

## Genetic improvement of dairy cattle in Tunisia: Introduction of molecular information state perspectives in cattle breeding schemes

### L'amélioration génétique des bovins laitiers en Tunisie : état des lieux et perspectives d'introduction de l'information moléculaire dans les schémas de sélection bovine

S. BEN JEMAA<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup> Laboratoire des productions animales et fourragères, Institut National de la Recherche Agronomique de Tunisie

\*Corresponding author: benjemaaslim@gmail.com

**Abstract** – Dairy products are among the strategic products of the Tunisian agricultural economy, both in terms of their role in human nutrition and of their financial contribution. Breeding schemes make an important contribution to the improvement of animal productivity. Here, we summarize and develop a critical analysis of the current organization of the dairy cattle breeding scheme in Tunisia. Then, we propose new approaches of dairy cattle breeding schemes based on marker assisted selection (MAS). We noticed the absence of actual breeding schemes and emphasize the fact that the use of imported semen does not guarantee the improvement of the genetic level of the national herd because of gene/environment interactions. We propose a short-term strategy that involves the use of gene mutations with major / moderate effects in gene-assisted breeding programs. In the medium term, we propose to start a first genome-wide marker-assisted selection experiment that will allow a better genetic gain of Tunisian animals.

**Keywords:** dairy cattle - breeding programs- Marker assisted Selection- Quantitative trait loci.

**Résumé** - Les produits laitiers font partie des produits stratégiques de l'économie agricole Tunisienne, tant de point de vue leur rôle dans l'alimentation humaine que de celui de leur contribution financière liée à son commerce. La voie génétique apporte une contribution majeure à l'amélioration de la productivité des animaux d'élevage, en particulier celle des bovins laitiers. Dans cet article, nous faisons une synthèse et une analyse critique de l'organisation actuelle du dispositif d'amélioration génétique des bovins laitiers en Tunisie. Ensuite, nous proposons de nouvelles approches d'amélioration génétique basées sur l'utilisation de l'information moléculaire. Nous reportons l'absence de schémas de sélection proprement dits et nous soulignons le fait que l'utilisation de semences importées ne garantit pas l'amélioration du niveau génétique du cheptel National parce qu'elles sont issues de taureaux testées dans des conditions différentes des nôtres. Ce ci est dû aux interactions gènes/environnement qui modifient le phénotype des animaux d'un milieu à un autre. Nous proposons une stratégie à court terme qui consiste en l'utilisation de mutations géniques ayant des effets majeurs/modérés sur les caractères de production laitière dans le cadre de programmes de sélection assistées par gènes. A moyen terme, nous proposons d'entamer une première expérience de sélection assistée par marqueurs englobant l'ensemble du génome qui permettra un meilleur gain génétique des animaux Tunisiens.

**Mots clés :** Bovins laitiers - Amélioration génétique-Sélection assistée par marqueurs – Loci de caractères quantitatifs (QTL).



## 1. Introduction

L'élevage bovin Tunisien représente à peu près 16 % de la production agricole (Direction générale de la production agricole (DGPA), 2014). Il constitue un secteur prioritaire dans la stratégie nationale de développement agricole. Son importance dans l'économie du pays est en augmentation en raison de la croissance démographique et de l'augmentation des revenus. La filière laitière est une composante importante de l'agriculture Tunisienne. Elle contribue à elle seule à la hauteur de 25 % de la production agricole d'origine animale (Groupement Interprofessionnel des Viandes rouges et du LAIT (GIVLAIT, 2011). Le cheptel bovin laitier Tunisien compte 450000 unités femelles dont 58% sont de races pures importées (GIVLAIT, 2015). La majorité (95%) de ces animaux sont de race Holstein alors que 56 % de l'effectif des animaux de race pure sont localisés au nord du pays (DGPA, 2014). L'amélioration de la production animale est en partie réalisée en augmentant la productivité de chaque animal. La voie génétique apporte une contribution majeure à l'amélioration des performances individuelles des animaux au fil des générations. Deux techniques sont souvent utilisées en amélioration génétique : les croisements (entre races différentes) et la sélection (intra-race). Les croisements utilisent la complémentarité entre les caractères des deux races croisées et les effets d'hétérosis engendrés. La sélection quant à elle, produit du progrès génétique par transmission de valeurs génétiques additives de géniteurs jugés génétiquement « supérieurs » à leur progéniture. L'amélioration du niveau génétique du cheptel Tunisien est une affaire d'envergure nationale dont la réussite est tributaire de plusieurs autres composantes d'ordre technique (e.g. la conduite des élevages (incluant l'alimentation et la conduite sanitaire)), logistique (e.g. échange d'informations, adhésion à des groupements professionnels), ainsi que d'autres aspects juridiques, politiques et institutionnels. L'objectif de cet article est de faire une analyse critique de l'organisation actuelle du dispositif d'amélioration génétique des bovins laitiers en Tunisie et de proposer de nouvelles approches d'amélioration génétique basées sur l'utilisation de l'information moléculaire dans les schémas de sélection bovine.

## 2. Organisation et état des lieux de l'amélioration génétique des bovins laitiers en Tunisie

L'amélioration génétique des bovins laitiers en Tunisie est supervisée par une organisation gouvernementale : l'office de l'élevage et des pâturages (OEP). L'OEP intervient à tous les niveaux de la chaîne : depuis l'identification des animaux jusqu'à la sélection de géniteurs jugés génétiquement « supérieurs » pour des caractères de production laitière. Ces derniers se résument en six caractères : la quantité de lait, les quantités de protéines et de lipides, les taux protéiques et butyreux et le score cellulaire. L'amélioration génétique par la voie mâle se fait principalement à travers l'importation de semences de taureaux testés à l'étranger et accessoirement par une utilisation très limitée des jeunes taureaux nés au pays (Hammami et al., 2007). La sélection de ces géniteurs pour les caractères d'intérêt se fait par la collecte d'informations, via le contrôle laitier, et leur stockage dans une base de données unique. Les informations sont véhiculées depuis l'ensemble du territoire Tunisien, grâce aux directions régionales de l'OEP, et centralisées au centre d'amélioration génétique de Sidi Thabet. Néanmoins, les données issues du contrôle laitier ne sont pas suffisamment valorisées puisque l'évaluation génétique des reproducteurs n'est pas une activité de routine. Les schémas de sélection proprement dits sont, par conséquent, absents. En outre, l'utilisation de semences de taureaux testés à l'étranger ne garantit par l'amélioration génétique du cheptel National. En effet, cette approche ne tient pas en compte l'interaction qui existe entre le génome d'un animal et son environnement qui fait que les meilleurs taureaux testés sous les conditions environnementales de pays étrangers, ne sont pas systématiquement les meilleurs sous les conditions locales. En fait, il y a de plus en plus d'évidence de l'importance de l'interaction génome\*milieu dans l'expression phénotypique d'un animal. Hammami et al. (2008) ont rapporté que le classement des valeurs génétiques de taureaux communs entre le Luxembourg et la Tunisie, utilisés en insémination artificielle, diffère considérablement entre les deux pays. Ces résultats impliquent que la mise en place d'un système d'évaluation génétique de routine basé sur un testage des taureaux en conditions locales est essentiel pour assurer un progrès génétique observable. De plus, Hammami et al. (2009) ont montré que même au sein du même pays, en particulier, la Tunisie, le classement des valeurs génétiques des taureaux d'insémination artificielle était largement remanié entre troupeaux de niveaux de gestions différents. Les mêmes auteurs ont conclu que, pour les troupeaux ayant un niveau de gestion moyen ou faible, il est préférable d'utiliser la semence des taureaux testés sous des conditions similaires à celles de ces troupeaux que d'utiliser la semence de géniteurs testés dans des troupeaux ayant des niveaux de gestion plus élevés (Hammami et al., 2009). L'amélioration génétique par voie femelle,

quant à elle, se fait à l'aide d'index intra- troupeaux élaborés uniquement sur la base de la quantité de lait produite par vache. Ces décisions sont donc biaisées par l'effet de l'environnement puisqu'elles ne corrigent pas pour ses effets multiples.

Malgré l'absence d'une évaluation génétique de routine des bovins laitiers en Tunisie, des études préliminaires ont été faites pour estimer les paramètres génétiques de certains caractères de production laitière (Ben gara et al., 2006, Hammami et al., 2008). L'estimation de ces paramètres est importante pour l'instauration d'un schéma de sélection efficace, puisqu'elle permet d'estimer les parts de variance des caractères expliquées par le facteur génétique et environnemental ; ce qui permettra, à son tour, d'estimer l'efficacité de la voie génétique dans l'amélioration du caractère d'intérêt. Les études faites concordent quant à une héritabilité faible à moyenne des caractères de production laitière enregistrés. Ben Gara et al. (2006) ont trouvé une héritabilité de 0.17 pour la quantité de lait en analysant les courbes de lactations de 37356 vaches. De même, Hammami et al. (2008) ont trouvé des héritabilités comprises entre 0.12 et 0.18 pour les quantités de lait, de protéines et de lipides. Les mêmes auteurs ont conclu que l'ordre de grandeur des héritabilités obtenues est le même que celui des systèmes de production à faible-moyen niveau de production (Hammami et al., 2008). En effet, dans la littérature, les valeurs élevées des héritabilités sont associées à des niveaux de production élevés.

En résumé, en présence d'une forte interaction génotype (génome)\*environnement, l'instauration d'une évaluation génétique des taureaux d'insémination artificielle propre au pays est nécessaire. En effet, l'élaboration d'index génétiques sous conditions d'élevage Tunisiennes, devrait permettre un classement plus objectif du potentiel génétique des reproducteurs dans un système d'élevage particulier tel que celui Tunisien.

### **3. Approches innovantes d'amélioration génétique : l'utilisation de l'information moléculaire dans les schémas de sélection**

#### **3.1. Limites de la sélection basée sur les index génétiques classiques**

Malgré leur énorme contribution à l'amélioration génétique des caractères d'intérêt économique, les index génétiques présentent certaines limites qui rendent leur utilisation plus compliquée et moins rentable dans certains cas. Dans ce qui suit, on essaiera de présenter ces limites en partant de la nature des caractères visés par l'amélioration génétique.

La majorité des caractères d'intérêt agronomique est de nature quantitative à déterminisme génétique complexe. Pendant des dizaines d'années, l'amélioration génétique de ces caractères s'est faite sans avoir accès aux gènes qui les contrôlent. Le modèle sous-jacent à ce type d'amélioration génétique est le modèle infinitésimal qui suppose que les caractères d'intérêt sont sous le contrôle d'un nombre infini de loci (gènes) indépendants et à petits effets additifs (Fisher, 1918). Ce modèle était à la base de l'estimation des valeurs génétiques des reproducteurs candidats à la sélection. Ces dernières sont calculées sur la base d'enregistrements phénotypiques, de la connaissance des pedigrees des candidats à la sélection et de l'estimation de l'héritabilité du caractère à améliorer. Ce modèle a considérablement contribué à l'amélioration génétique des caractères sélectionnés, en particulier ceux à héritabilité élevée. Toutefois, le processus était lent, surtout lorsqu'il s'agit de caractères qui ne sont mesurés que dans un seul sexe (exemple des caractères laitiers), après la mort de l'animal (exemple des caractères liés à la qualité de viande) ou mesurés tardivement (exemple de la longévité). De plus, le modèle infinitésimal proposé par Fisher est contestable de point de vue biologique puisque des études relativement récentes ont montré l'existence d'un nombre fini de gènes qui sont transmis au cours des générations. Par conséquent, il ne peut y avoir qu'un nombre limité de gènes impliqués dans la variation génétique d'un caractère quantitatif. En fait, il y a de plus en plus d'évidence que la distribution des effets de ces loci sur les caractères quantitatifs est telle qu'il y a peu de gènes à grand effet et beaucoup à petit effet (Shrimpton et Robertson 1988, Hayes et Goddard 2001)

#### **3.2. Cartographie de QTL chez les bovins laitiers**

Les arguments présentés plus haut font de l'identification de mutations géniques à grand effet (ou même à effet modéré) et de l'utilisation de cette information pour la sélection d'animaux porteurs d'allèles désirables, une approche avantageuse économiquement. Peu d'études ont, cependant, réussi à identifier des mutations causales dans des gènes impliqués dans la variabilité de caractères d'intérêt chez les bovins laitiers (plus généralement chez les espèces d'élevages). Le plus souvent, on dispose seulement d'une localisation plus ou moins fine de régions génomiques appelées QTL (acronyme pour Quantitative Trait

Locus) contenant un ou plusieurs de ces gènes. La cartographie de QTL consiste à identifier, à l'aide de marqueurs génétiques neutres, des portions chromosomiques associées à la variation phénotypique du caractère.

La première étude de cartographie de QTL chez les bovins laitiers a été réalisée par M. Georges et al. (1995). Depuis, plusieurs travaux ont été portés pour la détection de QTL de production laitière, de résistance aux maladies et de conformation chez les races laitières (Khatkar et al., 2004). Le plus souvent, la cartographie de QTL chez les bovins exploite la structure en familles de taureaux demi-frères de père, de la population, évitant ainsi des coûts supplémentaires relatifs à la mise en place de dispositifs spécifiques de détection. Chaque taureau dispose d'un index génétique calculé sur la base des performances de ses filles pour le caractère d'intérêt. Ces index constituent une excellente prédiction de la valeur génétique des reproducteurs puisqu'ils ont l'avantage de réduire fortement la variance environnementale. Pour la détection de QTL, les dispositifs familiaux sont analysés par régression intra-père des index génétiques des fils, sur la probabilité d'avoir reçu l'un ou l'autre segment chromosomique paternel à un locus donné, conditionnellement à l'information aux marqueurs.

À leur début, les études de cartographie de QTL ont utilisé un nombre limité de marqueurs génétiques à cause de contraintes techniques (peu de marqueurs étaient disponibles) et économiques (coûts de génotypage élevés). Par conséquent, la faible densité en marqueurs, des régions génomiques, a fait que les études d'associations entre marqueurs et QTL n'étaient envisageables qu'à l'intérieur des familles, dans le cadre d'études d'analyse de liaison. En effet, ce type d'études utilise uniquement les événements de recombinaison chromosomique à l'intérieur d'un pedigree et retrace les segments chromosomiques hérités par les fils à un ancêtre commun à l'intérieur de ce pedigree.

Récemment, les programmes de détection de QTL ont bénéficié de la disponibilité de cartes génétiques plus denses en marqueurs génétiques, de l'utilisation de techniques de génotypage à haut débit et du développement de nouveaux modèles d'analyse de données. Ces avancées ont permis l'application de techniques de cartographie de QTL plus fines prenant en compte simultanément l'analyse de liaison familiale et le déséquilibre de liaison (DL) populationnel, dans une approche appelée LD-LA (acronyme pour Linkage Disequilibrium Linkage Analysis) (Meuwissen et Goddard, 2001). Le terme « déséquilibre de liaison » désigne l'association non aléatoire, entre allèles, de deux ou plusieurs loci. La cartographie de QTL par DL exploite les associations, à l'échelle de toute la population, entre le(s) marqueur(s) et le QTL. Ces associations sont dues à l'existence de petits segments chromosomiques dans la population actuelle, issus d'un ancêtre commun, qui n'ont pas subi de recombinaisons. Ces segments vont donc avoir la même combinaison d'allèles (ou haplotype) dans toute la population. Si ces segments contiennent un QTL, ils vont toujours contenir le même allèle au QTL. La cartographie par DL est plus fine que celle par analyse de liaison car elle tire profit des recombinaisons historiques (qui ont lieu sur plusieurs générations) qui ne maintiennent une association entre QTL et marqueurs qu'à courte distance génétique. L'application de cette approche a permis également de réduire considérablement les intervalles de localisation d'autres QTL identifiés précédemment (Meuwissen et al., 2002, Olsen et al., 2005). Plus tard, cette même approche a contribué à la caractérisation d'une mutation causale dans le gène DGAT1 (Grisart et al., 2002, 2004) et de deux autres mutations causales putatives dans les gènes GHR (Blott et al., 2003) et OPN (Schnabel et al., 2005). Toutes ces mutations ont des effets importants sur les caractères de production laitière.

### **3.3. Valorisation des travaux de cartographie de QTL : sélection assistée par marqueurs et sélection génomique**

La détection d'un nombre important de QTL pour la majorité des caractères d'intérêt chez les bovins laitiers (Khatkar et al., 2004) a permis d'envisager la mise en oeuvre de programmes de Sélection Assistée par Marqueurs (SAM). La mise en place des programmes SAM est théoriquement justifiée par un progrès génétique réalisé plus important que celui obtenu par les méthodes de sélection classique grâce à une meilleure précision des index génétiques et à une réduction de l'intervalle entre générations (car la SAM permet d'épargner plusieurs années de testage sur descendance, des futurs reproducteurs). Plusieurs programmes SAM ont ainsi été mis en place, mais seulement deux ont été décrits dans la littérature : l'un en France (Boichard et al., 2002), l'autre en Allemagne (Bennewitz et al., 2004). Le programme SAM Français qui a débuté en 2001 avec peu d'individus génotypés pour seulement 45 microsatellites, n'a cessé d'évoluer, par ajout de nouveaux marqueurs, l'inclusion annuelle constante de nouvelles familles dans le dispositif initial et de nouveaux caractères. L'évaluation de ce programme a

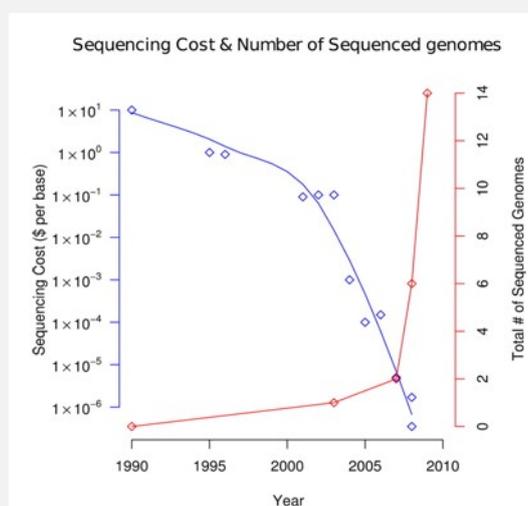
montré que le gain de précision des valeurs génétiques des caractères de production laitière permis par la SAM était modéré et variait entre 0.038 et 0.114 (Guillaume et al., 2008a). Le faible gain génétique observé est dû à la faible précision de localisation des QTL (à cause d'une faible densité en marqueurs sur le génome).

L'évolution spectaculaire et soudaine des techniques de génotypage s'est traduite, chez l'espèce bovine, par la commercialisation de la puce 50K. Cette évolution s'est surtout, accompagnée d'une baisse considérable des coûts de génotypage des individus (Figure 1) et d'une meilleure garantie de la fiabilité de l'estimation de la valeur génétique des candidats à la sélection (figure 2). Ces deux avantages ont poussé plusieurs pays à passer d'une SAM de première génération (SAM1) à une SAM de deuxième génération (SAM2) (exemple la France), ou à une sélection génomique (exemple les USA). Les deux types de sélection (SAM2 et sélection génomique) exploitent le DL à l'échelle de toute la population bovine. En pratique, l'instauration de la sélection génomique nécessite une population de référence dont les individus sont génotypés pour un grand nombre de marqueurs génétiques. Ces mêmes individus doivent avoir des index génétiques précis pour les caractères d'intérêt. Les effets des marqueurs seront ensuite estimés à partir des index génétiques des animaux de la population de référence. Une fois que ces effets sont estimés, il devient alors possible de prédire la valeur génétique de jeunes animaux s'ils sont génotypés pour ces mêmes marqueurs génétiques sans avoir besoin de leurs phénotypes.

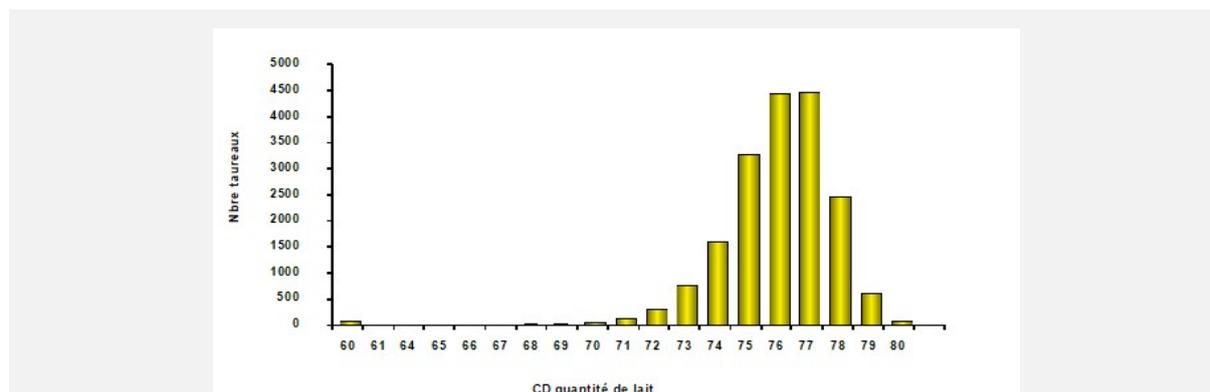
En France, c'est la SAM2 qui a été adoptée. Sa validation s'est faite en comparant les corrélations entre la valeur génétique, estimée dans deux modèles différents (avant testage sur descendance), et la valeur génétique observée (après testage sur descendance), d'un groupe de taureaux (tableau1). Les deux modèles prédisent la valeur génétique des animaux lorsqu'ils étaient jeunes (sans filles). Le premier incluait l'information moléculaire issue de la puce 50K alors que le second est un modèle polygénique classique. Des gains en corrélations, importants, ont été observés dans un modèle incluant l'information moléculaire de la puce 50K par rapport au modèle polygénique (Guillaume et al., 2008b). La transition de la SAM1 à la SAM2 s'est accompagnée par un gain de précision des index de prédiction des valeurs génétiques due à la prise en compte d'un nombre plus important de QTL et à une meilleure estimation de la position et des effets des QTL.

**Tableau 1.** Corrélation entre valeurs génétiques estimées avec deux modèles (polygénique et SAM2) et valeurs génétiques observées (après 4 années de testage) d'un groupe de 468 taureaux, pour trois caractères de production laitière (Guillaume et al., 2008b).

	Polygénique	MAS2	Gain
% protéines	0.52	0.74	0.22
Quantité de lait	0.41	0.62	0.21
Score cellulaire	0.23	0.36	0.13



**Figure 1.** Évolution des coûts de séquençage et du nombre cumulé des génomes séquencés entre les années 1990 et 2010 (Snyder et al. 2010)



**Figure 2.** Distribution des Coefficients de Détermination (CD), calculés à partir de l'information aux marqueurs de la puce 50K, pour le caractère « production laitière » de jeunes taureaux aux USA. Les CD expriment la corrélation entre les valeurs génétiques estimées et celles vraies (Tassel et Cole 2010)

#### 4. Perspectives d'utilisation de l'information moléculaire pour la sélection de bovins laitiers en Tunisie

A notre connaissance, aucune expérience de cartographie de QTL n'a jamais été menée sur les espèces d'élevage en Tunisie (en particulier les bovins laitiers). En effet, l'utilisation de l'information moléculaire pour l'amélioration génétique des animaux d'élevage est une pratique peu connue dans le pays d'autant plus que son application était, il y a quelques années, assez lourde et coûteuse à mettre en oeuvre et que sa rentabilité économique n'a jamais été étudiée auparavant. Toutefois, la réussite de plusieurs pays à augmenter le gain génétique annuel de leurs caractères d'intérêt (surtout pour ceux à faible héritabilité), devrait inciter la Tunisie à initier des travaux visant à intégrer l'information moléculaire dans les schémas de sélection de ses espèces d'élevage (en particulier des bovins laitiers).

Ces travaux peuvent se faire en deux étapes : la première consiste à profiter de l'identification de certaines mutations à effet majeur/modéré sur les caractères de production laitière pour faire une sélection assistée par gènes. Cette étape aura certainement des répercussions positives sur l'amélioration quantitative et qualitative des caractères laitiers de la population bovine Tunisienne. En effet, ce type de sélection appelée sélection assistée par gènes s'affranchit des index génétiques nécessaires dans d'autres types de sélection. Dans ce cas de figure, en effet, la sélection se fait directement sur des polymorphismes nucléotidiques dont la causalité dans la variation de certains caractères laitiers, a été prouvée scientifiquement à maintes reprises, chez différentes espèces.

La sélection assistée par gènes peut être mise en oeuvre dans un futur proche car elle ne nécessite que la caractérisation des mutations décrites dans la littérature, dans nos élevages (estimation des fréquences et des effets de ces mutations). Les données de génotypage permettront une présélection des jeunes candidats au testage (lorsque l'information sur les phénotypes n'est pas encore disponible) ; ce qui contribuera à augmenter l'intensité de sélection dans la phase précoce du programme. La sélection des mères à taureaux permet également d'augmenter les gains de progrès génétique. En effet, Schrooten et al. (2005) montrent par exemple, qu'en réduisant de moitié le nombre de femelles, un gain de progrès génétique de 21 % est observé par rapport à un schéma de sélection sans information moléculaire. Les données récoltées permettront entre autres de constituer une première base de données qui sera très utile plus tard.

La deuxième étape, plus lourde à mettre en oeuvre, consiste à profiter des avancées technologiques et la baisse spectaculaire des coûts de génotypages pour entamer une première expérience de SAM englobant l'ensemble du génome ; ce qui permettra un meilleur gain génétique et une meilleure gestion de la variabilité génétique des races (bénéfique à long terme). En effet, même si la sélection assistée par gènes est d'une grande efficacité, elle ne peut capter qu'une partie de la variabilité génétique des caractères d'intérêt vu leur déterminisme multifactoriel.

La pérennité du programme SAM en Tunisie est tributaire, économiquement, de deux facteurs essentiels : le premier inclut les coûts des génotypages par rapport à ceux des schémas de la sélection classique ; le second réside dans le gain du progrès génétique qu'il réalise, par rapport aux méthodes de sélection classique. Pour maîtriser ces deux facteurs, de nouvelles puces SNP à faible densité et moins chères que

la puce 50K, ont été produites ; en particulier, une puce puce 3K (disponible depuis Décembre 2010 et vendue à 38\$ US/échantillon) et une puce 6K (disponible depuis Septembre 2011 et vendue à 45\$ US/échantillon). Une approche utilisée pour baisser les coûts et augmenter le gain génétique consiste à ne génotyper que les pères de famille pour les SNP de la puce 50K (SNP HD) et les fils pour les SNP des puces à faible densité (SNP LD). En utilisant la coségrégation des SNP HD avec ceux LD à l'intérieur d'une famille, il est possible de suivre la transmission des premiers (SNP HD) des parents à leurs descendants, à partir des deuxièmes (SNP LD). Autrement dit, il est possible de déduire tous les génotypes, aux SNP HD, des fils. Ce genre d'approches peut être appliqué en Tunisie pour débiter les premiers travaux de cartographie de QTL. Il est, toutefois, préférable d'utiliser la puce 6K car elle permet une imputation plus fiable des génotypes. De point de vue pratique, l'instauration d'un programme SAM en Tunisie dépend en premier lieu de l'instauration d'une indexation de routine des taureaux d'insémination artificielle, en conditions locales. Ces index, qui expriment en réalité le phénotype, corrigé pour les effets du milieu, de l'animal, seront utilisés pour la mise en place d'un programme de détection de QTL relatif aux caractères de production laitière enregistrés. Un tel programme exige une mise à jour continue des bases de données du contrôle laitier qui servira à l'élaboration et l'actualisation de phénotypes, corrigés pour les effets environnementaux, des taureaux candidats à la sélection.

L'instauration de dispositifs de détection de QTL en Tunisie dépend en premier lieu de la disponibilité de bases de données fiables, riches en enregistrements, couvrant un maximum d'individus du cheptel et mises à jour constamment pour le maximum de caractères qui intéressent les éleveurs. Ces données serviront à l'élaboration et l'actualisation des phénotypes, corrigés pour les effets environnementaux, des taureaux.

Enfin, la mise en place d'un dispositif de détection de QTL suivi par un dispositif de sélection par marqueurs nécessite également un travail de logistique important relatif à l'organisation de la collecte des génotypes, le choix et l'identification des animaux à génotyper et le stockage du matériel biologique récolté.

## 5. Références

- Ben Gara A., Rekik B., Bouallègue M., 2006** Genetic parameters and evaluation of the Tunisian dairy cattle population for milk yield by Bayesian and BLUP analyses. *Livest. Sci.* 100: 142–149.
- Bennewitz J., Reinsch N., Reinhardt F., Liu Z., Kalm E., 2004** Top down preselection using marker assisted estimates of breeding values in dairy cattle. *J. Anim. Breed. Genet.* 121: 307–318.
- Blott S., Kim J.-J., Moio S., Schmidt-Küntzel A., Cornet A., et al., 2003** Molecular dissection of a quantitative trait locus: a phenylalanine-to-tyrosine substitution in the transmembrane domain of the bovine growth hormone receptor is associated with a major effect on milk yield and composition. *Genetics* 163: 253–266.
- Boichard D., Fritz S., Rossignol MN., Boscher MY., Malafosse A., Colleau JJ., 2002** Implementation of marker-assisted selection in French dairy cattle. In 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Montpellier-France.
- Boichard D., Grohs C., Bourgeois F., Cerqueira F., Faugeras R., et al., 2003** Detection of genes influencing economic traits in three French dairy cattle breeds. *Genet. Sel. Evol. GSE* 35: 77–101.
- Daetwyler H. D., Schenkel F. S., Sargolzaei M., Robinson J. a. B., 2008** A genome scan to detect quantitative trait loci for economically important traits in Holstein cattle using two methods and a dense single nucleotide polymorphism map. *J. Dairy Sci.* 91: 3225–3236.
- Direction Générale de la Production Générale (DGPA), 2014** Présentation du secteur de l'élevage bovin en Tunisie. Journées d'informations sur la conduite d'un troupeau bovin. URL: [http://www.avfa.agrinet.tn/upload/supports\\_ar/genisses1.pdf](http://www.avfa.agrinet.tn/upload/supports_ar/genisses1.pdf), consulté le 06 Novembre 2017.
- Druet T., Fritz S., Boussaha M., Ben-Jemaa S., Guillaume F., et al., 2008** Fine mapping of quantitative trait loci affecting female fertility in dairy cattle on BTA03 using a dense single-nucleotide polymorphism map. *Genetics* 178: 2227–2235.
- Fisher R., (1918).** The correlation between relatives on the supposition of mendelian inheritance. *Trans. Soc. Edinb* 52: 399-433.
- Georges M., Nielsen D., Mackinnon M., Mishra A., Okimoto R., et al., 1995** Mapping Quantitative Trait Loci Controlling Milk Production in Dairy Cattle by Exploiting Progeny Testing. *Genetics* 139: 907–920.

- Groupement Interprofessionnel des Viandes Rouges et du Lait (GIVLait).**, 2016 La filière lait en Tunisie. URL :[http://avfa.agrinet.tn/upload/supports\\_ar/jammell.pdf](http://avfa.agrinet.tn/upload/supports_ar/jammell.pdf), consulté le 06 Novembre 2017.
- Goddard M. E., Hayes B. J.**, 2009 Mapping genes for complex traits in domestic animals and their use in breeding programmes. *Nat. Rev. Genet.* 10: 381–391.
- Grisart B., Coppeters W., Farnir F., Karim L., Ford C., et al.**, 2002 Positional candidate cloning of a QTL in dairy cattle: identification of a missense mutation in the bovine DGAT1 gene with major effect on milk yield and composition. *Genome Res.* 12: 222–231.
- Grisart B., Farnir F., Karim L., Cambisano N., Kim J.-J., et al.**, 2004 Genetic and functional confirmation of the causality of the DGAT1 K232A quantitative trait nucleotide in affecting milk yield and composition. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 101: 2398–2403.
- Guillaume F., Fritz S., Boichard D., Druet T.**, 2008a Estimation by simulation of the efficiency of the French marker-assisted selection program in dairy cattle. *Genet. Sel. Evol. GSE* 40: 91–102.
- Guillaume F., Tarres J., Boichard D., Druet T., Fritz S.** 2008b Accuracies of different types of MAS-EBV in the French MAS program. 58ème EAAP. Vilnius, Lithuania. Comm. G4-10.
- Hammami H., Croquet C., Stoll J., Rekik B., Gengler N.**, 2007 Genetic diversity and joint-pedigree analysis of two importing Holstein populations. *J. Dairy Sci.* 90: 3530–3541.
- Hammami H., Rekik B., Soyeurt H., Ben Gara A., Gengler N.**, 2008 Genetic parameters for tunisian holsteins using a test-day random regression model. *J. Dairy Sci.* 91: 2118–2126.
- Hammami H., Rekik B., Bastin C., Soyeurt H., Bormann J., et al.**, 2009 Environmental sensitivity for milk yield in Luxembourg and Tunisian Holsteins by herd management level. *J. Dairy Sci.* 92: 4604–4612.
- Hayes B., Goddard M. E.**, 2001 The distribution of the effects of genes affecting quantitative traits in livestock. *Genet. Sel. Evol. GSE* 33: 209–229.
- Khatkar M. S., Thomson P. C., Tammen I., Raadsma H. W.**, 2004 Quantitative trait loci mapping in dairy cattle: review and meta-analysis. *Genet. Sel. Evol. GSE* 36: 163–190.
- Meuwissen T. H., Goddard M. E.**, 2001 Prediction of identity by descent probabilities from marker-haplotypes. *Genet. Sel. Evol. GSE* 33: 605–634.
- Meuwissen T. H. E., Karlsten A., Lien S., Olsaker I., Goddard M. E.**, 2002 Fine mapping of a quantitative trait locus for twinning rate using combined linkage and linkage disequilibrium mapping. *Genetics* 161: 373–379.
- Olsen H. G., Lien S., Gautier M., Nilsen H., Roseth A., et al.**, 2005 Mapping of a milk production quantitative trait locus to a 420-kb region on bovine chromosome 6. *Genetics* 169: 275–283.
- Schnabel R. D., Kim J.-J., Ashwell M. S., Sonstegard T. S., Van Tassell C. P., et al.**, 2005 Fine-mapping milk production quantitative trait loci on BTA6: analysis of the bovine osteopontin gene. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 102: 6896–6901.
- Schrooten C., Bovenhuis H., Arendonk J. a. M. van, Bijma P.**, 2005 Genetic progress in multistage dairy cattle breeding schemes using genetic markers. *J. Dairy Sci.* 88: 1569–1581.
- Shrimpton A. E., Robertson A.**, 1988 The Isolation of Polygenic Factors Controlling Bristle Score in *Drosophila Melanogaster*. II. Distribution of Third Chromosome Bristle Effects within Chromosome Sections. *Genetics* 118: 445–459.