

# LactoScan : Phénotypage et génotypage pour la détection et l'utilisation de QTL influençant significativement la composition fine des laits bovins et ovins

Présenté par : **Didier Boichard**  
Courriel : didier.boichard@jouy.inra.fr

Compléter ce document avec la police Arial, taille 10, interligne simple

**Titre du projet financé par l'ANR, Coordonnateur et Responsables Scientifiques des équipes impliquées :**

**LactoScan : Phénotypage et génotypage pour la détection et l'utilisation de QTL influençant significativement la composition fine des laits bovins et ovins.** Didier BOICHARD<sup>1</sup>, Mickaël BROCHARD<sup>2</sup>, Patrice MARTIN<sup>1</sup>, Marion FERRAND<sup>2</sup>, Sébastien FRITZ<sup>4</sup>, Laurent JOURNAUX<sup>4</sup>, Hélène LARROQUE<sup>6</sup>, Francis BARILLET<sup>6</sup>, Philippe BRUNSCHWIG<sup>2</sup>, Christophe LECOMTE<sup>5</sup>, Jean-Louis PEYRAUD<sup>7</sup>, Koenraad DUHEM<sup>3</sup>

*Projet soutenu dans le cadre de l'édition 2008 de l'appel à projets GENANIMAL*

*Projet cofinancé par...ApisGene, FranceAgriMer, CASDAR, France Génétique Elevage, Ibisa, Ministère chargé de l'Agriculture*

<sup>1</sup> INRA – UMR1313 Génétique Animale et Biologie Intégrative, Jouy ; <sup>2</sup> Institut de l'Elevage, Paris ; <sup>3</sup> CNIEL, Paris ; <sup>4</sup> Union Nationale des Coopératives d'Elevage et d'Insémination Animale, Paris ; <sup>5</sup> France Conseil en Elevage, Paris ; <sup>6</sup> INRA – UR631 Station d'Amélioration Génétique des Animaux, Toulouse ; <sup>7</sup> INRA – UMR Production du Lait, Rennes

**Mots clefs** : phénotypage, génotypage, lait, acides gras, protéines

## Résumé

*LactoScan*, partie centrale du projet plus large *PhénoFinlait*, vise à analyser les facteurs génétiques et d'environnement affectant la composition fine du lait en matières grasses et protéines dans les trois espèces bovine, ovine et caprine (*LactoScan* ne concernant que les espèces bovine et ovine). Le phénotypage qui doit être applicable à grande échelle repose sur la prédiction de la composition fine du lait en acides gras et protéines à partir de spectres moyen infra rouge (MIR). Dans un premier temps, des formules de prédiction ont été établies à partir d'échantillons caractérisés à la fois par des méthodes de référence et en MIR. Concernant les protéines, aucune méthode de référence n'existait et elle a été développée en combinant chromatographie liquide et spectrométrie de masse. La base de données d'étude a ensuite été constituée à partir de 1500 troupeaux environ. Elle comprend les données spectrales de plus de 100,000 animaux, 8000 enquêtes, 30 000 échantillons de lait, 18000 échantillons de sang. Les principaux facteurs génétiques et d'environnement, en particulier alimentaires, affectant la composition en acides gras ont été identifiés. Environ 8000 bovins et 2000 ovins ont été génotypés à l'aide de puces SNP (50k pour la plupart) et les analyses de détection de QTL et de prédiction génomique sont en cours.

## Principaux résultats obtenus et applications envisageables

\* Une méthode de référence très résolutive d'identification et de dosage des protéines du lait, basée sur la chromatographie liquide couplée à la spectrométrie de masse (LC/MS), a été développée. Elle permet de déterminer avec une grande précision les masses de toutes les molécules en mélange dans un composé (pic issu du fractionnement chromatographique). Les masses ainsi mesurées sont confrontées à des masses théoriques consignées dans une base de données construite dans le cadre du projet. Ces développements, relativement lourds, sont à l'origine d'une méthode dont le déploiement dans les années à venir est envisagé.

\* Des données de référence d'acides gras et de protéines ont été obtenues pour plusieurs centaines d'échantillons bovins et ovins. Ces jeux de données ont permis le développement de formules de prédictions des acides gras et des protéines à partir des spectres MIR. Ces équations sont très précises pour une large gamme d'acides gras mais de précision moyenne pour les protéines individuelles. Le déploiement des équations est en cours dans l'objectif de donner accès aux utilisateurs des laboratoires français à l'analyse de la composition fine en routine.

\* Une base de données et de tissus issus de la collecte de l'ensemble des données (spectres MIR, échantillons de sang et de lait et enquêtes dans les troupeaux) a été construite, grâce à la mobilisation de nombreux partenaires de terrain. 4 à 6 mesures sont disponibles par femelle, en moyenne. A partir des spectres, mais aussi de procédures de calibration à

l'aide de laits témoins, les acides gras et protéines ont été prédits pour l'ensemble de la base de données, au moyen des formules développées.

\* Des analyses des facteurs de variation génétiques et d'environnement ont été réalisées, confirmant l'influence majeure du régime alimentaire mais montrant aussi que les concentrations en acides gras sont relativement héritables (0,20 à 0,30 par contrôle). Les corrélations génétiques estimées sont comparables entre races et espèces et reflètent bien les voies métaboliques impliquées. A partir des résultats issus de l'analyse de l'influence de l'alimentation, en 2012 est engagé un travail pour proposer et diffuser des outils complémentaires d'appui technique en élevage permettant une meilleure maîtrise de la qualité du lait produit.

\* 8000 bovins et 2000 ovins ont été génotypés par Labogena avec des puces pangénomiques, de 50 000 SNP (sauf 500 bovins génotypés avec une puce générique de 7000 SNP disponible fin 2011, et imputés vers la plus haute densité). A ce jour, la base de données est complète et les analyses de détection de QTL ont commencé mais sont loin d'être achevées. Ce retard a justifié la demande de prolongation du projet d'une année.

## **Perspectives**

L'objectif immédiat est de finaliser l'ensemble des analyses de détection de QTL, pour les nombreux caractères d'acides gras et de protéines, dans les deux espèces et les différentes races. Cet échantillon constituera également une première population de référence pour étudier la faisabilité d'une prédiction génomique de la valeur génétique des animaux sur ces caractères de composition fine du lait.

En parallèle, cette base de données permettra l'élaboration de recommandations sur les pratiques pour une bonne maîtrise de la composition fine du lait.

Enfin, compte tenu de la gamme de variations des milieux et de la diversité génétique analysée, elle devrait permettre l'abord de l'étude des interactions entre génotypes et milieux, tant à l'échelle du génome complet que des principaux QTL.

Des projets de valorisations complémentaires de la base de données et des échantillons de lait sont prévus ou en réflexion : minéraux, calcium en particulier, suivi de la composition des laits à l'échelle de bassins de collecte, utilisation des données spectrales dans d'autres démarches de phénotypage haut-débit...

## **Publications issues des travaux soutenus dans le cadre du projet ANR**

Les valorisations scientifiques sont encore réduites car très dépendantes des génotypages. Pour l'instant, nous avons publié les équations de prédiction MIR des acides gras et des protéines (article A) ainsi que les premiers résultats de paramètres génétiques des acides gras (en congrès). Nous programmons la plupart des valorisations, tant sur la méthode de référence des protéines que sur les détections de QTL pour 2012. La base de données de masses des protéines a été déposée auprès de l'APP (Agence pour la Protection des Programmes).