



PROJET 2013-2018

PROJET CANADIEN DE 10 000 GÉNOMES DE VACHES

Chercheur principal:

FLAVIO SCHENKEL

University of Guelph

COLLABORATEURS:

Mehdi Sargolzaei, Filippo Miglior et Stephen Miller

University of Guelph

**Nombre d'étudiants formés
(M.Sc., Ph.D., post-doct.):**

6

BUDGET TOTAL

443 176 \$

PARTENAIRES D'INVESTISSEMENT



OBJECTIF :

L'objectif de l'activité était d'établir une base de données de vaches génotypées avec des phénotypes associés de grande qualité pour la fertilité, la survie, la santé, de nouveaux caractères et d'autres caractères clés, et imputées à la séquence entière des génotypes de ces vaches.

RÉSULTATS CLÉS:

- Une base de données nationale de vaches génotypées avec des phénotypes uniques et de grande qualité. Une base de données de référence de 9 830 vaches imputées à la séquence entière de génotypes avec un traitement préférentiel minimisé provenant de troupeaux ayant des phénotypes de grande qualité pour la fertilité, la survie, la santé et d'autres caractères clés, et également pour de nouveaux caractères phénotypiques comme la réponse immunitaire, la santé des onglons, l'efficacité alimentaire et caractères associés ainsi que des données spectrales du lait. Cette base de données de référence est déjà utilisée dans plusieurs projets de recherche et de développement pertinents pour le Réseau laitier canadien et l'industrie laitière en général.
- Une méthode efficace pour maximiser la précision de l'imputation à la séquence entière du génome en appliquant divers filtres de contrôle de la qualité aux données après l'alignement des séquences. Cette méthode efficace maximise la précision de l'imputation de la séquence et, par conséquent, la précision des analyses associées.
- Un pipeline efficace pour construire des matrices de relations génomiques sur la base des haplotypes pour la prédiction génomique et les analyses d'études d'association à l'échelle du génome. Cela facilitera l'utilisation efficace de modèles basés sur les haplotypes.

AVANTAGES POUR L'INDUSTRIE LAITIÈRE:

Cette activité a permis le développement d'une population de référence de femelles (phénotypées et génotypées pour 50k marqueurs), ce qui a permis l'implantation d'une évaluation génomique en une seule étape pour les nouveaux caractères. Cette technologie offre une meilleure fiabilité quant aux valeurs génomiques de reproduction et permet ainsi une sélection précise même pour les caractères à faible héritabilité.