

Détection de gènes influençant les caractères d'importance économique en races bovines Prim'Holstein, Normande et Montbéliarde

D. BOICHARD (1), C. GROHS (2), F. BOURGEOIS (3), F. CERQUEIRA (3), R. FAUGERAS (3), A. NEAU (4), D. MILAN (5), R. RUPP (1), Y. AMIGUES (3), M.-Y. BOSCHER (3), H. LEVEZIEL (2)

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

(2) INRA, Laboratoire de Génétique Biochimique et de Cytogénétique, 78352 Jouy-en-Josas cedex

(3) GIE LABOGENA, 78352 Jouy-en-Josas cedex

(4) INRA, Département de Génétique Animale, 78352 Jouy-en-Josas cedex

(5) INRA, Laboratoire de Génétique Cellulaire, 31326 Castanet cedex

RESUME – Un programme de détection de QTL chez les bovins laitiers est conduit en collaboration entre l'INRA et l'UNCEIA dans les races Prim'Holstein, Normande et Montbéliarde. Il implique 1 554 taureaux d'insémination artificielle fils de 14 pères et indexés sur descendance pour 24 caractères de production laitière, conformation, fertilité, résistance aux mammites et facilité de traite. Ces taureaux sont génotypés pour 169 marqueurs, dont 157 microsatellites, répartis sur tout le génome. Les variables analysées sont les performances moyennes des petites-filles, corrigées pour les principaux facteurs de variation indépendants de leur père. La recherche de QTL est réalisée par régression linéaire intra père de ces performances sur la probabilité que le fils ait reçu l'un ou l'autre allèle du QTL de son père, conditionnellement à l'information marqueurs. Des QTL sont détectés pour chaque caractère, y compris pour les caractères peu héréditaires. L'effet de substitution allélique est compris entre 0,6 et 1 écart type génétique. Une minorité de pères (entre 1 et 5 seulement sur 14) apparaissent hétérozygotes pour chaque QTL identifié. La localisation des QTL reste peu précise, l'intervalle de confiance étant toujours supérieur à 20 cM. Ce travail confirme certains QTL déjà publiés, par exemple sur les chromosomes 6, 7, 14, 20 et 26 pour les caractères de production, mais la plupart sont originaux, en particulier pour les caractères autres que la production. Ces résultats permettent d'envisager la mise en place prochaine d'une sélection assistée par marqueurs des reproducteurs laitiers.

Detection of genes influencing economic traits in Prim'Holstein, Normande, and Montbéliarde dairy cattle breeds

D. BOICHARD, C. GROHS, F. BOURGEOIS, F. CERQUEIRA, R. FAUGERAS, A. NEAU, D. MILAN, R. RUPP, Y. AMIGUES, M.-Y. BOSCHER, H. LEVEZIEL

INRA, Station de Génétique Quantitative et Appliquée, 78352 Jouy-en-Josas cedex

SUMMARY – A project of QTL detection has been carried out jointly by INRA and UNCEIA in the Prim'Holstein, Normande, and Montbéliarde dairy cattle breeds. This design included 1 554 French artificial insemination bulls distributed in 14 sire families and evaluated after a progeny-test for 24 traits (production, milk composition, type, fertility, mastitis resistance, and milking ease). These bulls were also genotyped for 169 genetic markers, mostly microsatellites, spanning the whole genome. Dependent variables were 'daughter yield deviation' (DYD), i.e. average daughter performances adjusted for environmental effects and breeding value of the mate. QTLs were analyzed by within-sire linear regression of these DYDs on the probability that the son receives one or the other paternal QTL allele, given the marker information. QTLs were detected for all traits, including those with a low heritability. Substitution effects ranged from 0.6 to 1.0 genetic standard deviation. For a given QTL, only 1 to 5 sires out of 14 were found to be heterozygous with two alleles of very different effects. The confidence interval of the estimated QTL locations were quite large and always greater than 20 cM. This experiment confirmed several already published QTLs, for instance on chromosomes 6, 7, 14, 20, and 26 for production, but most of them were original, particularly for non-production traits. This study paves the way to marker-assisted selection in dairy cattle which is planned to be implemented in the near future.

INTRODUCTION

Jusqu'à présent, la sélection bovine laitière, comme dans la plupart des espèces, a été basée sur des index de valeur génétique estimés à partir des performances phénotypiques et des généalogies. Le modèle mathématique sous-jacent s'intéresse à la valeur globale du génome d'un individu et à ses lois statistiques de transmission. Il postule simplement que le nombre de gènes impliqués est relativement important mais il ne nécessite en aucun cas de les connaître. Bien que ce modèle mathématique soit sans doute très différent de la réalité biologique, cette méthode a montré qu'elle était robuste au non-respect de cette hypothèse. Elle a permis une sélection efficace des populations, alors que la plupart des gènes impliqués dans le déterminisme des caractères d'intérêt sont toujours inconnus, de même que leur nombre.

Cependant, il est vraisemblable que le déterminisme génétique d'un caractère complexe comme la production, la conformation, la fertilité ou la résistance aux maladies, dépende à la fois d'un grand nombre de gènes à petits effets (appelés polygènes) et de quelques gènes à effets plus importants. La connaissance de ces gènes à gros effets permettrait d'améliorer l'efficacité de la sélection.

L'espérance de gain est importante surtout quand la mesure du caractère phénotypique est limitante. De ce point de vue, les bovins laitiers constituent une population candidate intéressante et ce, pour plusieurs raisons : (a) les caractères les plus importants ne sont exprimés que chez la femelle, ce qui nécessite une phase de testage des mâles sur descendance à la fois longue (5 ans) et coûteuse (300 kF par taureau testé) ; (b) les mères des taureaux sont sélectionnées de plus en plus jeunes, à un stade où l'information phénotypique est limitée, voire inexistante ; (c) l'objectif de sélection inclut maintenant des caractères peu héréditaires comme la résistance aux mammites, la fertilité ou la qualité des membres, qui sont difficiles à sélectionner avec les méthodes classiques, faute d'une précision suffisante des index.

Au cours des années 1990, la génétique moléculaire et ses applications aux espèces d'élevage ont fait d'énormes progrès. On dispose actuellement d'une carte génétique de marqueurs relativement dense, permettant la recherche systématique des gènes d'intérêt (ou QTL, pour quantitative trait locus).

Cette étude présente les résultats d'un programme de détection de QTL dans les trois principales races bovines laitières françaises, réalisé par l'INRA en collaboration avec l'UNCEIA et ses coopératives membres.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. RAPPEL DU PRINCIPE

La détection de QTL par des marqueurs (Boichard et al, 1995, 1998) repose sur la recherche d'une association intra famille entre la transmission d'un allèle du marqueur chez les descendants d'un reproducteur et le niveau de performance de ces descendants. La condition première est que le reproducteur soit hétérozygote pour le marqueur et pour le QTL. Autrement dit, d'une part, il porte deux copies distinctes du QTL, Q avec un effet positif et q avec un effet négatif, et la différence entre les descendants ayant reçu Q et q est de a. D'autre part, il porte deux copies distinctes et discernables M et m du marqueur. Si M est associé à Q sur le même chromosome du parent, et m à q sur le chromosome homologue, les descendants peuvent être classés en deux groupes, ceux ayant reçu M et ceux ayant reçu m, et la différence de performance entre ces deux groupes est a (1-2r), r étant le taux de recombinaison entre le marqueur et le QTL.

Le principe de la détection de QTL est donc de comparer intra père les deux groupes de descendants ayant reçu l'un ou l'autre allèle marqueur du père.

Chez les bovins laitiers, le protocole de choix est le protocole dit « petites-filles » (Weller et al, 1990). Dans ce dispositif, la performance du fils est son index ou, mieux, la moyenne de performance de ses petites-filles. Le protocole comprend donc trois générations, les pères, leurs fils et leurs petites-filles. Seuls les pères et les fils sont génotypés, tandis que les petites-

filles sont mesurées pour les caractères analysés. L'intérêt principal de cette méthode réside dans la forte réduction de la variance résiduelle de la variable analysée, et donc dans une meilleure puissance de détection pour une taille de famille et un nombre de typages donnés.

Dans un dispositif « petites-filles », la puissance dépend du nombre de familles (si possible supérieur à 10), du nombre de fils par père (si possible supérieur à 60), et du nombre de petites-filles par fils (supérieur à 30-100 selon l'hérédité du caractère).

1.2. MATÉRIEL ANIMAL

Le dispositif mis en place comprend les 14 familles décrites au tableau 1, dont 9 en race Holstein, 3 en race Normande et 2 en race Montbéliarde. Ces familles ont chacune un impact considérable dans leur race respective. L'effectif total de fils est de 1 554, soit une moyenne de 111 par famille. La taille des familles varie de 59 à 232. Les fils sont relativement récents puisqu'ils sont nés entre 1988 et 1992.

Tableau 1
Familles analysées

Race	Père
Holstein	Blackstar, Ugela Bell, Leadman, Micheal Cleitus, Secret, Ned Boy, Southwind, Jesse
Normande	Talbot, Sahara, Rivage
Montbéliarde	Tibet, Tartars

Pour disposer de l'ADN de l'ensemble des taureaux impliqués dans le dispositif, une banque de semence a été mise en place à l'INRA en 1993. Cette banque est alimentée chaque année par les unités de sélection volontaires, qui envoient 25 à 50 doses de leurs taureaux mis en testage. A ce jour, elle comprend des doses de plus de 8 500 taureaux laitiers, avec un excellent niveau d'exhaustivité pour les cohortes nées depuis 1986.

Ces taureaux ont été évalués sur descendance, avec 80 filles en moyenne, pour 24 caractères de production [quantités de lait (lait), de matière grasse (qmg), de matière protéique (qmp), taux butyreux (tb), taux protéique (tp), de résistance aux mammites (cell), de fertilité femelle (fer), de facilité de traite (vtr), de conformation de la mamelle [profondeur du sillon ou ligament (psil), distance plancher jarret (dplj), équilibre (eqaa), écart latéral (ecla), implantation (impl), écart avant (ecav), longueur des trayons (lgtr), attache avant (atta), hauteur de l'attache arrière (hata), de format hauteur au sacrum (hsac), profondeur de poitrine (ppoi), du bassin longueur (loba), largeur (laba), inclinaison (inba), et des membres angle du jarret (anja), épaisseur du talon (epta).

1.3. MARQUAGE MOLECULAIRE

Les marqueurs génétiques sont de deux types. D'une part, l'information disponible en routine pour tous les taureaux d'insémination artificielle est bien sûr prise en compte. Il s'agit des 11 groupes sanguins utilisés en contrôle de filiation ainsi que du gène BLAD. Par ailleurs, un réseau de 157 marqueurs microsatellites a été choisi sur la base des trois critères suivants : (a) informativité des marqueurs : un marqueur choisi doit être à l'état hétérozygote chez au moins 8 pères sur les 14 ; (b) localisation chromosomique des marqueurs : tous les chromosomes autosomiques doivent être couverts, avec une distance maximum entre marqueurs d'environ 20 cM ; (c) qualité technique des marqueurs : les marqueurs doivent être facilement amplifiables par PCR et interprétables sur un séquenceur d'ADN. Ces contraintes, et principalement la première, ont conduit à rejeter environ la moitié des 300 marqueurs testés.

L'ensemble des 1 568 individus (14 pères et 1 554 fils) ont ensuite été génotypés pour les 157 microsatellites choisis, ce qui représente environ 240 000 typages. Les génotypages en série ont été réalisés au GIE Labogéna sur séquenceur d'ADN, interprétés par le logiciel Gemma et gérés dans la base de données Mapgena.

1.4. ANALYSES STATISTIQUES

Dans un premier temps, une carte génétique spécifique a été construite. Elle a permis d'une part de préciser les distances entre marqueurs à partir d'un dispositif de grande taille, d'autre part de cartographier certains marqueurs pour la première fois.

La recherche de QTL est ensuite réalisée en deux étapes selon la méthodologie proposée par Elsen et al (1999). (a) Après avoir reconstitué les chromosomes paternels à partir de l'information marqueur de leur descendance, on estime pour chaque descendant la probabilité qu'il ait reçu l'un ou l'autre segment chromosomique de son père, et cela en tout point de son génome. L'estimation de cette probabilité prend en compte tous les marqueurs d'un même chromosome. (b) La détection de QTL proprement dite est réalisée chromosome par chromosome, à toutes les positions avec un pas de 1 cM, à l'aide d'un modèle de régression multiple intra père.

$$y_{ij} = s_i + (2p_{ij} - 1) a_i + e_{ij}$$

La variable y_{ij} est la performance moyenne des n_{ij} filles du fils j du père i , après correction pour divers effets indépendants du fils et estimés dans les procédures d'évaluation génétique. Pour chaque position x sur le génome, s_i est l'effet du père i , a_i est l'effet de l'allèle 1 du père i , p_{ij} est la probabilité que le fils j ait reçu de son père i l'allèle 1, conditionnellement à l'information marqueur, et e_{ij} est la résiduelle du modèle, supposée de moyenne nulle et de variance hétérogène $\sigma_{e_{ij}}^2/CD_{ij}$. Pour améliorer la robustesse de la détection, comme proposé par Goffinet et al (1999) et pour analyser des caractères exprimés parfois sur des échelles différentes entre races, la variance résiduelle est définie intra famille. D'autre part, la prise en compte du CD de l'index du fils traduit le fait que plus le nombre de filles est faible, plus la variabilité résiduelle est élevée.

Un point particulièrement critique est le test de signification. La statistique de test calculée pour la position x sur le génome dépend fortement de celle calculée au voisinage de x , de sorte que le nombre de tests indépendants n'est pas connu *a priori*. Une méthode utilisée pour contrôler le risque d'erreur et construire des seuils de rejet adaptés a été proposée par Churchill et Doerge (1994) : les performances sont permutées aléatoirement intra famille, alors que les données de marqueurs restent inchangées. En conséquence, une éventuelle association entre marqueurs et performance est supprimée, ce qui crée une situation sans QTL lié. L'analyse de cette situation fournit une valeur de la distribution de la statistique de test sous l'hypothèse qu'il n'y a pas de QTL en position x . La valeur maximum observée sur l'ensemble du chromosome fournit une valeur de la distribution de la statistique sous l'hypothèse qu'il n'y a pas de QTL sur le chromosome considéré (hypothèse H_0). Cette opération est répétée 10 000 fois pour obtenir une distribution empirique de la statistique de test sous H_0 . Dans les cas douteux, 50 000 permutations sont réalisées. Le seuil correspondant à un risque p donné (5 % par exemple) est déduit du quantile correspondant dans la distribution empirique.

Toutefois, le nombre de tests réalisés reste toujours élevé (24 caractères x 29 chromosomes = 696). Pour un risque de 5 % pour chaque analyse (1 caractère et 1 chromosome), on attend donc environ 35 faux positifs. Des seuils de rejet plus élevés peuvent être considérés, de façon à limiter le risque à un niveau q pour l'ensemble de l'expérience. Un risque q à l'échelle de l'expérience correspond à un risque p pour chaque test tel que : $1-q = (1-p)^n$, n étant le nombre de tests indépendants. Cependant, compte tenu du nombre de caractères, la définition de seuils aussi élevés conduit à une perte de puissance considérable et donc à la non-détection de QTL. Une solution intermédiaire consiste à ne prendre en compte que la multiplicité des tests pour un caractère donné, soit le nombre de chromosomes (29). Pour une probabilité $q = 10\%$ et 24 caractères, on attend donc 2 résultats faux positifs sur l'ensemble des tests. Ceci correspond à un risque par caractère et chromosome de $p = 0,4\%$.

Nous présentons les résultats complets, associés à leur degré de fiabilité : significatifs à 0,4 % par caractère, c'est-à-dire avec un haut degré de confiance (2 faux positifs attendus), à

1 % par caractère et par chromosome (6 faux positifs attendus) et à 4 % par caractère et chromosome (28 faux positifs attendus).

2. RESULTATS

Le tableau 2 montre les QTL détectés avec un risque inférieur à 0,4 % au niveau du chromosome, ce qui correspond à des QTL quasi certains. Le tableau donne également le marqueur le plus proche de la position la plus probable du QTL mais il est important de noter que la précision de la localisation, que l'on peut estimer par boot-strap (Visscher et al, 1996) est médiocre, toujours supérieure à 20 cM et souvent largement plus. Il donne aussi le niveau de signification, c'est-à-dire la probabilité que chaque résultat soit un faux positif.

Tableau 2

Liste des QTL détectés avec un risque inférieur à 0,4 % (détection avec certitude).

Carac	Chrom	Marqueur proche	Prob %	Nb fam
lait	14	CSSM066	0,02	4
qmg	14	CSSM066	0,11	2
	26	IDVGA59	0,01	4
qmp	7	INRABERN192	0,29	2
	26	IDVGA59	0,04	3
tb	14	CSSM066	0,01	4
tp	6	INRAK	0,04	3
	14	CSSM066	0,01	5
	20	TGLA126	0,35	3
cell	15	BMS2684	0,05	2
fer	7	INRA053	0,37	2
psil	28	BMS2060	0,27	3
eqaa	18	IDVGA55	0,05	4
	19	HEL10	0,33	2
ecla	2	CSSM042	0,39	2
	12	BM6404	0,01	4
	13	TGLA23	0,05	2
impa	28	BMS2060	0,04	2
lgr	27	INRAMTT183	0,02	2
hsac	5	BM315	0,01	3
	6	BM1329	0,24	3
	13	ABS10	0,40	2
loba	5	BM315	0,27	2
	20	TGLA126	0,30	2
laba	5	BM315	0,03	3
	6	DIK82	0,32	3
	8	BMS2847	0,07	4
inba	20	TGLA126	0,31	2
	1	BM4307	0,15	4
	13	HUJ616	0,06	3
epta	19	ETH3	0,23	4
	15	BMS2684	0,31	3

Pour les caractères de production et de qualité du lait, toutes les régions chromosomiques mentionnées dans différentes études sont retrouvées, en particulier les chromosomes 6, 7, 14, 20 et 26 (Georges et al, 1995 ; Spelman et al, 1996 ; Vilkki et al, 1997 ; Coppieters et al, 1998 ; Ron et al, 1998 ; Zhang et al, 1998). Dans tous les cas, le nombre de familles informatives, c'est-à-dire avec le père hétérozygote pour le QTL, est relativement limité et toujours inférieur à 5 sur 14. Ceci est attendu et s'explique par le fait que les allèles extrêmes de QTL sont sans doute relativement rares. Il est donc important de disposer d'un nombre suffisant de grandes familles et donc d'un dispositif de grande taille, seule une fraction de ce dispositif étant informatif.

Les résultats concernant les autres caractères sont tout à fait originaux. On notera en particulier que des QTL sont trouvés pour pratiquement tous les caractères, y compris ceux peu héréditaires comme les comptages cellulaires, la fertilité, ou la qualité du sabot. Comme le prévoit la théorie, on vérifie donc que le dispositif petites-filles reste efficace même pour les caractères de faible héréditabilité.

Le tableau 3 fournit la liste des QTL détectés avec un risque par analyse compris entre 0,4 et 1 %. Parmi l'ensemble des résultats des tableaux 2 et 3, on attend environ 6 faux positifs. A nouveau, on retrouve des résultats déjà décrits dans différentes études, en particulier les chromosomes 3 et 7 pour les caractères de production laitière. On constate que certaines zones ont un effet sur plusieurs caractères simultanément (chromosomes 7, 14). Dans ce cas, les effets sont dans le sens prédit par la corrélation génétique. Ainsi, quand un QTL affecte à la fois la quantité de lait et les taux, l'allèle qui accroît la quantité de lait est défavorable pour les taux.

Tableau 3
Liste des QTL détectés avec un risque compris entre 0,4 et 1 % (6 faux positifs attendus pour l'ensemble des tableaux 2 et 3).

Carac	Chrom	Marqueur proche	Prob %	Nb fam
lait	7	INRABER192	0,9	3
qmg	7	RM6	0,6	1
qmp	19	ETH3	0,8	3
tb	7	INRABER192	0,4	1
tp	3	ILSTS096	1,0	4
	18	ABS13	0,8	2
	24	TGLA351	0,8	2
vtr	6	BM2320	0,8	1
	8	BMS678	0,8	3
	13	ABS10	0,8	3
fer	1	INRA073	0,5	3
eqaa	9	UWCA9	0,6	3
	20	TGLA126	0,6	2
ecav	28	IDVGA8	0,6	2
ppoi	2	CSSM042	0,6	1
	5	BM315	1,0	3
	9	BMS1967	0,7	4

Les effets mis en évidence sont généralement compris entre 0,6 et 1 écart type génétique d'effet de substitution allélique. Autrement dit, l'écart entre les deux groupes de filles ayant reçu l'un ou l'autre allèle paternel d'un QTL donné est de l'ordre de 300 à 500 kg de lait, 1,5 à 2 g de taux butyreux, 0,6 à 1 point de morphologie, ou 3 à 5 points taux de réussite à l'insémination. Ces effets sont donc importants et utilisables en sélection.

Enfin, le tableau 4, de loin le plus fourni, donne tous les résultats significatifs avec un risque d'erreur compris entre 1 et 4 %. Parmi l'ensemble des 128 résultats des tableaux 2, 3 et 4, on attend environ 28 faux positifs et donc 100 vrais QTL. Par contre, contrairement aux précédents, l'utilisation pratique de cette série de résultats demande une étape de confirmation. Cette étape peut être réalisée à partir de données indépendantes soit françaises, ce qui demanderait un effort important, soit étrangères, à partir de collaborations ou tout simplement de la bibliographie. Par exemple, on peut ainsi être très confiant sur le QTL de matière protéique détecté sur le chromosome 17, déjà cité par Zhang et al (1998).

Tableau 4.
Liste des QTL détectés avec un risque inférieur à 4 % (28 faux positifs attendus pour l'ensemble des tableaux 2 à 4).

Carac	Chrom	Marqueur proche	Prob %	Nb fam
lait	1	BMS2263	3,9	2
	11	INRABERN162	1,8	2
	19	BMC1113	3,1	1
	26	IDVGA56	2,1	2
qmg	21	BP33	3,2	1
qmp	17	BM1862	2,3	1
	22	CSSM026	2,7	1
tb	15	IOBT395	1,8	1
	19	BMS1069	1,6	3
	22	UWCA49	2,3	2
tp	15	BMS2684	2,18	1
cell	9	BMS1967	1,3	2
	10	DIK20	3,3	3
	21	TGLA122	1,5	1
vtr	5	CSSM022	1,3	2
	19	BMS1069	1,7	3
	22	CSSM006	1,4	2
fert	21	ILSTS103	1,4	3
psil	10	INRA071	1,8	3
psil	11	INRA177	3,5	1
	20	BM1225	1,2	2
	25	INRA222	1,6	2
dplj	1	INRA212	2,1	2
	4	RM188	2,6	2
	6	BM2320	2,6	3
	9	INRA144	1,1	3
	10	INRA071	2,5	1
	11	IDVGA3	3,2	2
	12	BMS410	3,6	1
	13	ABS10	2,3	3
	20	BM1225	1,0	3
eqaa	1	BM4307	1,9	2
	14	CSSM066	3,0	2
	16	ETH11	4,0	2
	21	BP33	1,6	1
ecla	4	RM188	1,4	1
	10	INRA071	2,2	2
	11	INRA177	2,4	1
	18	TGLA227	2,3	2
ecav	6	INRAK	2,4	3
	9	UWCA9	2,4	2
	14	BMS1899	3,7	1
	15	BMS2684	3,9	2
	17	BM1862	2,0	2
impa	2	TGLA377	2,9	3
	8	HEL9	1,6	4
	9	INRA144	2,3	2
	15	INRA224	1,3	2
hata	5	RM500	1,7	3
	6	BM2320	1,4	1
	9	UWCA9	1,4	2
lgtr	2	CSSM042	2,7	2
	6	DIK82	2,8	1
	8	BMS2847	1,5	1
	13	TGLA23	1,8	2
	21	BP33	1,6	2
	24	ILSTS031	2,3	2

hsac	2	TGLA377	1,0	2
ppoi	1	INRA073	2,6	2
	3	INRA197	3,8	3
	6	BM1329	3,4	3
	8	BMS2847	3,5	1
	11	INRA177	2,7	1
	16	BM6430	4,0	2
	20	BM1225	2,1	3
	24	ILSTS031	1,0	1
loba	1	INRA073	3,0	2
	2	CSSM042	1,5	1
	11	INRA177	1,3	2
	26	INRA081	3,5	1
	28	IDVGA43	1,8	3
laba	10	BM1237	3,3	1
inba	8	BMS678	1,1	2
	28	IDVGA8	1,3	1
epta	5	ETH152	3,7	2
	9	BM2504	1,7	2
	18	ILSTS002	2,3	1

CONCLUSION

Cette étude à grande échelle a permis de disséquer la variabilité génétique des caractères sélectionnés dans trois races bovines laitières. Elle confirme la plupart des résultats connus à ce jour et elle fournit de nombreux résultats originaux, en particulier sur la morphologie et la fertilité. Les effets de QTL sont de taille significative et sont mis en évidence sur les populations actuellement en sélection. Ils sont donc directement utilisables en sélection, ce qui sera mis en œuvre prochainement.

Ce travail n'est pas achevé : d'une part, il doit être complété pour affiner la localisation des QTL détectés et pour confirmer certains d'entre eux ; d'autre part, il ouvre des perspectives quant à l'identification des gènes impliqués.

REMERCIEMENTS

Ce programme a été financé par le Département de Génétique Animale de l'INRA, par l'UNCEIA et ses coopératives membres, et par le Groupe d'Etude et de Recherche sur les Génomes.

Boichard D., Elsen JM, Le Roy P., Chevalet C, 1995. Renc Rech Rum, 2, 139-144

Boichard D., Le Roy P., Levéziel H., Elsen J.M., 1998. INRA Prod Anim, 11, 67-80

Churchill GA, Doerge RW, 1994. Genetics, 138, 963-971

Coppieters W, Riquet J, Arranz JJ, et al. 1998. Mamm Genome, 9, 540-544

Elsen JM, Mangin, B, Goffinet B, et al. 1999. Genet Sel Evol, 31, 213-224

Goffinet B, Boichard D, Le Roy P, et al. 1999. Genet Sel Evol, in press

Georges M, Nielsen D, Makinnon M, et al, 1995. Genetics, 139, 907-920

Ron M, Heyen DW, Weller JI, et al, 1998. 6th WCGALP, 26, 422-425

Spelman RJ, Coppieters W, Karim L, et al, 1996 Genetics, 144, 1799-1808

Vilkki HJ, de Konning DJ, Elo K, et al, 1997. J Dairy Sci, 80, 198-204

Visscher PM, Thompson R, Haley CS, 1996. Genetics, 143, 1013-1020

Weller JI, Kashi Y, Soller M, 1990, J Dairy Sci, 73, 2525-2537

Zhang Q, Boichard D, Hoeschele I, et al, 1998. Genetics, 149, 1959-1973