gabi>

Twitter : @UMR\_GABI



**UMR1313**

### Dispositifs de recherche :

Notre activité se construit sur une forte synergie entre gestion des populations et analyse de la variabilité génétique. Les phénotypes proviennent de la base nationale zootechnique alimentée par plus de 200 organismes d'élevage, et de l'unité expérimentale du Pin. Le Centre de Traitement de l'Information Génétique est un partenaire proche fournissant l'accès aux données. Les séquences sont produites sur la plateforme GetPlage de Toulouse et les travaux de bioinformatique sont réalisés en collaboration avec Sigena. La majorité des génotypes provient de l'activité de sélection génomique.

### Expertises

Méthodes d'évaluation génétique ; gestion des populations.

### Coordination

- LIA GIMIC  
- UMT eBis

### Unités expérimentales :

UE326 Domaine Expérimental du Pin-au-Haras (61)

## 3 – Structure et dynamique du génome

L'équipe est membre fondateur du projet « 1000 génomes bovins » et investit dans la connaissance du génome, en particulier la caractérisation et l'annotation des variants génétiques. Des travaux de génomique régulationnelle visent à améliorer l'annotation des variants. Une approche de génétique inverse permet de prédire et tester à grande échelle les variants a priori délétères sur la base de leur annotation. Enfin, l'équipe étudie déterminisme génétique de certaines marques épigénétiques.

*Projets associés : H2020 BovReg ; « 1000 bull genomes » ; ANR Path2Bos, ApisGene Polyphème*

### Partenariats

- G2B héberge l'Unité Mixte Technologique eBIS constituée d'agents de l'INRA, Idele et Alice.
- Collaborations intra-INRA avec les départements GA, Phase et SA, et avec les écoles vétérinaires.
- Partenariat avec les opérateurs de la sélection bovine membres de France Génétique Elevage, avec Apisgene, Valogene, GenEval, ...
- Membre fondateur du consortium « 1000 génomes bovins » (>40 partenaires).
- Collaboration internationale en sélection génomique : Eurogenomics, Intergenomics, Interbull, Interbeef, LIA Gimic avec l'Inde.
- Consortiums des projets H2020 GenTORE, Bovreg

### Publications récentes :

 Toutes les publications sur : <https://www6.jouy.inrae.fr/gabi>

- Guillocheau G.M., et al (2019) Survey of allele specific expression in bovine muscle. *Sci Rep.*, 9, 4297.
- Ramayo-Caldas Y., et al (2020) Identification of rumen microbial biomarkers linked to methane emission in Holstein dairy cows. *J Anim Breed Genet.*, 137, 49-59.
- Sanchez M.P., et al. (2019) Sequence-based GWAS network and pathway analyses reveal genes co-associated with milk cheese making properties and milk composition in Montbéliarde cows. *Genet Sel Evol*, 51, 34.
- Uddin M.M., et al. (2019) A missense mutation (p.Tyr452Cys) on CAD gene compromises reproductive success in dairy cattle. *J Dairy Sci.*, 102:6340-6356.
- Bouwman A.C., et al. (2018) Meta-analysis of genome wide association studies for the stature of cattle reveals common genes that regulate size in mammals. *Nature Genetics*, 50, 362-367.
- Ducrocq V., et al. (2018). Genomics for ruminants in developing countries: from principles to practice. *Front Genet.* 9, 251.
- Eynard S.E., et al. (2018) Which individuals to choose to update the reference population? Minimizing the loss of genetic diversity in animal genomic selection programs. *G3*. 8, 113-121.
- Rodriguez-Valera Y., et al. (2018) Genetic diversity and selection signatures of the beef 'Charolais de Cuba' breed. *Sci Rep.* 8, 11005.
- Vinet A., et al. (2018) Genetic analysis of calf health in Charolais beef cattle. *J. Anim. Sci.*, 96:1246-1258.
- Bourneuf E., et al. (2017) Rapid discovery of de novo deleterious mutations in cattle enhances the value of livestock as model species. *Sci Rep.* 7, 11466.
- Croué I., et al. (2017) Genetic evaluation of claw health traits accounting for potential preselection of cows to be trimmed. *J Dairy Sci.* 100, 8197-8204.
- Jonas D., et al. (2017) Genomic evaluation of regional dairy cattle breeds in single-breed and multi-breed contexts. *J Anim Breed Genet.* 134, 3-13.
- Letaief R., et al. (2017) Identification of copy number variation in French dairy and beef breeds using next-generation sequencing. *Genet Sel Evol.* 49, 77.
- Medugorac I., et al. (2017) Whole-genome analysis of introgressive hybridization and characterization of the bovine legacy of Mongolian yaks. *Nature Genetics.* 49, 470-475.
- Michot P., et al. (2016) A reverse genetic approach identifies an ancestral frameshift mutation in RP1 causing recessive progressive retinal degeneration in European cattle breeds. *Genet Sel Evol.* 48, 56.
- Phocas F., et al. (2016) Review: Towards the agroecological management of ruminants, pigs and poultry through the development of sustainable breeding programmes: I-selection goals and criteria. *Animal.* 10, 1749-1759.
- Van den Berg I., et al. (2016) Using sequence variants in linkage disequilibrium with causative mutations to improve across breed prediction in dairy cattle: A simulation study. *G3 (Bethesda).* 9, 2553-2561.



