

Mise en évidence d'un gène majeur influençant le débit de traite des chèvres

P. LE ROY (1), J.M. ELSEN (2), G. RICORDEAU (2), J. BOUILLON (3),
E. MANFREDI (2), P. CHASTIN (2), F. MONOD (3)

(1) INRA, Station de Génétique Quantitative et Appliquée, 78352 Jouy en Josas Cedex

(2) INRA, Station d'Amélioration Génétique des Animaux, BP27, 31326 Castanet Tolosan Cedex

(3) Station de Testage Caprin, Moissac, 48110 Sainte Croix Vallée Française

A partir de données expérimentales recueillies à la station de Moissac entre 1980 et 1995, le déterminisme génétique du débit de traite chez la chèvre est étudié. L'échantillon concerne un effectif de 1139 chèvres Saanen, Alpine ou croisées, issues de 65 pères et 641 mères. Par des méthodes d'analyse de ségrégation, l'existence d'un gène à effet majeur sur la variable quantité de lait obtenue au cours de la première minute de traite est confirmée. La différence entre les valeurs moyennes caractérisant les homozygotes à haut débit *hdhd* et les homozygotes normales ++ est de l'ordre de 3 écarts types phénotypiques, l'hétérozygote étant intermédiaire. L'héritabilité résiduelle est estimée à 0,25.

Evidence for a major gene influencing milk flow in goats

P. LE ROY (1), J.M. ELSEN (2), G. RICORDEAU (2), J. BOUILLON, E. MANFREDI (2), P. CHASTIN (2), F. MONOD

(2) INRA, Station d'Amélioration Génétique des Animaux, BP27, 31326 Castanet Tolosan Cedex.

The inheritance of milk flow in goat was studied using data recorded in the progeny test station of Moissac between 1980 and 1995. The sample included 1139 goats, Saanen, Alpine or crossbred, born from 65 sires and 641 dams. Using segregation analysis methods, the existence of a major gene influencing milk flow (milk quantity produced during the first minute of milking) was confirmed. The difference between the means of *hdhd* high milk flow and ++ normal goats was about 3 standard deviations, heterozygotes being intermediate. The residual heritability was estimated to be 0.25.

INTRODUCTION

Depuis 1968, les filles des boucs en testage à la Station de Moissac (Lozère) font l'objet de mesures systématiques sur leur vitesse de traite (quantité de lait rapportée à la durée de la traite jusqu'en 1979, obtenue au cours de la 1ère minute de traite depuis 1980). Les données ainsi acquises ont tout d'abord permis de montrer que, comme chez les bovins, l'héritabilité du débit de traite chez la chèvre est forte (0,46 à 0,64) (Bouillon et Ricordeau, 1981). L'hétérogénéité des distributions intra famille a ensuite conduit à envisager l'existence d'un gène à effet majeur sur ce caractère. Des tests statistiques ont permis de retenir l'hypothèse d'un déterminisme mixte du débit de traite sous laquelle 2 allèles, l'un favorable noté *hd* et l'autre normal noté +, seraient en ségrégation en un locus majeur (Ricordeau et al, 1989 ; 1990). La différence entre les valeurs moyennes des homozygotes a été estimée à 2,5 écarts types phénotypiques, l'hétérozygote se rapprochant de l'homozygote défavorable. L'héritabilité polygénique résiduelle a été estimée voisine de 0,48. Cette communication présente les résultats obtenus lors de nouvelles analyses qui concernent un effectif de chèvres beaucoup plus important, 6 campagnes de mesures supplémentaires étant aujourd'hui disponibles.

1. MATÉRIEL ET MÉTHODES

1.1. ANIMAUX ET CARACTÈRE

L'échantillon analysé concerne les chèvres, nées à la Station de Moissac entre 1979 et 1994, et contrôlées pour le débit 1ère minute de traite au cours de 16 campagnes de lactation de 1980 à 1995. Seules les familles où au moins 10 demi-soeurs de père ont été mesurées ont été retenues pour l'étude, d'où un effectif de 1139 filles, issues de 65 pères et 641 mères. Parmi ces dernières, 327 sont également présentes en tant que fille, d'où un effectif total de 1518 animaux (65 pères, 314 mères et 1139 filles) dont 1385 chèvres contrôlées pour le débit de traite (2762 lactations enregistrées). Jusqu'en 1985, les pères utilisés à Moissac étaient des boucs en testage, de race Saanen ou Alpine, sélectionnés sur les indices quantité et taux de protéines de leurs parents, et contrôlés sur leur aptitude à la reproduction dans des centres d'insémination artificielle. Depuis 1986, les pères sont des boucs améliorateurs d'insémination artificielle, ou des fils d'améliorateurs utilisés en monte naturelle, tous ces mâles étant de race Alpine. Le troupeau de la station est fermé sur la voie femelle. La 1ère mise bas a lieu à 13 mois, la 2ème à 2 ans, la 3ème à 3 ans, etc ... de sorte que l'âge en années équivaut au numéro de lactation. Le débit de lait au cours de la 1ère minute de traite (en l/min) est mesuré à la traite du matin, 2 ou 3 fois entre le 2ème et le 4ème mois de lactation, le caractère considéré ici étant la moyenne des mesures à une même lactation. Les machines à traire, de marque Alfa-Laval, sont utilisées avec un rapport de pulsations de 2/1, une vitesse de 60 (1980) ou 90 pulsations (1981-1995) par minute et un vide de 28 (1980), 33 (1981-1982) ou 35 (1983-1995) cm de mercure. Le débit de lait est estimé par la quantité de lait, obtenue après 1 minute de traite, qui est mesurée avec un milkoscope (1980-1984) ou un true-test (1985-1995), l'erreur de mesure étant de ± 100 ml.

1.2. MÉTHODES

1.2.1. Estimation de l'héritabilité

L'héritabilité du débit de traite a tout d'abord été estimée en appliquant une méthode REML modèle animal (Bidanel, 1995) qui permet la prise en compte de toute l'information disponible quant à la généalogie des animaux considérés. Ainsi, le fichier généalogique, construit en remontant sur 6 générations le pedigree des 1139 chèvres, concerne 1921 animaux. Parmi ceux-ci, 1435 femelles ont de 1 à 8 performances enregistrées, d'où un échantillon de 2904 mesures de débit.

Le modèle d'analyse utilisé prend en compte l'effet fixé du numéro de lactation (1ère, 2ème ou 3ème et supérieure) considéré intra campagne (16 campagnes de 1980 à 1995). Cet effet combiné comprend 41 niveaux, les 3 niveaux de lactation n'étant pas obligatoirement présents à toutes les campagnes. Deux effets aléatoires sont considérés dans le modèle : l'environnement commun aux différentes lactations d'une même chèvre et la valeur génétique additive de l'animal. Les calculs ont été réalisés avec le programme VCE (Groeneveld, 1993) en utilisant un algorithme de maximisation de la vraisemblance du type quasi-Newton (UNCMIN).

1.2.2. Analyse de ségrégation

Pour tester l'hypothèse de l'existence d'un gène à effet majeur sur le débit de traite, une analyse de ségrégation a été réalisée (Elston, 1989). La démarche adoptée repose sur l'élaboration de modèles, incluant des facteurs génétiques et environnementaux, permettant de décrire différentes hypothèses de transmission génétique du caractère. Celles-ci peuvent ensuite être comparées, en utilisant des techniques de maximum de vraisemblance, pour retenir le modèle génétique expliquant le mieux les distributions familiales observées (Le Roy, 1992). Dans le cas présent, nous avons comparé 2 hypothèses d'héritabilité du débit de traite : déterminisme polygénique (H_0) et déterminisme mixte (H_1) qui suppose l'existence d'un gène majeur parmi les gènes influençant le caractère (voir la présentation détaillée dans Ricordeau et al, 1989).

La distribution observée pour le débit est fortement dissymétrique, ce qui est compatible avec l'hypothèse d'un gène majeur, mais peut aussi être dû à la nature même de la mesure. L'analyse réalisée a donc pris en compte cette source d'erreur afin de garantir la robustesse du test statistique (transformation de Box-Cox). Le calcul exact de la vraisemblance de l'échantillon sous l'hypothèse H_1 est numériquement impossible, le pedigree étant beaucoup trop complexe. Nous avons donc considéré que la population étudiée avait une structure hiérarchique, une même femelle accouplée à 2 mâles différents étant représentée comme 2 mères différentes. L'échantillon est alors un ensemble de 65 familles de pères considérées indépendantes entre elles, les reproducteurs mâles et femelles étant supposées non apparentés. Afin de réduire les temps de calcul, les données ont été corrigées a priori pour l'effet campagne-numéro de lactation défini plus haut (procédure SAS-GLM), ces effets fixés ayant été estimés sur l'ensemble des données disponibles (3553 lactations).

2. RÉSULTATS, DISCUSSION

2.1. PARAMÈTRES GÉNÉTIQUES

L'héritabilité du débit de traite est estimée à 0,659 et sa répétabilité à 0,831. Ces valeurs sont plus faibles que celles obtenues

nues dans l'étude précédente (Ricordeau et al., 1990) qui avait été réalisée avec un «modèle père». Le «modèle animal», prenant en compte l'ensemble des relations de parenté entre les animaux du pedigree ainsi que leur taux de consanguinité, permet d'obtenir ici des estimations sans doute plus fiables car son application ne nécessite pas d'hypothèses simplificatrices sur la structure des familles. Il faut toutefois noter que ces estimations de la part génétique du déterminisme du débit de traite demeurent extrêmement élevées.

2.2. VÉRIFICATION DE L'HYPOTHÈSE GÈNE MAJEUR

L'analyse de ségrégation appliquée nous conduit à rejeter l'hypothèse d'un déterminisme polygénique du débit de traite et, par suite, à accepter celle de l'existence d'un gène à effet majeur sur ce caractère. Les moyennes générale (hypothèse polygénique) ou intra-génotype (hypothèse mixte), concernant la variable précorrigeée pour les effets fixés, sont données au tableau 1. L'analyse de ségrégation ayant été réalisée sur un sous ensemble de données, la moyenne générale est légèrement différente de 0. La différence entre les valeurs moyennes caractérisant les homozygotes *hdhd* et ++ est de l'ordre de 3 écarts types phénotypiques, l'hétérozygote étant intermédiaire entre les homozygotes. Intra-génotype au locus majeur, l'héritabilité est estimée à 0,25 et la répétabilité à 0,60.

La fréquence de l'allèle *hd* est de 0,22 dans la population de reproducteurs considérée ici. L'hypothèse d'équilibre de Hardy Weinberg (fréquences génotypiques égales à $f(hd)^2$, $2f(hd)f(+)$ et $f(+)^2$) a été testée contre l'hypothèse générale de 3 fréquences génotypiques quelconques. Le très faible rapport de vraisemblance obtenu (0,67 pour 1 ddl) montre que les fréquences génotypiques estimées ne sont pas significativement différentes de celles attendues sous l'hypothèse d'équilibre de Hardy Weinberg. Il semble donc que la sélection et les accouplements aient été faits indépendamment du génotype en ce locus majeur. Le gène majeur explique 72% de la variance génétique totale.

La figure 1 donne une représentation de la distribution théorique, obtenue à partir des paramètres estimés (tableau 1), expliquant le mieux les observations. Une analyse sans transformation des données a également été réalisée. Le rapport de vraisemblance calculé est beaucoup plus élevé ($l=138$), ainsi que l'écart entre moyennes des génotypes homozygotes (4 écarts types), les estimations

obtenues pour les autres paramètres étant très proches. Ces résultats confirment donc l'existence du gène, tout en donnant des estimations des paramètres légèrement différentes de celles présentées par Ricordeau et al (1989), notamment pour l'héritabilité résiduelle alors estimée à 0,48.

Bien que tous les boucs utilisés depuis une dizaine d'années soient de race Alpine, la coexistence de plusieurs types raciaux (Alpin, Saanen et croisé) dans les premières années du protocole peut être une source de biais. A l'inverse, l'observation de la ségrégation du gène est peut être facilitée par des différences de fréquences alléliques dans les 2 races pures. Il conviendra donc de vérifier ces résultats sur une population de race pure ou dont les types génétiques seront parfaitement identifiés.

CONCLUSION, PERSPECTIVES

La vitesse de traite des chèvres intéresse les éleveurs car la traite représente environ 50 % du temps de travail annuel de l'atelier caprin. Rappelons que, face à l'évolution des marchés, les éleveurs caprins cherchent à maximiser leurs résultats économiques en augmentant la taille des troupeaux tout en limitant les charges fixes. Ainsi, le nombre de chèvres par élevage en contrôle laitier est passé de 64 chèvres en 1982 à 107 en 1994. En outre, plus d'un tiers de la transformation fromagère est réalisée en ferme ce qui permet une meilleure valorisation de la matière première mais nécessite une gestion du temps de travail très rigoureuse pour assurer les activités dans la chevrerie, la fromagerie et la commercialisation des fromages.

Si le temps total de traite mérite d'être maîtrisé, il est aussi important de considérer l'hétérogénéité de la vitesse de traite des chèvres qui peut varier du simple au triple. Cette variabilité peut entraîner de phénomènes de sous ou sur-traitte, en particulier dans les systèmes de traite rotatifs, avec des conséquences sur l'efficacité de l'extraction du lait et sur la santé des animaux.

Ainsi, différentes actions ont d'ores et déjà été menées afin de caractériser les boucs d'insémination artificielle pour le débit de traite, bien que ce caractère ne fasse pas partie des critères de sélection à l'heure actuelle. En effet, avant d'introduire la vitesse de traite dans l'objectif global du schéma collectif de sélection, il est nécessaire d'approfondir les connaissances sur la variabilité génétique de ce

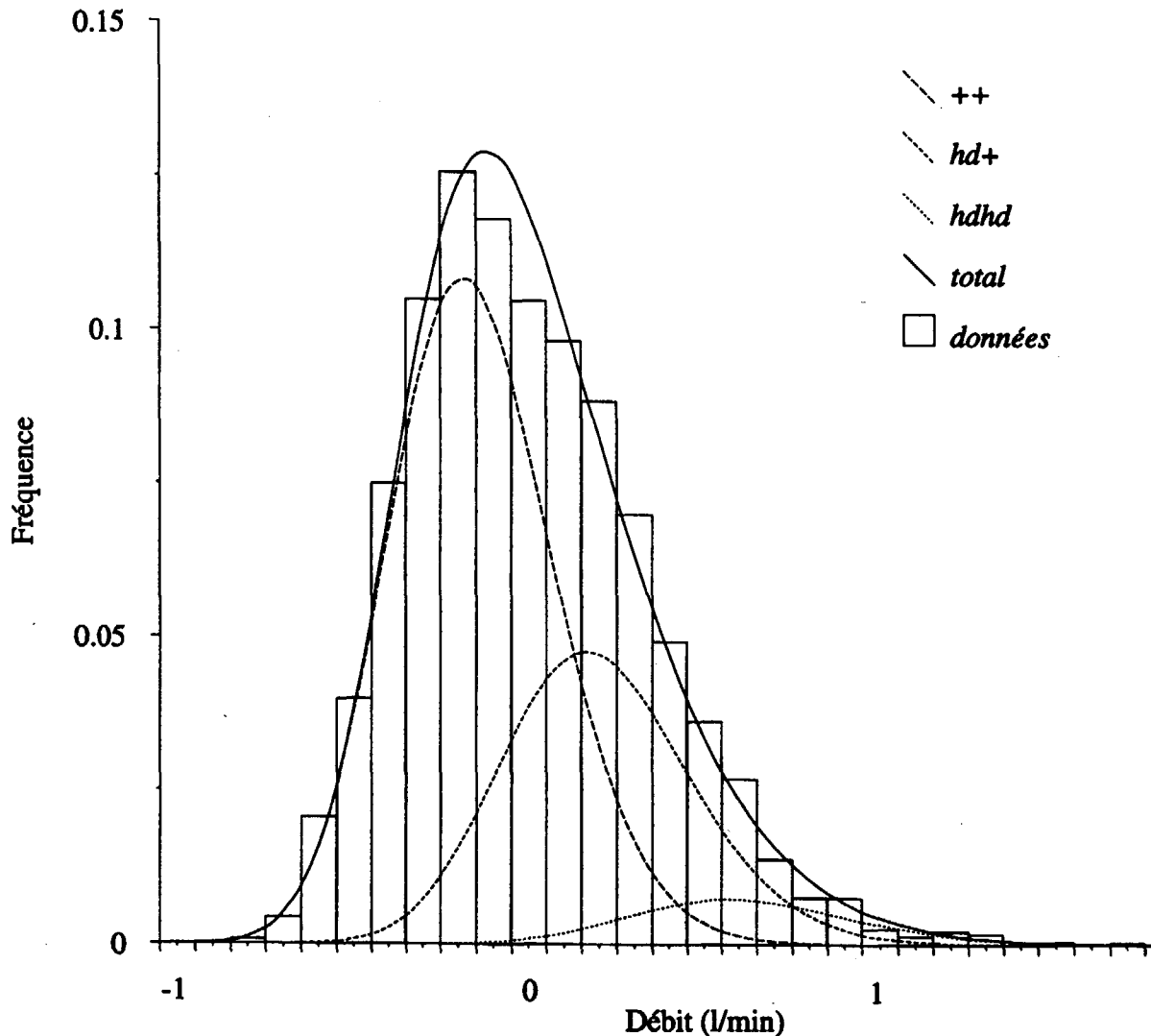
Tableau 1
Estimation des paramètres par l'analyse de ségrégation.

Paramètres	Hypothèse polygénique	Hypothèse mixte (1)
héritabilité polygénique	0,54	0,25
répétabilité	0,77	0,60
écart type phénotypique (2)	0,32	0,25
moyenne générale (<i>U</i> min)	-0,022	
moyenne des <i>hdhd</i> (<i>U</i> min)		0,490
moyenne des <i>hd+</i> (<i>U</i> min)		0,180
moyenne des ++ (<i>U</i> min)		-0,177
fréquence des <i>hdhd</i>		0,057
fréquence des <i>hd+</i>		0,315
fréquence des ++		0,628
Rapport de vraisemblance $l = 46,7$ (**)		
(1): <i>hd</i> et + sont les 2 allèles en ségrégation au locus majeur		
(2): intra génotype sous H1		

critère, et notamment d'évaluer d'éventuels effets défavorables de l'allèle *hd* sur les caractères d'intérêt économique. Le protocole de la station de Moissac devrait permettre d'avancer sur ce point. Il prévoit, en premier lieu, d'affiner la mesure de la vitesse de traite, grâce à l'utilisation d'éprouvettes automatiques qui permettront l'étude de la cinétique de l'émission du lait et de son interaction avec les paramètres de la machine à traire. Par ailleurs, l'incorpo-

ration de nouvelles mesures dans le protocole de la station (comptages cellulaires, caractéristiques anatomiques des mamelles, dosages hormonaux) permettra l'estimation de corrélations génétiques encore inconnues, ainsi que l'exploration de polymorphismes pour d'éventuels gènes candidats. Enfin, ce protocole produira des familles de référence informatives pour la recherche d'un marqueur moléculaire du gène majeur.

Figure 1 : distribution des valeurs de débit observées (données) et adéquation avec le modèle mixte retenu (distribution intra-génotype et résultante)



RÉFÉRENCES

BIDANEL J.P., 1994. Séminaire modèle animal, J.L. Foulley, M. Molénat (eds), La Colle sur Loup, France, 26-29 septembre 1994, 25-36.

BOUILLON J., RICORDEAU G., 1981. 6^{èmes} Journées de la Recherche Ovine et Caprine, INRA-ITOVIC (eds), 91-98.

ELSTON R.C., 1989. 40^{ème} réunion annuelle de la FEZ, Dublin, Irlande, 27-31 août 1989, Communication n° G2.1, vol. I, 55-56 (résumé).

GROENEVELD E., 1993. Proc. EC seminar on application of mixed linear models in the prediction of genetic merit in pigs, E. Groeneveld (ed), 83-102.

LE ROY P., 1992. INRA Prod. Anim., hors série "Éléments de génétique quantitative et application aux populations animales", 93-99.

RICORDEAU G., BOUILLON J., LE ROY P., ELSEN J.M., 1989. 4th Intern. Symposium on machine milking of small ruminant, Tel Aviv, Israël, 13-19 Septembre 1989.

RICORDEAU G., BOUILLON J., LE ROY P., ELSEN J.M., 1990. INRA Prod. Anim., 3 (2), 121-126.