



# VALORISATION DES RACES BOVINES LOCALES PAR LE SÉQUENÇAGE DU GÉNOME COMPLET : Un outil pour la conservation et l'innovation génétique

Article rédigé par Denis Procureur Direction R&D du SPW-ARNE

Rédaction du 22-08-2025

© COLLÈGE DES PRODUCTEURS.

Dans un contexte de changements climatiques, l'adaptation des animaux d'élevage pourra se faire en jouant sur deux facteurs : l'**environnement et la génétique**. Or, la diversité génétique des races bovines constitue un patrimoine qui, par leur rusticité et leur adaptabilité peut s'avérer intéressant pour l'avenir de l'élevage. Face à l'érosion de cette biodiversité, notamment chez les races locales à petits effectifs, le séquençage complet du génome offre des perspectives prometteuses pour leur préservation et leur valorisation.

## OBJECTIFS ET CONTEXTE

Depuis les années 1960, la spécialisation de l'élevage a entraîné un net recul du nombre de races bovines, avec une concentration sur quelques races à forte productivité. Cette tendance a fragilisé de nombreuses races locales, aujourd'hui maintenues grâce à des programmes de conservation. Dans ce contexte, la diversité génétique représente un levier essentiel pour l'adaptation du cheptel aux changements climatiques et aux futurs enjeux de résilience.



## APPORT DES TECHNOLOGIES DE SÉQUENÇAGE

L'essor des technologies de séquençage du génome entier permet désormais une évaluation fine et accessible des différences génétiques entre races. En analysant l'ADN complet, il devient possible de repérer des gènes d'intérêt liés à des traits de production ou d'adaptation spécifiques.

## CAS D'ÉTUDE COMPARATIVE SUR 21 RACES

Une étude collaborative entre des institutions françaises et l'Université d'Aarhus (Danemark) a permis le séquençage de 195 individus issus de 21 races bovines, dont cinq races françaises à petits effectifs. L'analyse a permis de caractériser la structure génomique et d'identifier les signatures de sélection propres à ces races.

## RÉSULTATS CLÉS

- L'analyse en composantes principales et les analyses de structure ancestrale ont mis en évidence la proximité génétique de certaines races locales avec des races françaises ou européennes historiquement apparentées.
- Des régions génomiques utiles en sélection et des gènes liés à l'immunité, au métabolisme ou à la production ont été identifiés, soulignant les adaptations génétiques uniques de ces races à leurs milieux historiques.

## CONCLUSION

L'approche de séquençage comparatif représente une avancée majeure pour appuyer les décisions en sélection génétique tout en respectant l'identité de chaque race.

Ces travaux ouvrent la voie à une valorisation plus fine du patrimoine des races locales, renforçant ainsi sa pérennité face aux défis environnementaux et sanitaires à venir. De plus, ces informations génétiques constituent un atout pour l'adaptation des bovins au sens large à ces mêmes défis.

Synthèse de l'article Idèle : [https://idele.fr/umt-ebis/publications/detail-article?tx\\_atolidelecontenus\\_publicationdetail%5Baction%5D=showArticle&tx\\_atolidelecontenus\\_publicationdetail%5Bcontroller%5D=Detail&tx\\_atolidelecontenus\\_publicationdetail%5Bpublication%5D=19557&cHash=eb861e63b6541993cad0df2e5de385ac](https://idele.fr/umt-ebis/publications/detail-article?tx_atolidelecontenus_publicationdetail%5Baction%5D=showArticle&tx_atolidelecontenus_publicationdetail%5Bcontroller%5D=Detail&tx_atolidelecontenus_publicationdetail%5Bpublication%5D=19557&cHash=eb861e63b6541993cad0df2e5de385ac)