



HAL
open science

Paramètres génétiques du taux de calcium, prédit à partir des spectres moyen infrarouge, dans le lait des 3 principales races bovines laitières françaises

Armelle Govignon-Gion, Stephanie Minery, Marine Wald, Mickael Brochard, M. Gelé, B. Rouillé, Didier Boichard, M. Ferrand-Calmels, Catherine Hurtaud

► To cite this version:

Armelle Govignon-Gion, Stephanie Minery, Marine Wald, Mickael Brochard, M. Gelé, et al.. Paramètres génétiques du taux de calcium, prédit à partir des spectres moyen infrarouge, dans le lait des 3 principales races bovines laitières françaises. 22. Rencontres autour des Recherches sur les Ruminants, Dec 2015, Paris, France. Institut de l'Élevage - INRA, Rencontres autour des Recherches sur les Ruminants, 22, pp.116, 2015, Rencontres autour des Recherches sur les Ruminants. hal-01455893

HAL Id: hal-01455893

<https://hal.science/hal-01455893>

Submitted on 3 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Paramètres génétiques du taux de calcium, prédit à partir des spectres moyen infrarouge, dans le lait des 3 principales races bovines laitières françaises

Genetic parameters for milk calcium content predicted by mid-infrared spectroscopy in three French dairy cattle breeds

GOVIGNON-GION A. (1), MINERY S. (2), WALD M. (2), BROCHARD M. (2, 1), GELÉ M. (3), ROUILLÉ B. (4), BOICHARD D. (1), FERRAND-CALMELS M. (2), HURTAUD C. (5)

(1) INRA, UMR 1313 GABI, 78350 Jouy-en-Josas, France

(2) Idele, 149 rue de Bercy, 75595 Paris cedex 12, France

(3) Idele, 9 rue André Brouard, CS 70510, 49105 Angers cedex 2, France

(4) Idele, Monvoisin, BP 85225, 35652 Le Rheu cedex, France

(5) INRA-Agrocampus Ouest UMR 1348 PEGASE, 35590 Saint-Gilles, France

INTRODUCTION

Le taux de calcium (Ca) est considéré stable dans le lait de vache au cours de la lactation et peu soumis aux facteurs extérieurs. Différentes références récentes (Van Hulzen *et al.*, 2009) montrent cependant une variabilité génétique de ce caractère. Cette étude a pour objectif d'estimer les paramètres génétiques du taux de calcium dans le lait de vache de race Montbéliarde (MO), Normande (NO) et Holstein (HO), ainsi que les corrélations génétiques avec d'autres caractères d'intérêt.

1. MATERIEL ET METHODES

Cette étude utilise les données du projet PhénoFinlait (Govignon-Gion *et al.*, 2012). Une équation de prédiction de la teneur en Ca a été établie à partir de 300 échantillons de lait, analysés à la fois par moyen infra rouge (MIR) et par absorption atomique (méthode de référence). 210 échantillons ont servi pour la calibration et 90 pour la validation. L'équation a été appliquée sur 35 326 spectres MIR en HO, 28 508 spectres en NO et 50 505 spectres en MO, issus respectivement de 6 723, 5 590 et 6 330 vaches, toutes en 1^{ère} lactation. Les paramètres génétiques ont été estimés intra race avec différents modèles : le modèle 1 s'applique aux données de chaque contrôle et considère les taux de Ca comme l'expression d'un caractère répété. Le modèle 2 s'applique aux données moyennes par lactation, ajustées préalablement pour le stade de lactation. Le modèle 3 est un modèle de régression aléatoire (avec polynôme de Legendre d'ordre 2) qui mesure l'évolution du déterminisme du taux de Ca au cours de la lactation.

2. RESULTATS ET DISCUSSION

2.1. EQUATION DE PREDICTION DU TAUX DE CALCIUM A PARTIR DES SPECTRES MIR

L'écart-type résiduel (Sy,x) et le coefficient de détermination (R^2) obtenus sur le jeu de validation de l'équation de prédiction du taux de calcium sont respectivement de 44,7 et 80%. L'équation de prédiction a une bonne précision pour l'étude des paramètres génétiques.

2.2 HERITABILITE ET VARIABILITE GENETIQUE DU TAUX DE CALCIUM

Les estimations d'héritabilité (Tableau 1) sont moyennes (en race HO) à élevées (en race NO et MO). Ces valeurs sont cohérentes avec Soyeurt *et al.*, 2012 et Van Hulzen *et al.*, 2009. Elles sont logiquement plus fortes pour les teneurs par lactation (modèle 2) que par contrôle (modèle 1). Les écarts types d'erreur sont compris entre 0,04 et 0,08. Les coefficients de variation génétique sont de 3,6%, 4,3% et 4,2% en race HO, NO et MO respectivement.

Le déterminisme génétique de la teneur en Ca apparait assez stable tout au long de la lactation (modèle 3). L'héritabilité est plus faible en début et en fin de lactation. Plusieurs hypothèses l'expliquent : effet de l'environnement plus important sur ces périodes sensibles, nombre de contrôles plus réduit, « effets de bord » lié au modèle utilisé.

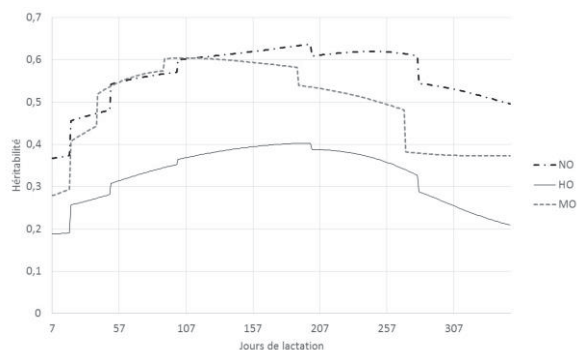


Figure 1 : Héritabilité du taux de Ca au cours de la lactation des trois races

2.3 CORRELATIONS GENETIQUES AVEC LE TAUX DE CALCIUM

Les corrélations génétiques entre taux de Ca et quantité de lait sont négatives. Elles sont nulles à légèrement positives avec les matières (de -0,01 à 0,31) et positives avec les taux, notamment le TP (jusqu'à 0,46) (Tableau 1). Aucun lien avec les postes de morphologie n'a été mis en évidence. Les estimations de corrélations génétiques avec les caractères fonctionnels comme la fertilité ou la longévité restent peu précises mais semblent limitées.

Tableau 1 : Héritabilité du taux de Ca et corrélations génétiques (Rg) avec les caractères de production laitière

Héritabilité	HO	NO	MO
Par contrôle (Modèle 1)	0,31	0,55	0,51
Par lactation (Modèle 2)	0,44	0,74	0,70
Rg avec le Ca (Modèle 2)	HO	NO	MO
Lait	-0,19	-0,16	-0,18
MG	0,31	0,18	-0,01
MP	0,17	0,07	0,02
TB	0,39	0,42	0,26
TP	0,46	0,44	0,41
Caséine totale	0,50	0,39	0,22

CONCLUSION

Le taux de calcium dans le lait présente une héritabilité moyenne à forte. Une sélection génétique sur ce caractère serait possible. Cette étude inédite en France va se poursuivre par l'analyse des données de séquences, dans l'objectif d'identifier une ou des mutations causales agissant sur ce caractère.

Avec le soutien financier du CNIEL et de FranceAgriMer. Les auteurs remercient les partenaires du consortium PhénoFinlait. Ce travail a été conduit dans le cadre des programmes des UMT 3G et RIEL.

Govignon-Gion A., Fritz S., Larroque H. *et al.* 2012. 3R, 19, 65-73.
Soyeurt H., Bruwier D., Romnee J.M. *et al.* 2009. J. Dairy Sci., 92, 2444-2454.

Van Hulzen K.J., Sprong R.C., Van Der Meer R. *et al.* 2009. J. Dairy Sci., 92, 5754-5759.