

Paramètres génétiques pour la composition protéique du lait dans 3 races bovines

Genetic parameters for major milk proteins in three French dairy cattle breeds

BROCHARD M. (1), SANCHEZ M.P. (2), GOVIGNON-GION A. (2), FERRAND M. (1), GELE M. (1), POURCHET D. (3), MIRANDA G. (2), MARTIN P. (2), BOICHARD D. (2)

(1) IDELE, 75012 Paris

(2) INRA, UMR1313 GABI, 78350 Jouy en Josas

(3) ECEL Doubs et Territoire de Belfort ; France

INTRODUCTION

Au-delà du taux protéique total, la proportion des différentes protéines dans le lait joue un rôle important sur les propriétés techno-fonctionnelles du lait, par exemple sur l'aptitude à coaguler, le rendement fromager ou la stabilité à la chaleur. Les paramètres génétiques permettent de mesurer la variabilité d'origine génétique dans le déterminisme des caractères et donc les possibilités de sélection. Dans le cadre du projet PhénoFinLait initié en 2008, cette étude du déterminisme génétique de la fraction protéique du lait présente des estimations de paramètres génétiques obtenus dans les races bovines Montbéliarde (MO), Normande (NO) et Holstein (HO).

1. MATERIEL ET METHODES

La composition protéique du lait a été estimée par analyse des spectres du moyen infra-rouge (MIR) sur près de 900 000 échantillons de lait prélevés sur 160 253 vaches entre novembre 2009 et août 2012. Les taux des protéines sériques (PS) - α lactalbumine (α lact) et β lactoglobuline (β lact) – et des caséines (CAS) α s1, α s2, β et κ ont été estimés en g/100g de lait (%lait) et en g/100g de protéines (%prot). Les taux de protéines totales dans le lait (TP) et de protéolyse (PT) ont également été estimés. Pour le calcul des paramètres génétiques, les moyennes des performances en première lactation ont été considérées sur 8 477 vaches MO ayant au moins 7 contrôles et 6 253 vaches NO et 5 734 HO ayant au moins 3 contrôles.

Les composantes de la variance ont été estimées intra-race par maximum de vraisemblance restreinte appliqué à un modèle animal incluant les effets fixés jour de contrôle x troupeau, mois x année de vêlage et spectromètre, ainsi que les effets aléatoires génétique et résiduel.

2. RESULTATS

2.1. HERITABILITES

Tableau 1 Estimation d'héritabilité

		TP	PT	α lact	β lact	CAS			
						α s1	α s2	β	κ
%lait	MO	0,57	-	0,57	0,86	0,54	0,54	0,66	0,48
	NO	0,41	-	0,42	0,61	0,42	0,38	0,43	0,42
	HO	0,27	-	0,31	0,61	0,30	0,29	0,27	0,32
%prot	MO	-	0,80	0,72	0,79	0,67	0,58	0,42	0,61
	NO	-	0,39	0,53	0,72	0,57	0,25	0,39	0,55
	HO	-	0,49	0,44	0,71	0,53	0,31	0,39	0,54

Pour l'ensemble des caractères analysés, les valeurs d'héritabilité (h^2) sont moyennes à fortes et généralement plus élevées pour les taux protéiques en %prot que pour les taux en %lait (tableau 1). Pour un même caractère, les estimations d' h^2 sont similaires en race NO et HO (0,27 à 0,72) mais plus élevées en race MO (de 0,48 à 0,86). Quelle que soit la race ou l'unité d'expression du caractère, le caractère le plus héréditaire est la β lact (0,61 à 0,86).

Les coefficients de variation génétique (CV) sont équivalents pour les 3 races et ils varient de 2,9 à 8,6% pour les taux en %lait et de 0,5 à 7,2% pour les taux en %prot. Dans tous les cas, les taux de β lact ont les CV les plus élevés alors que les taux des CAS α s1 ou β ont les CV les plus faibles.

2.2. CORRELATIONS GENETIQUES

Les estimations des corrélations génétiques (r_g) sont cohérentes entre races (tableau 2). Le TP est corrélé plus fortement avec les CAS qu'avec les PS. Les corrélations génétiques sont globalement beaucoup plus fortes entre les taux en %lait qu'en %prot. Les taux en %lait sont toujours corrélés positivement, les valeurs les plus fortes sont obtenues entre les différentes CAS (0,83 à 0,98) et les valeurs les plus modérées entre la β lact et les CAS. Au contraire, les taux en %prot présentent des corrélations génétiques nulles ou négatives dans la plupart des cas.

Tableau 2 Estimation des r_g pour les taux protéiques en %lait (au-dessus diagonale) ou en %prot (au-dessous diagonale)

		α lact	β lact	CAS α s1	CAS α s2	CAS β	CAS κ
TP	MO	0,72	0,52	0,98	0,97	0,99	0,85
	NO	0,70	0,61	0,99	0,99	0,98	0,90
	HO	0,73	0,45	0,98	0,98	0,98	0,87
α lact	MO		0,18	0,69	0,72	0,70	0,80
	NO		0,27	0,71	0,69	0,68	0,74
	HO		-0,01	0,72	0,71	0,75	0,80
β lact	MO	-0,27		0,51	0,46	0,47	0,10
	NO	-0,33		0,59	0,57	0,58	0,31
	HO	-0,52		0,39	0,39	0,39	0,07
CAS α s1	MO	0,01	-0,13		0,94	0,96	0,84
	NO	0,11	-0,10		0,98	0,95	0,89
	HO	-0,01	-0,19		0,96	0,94	0,87
CAS α s2	MO	0,05	-0,08	-0,33		0,95	0,88
	NO	-0,04	-0,14	-0,07		0,96	0,92
	HO	-0,09	-0,22	0,04		0,95	0,88
CAS β	MO	0,06	-0,33	-0,26	-0,37		0,83
	NO	0,01	-0,25	-0,44	-0,51		0,85
	HO	0,25	-0,20	-0,48	-0,37		0,84
CAS κ	MO	0,45	-0,75	0,02	0,38	-0,11	
	NO	0,39	-0,55	0,02	0,49	-0,36	
	HO	0,46	-0,66	0,14	0,36	-0,31	

3. DISCUSSION

Cette étude montre l'importance de l'unité d'expression des taux de protéines sur l'estimation des paramètres génétiques. Les corrélations entre les taux exprimés en %prot sont pour la plupart négatives par construction mathématique. L'obtention d' h^2 plus élevées en race MO est attribuable à une plus faible variance résiduelle, due à au nombre plus élevé de contrôles pris en compte par vache. Les valeurs d' h^2 sont relativement proches de celles calculées par Schopen et al. (2009) sur des taux protéiques estimés par électrophorèse. Les spectres MIR permettent donc d'estimer la composition protéique avec une bonne précision.

CONCLUSION

Cette étude montre qu'une sélection visant à modifier la composition protéique du lait de vache est possible à partir des spectres MIR collectés en routine. Il conviendra pour cela de bien définir les objectifs de sélection en considérant les antagonismes génétiques existant entre certaines protéines.

PhénoFinLait a été financé par l'ANR, Apis-Gène, le ministre de l'agriculture (CASDAR), le CNIEL, FranceAgriMer et FGE.

Schopen G.C.B., Heck J.M.L., Bovenhuis H., Visker M.H.P.W., van Valenberg H.J.F., van Arendonk J.A.M., 2009. J. Dairy Sci., 92, 1182-1191.