

PhénoFinLait : un programme national français de détection de QTL et/ou de gènes majeurs affectant la composition fine du lait des ruminants laitiers

PhenoFinLait: a French national project to detect QTL or major genes affecting the fine composition of dairy ruminants' milk

BROCHARD M. (1), FAUCON F. (1,3), BARILLET F. (6), BOLARD M. (10), BRUNSCHWIG P. (1), DUHEM K. (3), EGGEN A. (2), ESVAN S. (1), FERRAND M. (1), FRITZ S. (4), GASTINEL PL. (1), GUERIN J.L. (11), JOURNAUX L. (4), KRYCHOWSKI T. (10), LAGRIFFOUL G. (1), LARROQUE H. (2), LECOMTE C. (5), LERAY O. (9), LEROUX C. (8), LEVERRIER C. (12), MARTIN P. (2), MATTALIA S. (1), MIRANDA G. (2), PALHIÈRE I. (6), PEYRAUD J.-L. (7), BOICHARD D. (2)

(1) Institut de l'Élevage, 149 rue de Bercy, 75595 Paris cedex 12

(2) INRA - Génétique Animale & Biologie Intégrative, Domaine de Vilvert, 78352 Jouy-en-Josas cedex

(3) CNIEL, 42 rue de Châteaudun, 75314 Paris cedex 09

(4) UNCEIA, (5) FCL, (6) INRA-SAGA, (7) INRA UMR-PL, (8) INRA-URH, (9) Actilait, (10) Créavia, (11) Amelis, (12) Lilano

INTRODUCTION

Le lait est un produit complexe constitué de lipides, de protéines, de glucides et de minéraux, dont les teneurs relatives dépendent de facteurs environnementaux (alimentation, conduites d'élevage) et génétiques (espèce, race et génotype de l'animal). Les composants fins du lait, pris individuellement, peuvent avoir des effets bénéfiques ou négatifs sur la santé humaine. Il apparaît donc crucial pour les filières laitières de bien connaître, de qualifier et de maîtriser cette composition. Les acteurs de la profession laitière, de la filière génétique des ruminants et de la recherche-développement ont engagé le programme, *PhénoFinLait*, de phénotypage et génotypage à grande échelle pour la détection et l'utilisation de QTLs (*quantitative trait loci*) régions du génome influençant de manière significative la composition fine des laits des espèces bovine, caprine et ovine. Les caractères considérés sont les acides gras (AG) individuellement et par famille (saturés, insaturés, poly-insaturés, *trans*, etc.) et 12 protéines (caséines, α -lactalbumine, β -lactoglobuline, lactoferrine, sérum albumine, etc.).

1. NOUVEAUX ENJEUX, NOUVEAUX OUTILS

1.1. ANALYSE DE LA COMPOSITION DU LAIT

Une 1^{ère} étape a montré que l'analyse statistique fine des spectres du moyen infra-rouge (MIR), produits en routine lors des analyses du contrôle laitier, permet une estimation précise de la composition fine du lait pour les principaux AG et des ratios d'intérêt nutritionnel : saturés/insaturés, $\omega 6/\omega 3$ (Ferrand *et al.*, 2009). Cette méthode sera appliquée à grande échelle pour le phénotypage des populations étudiées. S'agissant des protéines, la méthode de phénotypage à grande échelle résultera d'un travail préalable de développement d'une méthode de référence qui permettra d'évaluer la faisabilité de prédire à partir de spectres MIR la composition protéique des laits.

1.2. GENOTYPAGES A HAUT DEBIT

Les progrès de la génomique, en particulier, le génotypage à haut débit *via* des puces SNP à haute densité et à un coût accessible, ouvrent de nouvelles perspectives sur lesquelles s'appuie le programme *PhénoFinLait*. Les puces SNP seront choisies en 2010 de façon à bénéficier des dernières avancées technologiques et connaissances scientifiques.

2. PHENOTYPAGE ET GENOTYPAGE

2.1. COLLECTE DE DONNEES EN FERME

La phase de collecte (2009-2010) portera sur 12 000 vaches, 4 000 brebis et 4 000 chèvres représentant 7 races

différentes, 1 500 élevages et 26 départements. Du lait sera prélevé sur chaque individu 4 à 6 fois par lactation pour les analyses spectrales et à chaque fois un relevé très précis de l'alimentation et d'autres facteurs d'élevage sera effectué. En parallèle des échantillons de sang (génotypage) et de lait (études complémentaires) seront prélevés et stockés.

2.2. 14000 ANIMAUX GENOTYPES

En 2011, environ 2/3 des animaux phénotypés seront génotypés sur les puces SNP retenues : de l'ordre de 8 000 bovins, 3 500 caprins et 2 000 ovins. Les animaux seront choisis de façon à maximiser la variabilité phénotypique observée et à optimiser la puissance de détection des QTLs.

3. FACTEURS GENETIQUES ET ENVIRONNEMENTAUX

3.1. ANALYSES DES DONNEES

Des détections de QTLs de liaison (en caprin) ou combinant liaison et déséquilibre de liaison (Meuwissen *et* Goddard, 2000) seront menées conjointement à des analyses des facteurs d'environnement, en particulier du contenu de la ration. Ces analyses incluront l'étude des interactions génotype x milieu.

3.2. VALORISATIONS

Les analyses précédentes permettront de jeter les bases d'une sélection génomique ou assistée par marqueurs portant sur la composition fine du lait (AG et protéines). Elles permettront simultanément d'établir des référentiels et des outils d'appui technique pour conseiller les éleveurs dans le sens d'une valorisation optimale des ressources locales, génétiques et alimentaires, afin de produire des laits adaptés à la demande.

CONCLUSION

Ambitieux par son ampleur et ses objectifs, *PhénoFinLait*, donnera à la fois des éléments aux décideurs des filières laitières pour définir les orientations à privilégier en matière de composition fine du lait, et aux différents acteurs des outils pour qualifier et maîtriser la qualité des laits en agissant sur tous les leviers disponibles.

Soutiens financiers : ANR, Apis-Gène, CASDAR, FranceAgriMer, FGE, Ministère de l'Agriculture et UE.

Ferrand M., Huquet B., Aurel M.-R., Barbey S., Barillet F., Bouvier F., Brochard M., Brunshwig P., Duhem K., Larroque H., Leray O., Peyraud J.-L., 2009 Détermination du profil en acides gras des laits de vache, brebis et chèvre, par spectrométrie moyen infrarouge. 3R 2009, à paraître.
Meuwissen T.H., Goddard M.E., 2000 Genetics 155: 421-430.