

Une expérimentation en croisement pour détecter des QTL chez les bovins laitiers

A crossbreeding experiment to detect Quantitative Trait Loci in dairy cattle

H. LARROQUE (1), Y. GALLARD (2), D. BOICHARD (1), J.J. COLLEAU (1)

(1) INRA, Station de Génétique Quantitative et Appliquée, domaine de Vilvert, 78352 Jouy-en-Josas cedex

(2) INRA, domaine expérimental animal du Pin-Au-Haras, 61310 Exmes

INTRODUCTION

Un programme de détection de QTL (Quantitative Trait Loci) a été mis en place sur le domaine expérimental du Pin-Au-Haras afin de détecter les gènes responsables de la variabilité entre les races Prim'Holstein et Normande, notamment pour des caractères difficiles à mesurer en ferme. Nous présentons ici la structure familiale maintenant complète de ce dispositif, les caractères originaux qui y sont mesurés et le pouvoir de détection des QTL que l'on peut attendre d'un tel protocole.

1. MATERIEL ET METHODES

Le schéma initial était un schéma en croisement des deux races sur deux générations. Ce dispositif devait comprendre 10 mâles F0 (5 de chaque race) et 30 femelles F0 (15 de chaque race). Le but était de procréer 10 mâles F1 et 120 femelles F1 (4 par femelle F0), pour obtenir en deuxième génération 600 femelles F2 en première lactation, soit 60 petites filles par mâle F0 en groupes de 5 pleines sœurs.

1.1. LE SYSTEME DE REPRODUCTION

Afin d'atteindre rapidement ces objectifs, le transfert embryonnaire ainsi que le sexage d'une partie des embryons ont été systématiquement utilisés. En moyenne, 40 donneuses ont été collectées 3 fois chaque année. Un tiers des embryons a été transféré en frais, un tiers a été sexé, le dernier tiers a été congelé. La capacité annuelle de la ferme expérimentale est de 220 vêlages et de 120 premières lactations. Afin de gagner du temps, seules les premières lactations sont analysées, et les vaches sont réformées durant la 2^{ème} ou au début de la 3^{ème} lactation.

1.2. LA STRUCTURE FAMILIALE ACTUELLE

L'expérimentation a débuté en 1993 avec le choix des parents F0. Chaque mâle F0 a été accouplé avec 2 à 4 femelles F0. 10 mâles et 70 femelles F1 ont été retenues soit de 1 à 4 femelles F1 par femelle F0. 691 femelles F2 sont nées de 1997 à 2003, et constituent des familles de 3 à 21 pleines sœurs (10 en moyenne), soit 49 à 89 petites filles par mâle F0. En comparaison avec le schéma initial, le nombre de femelles F0 et F1 a été réduit, et la taille des familles de pleines sœurs F2 a elle été augmentée.

2. RESULTATS

2.1. LES CARACTERES MESURES SUR LES F2

La quantité de lait est enregistrée à chaque traite, le TB, le TP, le lactose et les comptages de cellules somatiques sont mesurés une fois par semaine, et les acides gras deux fois durant la lactation. Afin de mesurer l'aptitude fromagère, des camemberts sont fabriqués à partir du lait individuel de chaque vache. Lors de mammite clinique, une description du trayon atteint et une analyse bactériologique sont réalisées et répétées un mois plus tard. Pour mesurer l'aptitude à la traite, des mesures sur les trayons et des paramètres de cinétique d'émission du lait sont enregistrés à différents moments de la lactation. Les UPRA's Prim'Holstein et Normande pointent deux mois après le vêlage les animaux pour 23 caractères de morphologie.

De plus, tous les animaux sont photographiés et leur coloration fait l'objet d'une description. L'aptitude à mobiliser les réserves corporelles est appréciée par un test adrénérurgique, une notation mensuelle de l'état d'engraissement, et 6 composants métaboliques sont analysés 3 fois durant la lactation. Enfin, l'âge à la puberté et la reprise en cyclicité post-partum sont appréciés par le dosage de progestérone tous les 10 jours.

2.2. LE POUVOIR DE DETECTION DES QTL

Le pouvoir de détection des QTL de cette expérimentation a été estimé en simulant un QTL biallélique proche d'un marqueur à n allèles (n=nombre de fondateurs F0) et en combinant plusieurs paramètres : la structure familiale (initiale ou actuelle), l'héritabilité (0,1 ou 0,5), l'effet de substitution du QTL (0,2, 0,3 ou 0,4 écart type phénotypique), et enfin la fréquence de l'allèle favorable dans chaque race (fixé ou non). Les résultats de ces simulations sont présentés au tableau 1, et sont en accord avec ceux de Gomez-Raya et Sehested (1999).

Tableau 1 Pouvoir de détection des QTL (en %) (erreur de première espèce de 0.05)

Effet du gène ¹	Héritabilité	Schéma initial		Schéma actuel	
		Fréquences de l'allèle favorable du QTL ²			
		0,0/1,0	0,3/0,7	0,0/1,0	0,3/0,7
0,2	0,1	24	18	30	22
	0,5	30	22	37	24
0,3	0,1	59	46	71	53
	0,5	72	49	82	55
0,4	0,1	93	80	97	84
	0,5	97	84	99	88

¹ en unité d'écart type phénotypique (σ_p)

² dans la 1^{ère} et dans la 2^{ème} population respectivement

Quand le QTL n'est pas fixé le pouvoir de détection est élevé si l'effet de substitution du QTL est au moins 0,4 σ_p . Quand le QTL est fixé, le pouvoir de détection est élevé pour des effets modérés du QTL (0,3 σ_p). Quand l'héritabilité diminue de 0,5 à 0,1 le pouvoir de détection n'est que légèrement réduit. Dans tous les cas, la structure familiale actuelle permet une puissance de détection plus élevée, ce qui est dû à l'augmentation de taille des familles.

CONCLUSION

Le typage des animaux pour 150 marqueurs microsatellites est en cours de réalisation. Une analyse préliminaire sur 380 premières lactations est prévue en 2004. L'ensemble des données de typage et de performances sera disponible en 2005 ce qui permettra une analyse globale du dispositif. Les QTL détectés responsables des variations entre races seront alors comparés aux QTL détectés intra race pour les caractères classiques (Boichard *et al.*, 2003). Pour les autres caractères, les QTL détectés seront une source précieuse de renseignements sur leur déterminisme génétique.

Boichard, D. *et al.*, 2003. Genet. Sel. Evol., 35(1), 77-101

Gomez-Raya, L., Sehested, E., 1999. Genet. Sel. Evol., 31, 351-374