

# Détection de QTL affectant des caractères d'intérêts pour 2 races caprines françaises

## QTL detection for traits of interests in 2 French dairy goats

MAROTEAU C. (1, 2, 3), PALHIÈRE I. (2), LARROQUE H. (2), CLEMENT V. (4), TOSSER-KLOPP G. (3), RUPP R. (2)

(1) UNCEIA, Service R&D, 149 rue de Bercy, F-75595 Paris, France

(2) INRA, UR631, SAGA, F-31326 Castanet-Tolosan, France

(3) INRA, UMR444 Génétique Cellulaire, F-31326 Castanet-Tolosan, France

(4) Institut de l'Élevage, F-31326 Castanet-Tolosan, France

## INTRODUCTION

Dans la société actuelle, les hommes sont de plus en plus exigeants sur la qualité nutritionnelle de leur alimentation et en particulier sur la matière grasse des aliments. Le programme PhenoFinlait mis en place en 2008 a permis l'analyse des composants fins du lait (acides gras (AG) et protéines) au sein des 3 espèces de ruminants laitiers. L'objectif de la présente étude a été de déterminer des zones chromosomiques contrôlant des caractères d'intérêt pour la filière caprine, ce afin de définir les gènes impliqués.

## 1. MATERIEL ET METHODES

### 1.1. PROTOCOLE PHENOFINLAIT

Pour l'espèce caprine, 71 500 femelles (215 élevages) ont été collectées (de 2 à 6 contrôles par femelle) et 2254 femelles issues de 20 pères (11 en Alpine et 9 en Saanen) d'insémination animale ont ensuite été génotypées à l'aide de la puce caprine 50K SNP d'Illumina. L'ensemble des données issues de ce protocole est complété par celles du système d'information génétique caprin (SIECL). Ceci a permis d'associer les analyses des caractères laitiers et morphologiques disponibles à celle des AG.

### 1.2. ESTIMATION DU PROFIL EN AG

Le profil en AG est prédit à partir d'équations appliquées aux spectres MIR collectés (Ferrand *et al.*, 2011). Sur une soixantaine d'AG prédits par cette méthode; 8 AG individuels, 8 groupes et 2 index ont été sélectionnés pour cette étude. Les AG ont été exprimés dans 2 unités assez différentes dans leur signification et leurs propriétés : en g/100g de lait et en g/100g de MG.

### 1.3. DETECTION DE QTL

La détection de QTL a été effectuée sur 2 246 phénotypes et génotypes avec 49 636 SNP validés (MAF<1%, CF>99%,HWE>5%). Des « Yield deviation » (performances de contrôles élémentaires réalisés entre 30 et 364 jours de lactation corrigées pour les effets fixes) ont été obtenus par évaluation génétique BLUP en modèle animal pour les 57 caractères étudiés (lait, TB, TP, MG, MP, SCC, 11 postes de morphologie et 38 AG). Les analyses ont été réalisées intra race et pour l'ensemble des 2 races en analyse de liaison (LA) et déséquilibre de liaison (LD) à l'aide du logiciel QTLmap (Elsen *et al.*, 1999). Les seuils de détermination ont été corrigés suivant une formule de Bonferroni (Weir, 1990) afin d'éviter les faux positifs.

## 2. RESULTATS ET DISCUSSION

Quatorze régions contrôlant les caractères de production laitière, de morphologie et AG ont été détectées en LA sur les chromosomes 1, 6, 7, 8, 11, 14, 18, 19, 21, 29. Les analyses

LD ont permis d'identifier de nombreuses autres régions (480) tout en confirmant les régions détectées en LA. Des QTL à effet majeur ont été mis en évidence pour les caractères TP et TB sur le CHI6 (région du cluster des caséines) et TB sur le CHI14 (région de DGAT1). Une région de 15Mb sur le CHI19 présente des QTL pour les SCC, en relation avec certains caractères laitiers et de morphologie. Pour les AG, certaines régions déjà bien connues en bovin (Stoop *et al.*, 2009 ; Govignon-Gion *et al.*, 2012) ont été confirmées. C'est le cas par exemple des AG C6 :0 à C16 :0, dans la zone de DGAT1 sur le chromosome 14. Cependant, d'autres régions mises en évidence sur les chromosomes 5, 8, 11 en race Alpine et 24, 25, 28 en race Saanen semblent importantes pour le déterminisme des AG. Parmi les gènes présents dans ces régions, aucun n'apparaît cependant être impliqué de façon évidente dans le déterminisme des acides gras (une cartographie plus précise sera nécessaire).

Une forte colocalisation des QTL entre les différents caractères, et en particulier entre AG, a été mise en évidence. Cela s'explique très probablement par l'existence de voies métaboliques communes et coïncide avec les corrélations génétiques élevées entre certains caractères.

Cependant, les colocalisations entre races sont rares : CHI6 14, et 19 pour les caractères laitiers et de morphologie, 8 pour les AG. Ce manque de QTL communs peut cependant être expliqué par une puissance de détection insuffisante mais aussi par la présence de QTL fixes ou rares dans certaines populations.

## CONCLUSION

De nombreuses zones chromosomiques intervenant dans ces variations ont été mises en évidence. Les régions mises en évidence sont fréquemment pléiotropes, agissant sur plusieurs caractères en particuliers pour les AG issus des mêmes voies métaboliques. Parmi elles, la région du gène DGAT1 présente un fort intérêt et va bénéficier par la suite d'une étude moléculaire (séquençage sur les 20 pères du dispositif et recherche de mutation causale) plus précise.

*Le projet PhenoFinlait est cofinancé par Apis-Gène, l'UE 7<sup>ème</sup> PCRD, le Ministère de l'Agriculture (CASDAR), FranceAgriMer et FGE.*

**Elsen J. M., Mangin B., Goffinet B., Boichard D., Le Roy P. 1999.** Genetics Selection Evolution, 31: 1-12.

**Ferrand M., Huquet B., Bouvier F., Caillat H., Barillet F., Govignon-Gion A., Fritz S., Larroque H., Chantry-Darmon C., Lahalle F., Brochard M., Boichard D. 2012.** 19<sup>ème</sup> Renc. Rech. Rum., Paris, France, Décembre 5-6, 19

**Stoop W. M., Schennink A., Visker M. H. P. W., Mullaart E., van Arendonk J. A. M., Bovenhuis H. 2009.** J. Dairy Sci. 92:4664-4675 2009

**Weir B.S. 1990.** Sinauer Associates, Inc. Publishers.