

# Estimation des effets du gène culard sur les caractères de production laitière au sein du rameau Blanc Bleu Belge de type mixte

## Estimation of double muscling gene effects on milk production traits in the dual purpose Belgium Blue Breed

COLINET F.G. (1), GENGLER N. (1, 2)

(1) Unité de zootechnie, Faculté universitaire des sciences agronomiques de Gembloux, 2 Passage des Déportés, 5030 Gembloux, Belgique

(2) Fonds national de la recherche scientifique, 5 Rue d'Egmont, 1000 Bruxelles, Belgique

### INTRODUCTION

Le rameau Blanc Bleu Belge de type mixte (BBm) est apprécié pour sa rusticité, sa longévité, une bonne santé ainsi que pour ses bonnes performances de reproduction. Une délétion de onze paires de base (allèle *mh*) au sein du gène de la myostatine engendre le syndrome d'hypertrophie musculaire (plus connu sous le nom de type culard ; d'ailleurs, cet allèle *mh* est souvent appelé le gène culard). Bien que cet allèle *mh* soit très présent au sein du rameau Blanc Bleu Belge de type viandeux, seulement 41 et 39 % des animaux BBm sont respectivement *mh/mh* et *mh/+*.

Etant donné l'importance des effets du gène culard sur la conformation viandeuse des animaux et de son rôle potentiel indirect en production laitière, il nous a semblé intéressant de tenir compte de sa présence lors de l'évaluation génétique des animaux BBm. Néanmoins, il n'est pas envisageable et concevable de génotyper tous les individus de la population BBm. Dès lors, il a fallu modifier légèrement le modèle mixte utilisé pour pouvoir y incorporer ce génotype connu pour certains animaux. La méthodologie ici présentée permet l'estimation simultanée des effets polygéniques (plus connus sous le terme « valeur d'élevage », VE) et de l'effet du gène culard.

### 1. MATERIEL ET METHODES

#### 1.1. MODELE D'EVALUATION

Le système d'évaluation génétique basé sur l'actuel modèle jour de test multi-race multi-lactation multi-caractère utilisé en routine en région Wallonne de Belgique (Auvray et Gengler, 2002) a été modifié pour permettre l'intégration du génotype connu pour seulement une partie de la population, ce qui est une particularité de cette méthode. Le calcul des équations de ce modèle mixte modifié est réalisé par la résolution itérative de deux systèmes d'équations, l'un pour les effets polygéniques, l'autre pour l'effet du gène (allèle *mh*). Ces itérations sont réalisées jusqu'à ce que la différence relative des solutions de l'effet de l'allèle *mh* entre deux itérations soit minimale.

Les VE obtenues selon cette méthode pour le lait, la matière grasse (MG) et les protéines sont comparées aux VE obtenues avec le modèle jour de test multi-race multi-lactation multi-caractère utilisé en routine par détermination des coefficients de corrélation de Pearson.

#### 1.2. DONNEES

Le set de données comporte 11 117 505 contrôles pour 689 057 vaches en production et fut également utilisé lors de l'évaluation de routine pour la production laitière de janvier 2009. Le fichier *Pedigree* est composé de 1 606 024 individus (vaches en production et ancêtres).

La détermination du génotype au niveau de locus *mh* a été réalisée au moyen d'une méthode adaptée de Fahrenkrug *et al.* (1999) pour 123 taureaux et 1 940 vaches BBm en production. Ces animaux étaient les ascendants directs de 11 150 vaches en productions.

### 2. RESULTATS ET DISCUSSION

Les effets de substitution d'un allèle sauvage + par un allèle *mh* sur la quantité de lait, de matière grasse et de protéine au cours de chacune des trois premières lactations sont présentés dans le tableau 1. Comme attendu, l'allèle *mh* exerce un effet négatif sur les caractères de production laitière en BBm.

Tableau 1 : effet de substitution d'un allèle + par un allèle *mh* sur les quantités de lait, de MG et de protéine au cours des lactations (exprimé en kg sur 305 jours)

	Lait	MG	Protéine
1 <sup>ère</sup> lactation	- 155,8	- 8,73	- 5,27
2 <sup>ème</sup> lactation	- 142,0	- 8,40	- 5,43
3 <sup>ème</sup> lactation	- 178,2	- 9,67	- 6,23
Moyenne	- 158,7	- 8,93	- 5,64

Les corrélations entre les VE obtenues par ce modèle et celui utilisé lors de l'évaluation de routine de janvier 2009 sont très élevées. En effet, la corrélation mesurée sur les VE de tous les animaux du *Pedigree* est de 0,999 pour les trois caractères. De plus, ces corrélations sont supérieures à 0,99 tant lors de la comparaison des VE de tous animaux BBm du *Pedigree* (18 433 individus) que lors de la comparaison des VE de tous les animaux BBm génotypés.

Dans le cadre du projet *BlueSel*, les races BBm et Bleue du Nord (deux races proches en raison de leurs ancêtres communs dans l'ancienne race de Moyenne et Haute Belgique) sont étudiées. Ces deux races divergent légèrement de par leurs objectifs de sélection différents et le gène culard semble moins présent au sein de la race Bleue du Nord. Un modèle, incorporant l'effet gène culard, tel que celui-ci pourrait être utilisé pour une évaluation commune franco-belge du potentiel génétique des animaux BBm et Bleue du Nord.

### CONCLUSION

Le gène culard, favorable en production bovine viandeuse, exerce un effet négatif sur les paramètres de production laitière dans le rameau mixte de la race Blanc Bleu Belge. Cette étude montre également la faisabilité d'intégrer l'information moléculaire provenant d'un gène majeur et disponible pour une partie de la population dans un modèle d'évaluation génétique utilisé en routine. Dès lors, ceci permettra une meilleure estimation des potentiels génétiques dans le cas de race comportant ce genre de spécificité (sélection incluant un gène majeur).

*Cette étude s'inscrit dans le cadre du projet BlueSel soutenu par le programme INTERREG IV. Nous tenons à remercier l'association wallonne de l'élevage pour les données et la commission européenne et le service public de Wallonie (D GARNE) pour le soutien financier.*

Auvrey, B., Gengler, N., 2002. *Interbull Bull.*, 29, 123-127  
Fahrenkrug, S.C., Casas, E., Keele, J.W., Smith, T.P.L., 1999. *J. Anim. Sci.*, 77, 2028-203