

Recherche d'une association entre le gène Blad et les caractères de production et de conformation chez les bovins Holstein

Investigation on possible linkage between the Blad gene and a quantitative trait locus for production or type in Holstein cattle

D. BOICHARD (1), Y. AMIGUES (2)

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

(2) INRA, Labogéna, 78352 Jouy-en-Josas Cedex

Une association entre le gène de l'anomalie Blad et cinq caractères laitiers, la vitesse de traite, et 16 caractères de morphologie relatifs à la mamelle, le format, le bassin, les membres et la note globale, est recherchée à l'aide d'un dispositif 'petites-filles' impliquant 620 taureaux d'insémination artificielles de race Holstein. Un dispositif 'petites-filles' implique trois générations (père à taureaux, fils d'insémination artificielle, petites-filles mesurée pour divers caractères) et vise à rechercher une association entre l'allèle marqueur transmis par le père à ses fils et la valeur génétique des fils, estimées sur descendance à l'aide des performances des petites-filles.

Les taureaux appartiennent à cinq familles de 185, 54, 89, 265 et 27 demi-frères, issues de cinq pères hétérozygotes BL TL au locus Blad. Ils sont testés sur descendance avec 81 filles en moyenne pour les caractères laitiers et 61 filles pour les caractères de morphologie. 379 d'entre eux sont typés au locus Blad et 50,4% sont hétérozygotes, ce qui est en accord avec une transmission mendélienne et une fréquence très faible dans la population des mères à taureaux.

Les performances laitières considérées sont les moyennes de performances des filles, ajustées pour les effets de milieu et la valeur génétique de leur mère, ces corrections étant estimées au traitement 95/2 du système national d'évaluation génétique basé sur un Modèle Animal.

Pour la morphologie, les performances sont les index officiels 95/2 dérégressés, et sont une bonne approximation de la moyenne de performances corrigées des filles.

Ces performances sont analysées par maximum de vraisemblance, méthode qui permet de prendre en compte aussi les données des taureaux non typés. En plus des effets du père et de l'allèle BL ou TL transmis, le modèle d'analyse inclut aussi les effets de l'année de naissance et de l'unité de sélection propriétaire du taureau, pour prendre en compte au mieux la politique de sélection des mères à taureau.

Ce dispositif permet de détecter avec une puissance de 90% tout effet d'au moins 0,3 écart type génétique (soit par exemple 180 kg de lait, 0,4 g/kg de taux protéique, ou 0,3 point de morphologie) avec un risque d'erreur de moins de 1%. Au risque de 5%, aucune association significative entre génotype Blad et performance n'est détectée, les effets estimés étant au moins inférieurs de moitié au minimum détectable. Aucune liaison ne peut donc expliquer la diffusion de l'allèle muté BL dont l'augmentation de fréquence (6% en 1992 contre moins de 1% en 1987) est très vraisemblablement due à la dérive génétique, c'est-à-dire au hasard, du fait que par malchance, quelques taureaux très utilisés étaient porteurs.