

RELATIONS ENTRE LE POLYMORPHISME DU GENE PIT-1 ET LE POTENTIEL GENETIQUE DE TAUREAUX HOLSTEIN

Renaville R.¹, Gengler N.², Prandi A.³, Vrech E.³, Parmentier I.^{1,4}, Massart S.^{1,4}, Bertozzi C.^{1,4}, Mortiaux F.^{1,4}, Burny A.¹ & Portetelle D.⁴

¹UE de Biologie moléculaire et Physiologie animale, ²UE de Zootechnie & ⁴UE de Microbiologie, Faculté universitaire des Sciences agronomiques, passage des Déportés 2, 5030 Gembloux. ³Sezione di Veterinaria e Nutrizione, Università di Udine, Via San Mauro 2, 33010 Pagnacco(Udine), Italie.

L'amélioration du cheptel est rendue possible en augmentant l'efficacité et la rentabilité des schémas de sélection, notamment par l'identification précoce, dès la naissance, d'animaux au sein des deux sexes, présentant un potentiel génétique intéressant, et ce, avant l'expression et la mesure des performances (Martin & Grosclaude, 1993). Plus encore, une sélection tenant compte des résultats issus d'analyses au niveau de l'ADN, avant le test sur descendance augmenterait la valeur moyenne de l'élevage au niveau de la population (Kashi *et al.*, 1990). Toutefois, une telle approche ne peut s'entrevoir que par l'établissement de relations liant l'observation génétique aux facteurs physiologiques responsables de l'amélioration de la productivité.

Dans les mécanismes impliqués dans le contrôle de la production laitière, l'axe somatotrope joue un rôle central. Il a été récemment établi l'existence au niveau hypophysaire d'un facteur de transcription, dénommé Pit-1, qui contrôle l'expression du gène de l'hormone de croissance mais également celui de la prolactine et de la thyroïdostimuline, autres molécules importantes impliquées dans la lactation. Chez l'homme, différentes mutations au niveau de Pit-1 sont associées à une déficience en synthèse de GH (Radovick *et al.*, 1992).

Au sein d'un groupe de 89 taureaux Holstein-Friesian italien utilisés en centre d'insémination, nous avons montré par la technique d'amplification PCR en utilisant deux primers, l'un situé au niveau de l'exon 5 et l'autre au niveau de l'intron 6 et après digestion par l'enzyme *HinfI*, la présence de 2 fragments, l'un non digéré par l'enzyme de 451 bp (A) et l'autre, digéré et montrant deux bandes à 244 et 207 bp (B) (Renaville *et al.*, 1996)(figure 1). Ces deux fragments génèrent trois génotypes dont deux sont prédominants (AB et BB.

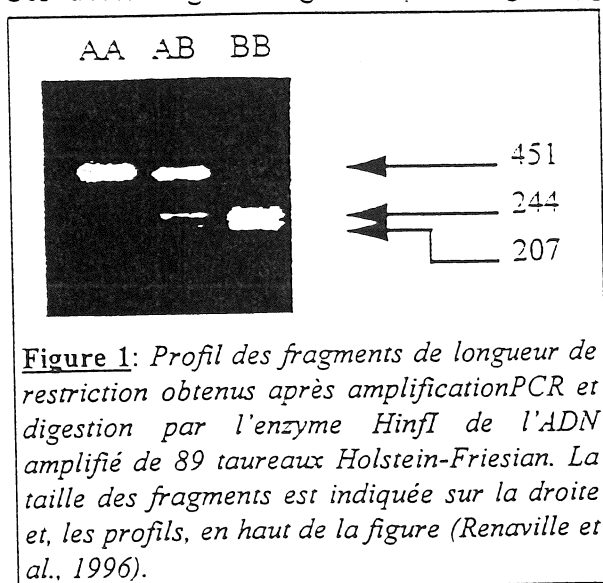


Figure 1: Profil des fragments de longueur de restriction obtenus après amplification PCR et digestion par l'enzyme *HinfI* de l'ADN amplifié de 89 taureaux Holstein-Friesian. La taille des fragments est indiquée sur la droite et, les profils, en haut de la figure (Renaville *et al.*, 1996).

respectivement 31.8 % et 66.3 % de la population analysée) et l'un rare (AA, 2.5 %) dans cette race italienne. L'analyse statistique par la méthode des contrastes linéaires (tableau I) entre les profils observés et la valeur génétique des individus pour les paramètres de production laitière montre une dominance des animaux hétérozygotes AB pour la production laitière totale et la quantité de protéine synthétisée avec toutefois une productivité moindre de matières grasses. Par ailleurs, le polymorphisme observé au niveau de Pit-1 présente peu d'influence sur la conformation des animaux à l'exception du caractère d'angularité pour lequel les animaux AB sont

supérieurs aux autres catégories d'animaux testés (contraste (\pm erreur standard): AA ~ AB, -0.478 ± 0.809 , ns; AA ~ BB, 0.072 ± 0.706 , ns; AB ~ BB, 0.550 ± 0.252 , $P < 0.05$). La relation observée avec Pit-1 pour ce facteur morphologique corrobore l'influence de l'hétérozygotie sur la productivité laitière puisque l'angularité est connue pour être fortement liée au type laitier des animaux.

Tableau I. Contrastes linéaires(C) et erreurs standard (SE) entre les trois génotypes Pit-1 et les paramètres de production laitière de taureaux Holstein(Renaville et al., 1996).

Paramètres laitiers	Contraste					
	AA-AB ¹		AA-BB ¹		AB-BB	
	C	SE	C	SE	C	SE
Lait, kg	-152	156	-21	150	131 **	49
Gras, kg	5.0	5.7	5.4	5.7	0.4	1.8
Protéine, kg	-4.2	4.9	0.8	4.5	4.9 **	1.5
Gras, %	0.114	0.062	0.067	0.062	-0.047 *	0.019
Protéine, %	0.005	0.034	0.015	0.031	0.010	0.010

¹ Seulement 2.2 % des animaux de génotype AA; ces résultats doivent être pris avec circonspection

* $P < 0.05$; ** $P < 0.01$

Afin de confirmer ces observations, diverses expériences, incluant des taureaux de Centres d'Insémination appartenant à différentes races (Simmental, BBB, Pie Rouge,...) mais également des femelles de différentes exploitations, sont actuellement en cours.

Références

- Kashi Y., Hallerman E., Soller M. (1990). Marker-assisted selection of candidate bulls for progeny testing programmer. *Anim. Prod.* 51, 63-74.
- Martin P., Grosclaude, F. (1993). Improvement of milk protein quality by gene technology. *Livest. Prod. Sci.* 35, 95-115.
- Radovick S., Nations M., Du Y., Berg L., Weintraub D. Wondisford F. (1992). A mutation in the POU-homeodomain of Pit-1 responsible for combined pituitary hormone deficiency. *Science* 257, 1115-1118.
- Renaville R., Gengler N., Vrech E., Prandi A., Massart S., Corradini C., Bertozzi C., Mortiaux, F., Burny A., Portetelle D. (1996). Pit-1 gene polymorphism, milk production and conformation traits for Italian Holstein-Friesian bulls. *J. Dairy Sci.* (submitted).

Remerciements

Cette recherche a bénéficié du soutien indirect d'un financement par l'Institut pour la Recherche scientifique dans l'Agriculture et l'Industrie (IRSIA, convention 5512A) et est actuellement subsidiée par le Ministère de l'Agriculture, Service Recherche (DGVI)(convention 5744A). N. Gengler est chercheur au FNRS.