



HAL
open science

Identification de régions chromosomiques affectant la santé de la mamelle par analyse d'association sur la séquence du génome dans les races Holstein, Montbéliarde et Normande

Marine Barbat, Armelle Gion Govignon-Gion, Amandine Launay, Thierry Tribout, Rachel Lefebvre

► To cite this version:

Marine Barbat, Armelle Gion Govignon-Gion, Amandine Launay, Thierry Tribout, Rachel Lefebvre. Identification de régions chromosomiques affectant la santé de la mamelle par analyse d'association sur la séquence du génome dans les races Holstein, Montbéliarde et Normande. Journée "Glande Mammaire, Lait", Nov 2015, Rennes, France. 1 p. hal-02796365

HAL Id: hal-02796365

<https://hal.inrae.fr/hal-02796365v1>

Submitted on 5 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.

Identification de régions chromosomiques affectant la santé de la mamelle par analyse d'association sur la séquence du génome dans les races Holstein, Montbéliarde et Normande.

Marine Barbat ^{1*}, Armelle Govignon-Gion ^{2,3*}, Amandine Launay ^{4*}, Thierry Tribout ^{2,3*}, Rachel Lefebvre ^{2,3**}

¹ *Allice, 75012 Paris, France*

² *INRA, UMR1313 GABI, 78350 Jouy-en-Josas, France*

³ *AgroParisTech, UMR1313 GABI, 78352 Jouy-en-Josas, France*

⁴ *Idele, 149 rue de Bercy, 75012 Paris, France*

** Contributions égales, ** auteur de présentation*

Cette étude vise à identifier les gènes et les mutations responsables de la variabilité génétique de la santé de la mamelle dans les trois races bovines laitières Holstein, Montbéliarde et Normande. Les caractères analysés sont les comptages cellulaires (CEL) et l'apparition de mammites cliniques dans les 150 premiers jours de lactation (MACL), ainsi que 9 à 11 caractères de morphologie de la mamelle selon la race. Les phénotypes utilisés sont issus de l'évaluation génétique nationale et correspondent à une moyenne pondérée des performances des filles d'un taureau (DYD), ajustées pour les effets environnementaux du modèle et pour la valeur génétique additive de la mère de chaque fille. Les séquences du génome complet de 11167 taureaux des trois races génotypés avec la puce Illumina 50k ont été reconstituées avec le logiciel FImpute, en utilisant comme référence la séquence de 1147 taureaux du projet « 1000 génomes bovins ». Au total, 28 millions de polymorphismes ont été prédits. L'analyse GWAS a été conduite intra-race avec le logiciel GCTA, le modèle incluant un effet marqueur et un effet polygénique. Cette approche a permis de caractériser 8 à 20 régions par caractère sur tout le génome. La région la plus significative a été identifiée pour les caractères CEL et MACL dans les trois races sur le chromosome 6 entre 88 et 90 Mb. Cette région déjà connue est proche de celle des gènes des caséines (pouvant expliquer la relation défavorable entre taux protéique et mammites) mais aussi de gènes impliqués dans le système immunitaire. Les régions détectées feront l'objet d'analyses complémentaires avec un modèle multi-marqueurs (méthode BayesC) dans le but de réduire l'effet du déséquilibre de liaison à grande distance et donc d'affiner la position des QTL détectés. La comparaison des résultats entre races et l'annotation des variants permettront probablement de proposer des mutations causales candidates.