

Estimation de paramètres génétiques et recherche de QTL affectant la composition du lait en acides gras dans trois races bovines laitières françaises.

GOVIGNON-GION A. (1), FRITZ S. (2), LARROQUE H. (3), CHANTRY-DARMON C. (4), LAHALLE F. (5,6), BROCHARD M. (5), BOICHARD D. (1)

(1) INRA UMR 1313 GABI, 78 352 Jouy en Josas,

(2) UNCEIA 149 rue de Bercy, 75595 Paris cedex 12,

(3) INRA UR631 SAGA, B.P. 52627, 31326 Castanet Tolosan cedex,

(4) LABOGENA 78 352 Jouy en Josas,

(5) Institut de l'Élevage, 149 rue de Bercy, 75 595 Paris cedex 12,

(6) CNIEL, 42 rue de Chateaudun, 75009 Paris.

Cette étude présente les principaux résultats d'estimation de paramètres génétiques et de détection de QTL obtenus dans le cadre du projet PhenoFinlait sur les caractères de composition en acides gras (AG) du lait dans les trois races bovines Holstein, Montbéliarde et Normande. Les paramètres génétiques sont estimés à partir de 101 858 contrôles élémentaires de 21 947 vaches en première lactation. Chaque contrôle est caractérisé par son profil en AG, estimé par spectrométrie moyen infra rouge. Les paramètres génétiques dépendent beaucoup du mode d'expression des caractères : acides gras exprimés en proportion du lait ou de la matière grasse. Exprimés en teneur dans le lait, les AG saturés (SAT) présentent une héritabilité plus élevée que les insaturés (INSAT) mais l'écart est plus faible quand ils sont exprimés en pourcentage d'AG totaux. Les mesures d'AG sont fortement corrélées entre stades de lactation, à l'exception du premier mois qui apparaît comme un caractère assez différent. Les corrélations génétiques sont positives entre SAT, positives entre INSAT. Entre SAT et INSAT, le signe des corrélations diffère selon le mode d'expression. Les SAT sont très fortement corrélés au taux butyreux du lait. 7500 vaches ont été génotypées avec la puce SNP Bovine 50k Beadchip et 500 autres ont été imputées depuis un génotypage sur la puce SNP bovine 7k, permettant une recherche de QTL par LDLA (analyse combinant liaison intra famille et déséquilibre de liaison). Au total, sur 31 caractères, 544 QTL ont été détectés dans l'ensemble des trois races, soit environ 9 par caractère et par race. Les QTL les plus importants ont été trouvés sur les chromosomes 14 (gène DGAT1), 26 (gène SCD), 13, 16, 17, 19 et 27. Les QTL les plus significatifs sont observés sur le chromosome 5 dans les 3 races, une région non décrite jusqu'à présent. On observe une forte colocalisation de QTL entre caractères, en particulier entre acides gras du même type, reflétant leur origine métabolique commune. Une fraction notable, au moins un tiers, de ces QTL semble partagée entre races. Ces résultats favorables ouvrent la voie à la prise en compte du profil en AG en sélection mais aussi à la recherche des mutations responsables de ces variations.