

Acronyme du projet (*bref nom de 12 caractères au plus*) **GENIFER**

Champ thématique :

1.2 – Précision des phénotypes

2. - Recherche des déterminismes génétique et environnementaux de la variabilité de la fertilité / interactions génotype environnement

Projet : générique ; finalisé

Titre du projet

Mesures phénotypiques et étude du polymorphisme de gènes candidats du QTL de fertilité femelle du chromosome 3 en race Prim'Holstein

Coordinateur du projet (*Nom, prénom, fonction, organisme*)

Patrice Humblot, Direction Scientifique, Dpt R&D UNCEIA

Résumé du projet (*maximum 3000 caractères, en français et en anglais*)

(contextes socio-économique et scientifique, objectifs, programme des travaux, résultats attendus) :

Dans l'espèce bovine, plusieurs QTL en relation avec les données de reproduction ont été détectés avec les index officiels de fertilité basés sur l'utilisation des données de non retour après insémination collectées en routine au niveau national. Aujourd'hui, le programme de Sélection Assistée par Marqueurs (34000 bovins génotypés en 4 ans) a permis de mettre en évidence que le QTL du BTA03 était le principal QTL de Fertilité en race Prim'holstein.

Dans le cadre de GENANIMAL, un programme (CARTOFINE) visant à préciser la localisation de principaux QTLs bovins est en cours et a permis de réduire l'intervalle de localisation de ce QTL. Les génotypages des taureaux sur 159 SNP de cette petite région sont en cours et devraient aboutir à l'identification de mutation en association avec le QTL : ensemble de mutations candidates. Dans le même temps, à partir des informations collectées en routine, des analyses statistiques ont pu préciser que ce QTL est détecté à partir des taux de non retour à 90 jours indiquant que ses principaux effets interviennent entre 0 et 90 jours après l'insémination.

Des données acquises dans les conditions expérimentales et en ferme dans lesquelles on combine l'enregistrement des données de non retour, des sources de variation des résultats et les informations issues de dosages hormonaux réalisés à des moments critiques, montrent dans des dispositifs prévus pour analyser l'impact des facteurs d'environnement que les différences de fertilité se manifestent sur des événements distincts (Absence de fécondation, Mortalité embryonnaire précoce (MEP), Mortalité embryonnaire tardive (MET), avortements plus tardifs) dont le poids sur le taux de mise bas est inégal et sur lesquels l'impact respectif des effets génétiques et d'environnement est variable. Actuellement tous ces événements sont confondus dans la composante fertilité estimée à partir de la seule analyse des taux de non retour. Par exemple, l'absence d'identification des femelles inséminées à un mauvais moment du fait des variations liées à la détection des chaleurs représente une source de bruit de fond importante. Par ailleurs en se basant uniquement sur les taux de non retour, ce même "défaut" dans l'identification des périodes d'œstrus provoque un amalgame des situations dans l'estimation des fréquences des MEP et des MET qui résultent de processus physiopathologiques différents. L'ensemble de ces imprécisions rend difficile voire quasiment impossible l'identification et la validation du (ou des) gène(s) sous-jacent(s) au QTL à ce stade de connaissance (après cartographie fine).

Ce projet repose sur la mise en place d'un dispositif d'étude en ferme où la fertilité de groupes de filles de taureaux génotypés pour les mutations candidates du QTL sera suivie en combinant l'enregistrement des principales sources de variation liées à l'environnement et les données de dosages hormonaux permettant l'identification des échecs aux différents stades de gestation.

Résultats attendus : les informations récoltées permettront d'éviter les confusions éventuelles liées à des effets de facteurs génétiques et des facteurs d'environnement à différentes périodes. Ce programme est une suite logique au travail en cours de cartographie fine du QTL de fertilité du chromosome 3. De plus, l'ADN stocké et les informations collectées pourront être de nouveau utilisées

pour étudier les mutations candidates d'autres QTL de fertilité (même si les travaux de cartographie fine de ces QTL sont moins avancés aujourd'hui).

Ce projet apparaît également comme indispensable aux études de génomique fonctionnelle ultérieures projetées pour connaître l'impact d'un tel QTL sur des événements de reproduction tels que la croissance folliculaire, l'expression des chaleurs, la maturation ovocytaire (suite OVOAGENAE) et/ou le développement embryonnaire précoce (prog Dupont). En effet, il permettra de caractériser le statut des animaux au QTL et également de mieux cibler les périodes où doivent être réalisées les études de génomique fonctionnelle.

Mots-clés (5 maximum) :

Bovins, QTL, Fertilité, Génétique, Environnement

NOM et prénom du coordinateur de projet :

HUMBLOT Patrice
Titre : Directeur Scientifique

Tel : +33 1 43 53 51 10
Fax : +33 1 43 53 51 01
e-mail : patrice.humblot@unceaia.fr

Institution (Unité), Entreprise :

UNCEIA Département Recherche Développement

Adresse : 13 rue Jouët, 94703, Maisons Alfort Cedex

Nom du Directeur de l'unité ou du responsable dans l'entreprise : Maurice BARBEZANT

EQUIPES PARTENAIRES :

Equipe N°	Nom Prénom du correspondant principal par équipe	Titre ou grade, Appartenance	Directeur d'unité	Adresse
1	Humblot Patrice	DVM,HDR UNCEIA R&D	Maurice Barbezant	13 rue Jouët, 94703, Maisons Alfort Cedex
2	Mathieu Gautier	INRA LGBC	Eggen André	INRA, 78350, Jouy en Josas
3	Tom Druet	INRA SGQA	JP Bidanel	INRA, 78350, Jouy en Josas
4	Yves Amigues	LABOGENA	MY Boscher	78350, Jouy en Josas
5	Grimard Bénédicte	UMR 1198 INRA-ENVA	JP Renard	7 Avenue du Général de Gaulle 94703, Maisons Alfort